



ESCUELA UNIVERSITARIA DE POSGRADO

**DEPRESION ENDOGAMICA EN UNA POBLACION DE VACUNOS LECHEROS Y
SU EFECTO EN LA REPRODUCCION Y PRODUCCION DE LECHE**

Línea de investigación:

Genética, bioquímica y biotecnología

Tesis para optar el grado académico de Doctora en Ingeniería

Autora:

Garay Livia, Gladys Luz

Asesor:

Calderón Velásquez, Jorge Pedro

ORCID: 0000-0002-7545-3579

Jurado:

Sánchez Cáceres, Isaac

Flores Masías, Edward José

Pérez Samanamud, Miguel Vladimir

Lima - Perú

2024



DEPRESIÓN ENDOGÁMICA EN UNA POBLACIÓN DE VACUNOS LECHEROS Y SU EFECTO EN LA REPRODUCCIÓN Y PRODUCCIÓN DE LECHE

INFORME DE ORIGINALIDAD

8%

INDICE DE SIMILITUD

7%

FUENTES DE INTERNET

2%

PUBLICACIONES

0%

TRABAJOS DEL ESTUDIANTE

FUENTES PRIMARIAS

1	www.redalyc.org Fuente de Internet	1%
2	hdl.handle.net Fuente de Internet	1%
3	www.researchgate.net Fuente de Internet	1%
4	es.scribd.com Fuente de Internet	1%
5	cienciaspecuarias.inifap.gob.mx Fuente de Internet	<1%
6	F. Mujica, L. Latrille, C. Vergara. "Estimación de la consanguinidad en un rebaño lechero doble propósito y su relación con rendimientos productivos y reproductivos: un estudio de caso en el Sur de Chile", Agro Sur, 2012 Publicación	<1%



Universidad Nacional
Federico Villarreal

VRIN | VICERRECTORADO
DE INVESTIGACIÓN

ESCUELA UNIVERSITARIA DE POSGRADO

DEPRESION ENDOGAMICA EN UNA POBLACION DE VACUNOS LECHEROS Y SU
EFECTO EN LA REPRODUCCION Y PRODUCCION DE LECHE

Línea de investigación:

Genética, bioquímica y biotecnología

Tesis para optar el Grado de Doctora en Ingeniería

Autora:

Garay Livia, Gladys Luz

Asesor:

Calderón Velásquez, Jorge Pedro
[ORCID: 0000-0002-7545-3579]

Jurado:

Sánchez Cáceres, Isaac

Flores Masías, Edward José

Pérez Samanamud, Miguel Vladimir

Lima – Perú
2024

DEDICATORIA

In memoriam: William y Luz Leonor, mis padres,
que desde la gloria de nuestro Señor
ven culminado este proyecto de superación.

De la misma manera, a mi hermana María Elena
quien goza de la paz eterna.

A mis hijos, la razón de mi constante superación.

AGRADECIMIENTO

A mi familia por su apoyo incondicional
para culminar este trabajo de tesis.

Al Ph.D. Jorge P. Calderón Velásquez, por su asesoramiento
para llevar adelante este proyecto
y su culminación de esta investigación.

A la ganadera quien me ha permitido compartir
la información para el desarrollo de presente trabajo.

A todas aquellas personas que de alguna manera
han contribuido en el desarrollo de dicha investigación.

INDICE

Índice de Tablas	vi
Índice de Figuras	xi
Índice de Anexos	xiv
Resumen	xv
Abstract	xvi
I. INTRODUCCION	1
1.1 Planteamiento del Problema	1
1.2 Descripción del Problema	1
1.3 Formulación del Problema	3
1.4 Antecedentes	3
1.5 Justificación de la investigación	5
1.6 Limitaciones de la investigación	6
1.7 Objetivos	6
1.8 Hipótesis	7
II. MARCO TEORICO	8
2.1 Marco conceptual	8
2.2 El coeficiente de consanguinidad	11
2.3 Depresión endogámica	14
III. METODO	23
3.1 Tipo de investigación	23
3.2 Población y muestra	23
3.3 Operacionalización de las variables	24
3.4 Instrumentos	25

3.5 Procedimientos	25
3.6 Análisis de datos	26
IV. RESULTADOS	34
4.1 De los valores del coeficiente de consanguinidad de las vacas de la población	34
4.2 Efecto de la consanguinidad sobre el número de servicios a la preñez	43
4.3 Efecto de la consanguinidad sobre el número de parto	49
4.4 Efecto de la consanguinidad sobre la longitud de gestación	55
4.5 Efecto de la consanguinidad sobre la edad al parto	63
4.6 Efecto de la consanguinidad sobre el intervalo entre partos	67
4.7 Efecto de la consanguinidad sobre los días vacíos	74
4.8 Efecto de la consanguinidad sobre la producción de leche (305d3X)	82
V. DISCUSIÓN DE RESULTADOS	89
VI. CONCLUSIONES	105
VII. RECOMENDACIONES	106
VIII. REFERENCIAS	107
IX. ANEXOS	114

INDICE DE TABLAS

Tabla 1. Distribución de la población para el análisis de los coeficientes de consanguinidad	23
Tabla 2. Distribución de los animales nacidas en el periodo 2008-2021	24
Tabla 3. Valores de consanguinidad de las vacas según año de nacimiento	35
Tabla 4. Valores de consanguinidad promedio, valores mínimos y máximos de las vacas consanguíneas según año de nacimiento	37
Tabla 5. Distribución de las vacas consanguíneas en relación con la consanguinidad de los padres, en base a intervalos de consanguinidad promedio	41
Tabla 6. Formación de los grupos de consanguinidad para análisis de la depresión endogámica	42
Tabla 7. Promedios, máximos y mínimos de las variables para el análisis estadístico de la depresión endogámica sobre los caracteres productivos y reproductivos	42
Tabla 8. Promedio del número de servicios a la preñez por número de parto	43
Tabla 9. Promedio del número de servicio a la preñez de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas	44
Tabla 10. Parámetros de la regresión lineal del número de servicios a la preñez sobre la consanguinidad de las vacas considerando el número de parto	46
Tabla 11. Parámetros de la regresión lineal del número de servicios a la preñez sobre el grupo de consanguinidad	46
Tabla 12. Promedio de número de servicios a la preñez por parto y grupo de consanguinidad	49

Tabla 13. Distribución de los partos logrados por vaca	50
Tabla 14. Frecuencia de los partos por grupo de consanguinidad de las vacas	51
Tabla 15. Distribución del número de partos con referencia al grupo de consanguinidad de las vacas	52
Tabla 16. Coeficientes de regresión del número de partos sobre los coeficientes de consanguinidad y grupo de consanguinidad de las vacas	54
Tabla 17. Tamaño de muestra de las variables consideradas en el análisis de la longitud de la gestación	56
Tabla 18. Valores promedios, máximos y mínimos de la longitud de gestación por número de parto de la vaca	56
Tabla 19. Valores promedios, máximos y mínimos de la longitud de gestación de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas	57
Tabla 20. Valores promedios, máximos y mínimos de la longitud de gestación en función al sexo de la cría gestada	59
Tabla 21. Valores promedios, máximos y mínimos de la longitud de gestación de acuerdo con el efecto año y época de parto	60
Tabla 22. Valores promedios ajustados por mínimos cuadrados (LS) para la longitud de la gestación por factores de sexo de la cría, número de parto y grupo de consanguinidad de las vacas	61
Tabla 23. Regresión lineal de la longitud de gestación sobre el coeficiente de consanguinidad de las vacas por parto	62
Tabla 24. Regresión lineal de la longitud de gestación sobre el grupo de consanguinidad de las vacas por parto	62
Tabla 25. Promedios de la edad al primer parto considerando el grupo de consanguinidad de las vacas	63

Tabla 26. Análisis de regresión de la edad al primer parto sobre el valor de la consanguinidad de la vaca	63
Tabla 27. Análisis de regresión de la edad al primer parto sobre el grupo de consanguinidad de las vacas	64
Tabla 28. Promedios de la edad al segundo parto a más considerando el número de parto	65
Tabla 29. Valores promedios de la edad al segundo parto a más considerando el grupo de consanguinidad de la vaca dentro de cada parto	66
Tabla 30. Parámetros de la regresión lineal de la edad al parto sobre la consanguinidad de las vacas por parto	66
Tabla 31. Parámetros de la regresión lineal de la edad al parto sobre el grupo de consanguinidad de las vacas por parto	67
Tabla 32. Promedio de intervalo entre partos (meses) por número de parto	68
Tabla 33. Promedio de intervalo entre partos (meses) considerando los grupos de consanguinidad de las vacas	69
Tabla 34. Promedio de intervalo entre partos (meses) considerando el número de parto y los grupos de consanguinidad de las vacas	70
Tabla 35. Análisis de regresión del intervalo entre partos (meses) sobre la consanguinidad de las vacas por parto	71
Tabla 36. Regresión lineal del intervalo entre parto (meses) sobre la consanguinidad de las vacas	71
Tabla 37. Regresión del intervalo entre parto (meses) sobre el grupo de consanguinidad de las vacas por parto	72
Tabla 38. Regresión lineal del intervalo entre partos (meses) sobre el grupo de consanguinidad de las vacas	73

Tabla 39. Valores promedio de los días vacíos por parto de las vacas	74
Tabla 40. Valores promedio de los días vacíos de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas	76
Tabla 41. Valores promedio de días vacíos en función al número de parto y grupo de consanguinidad de las vacas	77
Tabla 42. Valores promedio de días vacíos en función al año y época de parto de las vacas	78
Tabla 43. Coeficientes de regresión de los días vacíos sobre la consanguinidad de las vacas	79
Tabla 44. Coeficientes de regresión de los días vacíos sobre los coeficientes de consanguinidad de las vacas por parto	80
Tabla 45. Coeficientes de regresión de los días vacíos sobre los grupos de consanguinidad de las vacas	80
Tabla 46. Coeficientes de regresión de los días vacíos sobre los grupos de consanguinidad de las vacas por parto	81
Tabla 47. Promedios de producción de leche (lactaciones completas) de acuerdo con el número de parto de la vaca	82
Tabla 48. Promedios de producción de leche (lactaciones completas) por grupo de consanguinidad de las vacas	83
Tabla 49. Análisis de regresión de la producción de leche (lactaciones completas) sobre la consanguinidad de la vaca	84
Tabla 50. Parámetros del coeficiente de regresión de la producción de leche (lactaciones completas) sobre el grupo de consanguinidad de las vacas	85
Tabla 51. Promedios de producción de leche (lactaciones completas) según año y época de parto	87

Tabla 52. Análisis de varianza para determinar el efecto del grupo de consanguinidad de las vacas sobre la producción de leche.

INDICE DE FIGURAS

Figura 1.	Tendencia de la consanguinidad en machos reproductores en los Estados Unidos de Norteamérica	8
Figura 2.	Tendencia de la consanguinidad en vacas en los Estados Unidos de Norteamérica	9
Figura 3.	Incremento de la consanguinidad de las vacas del rebaño según año de nacimiento (tendencia lineal y tendencia polinómica de orden tres)	36
Figura 4.	Variación del número de animales consanguíneos y no consanguíneos a través del año de nacimiento	38
Figura 5.	Valor del coeficiente de consanguinidad promedio, máximos y mínimos, por año de nacimiento	39
Figura 6.	Representación en cajas y bigotes de la variabilidad de los valores de consanguinidad de las vacas, madre y padre, en la población	40
Figura 7.	Consanguinidad promedio de las vacas en función de la consanguinidad promedio de los padres	41
Figura 8.	Variabilidad del número de servicios por número de partos, en diagrama de cajas y bigotes	44
Figura 9.	Variabilidad del número de servicios por grupo de consanguinidad, en diagramas de cajas y bigotes	45
Figura 10.	Regresión lineal del número de servicios a la preñez sobre la consanguinidad de la vaca, límite de confianza y de predicción al 95%	47

Figura 11. Regresión lineal del número de servicios a la preñez sobre el grupo de consanguinidad de las vacas, límites de confianza y de predicción al 95%	48
Figura 12. Variación del número de partos por vaca (frecuencia)	50
Figura 13. Distribución de los partos de acuerdo con el grupo de consanguinidad de la vaca	51
Figura 14. Distribución de las vacas considerando el grupo de consanguinidad dentro de partos de los partos de la vaca	53
Figura 15. Gráfica del análisis de regresión del número de partos sobre la consanguinidad de las vacas	54
Figura 16. Gráfica del análisis de regresión del número de partos sobre el grupo de consanguinidad de las vacas	55
Figura 17. Representación en cajas y bigotes de la variación de la longitud de la gestación de acuerdo con el número de parto de las vacas	57
Figura 18. Representación en cajas y bigotes de la variación de la longitud de la gestación de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas	58
Figura 19. Representación en cajas y bigotes de la variación de la longitud de la gestación de acuerdo con el sexo de la cría gestada	59
Figura 20. Distribución de las edades al primer parto considerando el coeficiente de consanguinidad de las vacas	64
Figura 21. Valores promedios del intervalo entre partos (meses) de acuerdo con el número de partos de las vacas	68
Figura 22. Valores promedios del intervalo entre partos (meses) de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas	69

Figura 23. Distribución del intervalo entre partos (meses) de acuerdo con el nivel de consanguinidad de las vacas	72
Figura 24. Distribución del intervalo entre partos (meses) de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas	74
Figura 25. Variación de los promedios de días vacíos por parto de las vacas, presentación en cajas y bigotes	75
Figura 26. Variación de los promedios de días vacíos por grupo de consanguinidad de las vacas, presentación de cajas y bigotes	76
Figura 27. Variación de los días vacíos de acuerdo con la consanguinidad de las vacas	79
Figura 28. Variación de los días vacíos en función a los grupos de consanguinidad de las vacas	81
Figura 29. Variación de los promedios de producción de leche (lactaciones completas) de acuerdo con el número de parto de la vaca	83
Figura 30. Variación de la producción de leche (lactaciones completas) de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas	84
Figura 31. Variación de la producción de leche (lactaciones completas) de acuerdo con el nivel de consanguinidad de las vacas	85
Figura 32. Variación de la producción de leche (lactaciones completas) de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas	86

INDICE DE ANEXOS

Anexo A.	Estructura de la información para la determinación del coeficiente de consanguinidad de los animales de la población	114
Anexo B.	Estructura de la base de datos para el análisis de la información productiva y reproductiva	116
Anexo C.	Análisis de varianza para determinar la significancia del efecto de la consanguinidad sobre el número de servicios a la preñez	118
Anexo D.	Análisis de varianza para determinar la significancia del efecto de la consanguinidad sobre el número de parto	121
Anexo E.	Análisis de varianza para determinar la significancia del efecto de la consanguinidad sobre la longitud de la gestación	122
Anexo F.	Análisis de varianza para determinar la significancia del efecto de la consanguinidad sobre la edad al parto	125
Anexo G.	Análisis de varianza para determinar la significancia del efecto de la consanguinidad sobre el intervalo entre partos	127
Anexo H.	Análisis de varianza para determinar la significancia del efecto de la consanguinidad sobre los días vacíos	129
Anexo I.	Análisis de varianza para determinar la significancia del efecto de la consanguinidad sobre la producción de leche (305d,3X)	131

RESUMEN

El objetivo de la investigación fue evaluar los niveles de consanguinidad en vacas lecheras en un rebaño cerrado, en un sistema intensivo en costa central, y la depresión endogámica sobre los caracteres reproductivos del número de servicios a la preñez, número de partos por vaca, longitud de gestación, edad al parto (primer y demás partos), intervalo entre parto, días vacíos y sobre la producción de leche (305d,3X). Se evaluaron 38,014 registros de genealogía para determinar los coeficientes de consanguinidad y 5,356 registros de producción para evaluar la depresión endogámica. Se empleó modelos lineales considerando la edad como covariable, y modelos de regresión para determinar la depresión endogámica. El incremento de la consanguinidad fue de +0.13% por año de nacimiento, el valor más alto de la consanguinidad (9.39%) se observó en los animales nacidos en 2021. Se formó 6 grupos de vacas, vacas no consanguíneas y consanguíneas con un intervalo de 3.125%. No se observó una depresión endogámica sobre los caracteres reproductivos de número de servicios por preñez, edad al primer parto y partos sucesivos, días vacíos y para la producción de leche, mientras que para el número de partos por vaca se determinó que existe una reducción de 0.04 partos por vaca, la longitud de gestación en -0.16 días, el intervalo entre partos presenta un incremento de 0.028 días, por cada 1% de incremento de la consanguinidad. Es necesario el monitoreo de la consanguinidad para evitar el incremento de la homocigocidad, con sistemas de apareamiento de mínima consanguinidad.

Palabras clave: depresión endogámica, consanguinidad, índices reproductivos, producción de leche, longitud de gestación, días vacíos

ABSTRACT

The main objective of the research was to evaluate the levels of inbreeding in dairy cows in a closed herd, and intensive system on the central coast, and the endogamic depression on the reproductive traits of the number of services to pregnancy, number of calving per cow, length gestation, age at calving (first and two or more calving), calving intervals, open days and on milk production (305d,3X). 38,014 pedigree records were evaluated to determine the inbreeding coefficients of the cows and 5,356 production records to evaluate inbreeding depression. Linear models were used considering age as a covariate, as well as regression models to assess inbreeding depression. The average inbreeding coefficient increased per year of birth was +0.13%, the highest value of inbreeding was observed in animals born in 2021 (9.39%). Six groups of cows were formed, non-consanguineous and consanguineous cows with an interval of 3.125%. No inbreeding depression was observed on the reproductive characters of number of services per pregnancy, age at first calving and successive calving's, open days and for milk production, while for the number of calving's per cow it was determined that there is a reduction of 0.04 fewer calving per cow, gestation length affected by -0.16 days, calving interval an increase of 0.028 days for each 1% increase in inbreeding. Monitoring of inbreeding is necessary to avoid an increase of inbreeding, implement a system mating of minimum inbreeding.

Keywords: endogamic depression, inbreeding, reproductive index, milk production, gestation length, open days.

I. INTRODUCCION

1.1 Planteamiento del problema

La consanguinidad en las poblaciones de animales dedicados a la producción animal, si bien es cierto, es un sistema de apareamiento regular, no controlado puede producir un efecto denominado depresión endogámica, y su efecto se puede observar desde la reducción de los índices reproductivos, como tasa de concepción, incremento de la edad al primer servicio, mayor edad a la preñez, mayor intervalo entre partos, como una reducción en la producción de leche.

Estos efectos negativos producido por la consanguinidad afecta la economía de los sistemas de producción, ya que los costos de producción se ven incrementados, la producción de animales de reemplazo, necesario en una población estabilizada, se reducen, afecta la tasa de selección y limita el progreso genético de las características productivas principalmente.

1.2 Descripción del problema

Las poblaciones animales, como es el de vacunos de leche en los sistemas intensivos, los sistemas de reproducción se basan en dos procesos sistemáticos, la selección y la migración que son sistemas que permite cambiar las estructuras genéticas logrando una mejora o un cambio genético de las características productivas y reproductivas.

Los procesos de reproducción están sustentados en el uso de tecnologías reproductivas como es la inseminación artificial, basado en el uso de semen de origen nacional, ofertados por centrales de inseminación ubicadas en diferentes regiones del país, así como de origen importado de diferentes países, especialmente de los Estados Unidos de Norteamérica, Canadá y Europa.

Estos reproductores machos al pertenecer a poblaciones de alto valor genético para las características productivas y reproductivas muchas veces ya presentan niveles de consanguinidad altos y al ser las vacas de los rebaños nacionales con una influencia genética de estos países se observa que los niveles de consanguinidad se incrementan presentándose los efectos adversos descritos, producidos por la depresión endogámica.

Según el Council on Dairy Cattle Breeding (CDCB, 2022), los niveles de consanguinidad de los toros lecheros probados en Estados Unidos de Norteamérica, a través de los años se ha ido incrementando, ya que en 1980 el promedio de consanguinidad fue de 1.77% presentando un valor de 11.4% para el año 2018, lo cual, al tener un flujo genético proveniente de dicho país, en nuestra población puede incrementarse significativamente la consanguinidad.

El estudio de los niveles de consanguinidad se ha realizado en diferentes poblaciones, así Parland et al. (2007) analizando los registros de genealogía de las razas de carne: Charolais, Limousin, Hereford, Angus y Simmental y la raza lechera Holstein-Friesian, en Irlanda, encontraron que para la Hostein-Friesian la tasa anual de incremento de la consanguinidad fue de 0.10% ($P < 0.001$); asimismo, estudio realizado en la población de la raza Brown Swiss Oré et al. (2009) determinaron que los niveles de consanguinidad en los toros nacionales registrados mostraron un coeficiente de consanguinidad de 3.6%.

En nuestro país, varios investigadores han demostrado que los niveles de consanguinidad en los rebaños de vacunos de leche y sus efectos sobre los valores de producción y reproducción no han sido muy significativos.

La consanguinidad no solamente afecta los valores productivos y reproductivos en hembras, sino también se observa en la calidad seminal de los machos, Ferenčaković et al. (2017) estudiaron la depresión endogámica en los caracteres como la fertilidad y la calidad del esperma en los machos, no solamente analizando el pedigrí sino también, marcadores genéticos

asociados con los genotipos cuantitativos, analizaron, asimismo, la posible asociación del valor futuro de la depresión endogámica con el porcentaje de espermatozoides vivos y el número total de espermatozoides, encontrando que la consanguinidad si afectó la concentración espermática, la depresión endogámica genómica no afectó el porcentaje de espermatozoides vivos.

1.3 Formulación del problema

Problema general.

Determinación de los coeficientes de consanguinidad de la población del rebaño cerrado de vacunos lecheros de la raza Holstein y determinar la depresión endogámica sobre los parámetros reproductivos y productivos.

Problema específico

Determinar la depresión endogámica sobre los índices reproductivos como número de servicios a la preñez, número de partos, longitud de la gestación, edad al parto (primer y posteriores partos), intervalo entre partos, días vacíos; y sobre la producción de leche (305d,3X).

1.4 Antecedentes

En nuestro país, según el Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego ([MIDAGRI], 2022) reporta una población de vacunos de 5,853,660 cabezas a nivel nacional, y corresponde a 932,745 vacas en ordeño con una producción de 2,342 kg de leche/vaca/año, lo cual representan un valor significativamente bajo, debido principalmente a limitaciones genéticas, de disponibilidad de insumos y condiciones climáticas en forma general. En los rebaños con manejo tecnológico los niveles de producción son mayores, usos de tecnologías reproductivas adecuadas, los efectos de la consanguinidad son mayores, por la alta probabilidad de tener machos reproductores con parentesco con las vacas que componen los rebaños lecheros.

Oré et al. (2009) estudiaron 4 generaciones de los registros genealógicos de 113 toros registrados en los registros genealógicos de la Asociación Brown Swiss del Perú y determinaron que el 68.2% de los animales presentaron coeficientes de consanguinidad menos de 4%.

En una población de ganado lechero de la raza Brown Swiss, Calderón y Garay (2014) evaluando 136 animales hembras, generando 820 animales y una profundidad de 15 generaciones, determinaron que el valor medio de consanguinidad fue de 2.07% con un valor máximo de 12.14%, y al analizar la variación por generaciones se encontró que las dos últimas generaciones todos los animales fueron consanguíneos.

Ruiz (2016) trabajando con 2,542 registros de genealogía y producción del Establo Montegrando, determinó que el 33.1% de los animales fueron consanguíneos con un promedio de 0.0013%, mientras que el 32.1% presentaron coeficientes de consanguinidad menores a 6.25%, 0.71% valores entre 6,25 y 12,5% de consanguinidad y solamente el 0.28% mostraron consanguinidad superior a 12.5%, determinando que no hubo efecto de la consanguinidad sobre los valores de producción y reproducción.

Gamboa (2019) en un estudio realizado en un establo lechero de la Cuenca de Lima al evaluar 2,632 registros de genealogía observó que el 84.04% de los animales no fueron consanguíneos. La depresión endogámica observada se dio en los caracteres reproductivos teniendo mayores intervalos entre partos a medida que la consanguinidad aumentó.

Silva et al. (2019) evaluando la depresión endogámica en vacas Holstein en Brasil, considerando la producción de leche a 305 días, edad al primer parto, e intervalo entre partos, utilizando modelos de regresión acerca de los errores del modelo animal, el modelo de regresión lineal fue significativo para el intervalo de partos, y regresión cuadrática para la edad

al parto. Asimismo, estimaron que vacas con 15% de consanguinidad produjeron 260 kg de leche menos que el promedio.

Andere et al. (2017), realizaron un estudio de los animales inscritos en el Sistema de Control Lechero Oficial de la República Argentina, que abarcó 422,563 animales con ancestro conocidos, determinaron que la consanguinidad promedio fue de 3.38% con una tendencia de incremento de la consanguinidad por año de nacimiento de 0.13%.

Villares (2019), utilizando la base de datos de 373 animales de la raza Holstein Friesian encontraron un valor de consanguinidad media de 0.1344%, no existiendo una depresión endogámica sobre la edad al primer parto ($p=0.1809$), número de servicios por concepción y días abiertos.

1.5 Justificación de la Investigación

Uno de los factores que no se toma en cuenta en los programas de selección de los animales reproductores, es el nivel de consanguinidad que se está dando en los rebaños lecheros, ya que muchas veces se limitan a seleccionar por caracteres productivos sin una evaluación de los grupos familiares a la cual pertenecen los reproductores, tanto machos como hembras.

En base al análisis de los niveles de consanguinidad se realizará la evaluación de la depresión endogámica que se podría observar en dicha población o rebaño cerrado de vacunos de leche en la costa central.

Los caracteres productivos y reproductivos pueden verse afectados por el nivel de la consanguinidad observada, lo cual es necesario conocer para poder plantear programas de apareamientos que nos lleve a una mínima consanguinidad y no afectar económicamente a los sistemas de producción.

1.6 Limitaciones de la investigación

Una de la posible limitación que tiene estos tipos de evaluaciones, es que los rebaños no cuentan con registros de producción y reproducción adecuados que permitan estructurar una base de datos confiables, no todas las empresas ganaderas cuentan con implementación de software para administración de rebaños lecheros, asimismo, no todo el ganado de estos rebaños son animales de pedigrí o que cuentan con registro genealógico que nos permita realizar una filiación correcta de las familias que componen.

Una limitación que se tendría para monitorear los efectos de la consanguinidad es la baja calidad de los registros de producción y reproducción de los animales, con la finalidad de organizar y analizar adecuadamente.

1.7 Objetivos

Objetivo general

Se tiene planteado como objetivo general la determinación de los niveles de consanguinidad de los animales del rebaño, clasificar de acuerdo con los niveles de consanguinidad y determinar la posible depresión endogámica sobre las características productivas y reproductivas.

Objetivo específico

Los objetivos específicos es determinar si existe depresión endogámica en las características reproductivas, como son: edad al servicio efectivo a la preñez en vaquillas, edad al primer parto, intervalo entre partos, días vacíos, número efectivo de servicios (inseminación artificial) a la preñez, y el carácter productivo de producción de leche por campaña (3x,305d).

1.8 Hipótesis

Hipótesis general

La depresión endogámica afecta los índices productivos y reproductivos en la producción de vacunos de leche en un establo con sistema de producción intensivo en la costa central del Perú.

Hipótesis específica

La depresión endogámica afecta significativamente sobre los índices reproductivos, medidos a través del número de servicios (inseminación artificial) a la preñez, número de partos, longitud de la gestación, edad al parto (primer y siguientes partos), intervalo entre partos y días vacíos.

La depresión endogámica afecta significativamente sobre los valores de producción de leche de las vacas por lactancia o partos.

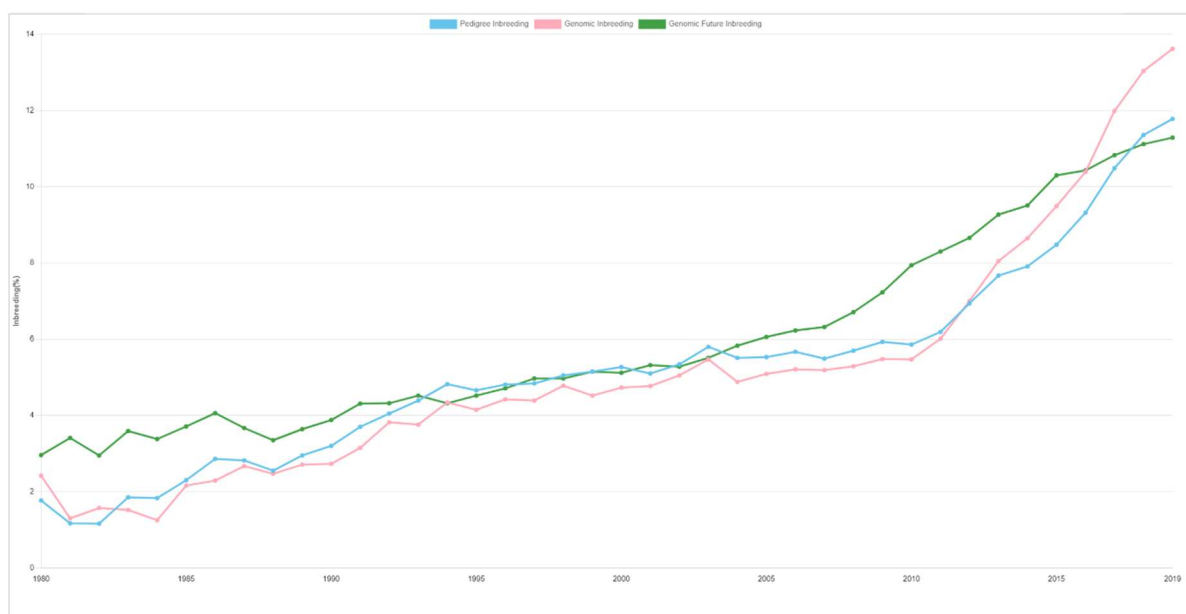
II. MARCO TEORICO

2.1 Marco conceptual

Las poblaciones animales, debido a los sistemas de apareamientos han visto incrementado los valores medios de la consanguinidad, los valores varían entre los grupos de machos reproductores y las hembras (vacas), es así, que en Estados Unidos de Norteamérica, a través de la CDCB (2022), reporto que el incremento de la consanguinidad en la población de machos reproductores activos se ha observado un incremento significativo, ya que en 1980 el valor medio, medido en 20 machos reproductores fue de 1.77%, incrementándose en 2018 a 11.36%, estimado en una población de machos reproductores activos de 717. Dicha variación se muestra en la Figura 1.

Figura 1

Tendencia de la consanguinidad en machos reproductores en los Estados Unidos de Norteamérica.

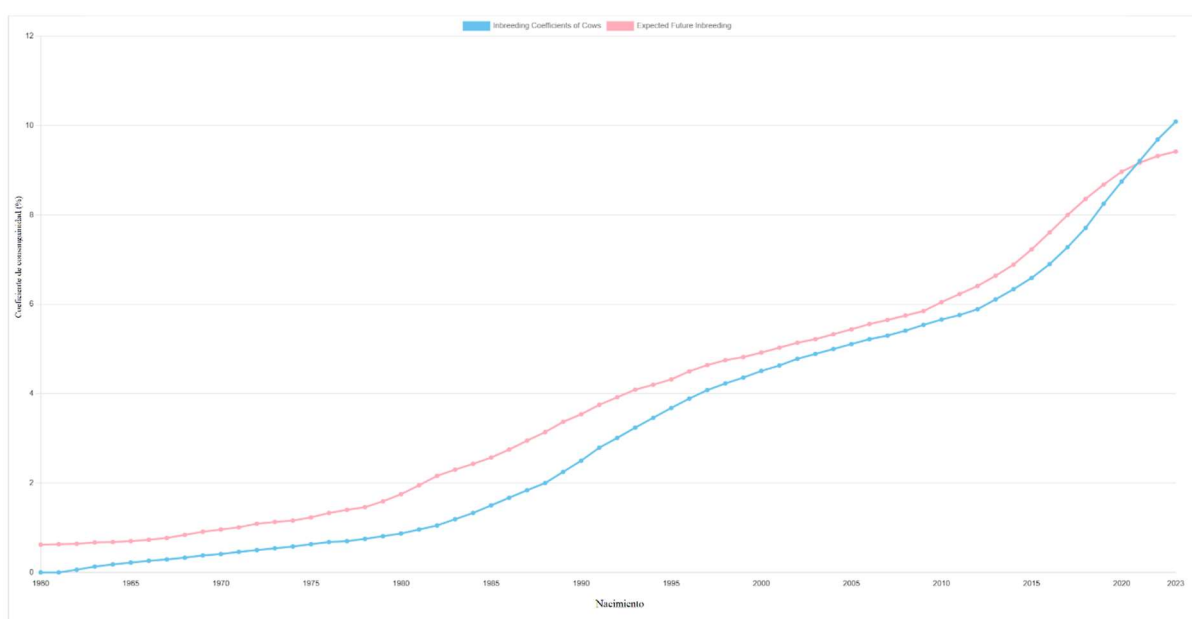


Fuente: Council on Dairy Cattle Breeding (CDCB USA, 2023)

El incremento de la consanguinidad en la población de hembras, tomando como base el año de nacimiento, fue estimado desde los años 1960 considerando 387 463 registros de pedigrí el valor de consanguinidad fue de 0%, mientras que las vacas nacidas en 2022, en un número de 1 236 166 vacas, se determinó un valor de 9.64%, dicha variación se presenta en la Figura 2.

Figura 2

Tendencia de la consanguinidad en vacas en los Estados Unidos de Norteamérica



Fuente: Council on Dairy Cattle Breeding (CDCB USA, 2023)

Mastrangelo et al. (2016) estudiando los registros de tres razas locales italianas y la Holstein cuantificaron la consanguinidad genómica (F) derivado de las corridas de homocigocidad (ROH) los cuales fueron comparados con la relación matricial genómica basado en la diferencia entre el valor observado y el valor esperado de los genotipos homocigotas, encontrando que la homocigocidad genómica media para la raza Cinisara, Modicana, Reggiana y Holstein italiano fueron de 0.098, 0.036, 0.074 y 0.042 respectivamente.

Zanella et al. (2018) en un estudio relacionado con la consanguinidad en una población de ganado Indubrasil, utilizando el coeficiente de consanguinidad de Wright (FST) observaron un incremento entre 1938 y 1998 de 1% a 3.4%, y para el año de estudio se observó un promedio de 4.61%, un valor mayor, indicando que se puede deber al refinamiento de la raza.

En vacas Holstein-Friesian polacas, Sell-Kubiak et al. (2018) evaluaron, en base a registros de 9.8 millones de animales, determinándose el nivel de consanguinidad por año de nacimiento, encontrándose que para el 2015 el nivel de consanguinidad fue del orden del 3.3%, y la tendencia del incremento de la consanguinidad fue de 0.10% por año de nacimiento.

Hofmannová et al. (2019) estimaron los niveles de consanguinidad, en una población de ganado Holstein checoslovaco, la tasa de consanguinidad por generación fue de 0.20%, el efecto de la consanguinidad fue significativo ($P=0.05$). El incremento de la consanguinidad a través del año de nacimiento varió de 1% en 1996 a 5% en el 2013. El impacto de la consanguinidad fue negativo en las características reproductivas de las vacas y vaquillonas, que un incremento en un 10% de la consanguinidad la tasa de concepción declinó en un 2.23%.

García-Ruíz et al (2022), evaluando los registros de genealogía de la raza Holstein, encontraron que el valor medio de consanguinidad y su desviación estándar, de los animales nacidos entre 1990 a 2018, fue de $2.60\% \pm 2.57$, con una tasa de incremento por año de 0.07% ($P<0.001$).

En otras poblaciones de ganado (*Bos taurus*) de la raza Shorthorn en Brasil, Machado et al. (2020) reportaron que el promedio del coeficiente de consanguinidad en la población fue de 1.68% y en la población de referencia el valor fue ligeramente mayor de 1.91%, asimismo, el valor más alto de consanguinidad fue de 47.66%, mientras que para el año 2018 los animales consanguíneos fueron el 87.09% de la población.

Gutiérrez-Reinoso et al. (2022) manifiestan que el uso continuo de las evaluaciones genómicas como un método en los programas de mejoramiento genético de los vacunos es altamente relevante para tener un impacto positivo en la reducción del grado de consanguinidad de las futuras generaciones, considerando que la estimación genómica de la homocigosis representa a ser la herramienta más segura, pero si combinamos estos dos factores (genómica y pedigrí) mejora la estimación de la predicción en la mayoría de los caracteres de interés en el ganado vacuno lechero.

2.2 El coeficiente de consanguinidad

La consanguinidad, en producción animal, en estricto sentido, refiere a un sistema de apareamiento entre animales que poseen uno o más antepasados en común, es decir entre aquellos animales que presentan un grado de parentesco, mayor que el promedio de raza (Falconer y Mackay, 1996).

Los genotipos de los individuos, en una población, se puede formar con dos tipos de genes (alelos), con genes idénticos por descendencia y con genes idénticos por naturaleza.

La medición de la consanguinidad se realiza mediante el cálculo del coeficiente de consanguinidad, concepto desarrolla por Wright (1922), el cual estima o mide el incremento de la homocigocidad de los pares de genes en un individuo en relación al promedio de la raza, considérese como ejemplo que si un individuo tiene un coeficiente de consanguinidad de 0.25 esto significa que se espera que tiene 25% de pares de genes en estado de homocigosis (con genes idénticos por descendencia) que los individuos no consanguíneos de la misma población.

El coeficiente de consanguinidad se estima mediante la siguiente ecuación:

$$F_x = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^a \left(\frac{1}{2}\right)^n (1 + F_a)$$

Donde:

F_x = Coeficiente de consanguinidad

n = Número de vías que conecta a los padres de “x” a través del ancestro común “a”

F_a = Consanguinidad del ancestro común

Asimismo, existen métodos desarrollados a partir de la ecuación propuesta por Wright (1922), como es la Teoría Gráfica (Graph theory) desarrollado por Boucher (1988), y cuando se trata de pedigrís con gran profundidad y un gran número de animales, se desarrollaron algoritmos que permitieron determinar los coeficientes de consanguinidad, como es lo desarrollado por Henderson (1976), Quass (1976), Gutiérrez et al. (1990), Tier (1990), Golden et al. (1991).

Utilizando el Análisis de Componentes Principales (PCA), método utilizado para describir estructuras genéticas de poblaciones considerando poblaciones genómicas, permite calcular coeficientes de consanguinidad de Wright; François y France (2021) describen un método para estimar los coeficientes de consanguinidad basados en la teoría espectral (Spectral theory), en la cual consideran n muestras de K poblaciones discretas y definido D_{st} y F_{st} de acuerdo con las ecuaciones de Wright (1965) y Nei (1973), considerando un locus en particular, $H_s = 2 \sum_{k=1}^K c_k p_k (1 - p_k)$ y $H_T = 2P(1 - P)$, entonces $D_{ST} = H_T - H_S$, el coeficiente de consanguinidad de Wright es definido como: $F_{ST} = D_{ST}/H_T$.

Meuwissen y Luo (1992) desarrollaron un algoritmo para determinar los coeficientes de consanguinidad en poblaciones grandes, considerando una linealidad en el tamaño de la población y que el número de generaciones no sea demasiado grande (no más de 12 generaciones). El método se basa en la descomposición de la matriz de relaciones aditivas genéticas \mathbf{A} : $\mathbf{A} = \mathbf{L}\mathbf{D}\mathbf{L}'$, donde \mathbf{L} es una matriz triangular inferior que contiene la fracción de

los genes de los animales derivados de sus ancestros, y \mathbf{D} es una matriz diagonal que contiene la varianza genética aditiva dentro de familia de los animales:

$$A_{ii} = \sum_{j=1}^i L_{ij}^2 D_{jj}$$

Baes et al. (2019) determina que cuando se utiliza información de pedigrí, el numerador de la matriz de relaciones aditivas (\mathbf{A}) es construido, el cual es una matriz de covarianza que es un estimado de la proporción estimada de los genes que comparten los animales en el pedigrí, los coeficientes de consanguinidad son sobreestimados cuando los padres son no conocidos o el pedigrí es incompleto, se estima considerando la ecuación desarrollada por Meuwissen y Lou (1992):

$$F_{PED_i} = \sum_{j=1}^i L_{ij}^2 D_{jj} - 1$$

Zanella et al. (2018) utiliza tres metodologías para determinar los niveles de homocigocidad genómica, i) el porcentaje de genotipos homocigotos en relación con el número total de genotipos (F_{SNP}); ii) El coeficiente de consanguinidad (F_x) utilizando la frecuencia de los genotipos homocigotas observados (HO) en relación con los genotipos homocigotas esperados (HE): $F_x = \left[\frac{HO-HE}{HE} \right]$, iii) corridas de homocigosis (ROH), utilizando el programa PLINK.

Un método para la predicción de las tasas de consanguinidad en poblaciones seleccionadas es presentado por Wray y Thompson (1990), aplicado para poblaciones con generaciones discretas, la cual considera la contribución de los genes de los antecesores en una generación dada a la relación entre los individuos de la última generación, el cual también es referido al tamaño efectivo de la población: $N_e \approx 2N / (\mu_r^2 + \sigma_r^2)$, donde N es el número de individuos por generación y μ_r y σ_r^2 son la media y la varianza de las contribuciones.

2.3 Depresión endogámica

La depresión endogámica se define como la reducción de la tasa reproductiva o de sobrevivencia observada en la progenie consanguínea.

Wright (1922) sostuvo que la consanguinidad producida tiene dos efectos: “Primero, una declinación de todos los elementos del vigor, como el peso, fertilidad, vitalidad, etc., y segundo, un incremento de la uniformidad dentro de la raza endogámica, correlacionado con la cual es un incremento de la prepotencia en cruces foráneos. La mejor explicación del decremento del vigor, del punto de vista mendeliano, es que los factores no favorables asociados a los genes recesivos se incrementan”.

Los efectos negativos de la consanguinidad han sido bastante documentado y tiende a caer en dos categorías, la primera es un incremento de la prevalencia de los genes letales (raros) o los desórdenes no deseados recesivos, tal como la deficiencia leucocitaria bovina (BLAD), deficiencia de la sintetasa monofosfato uridine (DUMPS), y esto ocurre cuando se aparean animales cercanamente emparentados; la segunda es un decremento general en la funcionalidad, performance y la rentabilidad de los animales consanguíneos (Bjelland et al., 2013).

Piñeira Vargas et al. (2020) sostienen que la consanguinidad se encuentra asociado a dos fenómenos que van a afectar a los sistemas de producción animal, uno de ellos es la reducción del sistema inmune debido a la alta probabilidad de formar individuos homocigotos para alelos deletéreos significando una disminución de la variabilidad genética, en el grupo de genes que codifican el complejo principal de histocompatibilidad (MHC), los animales con una mayor consanguinidad poseen un número menor de variantes en los linfocitos (linfocitos T y B) lo que permite tener también, un menor número de variantes de anticuerpos. El segundo fenómeno es debido a la depresión endogámica, afectando significativamente en las características que están asociadas a la heterosis.

Howard et al. (2017a) y Maltecca et al. (2020) sostienen que las poblaciones bajo consanguinidad, la media genética es reducido en la proporción de $-2dpqF$, donde F es el coeficiente de consanguinidad, p y q son las frecuencias alélicas, d desviación debido a la dominancia, y a esta reducción observada es referido como la depresión endogámica. Asimismo, sostienen que el incremento de la consanguinidad es inevitable porque es producto de la consecuencia de la intensidad de selección direccionada, en la disparidad de los procesos introducidos por la inseminación artificial, el uso del BLUP y la selección por truncamiento, el cual favorece la sobre representación a pocas familias de reproductores, observándose una reducción en el tamaño efectivo de la población y una alta tasa de consanguinidad.

Los sistemas de selección han ido evolucionando, desde el conocimiento de la transmisión del gen dado por Mendel (1695), la teorización de la herencia de múltiples genes establecido por Fisher (1930), la correlación observada en los pedigrís establecidas por Wright (1922), el desarrollo de los índices de selección por Hazel y Lush (1942), la implementación de los modelos lineales mixtos desarrollados por Henderson (1953), representando la innovación en la eficiencia del mejoramiento genético animal, sumado a ello la predicción del valor genético utilizando marcadores genéticos (Meuwissen et al., 2001).

Doekes et al. (2022) reportaron que los estudios publicados en Web of Science y Scopus sobre la depresión endogámica en ganado, cerdos, pollos, ovinos, cabras, caballos y conejos inicialmente resultó en 766 estudios publicados en el periodo de 1990 al 2020, de los cuales 154 estudios estimaron la depresión endogámica como una regresión lineal (valores de b), definido como el cambio en la media fenotípica por cada 1% de consanguinidad.

Piñeira Vargas y Gebauer Mery (2022), diseñaron un sistema de selección de machos, uno aleatorio con animales superiores a la media de la raza y que sean mínimamente emparentados, observándose que la generación de fundadores la consanguinidad fue cero, en la siguiente generación se observó un valor de cero de consanguinidad, sin embargo, en la

tercera generación se observa un incremento de la consanguinidad media anual con una tendencia polinomial ($R^2 = 0.98$). Asimismo, concluyen que resulta crítico el incremento de la consanguinidad, ya que en bovinos Holstein un 1% en consanguinidad se estima un costo neto de 23.11 dólares por animal, durante su vida productiva, equivalente a 37 kg de leche.

Maltecca et al. (2020) utilizando información genómica, que es un método que permite obtener un incremento de la ganancia genética, pero debido a la homocigocidad la presencia de los efectos recesivos afectó la fertilidad que son estimados en \$5.77, \$3.65, \$0.94 y \$2.96 en Ayrshire, Brown Swiss, Holstein y Jersey respectivamente.

a) Número de servicios a la preñez

El número de servicios a la preñez es importante, porque va a tener una relación directa con los días vacíos, el intervalo entre partos, y directamente con la capacidad o eficiencia reproductiva.

Baes et al. (2019) reportaron que la consanguinidad, en la población de ganado en Canadá desde 1950 hasta 2018, se ha incrementado de 0% hasta casi 10%. Asimismo, reporta que los estudios demuestran que los efectos de la consanguinidad sobre la reproducción y caracteres de fertilidad en ganado lechero ha sido la reducción de estas, las vacas que presentaron valores de consanguinidad $>6.25\%$ presentan una tasa de preñez de 1.68% más bajo que los animales de menor consanguinidad o no consanguíneas, intervalos entre partos más prolongados (+0.7 d), mayor edad al primer parto (+0.2 d).

Gutiérrez-Reinoso et al. (2022) reportaron que la depresión endogámica observada para el número de servicios a la preñez al primer parto se observó un incremento de 0.96 a 0.99 servicios, y el número de servicios a la preñez en vacas se incrementó entre 0.45 a 0.70 servicios por cada 1% de incremento en la consanguinidad media.

b) Número de partos

Como la consanguinidad está asociada a la depresión endogámica de los caracteres reproductivos, hay estudios que han reportado un efecto en el número de partos logrados por las vacas.

Pryce et al. (2014) determinaron que el incremento en un 1% de la consanguinidad, basado en evaluaciones de los pedigríes e información genómica fue asociada con un decremento en la producción de leche, grasa y proteína cercanamente en 0.4 a 0.6% de la media fenotípica, asimismo, un incremento en los intervalos entre partos (una medida del deterioro de la fertilidad) de 0.02 a 0.05% de la media fenotípica.

c) Longitud de gestación

La longitud de gestación es el periodo que dura una gestación, en poblaciones normales, en función de la raza puede presentar una variación debido a los factores fetales como el sexo de la cría y factores genéticos que podría atribuirse a la consanguinidad.

Leroy (2014) en el metaanálisis realizado reportó que la media mínima cuadrática para la depresión endogámica de la longitud de gestación determinó en -0.021 días, siendo no significativo la variación.

d) Edad al primer parto

La edad al primer parto dependerá del sistema de manejo que se tenga en los sistemas de crianza, el retardo en la ganancia de peso o crecimiento del animal puede estar influenciado por los niveles de consanguinidad que tenga el animal.

Gutiérrez-Reinoso et al. (2020), compararon los grupos de baja consanguinidad (LI: <0.025) y alta consanguinidad (HI: ≥ 0.025 y ≤ 0.05) no encontraron diferencias significativas en cuanto a la edad al primer parto.

De la evaluación de 14 rebaños en ganado Holstein de Estonia, Remmik et al. (2020) encontraron que la edad al primer parto fue en promedio a los 773 días, equivalente a los 25.34 meses de edad, con un rango de 709 días (23.24 meses) hasta 861 días (28.23 meses).

e) Edad al parto, dos a más partos

La edad al parto, de dos a más partos, está influenciada mucho por la eficiencia reproductiva que podamos tener en el rebaño, relacionado directamente con los días vacíos, cuando se mantenga una buena eficiencia reproductiva podrá ser menor la edad a los partos posteriores, pero indudablemente tenemos el posible efecto de la consanguinidad, ya que ello va a afectar directamente a la eficiencia reproductiva de la vaca.

Gutiérrez-Reinoso et al. (2020), comparando los grupos de baja consanguinidad (LI: <0.025) y alta consanguinidad (HI: ≥ 0.025 y ≤ 0.05) encontraron diferencias significativas en cuanto a la edad al parto en vacas siendo éstas significativas, observándose que las vacas de menor consanguinidad la edad al parto fue menor a las vacas que pertenecían al grupo de alta consanguinidad.

f) Intervalo entre partos

El intervalo entre partos está relacionado con la eficiencia reproductiva y los días vacíos (dependiendo del tiempo voluntario de espera), incidiendo que los intervalos puedan incrementarse, pero los efectos genéticos estarán asociados a la depresión endogámica observada.

Baes et al. (2019) reportaron que por efecto de la consanguinidad se observó un incremento en el intervalo entre partos de +0.7 días, asimismo indicaron que por cada 1% de incremento de la consanguinidad se incrementó el intervalo entre partos en 0.02 a 0.05% sobre el promedio del rebaño.

Remmik et al. (2020) trabajando con los registros de producción de vacas Holstein en Estonia, observaron un incremento en la producción de leche por lactancia de 8978 kg registrado en el 2014 a 9971 kg al 2018, asimismo una reducción en la permanencia del animal en el rebaño, medido de la fecha del primer parto a la fecha de saca de la vaca. Evaluando los caracteres asociados a la reproducción, encontraron en promedio un intervalo entre partos de 404.2 días, equivalente a 13.25 meses.

Doekes et al. (2020) estudiando una población de vacas Holstein alemanes, estimaron que la consanguinidad afectó negativamente en el intervalo entre partos, determinándose que la depresión endogámica incrementó en 1.11 días.

Martínez-Castillero et al. (2021) trabajando con registros de producción de la raza Brown Swiss italiana determinó que el promedio del intervalo entre partos fue estimado en 419.5 días (13.75 meses) en un rango de variación de 277 a 761 días (9 a 24.95 meses), el cual fue afectado por los niveles de consanguinidad.

Gutiérrez-Reinoso et al. (2022) reportaron el efecto de la depresión endogámica de 0.18 a 0.48 días por cada 1% de incremento en la consanguinidad promedio en vacunos de leche considerando la estimación por pedigrí y genómica respectivamente.

g) Días vacíos

Los días vacíos está en función del tiempo voluntario de espera asociada con la eficiencia reproductiva de las vacas, son pocos los estudios realizados considerando dicha variable.

La depresión endogámica estimada para esta característica de días vacíos se observaron un incremento para los tres métodos de estimación utilizados en dicho estudio de 1.76 días ($P < 0.05$), 1.72 ($P < 0.001$) y de 1.06 ($P < 0.01$), para F_{PH} , F_{ROH} y F_{GRM} respectivamente.

Remmik et al. (2020) en la población de vacas de Estonia, reportan que los días vacíos encontrado al evaluar 14 rebaños, fue de 125.6 días, observándose una variación desde 108 días hasta 151 días.

Evaluando los registros de producción de la raza Brown Swiss italiana, entre el período 2010 al 2018, relacionando con la consanguinidad, reportaron que los días vacíos en promedio fueron de 127.8 días (DS:70.2), con un mínimo de 20 días a 394 días, concluyendo que existe una fuerte influencia de la depresión endogámica en dicha característica (Martínez-Castillero et al., 2021).

h) Producción de leche a 305 días

La depresión endogámica ha sido estudiada ampliamente sobre este carácter en vacas lecheras, así, Leroy (2014) en su metaanálisis ha reportado que el nivel de consanguinidad afecta significativamente el nivel de producción estableciendo una variación de -0.367 kg y un cambio en la desviación estándar de -1.277, siendo ambos coeficientes altamente significativa ($P < 0.001$).

La reducción en la producción de leche está asociada al incremento de la consanguinidad (Miglior et al., 1995; Smith et al., 1998; Thompson et al., 2000 citados por Bjelland et al., 2013), el cual puede decrecer por cada 1% de incremento de la consanguinidad en 94.5 kg de leche en la producción de por vida.

Bjelland et al. (2013) determinaron la depresión endogámica, como cambio en el fenotipo por el incremento de 1% en la homocigocidad (F_{PH}), consanguinidad derivada de corridas de homocigocidad (F_{ROH}), con un mínimo de 30 SNP (Polimorfismo de nucleótido simple) y consanguinidad calculada de una matriz de relaciones genómicas (F_{GRM}), que para el caso de la producción de leche (kg) medido a 305 días de producción fue de -53 kg, -20 kg y -47 kg de leche respectivamente, siendo esta variación muy significativa.

Dezetter et al. (2015) evaluando registros de producción y de genealogía de las razas puras de Holstein, Montbéliarde y Normando, así como los cruces de HO x MO y HO x NO, determinaron que la consanguinidad afectó los niveles de producción en las razas puras, y que la depresión endogámica estimada fue de -32 a -41 kg de leche ajustada a edad adulta (EA), y de -1.4 a -1.7 kg de grasa equivalente a edad adulta y de -1.1 a -1.3 kg de proteína a edad adulta, por cada 1% de incremento de consanguinidad en las vacas.

Doekes et al. (2020) utilizando el genotipo (75 k) y fenotipo de 38,792 vacas y utilizando un modelo GREML se estimó la depresión endogámica para la producción de leche, encontrándose que el incremento del 1% en la homocigocidad del genoma produce una reducción de aproximadamente de 99 kg de leche.

Maltecca et al. (2020) reportaron que la depresión endogámica para la producción de leche fue de -63.90 lb de leche por cada 1% de incremento en la consanguinidad, afectando de la misma manera sobre los otros caracteres productivos y reproductivos. Al evaluarla depresión endogámica utilizando análisis genómico, mediante la regresión determinaron que para las 4 primeras generaciones la depresión fue estimada en -118.30 lb de leche ($P < 0.001$), y para las 4 a 8 generaciones en -78.30 lb de leche ($P < 0.001$).

Gutiérrez-Reinoso et al. (2020) compararon los niveles de consanguinidad sobre la producción de leche, para lo cual agruparon a las vacas en grupo de baja consanguinidad (LI: < 0.025) y grupo de vacas de alta consanguinidad (HI: ≥ 0.025 y ≤ 0.05), no encontró diferencias en la producción de leche, mientras que para la producción de grasa y proteína las diferencias fueron significativas.

García-Ruíz et al. (2021) en un estudio realizado en ganado Holstein de México, evaluando 326,238 animales determinaron que por cada punto de incremento de la consanguinidad la producción de leche, grasa y proteína se observó una reducción de 88 kg de

leche, 3.16 kg de grasa y 2.57 kg de proteína, siendo estos valores altamente significativos ($P < 0.0001$).

Gutiérrez-Reinoso et al. (2022), para la producción de leche la depresión endogámica observada fue de -36.30kg de leche en una estimación genómica y de -19.68 kg de leche cuando se estimó mediante el análisis de pedigrí, ambos considerado como la variación al 1% de incremento de la consanguinidad.

III. MÉTODO

3.1 Tipo de investigación

La investigación es del tipo básica, descriptiva, cuantitativa y cualitativa, en base al análisis de la información de los registros de producción, reproducción y de genealogía.

3.2 Población y muestra

La información recopilada para el análisis de la consanguinidad se presenta en la Tabla 1, donde se estructura el número de vacas que pertenecen al rebaño, el número de reproductores machos de origen nacional y de origen importado que son padres de las vacas, asimismo, el número de abuelos y abuelas. Los registros de genealogía corresponden desde el año de fundación del rebaño lechero, que data del año 1988 hasta el año 2021.

Tabla 1

Distribución de la población para el análisis de los coeficientes de consanguinidad

	Animales		Abuelos	Total Animales
	Nacionales	Importados		
Machos	66	322	9,639	10,027
Hembras	6,665		21,322	27,987
Total	6,731	322	30,961	38,014

Nota: Elaboración propia.

Para el análisis de los registros de producción y reproducción, se ha considerado a las vacas nacidas del año 2008 al año 2021, la distribución de los animales nacidos en dicho período se muestra en la Tabla 2.

Tabla 2*Distribución de los animales hembras nacidas en el período 2008 - 2021.*

	Año de nacimiento													
	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
n_i	177	172	227	202	266	287	299	380	232	308	255	274	289	377
n.	3,595													

Nota: Elaboración propia

3.3 Operacionalización de las variables

Variable	Definición		Nivel de medición	Indicadores
	Teórica	Operacional		
Coeficiente de consanguinidad	Nivel de homocigocidad de los animales		Cuantitativo	Porcentual, categorización
Número de servicios efectivo a la preñez	Número de inseminaciones requeridas para lograr la preñez		Cuantitativo	Ordinal, categorización
Número de partos por vaca	Número de partos logrados en su vida productiva		Cuantitativo	Ordinal, categorización
Longitud de la gestación	Tiempo que dura la gestación	Expresado en días	Cuantitativo	Ordinal, continuo
Edad al primer parto	Edad del animal hembra que ha parido	Edad expresados en meses	Cuantitativo categórico	Ordinal categorización
Edad al parto (segundo a más partos)	Medida en meses, diferencia entre partos	Intervalo expresado en meses	Cuantitativo categórico	Ordinal categorización

Intervalo entre partos	Medida en meses entre parto y parto	Intervalo expresado en meses	Cuantitativo categórico	Ordinal categorización
Días vacíos	Intervalo post parto a la preñez	Expresado en días	Cuantitativo	Ordinal categorización
Producción de leche	Producción de leche en un periodo de 305d	Medido en kilos de leche por lactancia	Cuantitativo	Niveles de producción

3.4 Instrumentos

Los datos fueron recopilados de los registros de producción y reproducción con la que cuenta la empresa, en la actualidad mantiene registros de genealogía histórico de los animales, para las variables productivas y reproductivas se tiene los cuadernos diarios de ocurrencias y la base de datos generado por el programa informático de manejo de rebaños.

La información adicional de los registros de genealogía se ha hecho uso de la base de datos de la Asociación Holstein de los Estados Unidos de Norteamérica (Holstein Foundation, 2021-2022).

Adicionalmente mediante una hoja electrónica se ha sistematizado la información para poder generar los archivos o bases de datos para que los programas informáticos puedan ejecutar los análisis estadísticos correspondientes.

3.5 Procedimientos

Los procedimientos realizados para lograr el análisis de los datos de producción y de genealogía y determinar los efectos de la consanguinidad fueron:

- a) Compilación de los registros reproductivos de los cuadernos diarios de ocurrencia, como son la relación de partos, servicios de inseminación realizados, diagnóstico de preñez, destetes realizados, abortos producidos.

- b) Filiación de los animales con respecto a los registros de genealogía, en base a los certificados genealógicos emitidos por la Asociación de Criadores Holstein del Perú, en la que consta hasta tres generaciones.
- c) Revisión de la base de datos, de acceso público, de la Asociación de Criadores Holstein de Estados Unidos de Norteamérica (Holstein Association USA, Inc.) para completar los registros de genealogía, hasta 10 generaciones.
- d) Migración de los datos de los sistemas de manejo de rebaños computarizados de hatos lecheros, en formato CSV.
- e) Creación de la base de datos en una hoja electrónica con la finalidad de realizar las validaciones de los registros productivos y reproductivos.
- f) Creación de la base de datos de genealogía en una hoja electrónica, con la finalidad de verificar la filiación correcta, y que, en la columna de padre, madre no exista un registro duplicado con sexo diferente.
- g) Exportación de los datos validados para el análisis por el software de análisis estadísticos y el software para determinar los coeficientes de consanguinidad.

3.6 Análisis de datos

Los registros de genealogía generado por la información de los certificados de pedigrí de los animales, ha sido analizado utilizando el programa de cómputo desarrollado por Garbe y Da (2008), utilizando el algoritmo desarrollado por Meuwissen y Luo (1992), para ello la estructura del archivo consistió en ordenar en columnas las siguientes variables (Anexo A).

- a) Número del animal (Hembra: número de arete, Macho: Código NAAB)
- b) Arete del animal (propio de la explotación)
- c) Registro de Genealogía (HB)
- d) Nombre del animal
- e) Sexo del animal

- f) Fecha de nacimiento del animal
- g) Código NAAB del padre del animal
- h) Nombre del padre del animal
- i) Registro genealógico del padre del animal
- j) Registro genealógico de la madre del animal
- k) Nombre de la madre del animal
- l) Padre de la madre del animal (abuelo materno)
- m) Rebaño
- n) Filtro

Para el análisis estadístico de la información de reproducción y producción la base de datos ha tenido la siguiente estructura (Anexo B).

- a) Número de la vaca (identificación en el rebaño, tatuaje en la oreja derecha)
- b) Arete de la vaca (identificación electrónica de la vaca)
- c) Registro de genealogía del animal (número exclusivo dado por las asociaciones de raza)
- d) Nombre del animal (si tiene el animal)
- e) Fecha de nacimiento de la vaca (formato dd/mm/aa)
- f) Código NAAB del padre (Código internacional de las centrales de inseminación)
- g) Nombre del padre (dado por las centrales de inseminación)
- h) Registro genealógico del padre (número único asignado por las asociaciones)
- i) Número de la madre (arete), como se identifica en el rebaño
- j) Registro genealógico de la madre (número único asignado por las asociaciones)
- k) Nombre de la madre (si corresponde)

- l) Número de parto de la vaca
- m) Número de servicios para la preñez efectiva
- n) Fecha de servicio (inseminación artificial o monta natural)
- o) Fecha de parto (dd/mm/aa)
- p) Longitud de gestación, en días
- q) Sexo de la cría de la vaca identificado en la columna a, b, c y d.
- r) Evento (Natimorto. Aborto)
- s) Edad al parto, en meses
- t) Intervalo de parto, en meses (diferencia entre partos)
- u) Año de parto
- v) Mes de parto
- w) Días vacíos (intervalo en días posparto a la preñez)
- x) Coeficiente de consanguinidad de la vaca
- y) Coeficiente de consanguinidad de la madre
- z) Coeficiente de consanguinidad del padre
- aa) Producción de leche a 305 días, 3 ordeños, en kilos
- bb) Producción de leche real en kilos (lactancia completa)
- cc) Días en producción real (DIM)
- dd) Grupo de consanguinidad (n = 1, 6)

La información de las edades, al servicio efectivo de preñez, al primer parto, al parto sucesivo, intervalo entre partos ha sido generado por el mismo programa de análisis estadístico

utilizando la rutina de generación de variables, así como la producción de leche, asociado a los niveles de consanguinidad de los animales, agrupadas por intervalo de clases de la consanguinidad de los animales.

El programa estadístico utilizado fue el SAS® OnDemand for Academics (Statistical Analysis System, 2022), en su versión gratuita para académicos, utilizando los procedimientos PROC SORT, PROC FREQ, PROC MEANS, PROC REG, PROC GLM.

Los modelos estadísticos están en función de la variable que se desea analizar, siendo los siguientes:

Para analizar el efecto de la consanguinidad sobre el número de servicios a preñez efectiva se tiene el modelo:

$$Y_{ij} = \mu + NP_i + AP_j * EP_k + \beta_l(Edad) + Fx_m + e_{ijklmn}$$

donde:

Y_{ij} = Número de servicio a preñez efectiva

μ = Media poblacional

NP_i = Número de parto de la vaca (n = 1 -- 5)

AP_j = Año de parto de la vaca (n = 1 -- 14)

EP_k = Época de parto de la vaca (n = 1 -- 2)

β_l = Coeficiente de regresión lineal sobre la edad al parto (covariable)

Fx_m = Grupo de consanguinidad al que pertenece la vaca (n = 1 -- 6)

ϵ_{ijk} = error experimental $N(\mu, \sigma^2)$

El modelo estadístico utilizado para analizar el efecto de la consanguinidad número de partos por vaca, fue el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + Fx_m + e_{ijk}$$

Donde:

Y_{ij} = Número de parto

μ = Media poblacional

Fx_m = Grupo de consanguinidad al que pertenece la vaca (n = 1 -- 6)

e_{ijk} = error experimental $N(\mu, \sigma^2)$

El modelo lineal utilizado para analizar el efecto sobre la longitud de la gestación en las vacas fue:

$$Y_{ij} = \mu + NP_i + AP_j * EP_k + \beta_l(Edad) + SC_m + Fx_n + e_{ijklmno}$$

Donde:

Y_{ij} = Longitud de la gestación

μ = Media poblacional

NP_i = Número de parto de la vaca (n = 1 -- 5)

AP_j = Año de parto de la vaca (n = 1 -- 14)

EP_k = Época de parto de la vaca (n = 1 -- 2)

β_l = Coeficiente de regresión lineal sobre la edad al parto (covariable)

SC_m = Sexo de la cría (n = 1 -- 2)

Fx_n = Grupo de consanguinidad al que pertenece la vaca (n = 1 -- 6)

$e_{ijklmno}$ = error experimental $N(\mu, \sigma^2)$

Para evaluar el efecto de la consanguinidad sobre la edad al parto, se utilizó el siguiente modelo:

$$Y_{ij} = \mu + NP_i + Fx_j + e_{ijk}$$

Donde:

Y_{ij} = Edad al parto

μ = Media poblacional

NP_i = Número de parto de la vaca ($n = 1 \text{ -- } 5$)

Fx_j = Grupo de consanguinidad al que pertenece la vaca ($n = 1 \text{ -- } 6$)

ε_{ijk} = error experimental $N(\mu, \sigma^2)$

Para el análisis del efecto de la consanguinidad sobre el intervalo entre partos se consideró el siguiente modelo:

$$Y_{ij} = \mu + NP_i + \beta_j(Edad) + Fx_k + e_{ijkl}$$

Donde:

Y_{ij} = Intervalo entre partos

μ = Media poblacional

NP_i = Número de parto de la vaca ($n = 1 \text{ -- } 5$)

β_j = Coeficiente de regresión lineal sobre la edad al parto (covariable)

Fx_k = Grupo de consanguinidad al que pertenece la vaca ($n = 1 \text{ -- } 6$)

ε_{ijkl} = error experimental $N(\mu, \sigma^2)$

Para analizar el efecto de la consanguinidad sobre los días vacíos se empleó el siguiente modelo lineal:

$$Y_{ij} = \mu + NP_i + AP_j * EP_k + \beta_l(Edad) + Fx_m + e_{ijklmn}$$

Donde:

Y_{ij} = Días vacíos

μ = Media poblacional

NP_i = Número de parto de la vaca (n = 1 -- 5)

AP_j = Año de parto de la vaca (n = 1 -- 14)

EP_k = Época de parto de la vaca (n = 1 -- 2)

β_l = Coeficiente de regresión lineal sobre la edad al parto (covariable)

Fx_m = Grupo de consanguinidad al que pertenece la vaca (n = 1 -- 6)

e_{ijklmn} = error experimental $N(\mu, \sigma^2)$

Para la determinación del efecto de la consanguinidad sobre la producción de leche (305d,3X) el modelo fue el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + NP_i + AP_j * EP_k + \beta_l(Edad) + Fx_m + e_{ijklmn}$$

Donde:

Y_{ij} = Producción de leche (305d,3X)

μ = Media poblacional

NP_i = Número de parto de la vaca (n = 1 -- 5)

AP_j = Año de parto de la vaca (n = 1 -- 14)

EP_k = Época de parto de la vaca (n = 1 -- 2)

β_l = Coeficiente de regresión lineal sobre la edad al parto (covariable)

Fx_m = Grupo de consanguinidad al que pertenece la vaca (n = 1 -- 6)

ε_{ijklmn} = error experimental $N(\mu, \sigma^2)$

Para todos los modelos lineales planteados, se ajustó las medias por mínimos cuadrados (LSM) y determinado las diferencias de las medias ajustadas mediante el estadístico “t” para determinar las diferencias significativas.

Para la estimación de la variación sobre los caracteres reproductivos y productivos debido a la consanguinidad se empleó los modelos de regresión, considerando el coeficiente de consanguinidad, así como el grupo de consanguinidad a la cual pertenece la vaca.

El modelo de regresión utilizado fue el siguiente:

$$Y_{ij} = a + \beta_i(X_i - \bar{X}) + e_{ijk}$$

Donde:

Y_{ij} = Número de servicios a la preñez, Número de partos, Longitud de la gestación (días), Edad al parto (al primer parto y dos a más), Intervalo entre partos (meses), Días vacíos y Producción de leche (305d,3X) en kilos.

α = Constante de la regresión lineal

β_i = Coeficiente de regresión lineal sobre el coeficiente de consanguinidad o grupo de consanguinidad de las vacas

X_i = Valor del coeficiente de consanguinidad o grupo de consanguinidad de la vaca

ε_{ijk} = Error experimental $N(\mu, \sigma^2)$

IV. RESULTADOS

4.5 De los valores del coeficiente de consanguinidad de las vacas de la población

La estimación de los valores de los coeficientes de consanguinidad determinados en la población de referencia consideró 38,014 registros de genealogía, encontrándose que los animales fundadores ya eran consanguíneos. Desde la formación del rebaño, en función al año de nacimiento de las crías hembras, se ve la evolución de los niveles de consanguinidad. Así se observa en la Tabla 3, que en los tres primeros años de nacimiento de los animales de fundación ya presentaban coeficientes de consanguinidad de 1.36% hasta 3.26%.

El rebaño se comienza a consolidar a partir del año 1991, pero con una consanguinidad del orden de las vacas consanguíneas del 2.51% y de rebaño general de 2.12%. La tendencia de la consanguinidad ha sido de un incremento a través de los años de nacimiento de las vacas, que evaluado dicha tendencia mediante un análisis de regresión se observó que la tendencia lineal fue de 0.0016 (0.16%) por año de nacimiento, con un coeficiente de determinación (R^2) de 84.22%.

El incremento de la consanguinidad se analiza desde la tendencia lineal (regresión lineal) así como una tendencia polinomial de orden tres, determinándose para esta última un coeficiente de determinación (R^2) de 86.71%, dichas tendencias se presentan en la Figura 3.

En cuanto a los valores de consanguinidad, la variación encontrada se muestra en la Tabla 4, donde se observa los valores mínimos y máximos de los coeficientes de consanguinidad a través de los años de nacimiento, observándose valores máximos de hasta 0.3269 (32.69%).

Tabla 3*Valores de consanguinidad de las vacas según año de nacimiento.*

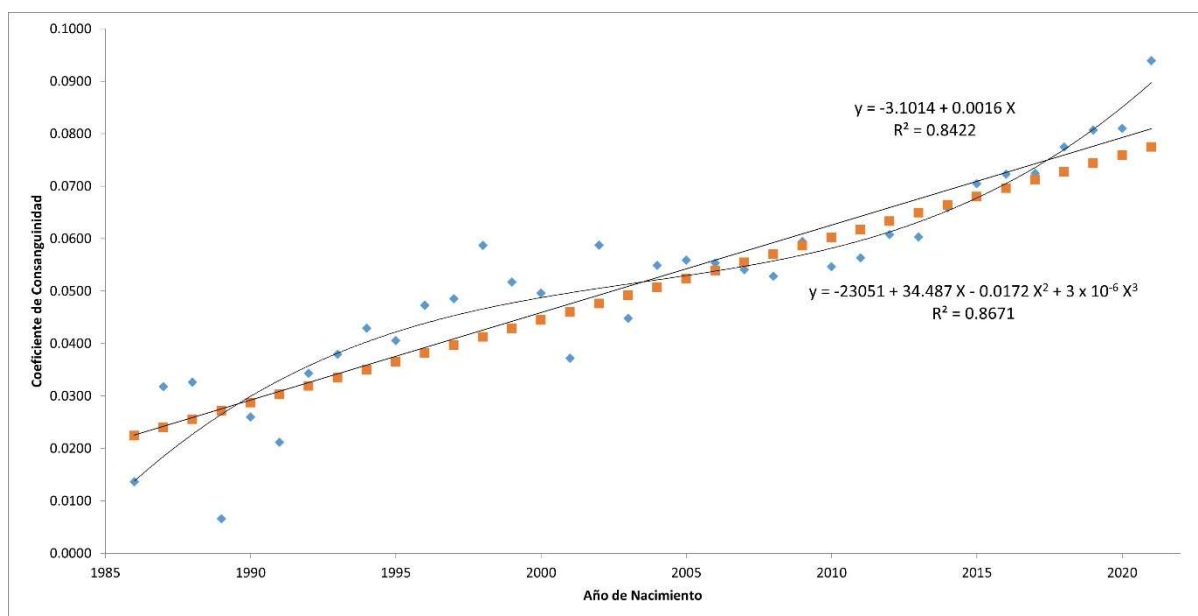
Año de Nacimiento	Número de Vacas			Promedio de consanguinidad	
	No consanguíneas	Consanguíneas	Total	Consanguíneas	Rebaño
1986	0	1	1	0.0136	0.0136
1987	0	2	2	0.0318	0.0318
1988	0	3	3	0.0326	0.0326
1989	1	1	2	0.0131	0.0066
1990	1	8	9	0.0292	0.0260
1991	4	22	26	0.0251	0.0212
1992	1	17	18	0.0363	0.0343
1993	2	41	43	0.0398	0.0379
1994	2	75	77	0.0441	0.0429
1995	0	49	49	0.0405	0.0405
1996	1	141	142	0.0476	0.0473
1997	5	123	128	0.0505	0.0486
1998	2	141	143	0.0595	0.0587
1999	0	180	180	0.0517	0.0517
2000	6	166	172	0.0514	0.0496
2001	24	115	139	0.0450	0.0372
2002	1	153	154	0.0591	0.0588
2003	21	132	153	0.0519	0.0448
2004	1	129	130	0.0553	0.0549
2005	0	101	101	0.0559	0.0559
2006	6	105	111	0.0585	0.0553
2007	16	132	148	0.0607	0.0541
2008	25	152	177	0.0615	0.0529
2009	11	161	172	0.0635	0.0595
2010	18	208	226	0.0594	0.0547
2011	14	188	202	0.0605	0.0563
2012	7	259	266	0.0624	0.0608
2013	5	281	286	0.0614	0.0603
2014	2	289	291	0.0663	0.0659
2015	0	361	361	0.0705	0.0705
2016	5	212	217	0.0740	0.0723
2017	4	290	294	0.0735	0.0725
2018	2	248	250	0.0781	0.0774
2019	5	261	266	0.0823	0.0807
2020	31	240	271	0.0914	0.0810
2021	3	313	316	0.0948	0.0939
Total	226	5300	5526	0.0654	0.0627

Nota. Elaboración propia

La Tabla 3 muestra la evolución en número de animales incorporados al rebaño a través de los nacimientos de hembras, así como la evolución de la consanguinidad de estos. Se ha observado que los animales nacidos en cada año mayoritariamente han sido ya consanguíneas y para el último año (2021) el valor promedio de la consanguinidad de las vacas consanguíneas fue de 9.48% y el promedio para todo el rebaño de 9.39%.

Figura 3

Incremento de la consanguinidad de las vacas del rebaño, según año de nacimiento (Tendencia lineal y tendencia polinómica de orden tres)



Nota. Elaboración propia.

De la información presentada en la Tabla 3, se ha elaborado la Figura 3, donde se observa la tendencia del incremento de la consanguinidad en dicha población de vacunos lecheros por año de nacimiento de las vacas, la tendencia lineal presentó un coeficiente de determinación de 84.22%, y para la tendencia polinómica de orden tres el coeficiente de determinación fue de 86.71%

Tabla 4

Valores de consanguinidad promedio, valores mínimos y máximos; de las vacas consanguíneas, según año de nacimiento

Año de Nacimiento	Valores de consanguinidad		
	Promedio rebaño	Mínimo	Máximo
1986	0.0136	0.0136	0.0136
1987	0.0318	0.0133	0.0503
1988	0.0326	0.0143	0.0483
1989	0.0066	0.0131	0.0131
1990	0.0260	0.0197	0.0463
1991	0.0212	0.0077	0.0548
1992	0.0343	0.0027	0.0822
1993	0.0379	0.0057	0.0968
1994	0.0429	0.0041	0.2805
1995	0.0405	0.0037	0.0914
1996	0.0473	0.0013	0.1154
1997	0.0486	0.0063	0.2665
1998	0.0587	0.0146	0.1796
1999	0.0517	0.0040	0.1229
2000	0.0496	0.0079	0.1100
2001	0.0372	0.0043	0.1305
2002	0.0588	0.0144	0.1319
2003	0.0448	0.0023	0.1191
2004	0.0549	0.0150	0.1241
2005	0.0559	0.0102	0.1135
2006	0.0553	0.0167	0.1236
2007	0.0541	0.0147	0.1249
2008	0.0529	0.0313	0.3065
2009	0.0595	0.0225	0.1085
2010	0.0547	0.0232	0.1318
2011	0.0563	0.0263	0.1793
2012	0.0608	0.0221	0.3147
2013	0.0603	0.0221	0.1360
2014	0.0659	0.0251	0.1234
2015	0.0705	0.0251	0.2940
2016	0.0723	0.0468	0.1070
2017	0.0725	0.0304	0.1021
2018	0.0774	0.0327	0.1438
2019	0.0807	0.0158	0.3031
2020	0.0810	0.0313	0.3269
2021	0.0939	0.0353	0.1653
Total	0.0627	0.0013	0.3269

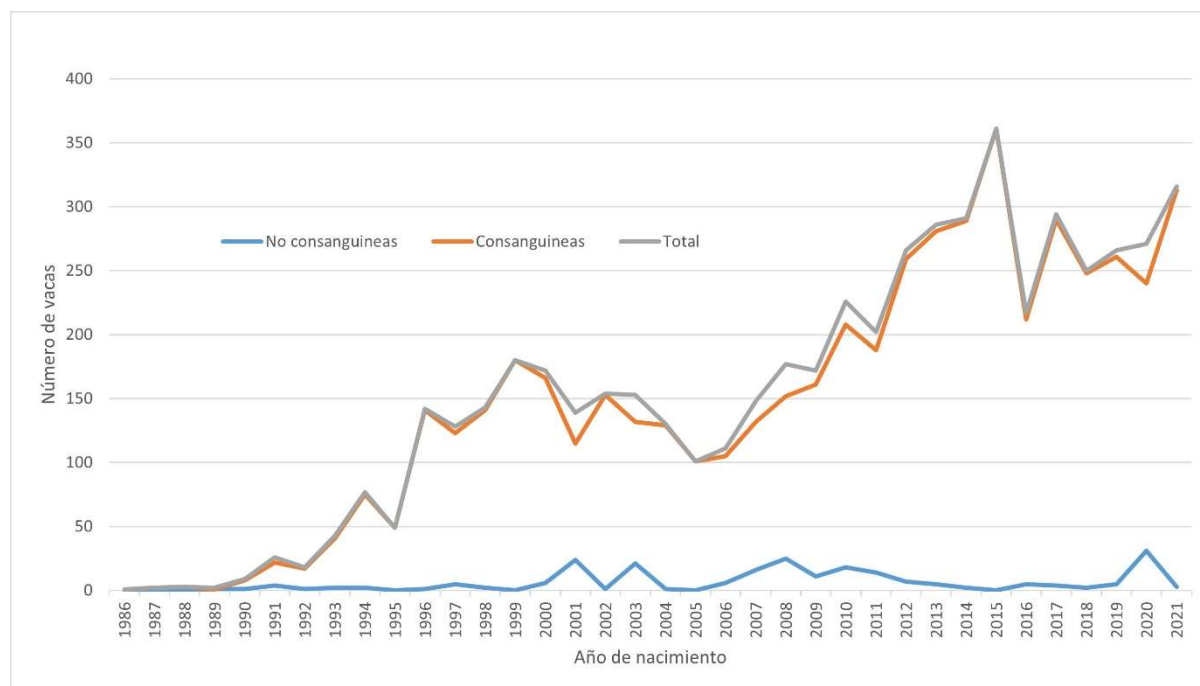
Nota. Elaboración propia.

En la Tabla 4 se muestra las variaciones de los valores consanguinidad promedio y los valores mínimos y máximos en cada año de parto, determinándose que en el año 1996 se presentó el menor valor de consanguinidad (0.13%) y en el año 2020 el mayor valor de consanguinidad (32.69%).

En la Figura 4 se presenta la distribución de los animales no consanguíneos y consanguíneos, en relación con el total de animales nacidos en el rebaño, donde se visualiza gráficamente como es que ha evolucionado el incremento de animales consanguíneos.

Figura 4

Variación del número de animales consanguíneos y no consanguíneos a través del año de nacimiento



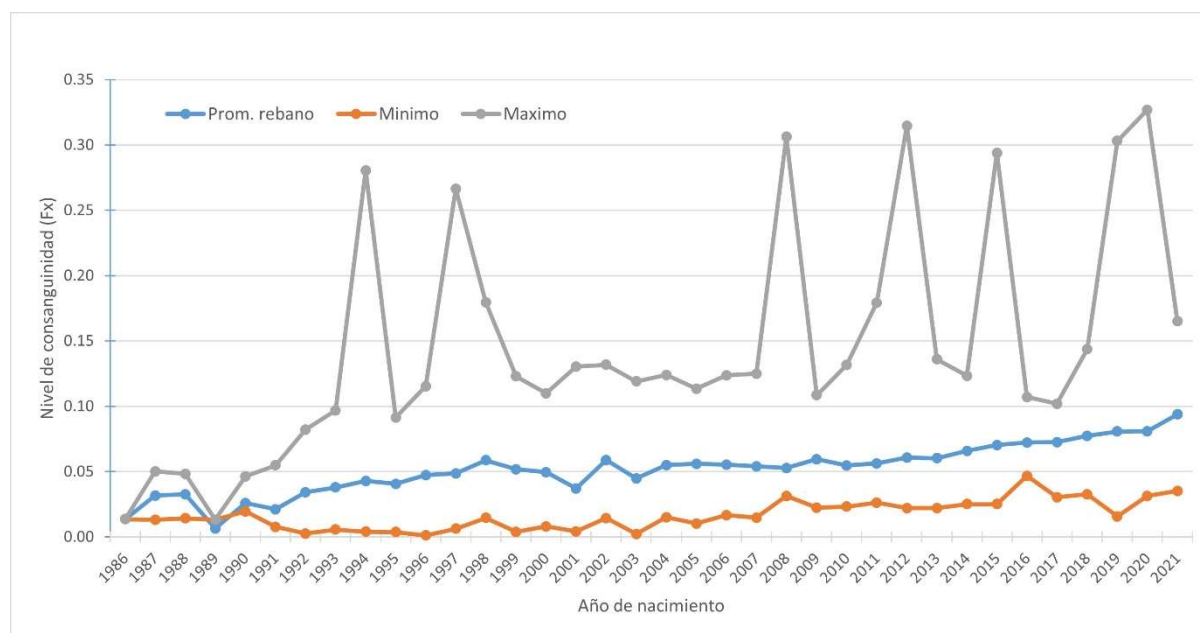
Nota: Elaboración propia.

A través de los años de nacimiento, se ha observado que los valores del coeficiente de consanguinidad han ido variando, observándose que, en algunos años, han nacido vacas con valores altos de consanguinidad, dichos valores dependerán del tipo de apareamiento realizado

en el rebaño, así como valores reducidos de consanguinidad, dicha variación es representada en la Figura 5.

Figura 5

Valores del coeficiente de consanguinidad promedio, máximos y mínimos, por año de nacimiento.

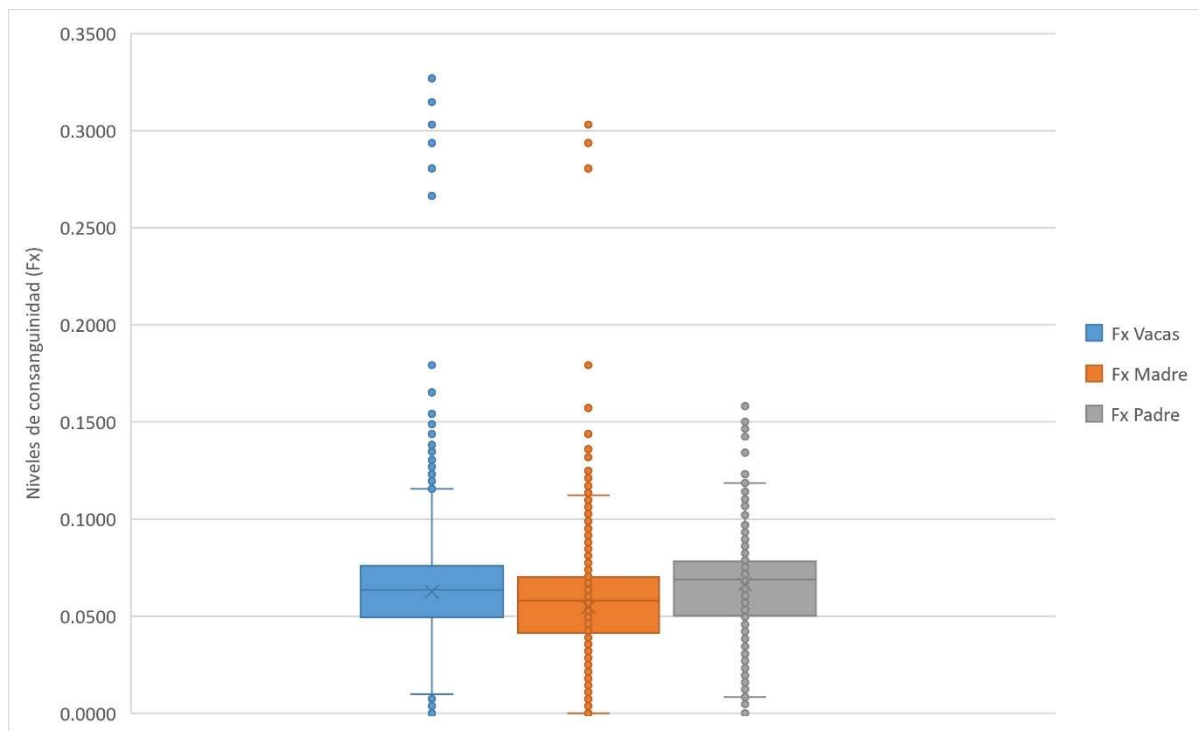


Nota: Elaboración propia

Para analizar la evolución de la consanguinidad en los animales nacidos, se relacionaron los valores promedios del coeficiente de consanguinidad de los padres de la vaca, determinados en el presente estudio, tanto los coeficientes de consanguinidad del padre como de la madre, dicha relación se muestra en la Figura 6.

Figura 6

Representación en Cajas y Bigotes de la variabilidad de los valores de consanguinidad de las vacas, madres y padres, en la población.



Nota. Elaboración propia.

Para el análisis del incremento de la consanguinidad se ha agrupado las vacas, en función de los valores de consanguinidad considerando rangos o intervalos de variación cada 0.025 (2.50%), como se muestra en la Tabla 5 y Figura 7.

La Tabla 5 se observa la distribución de las vacas en función a su valor de consanguinidad, las vacas no consanguíneas provienen de padres consanguíneos, lo que indica que no necesariamente la cría resultante del apareamiento de padres consanguíneos sea consanguínea.

Tabla 5

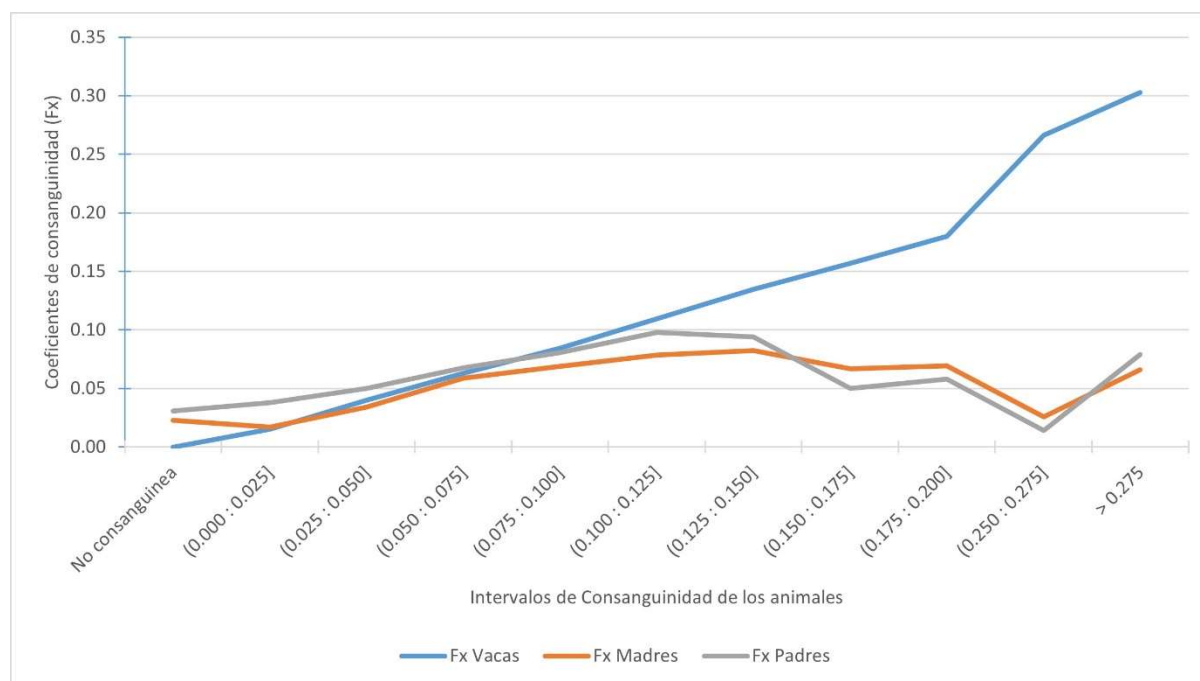
Frecuencia de las vacas consanguíneas en relación con la consanguinidad de los padres, en base a intervalos de consanguinidad promedio

Rango de coeficiente de consanguinidad	n	Valores promedio de consanguinidad		
		Vacas	Madres	Padres
No consanguínea	226	0.0000	0.0227	0.0308
(0.000 : 0.025]	164	0.0151	0.0169	0.0380
(0.025 : 0.050]	1034	0.0401	0.0341	0.0500
(0.050 : 0.075]	2639	0.0630	0.0587	0.0675
(0.075 : 0.100]	1089	0.0844	0.0687	0.0808
(0.100 : 0.125]	301	0.1098	0.0785	0.0978
(0.125 : 0.150]	58	0.1345	0.0824	0.0941
(0.150 : 0.175]	4	0.1569	0.0670	0.0502
(0.175 : 0.200]	3	0.1801	0.0693	0.0581
(0.250 : 0.275]	1	0.2665	0.0259	0.0141
> 0.275	7	0.3028	0.0661	0.0789

Nota. Elaboración propia.

Figura 7

Consanguinidad promedio de las vacas en función de la consanguinidad promedio de los padres



Nota: Elaboración propia.

La base de datos considerado para el análisis del efecto de la consanguinidad sobre los caracteres de producción y reproducción se ha evaluado con las vacas nacidas desde 2008 hasta el 2021, considerando los valores de reproducción y de producción hasta el año 2022.

Para el análisis de la consanguinidad y sus efectos o depresión endogámica ejercida se han formado 6 grupos de consanguinidad, correspondiendo al primer grupo las vacas no consanguíneas, y los siguientes grupos formados con una variación de 0.03125 (3.125%), la formación de los grupos de consanguinidad se presenta en la Tabla 6.

Tabla 6

Formación de los grupos de consanguinidad para el análisis de la depresión endogámica

Grupo de consanguinidad	
Intervalo	Grupo
No consanguíneas	1
(0; 0.03125)	2
[0.03125 - 0.0625)	3
[0.0625 - 0.09375)	4
[0.09375 - 0.1250)	5
[0.1250 +	6

Nota. Elaboración propia

El número de registros de las variables consideradas en la evaluación de la depresión endogámica, en promedio, se presentan en la Tabla 7.

Tabla 7

Promedios, máximos y mínimos de las variables para el análisis estadístico de la depresión endogámica, sobre los caracteres productivos y reproductivos

Variable	N	Promedio	Máximo	Mínimo	D.E.
Número de parto	4935	1.9318	5.0000	1.0000	
Número de servicios		3.5615	20.0000	1.0000	2.9258
Grupo de consanguinidad			6.0000	1.0000	
Consanguinidad de las vacas	4935	0.0602	0.3269	0.0000	

4.2 Efecto de la consanguinidad sobre el número de servicios a la preñez

Los valores promedios, así como la variación del número de servicios de acuerdo con el número de partos se presenta en la Tabla 8 y Figura 8

Tabla 8

Promedios del número de servicios a la preñez, por número de parto

Parto	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E.	E.E.	CV (%)
1	2166	2.7013	1	15	2.1042	0.0452	77.8955
2	1464	4.3593	1	20	3.3884	0.0886	77.7281
3	784	4.1224	1	19	2.8644	0.1023	69.4824
4	380	4.0500	1	18	2.7862	0.1429	68.7940
5	141	4.0567	1	14	2.8329	0.2386	69.8320

D.E. = Desviación estándar, E.E = Error estándar, CV = Coeficiente de variación

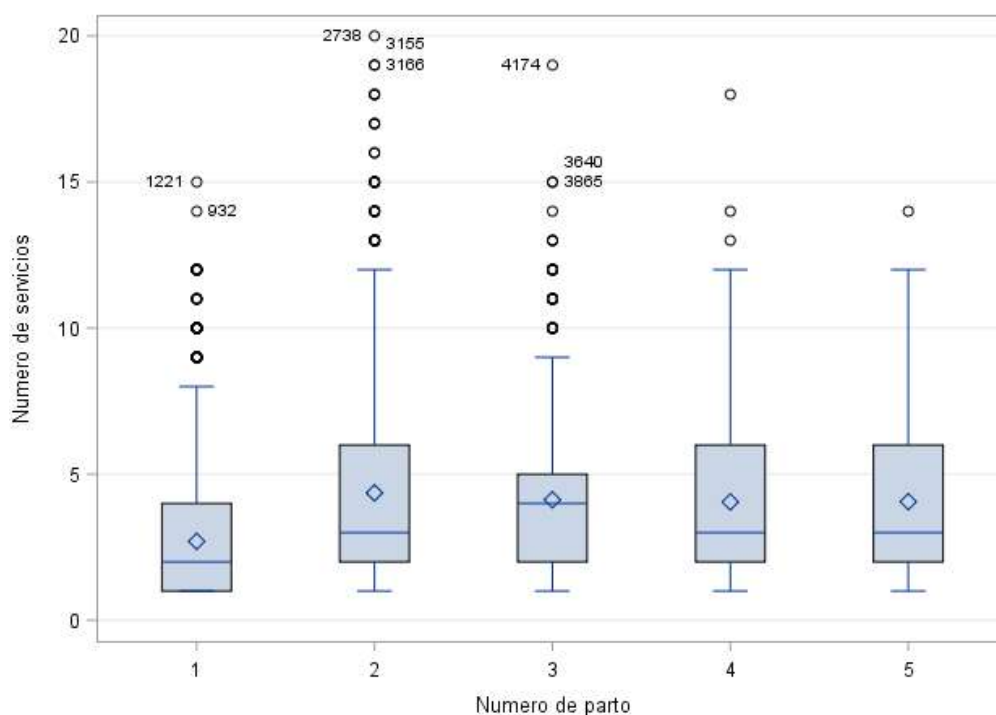
El número de servicios a la preñez, muestra diferencias entre el primer parto y los partos sucesivos, lo cual tienen sentido, ya que los animales de primer parto son animales vírgenes, quienes tienen mayor probabilidad de preñar que las vacas de los partos sucesivos debido a que son animales que han tenido una lactancia y que influye el manejo en general.

Asimismo, en los valores determinados parto por parto, la variabilidad presentada dentro de cada parto es muy alta, superando a una variabilidad normal esperada, medido a través del coeficiente de variabilidad (CV), incluso en el primer parto el CV fue del orden del 77.90%, valor considerado muy alto.

Estas variaciones se muestran en la Figura 8, presentados por el diagrama de cajas y bigotes, donde se observa las variaciones y que animales han presentado el mayor valor de número de servicios por preñez.

Figura 8

Variabilidad del número de servicios por número de parto, en diagrama de cajas y bigotes



Nota. Elaboración propia.

La variación observada de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas se presenta en la Tabla 9 y Figura 9.

Tabla 9

Promedio del número de servicios a la preñez, de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas

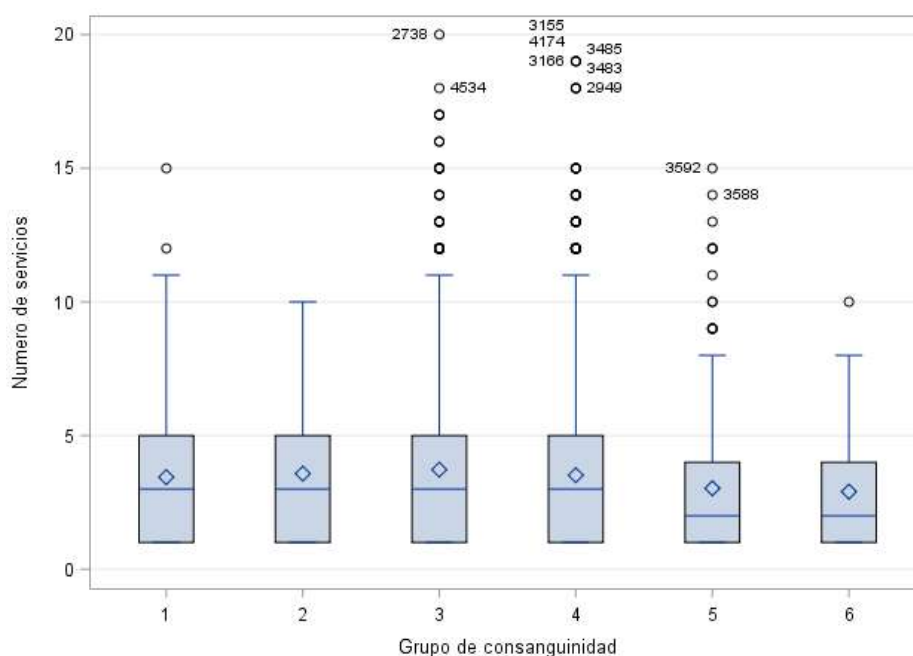
Grupo Fx	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E	E.E.	CV (%)
1	177	3.4294	1	15	2.6665	0.2004	77.7536
2	59	3.5763	1	10	2.5610	0.3334	71.6110
3	1766	3.7231	1	20	2.9292	0.0697	78.6751
4	2668	3.5161	1	19	2.8100	0.0544	79.9166
5	245	3.0367	1	15	2.6292	0.1680	86.5791
6	20	2.9000	1	10	2.5935	0.5799	89.4315

D.E. = Desviación estándar, E.E. = Error estándar, CV = Coeficiente de variación

La Tabla 9 muestra los valores del número de servicios por preñez en función al grupo de consanguinidad de los animales, de la misma manera se observó una alta variabilidad (CV), el grupo no consanguíneo presentó una menor variabilidad dentro de los grupos, pero si es una variabilidad considerada muy alta para dicho carácter, y que los grupos de más alta consanguinidad mayor fue la variabilidad.

Figura 9

Variabilidad del número de servicios por grupo de consanguinidad, en diagrama de cajas y bigotes



Nota. Elaboración propia.

En la Figura 9, se presenta los valores del número de servicios a la preñez considerando los grupos de consanguinidad de los animales, así como la variabilidad determinada, mediante la representación de cajas y bigotes.

Asimismo, se ha realizado un análisis de regresión con la finalidad de poder relacionar la variación observada, tanto dentro del número de partos así de acuerdo con los grupos consanguíneos, dichos valores de presentan en la Tabla 10 y Tabla 11 respectivamente.

Tabla 10

Parámetros de la regresión lineal del número de servicios a la preñez sobre la consanguinidad de las vacas considerando el número de parto

Parto	n	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E.	t	Pr > t
1	2166	2.8565	0.1398	20.43	<.0001	-2.3602	2.0121	-1.17	0.2409
2	1464	4.6350	0.2806	16.52	<.0001	-4.2458	4.1002	-1.04	0.3006
3	784	4.3449	0.3524	12.33	<.0001	-3.5078	5.3177	-0.66	0.5097
4	380	5.1286	0.4923	10.42	<.0001	-17.3034	7.5618	-2.29	0.0227
5	141	5.4974	0.9446	5.82	<.0001	-22.7592	14.4439	-1.58	0.1174
Total	4935	3.9210	0.1292	30.35	<.0001	-5.5479	1.8935	-2.93	0.0034

a = constante de la regresión, b = coeficiente de regresión, E.E. = error estándar

La Tabla 10 muestra los valores de la regresión lineal para determinar el nivel de significancia, entre la consanguinidad de las vacas con respecto al número de servicios a la preñez, observándose que a manera general si existe una variación altamente significativa (pvalue=0.0034).

Tabla 11

Parámetros de la regresión lineal del número de servicios a la preñez sobre el grupo de consanguinidad

Parto	n	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E.	t	Pr > t
1	2166	2.7866	0.2063	13.51	<.0001	-0.0237	0.0559	-0.42	0.6717
2	1464	4.7014	0.4215	11.15	<.0001	-0.0960	0.1156	-0.83	0.4065
3	784	4.4980	0.4879	9.22	<.0001	-0.1064	0.1352	-0.79	0.4313
4	380	5.4930	0.6848	8.02	<.0001	-0.4132	0.1918	-2.15	0.0319
5	141	5.7749	1.3086	4.41	<.0001	-0.4836	0.3622	-1.34	0.1840
Total	4935	4.0039	0.1892	21.16	<.0001	-0.1240	0.0518	-2.39	0.0168

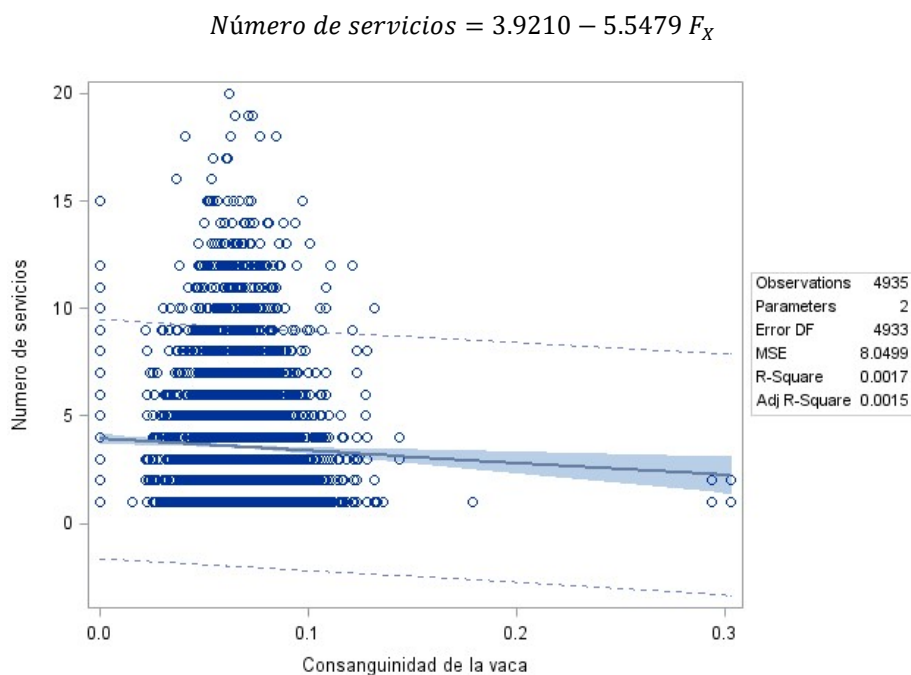
a = constante de la regresión, b = coeficiente de regresión, E.E. = error estándar

En la Tabla 11 se presenta los valores de los coeficientes de regresión del número de servicios por preñez sobre el grupo de consanguinidad, que para la parte global solamente fue significativa (p value=0.0168).

En la Figura 10 se presenta la distribución de los números de servicios por preñez en función a la consanguinidad individual de las vacas, encontrándose una variación negativa de 5.5479 servicios por preñez por cada 1% de variación en la consanguinidad de las vacas.

Figura 10

Regresión lineal del número de servicios a la preñez sobre la consanguinidad de la vaca, límite de confianza y de predicción al 95%

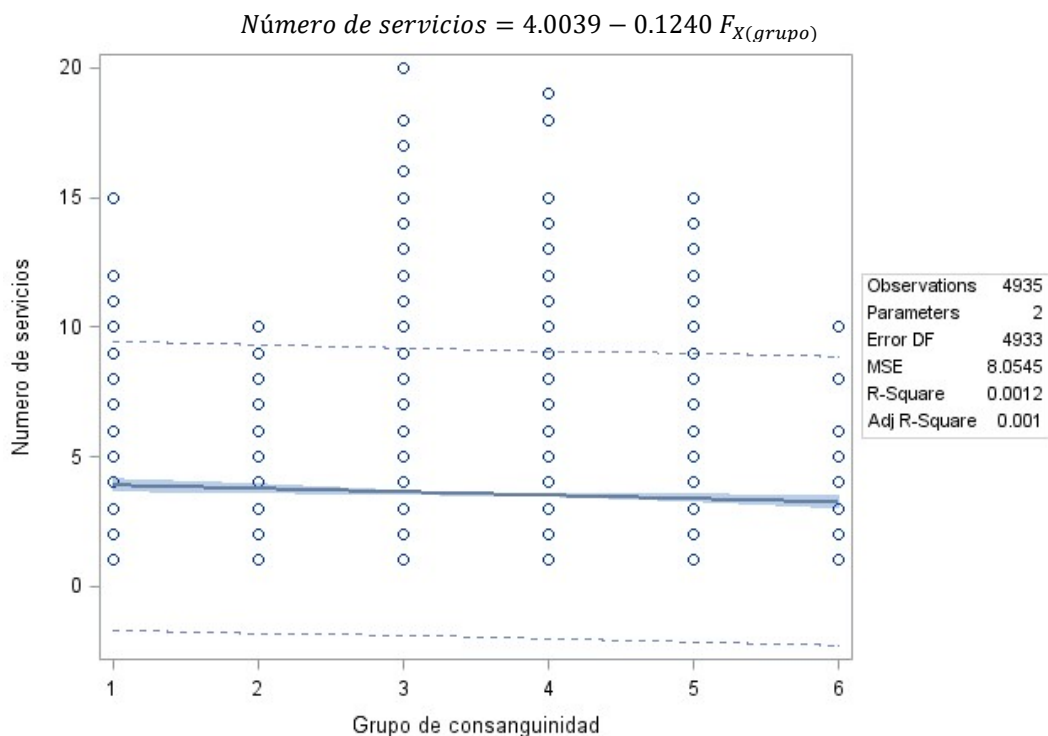


Nota. Elaboración propia.

Para observar la tendencia del efecto en la variación del número de servicios a la preñez sobre el grupo de consanguinidad se presenta la distribución, determinándose una variación de -0.1240 servicios a la preñez por cada 0.03125 o 3.125% de incremento de la consanguinidad (representado como grupo de consanguinidad), como se observa en la Figura 11.

Figura 11

Regresión lineal del número de servicios a la preñez sobre el grupo de consanguinidad de las vacas, límites de confianza y de predicción al 95%



Nota. Elaboración propia.

En la Tabla 12 se presenta los valores promedios de los números de servicios a la preñez de acuerdo al número de parto y grupo de consanguinidad de las vacas, donde se aprecia la distribución de los registros de las vacas por grupo de consanguinidad dentro de cada parto.

Los valores de variabilidad dentro de cada parto considerando el grupo de consanguinidad, se observó que en el parto 1 la variabilidad dentro de cada grupo de consanguinidad fue alta presentando valores de CV de 85.41%, y a través de los partos sucesivos la tendencia de la variabilidad es la misma, presentando alta variabilidad.

Tabla 12*Promedios del número de servicio a la preñez por número de partos y grupo de consanguinidad*

Parto	Grupo Fx	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E.	E.E.	CV (%)
1	1	80	2.3875	1	8	1.7824	0.1993	74.6568
	2	28	3.2500	1	10	2.7165	0.5134	83.5861
	3	742	2.7264	1	12	2.0760	0.0762	76.1430
	4	1158	2.7349	1	15	2.1301	0.0626	77.8856
	5	147	2.4558	1	12	2.0977	0.1730	85.4196
	6	11	1.6364	1	4	1.0269	0.3096	62.7556
2	1	50	4.1400	1	12	3.1816	0.4500	76.8513
	2	20	4.2000	1	9	2.7261	0.6096	64.9070
	3	520	4.5635	1	20	3.4563	0.1516	75.7381
	4	806	4.2692	1	19	3.3778	0.1190	79.1192
	5	62	3.9839	1	15	3.3215	0.4218	83.3743
	6	6	5.0000	1	10	3.4641	1.4142	69.2820
3	1	30	4.4000	1	15	2.7743	0.5065	63.0515
	2	8	3.1250	1	6	1.9594	0.6928	62.7011
	3	290	4.2793	1	15	2.8856	0.1694	67.4309
	4	431	4.0023	1	19	2.8672	0.1381	71.6388
	5	23	4.3478	1	12	3.0393	0.6337	69.9032
	6	2	4.5000	3	6	2.1213	1.5000	47.1405
4	1	14	4.8571	1	9	2.7416	0.7327	56.4451
	2	3	3.6667	3	4	0.5774	0.3333	15.7459
	3	156	4.2949	1	18	3.0400	0.2434	70.7818
	4	197	3.8731	1	14	2.6282	0.1872	67.8571
	5	9	2.8889	1	5	1.1667	0.3889	40.3846
	6	1	1.0000	1	1	----	----	----
5	1	3	3.0000	1	6	2.6458	1.5275	88.1917
	3	58	4.6207	1	14	3.2971	0.4329	71.3561
	4	76	3.7500	1	12	2.4228	0.2779	64.6082
	5	4	2.5000	1	5	1.9149	0.9574	76.5942

Nota. Elaboración propia.

4.3 Efecto de la consanguinidad sobre el número de parto de las vacas

La distribución de los registros de las vacas por número de partos logrados se presenta en la Tabla 13, observándose que los partos logrados por las vacas se van reduciendo, es decir es una característica asociada a la longevidad de la vaca. Asimismo, la variación observada se representa en la Figura 12.

Tabla 13

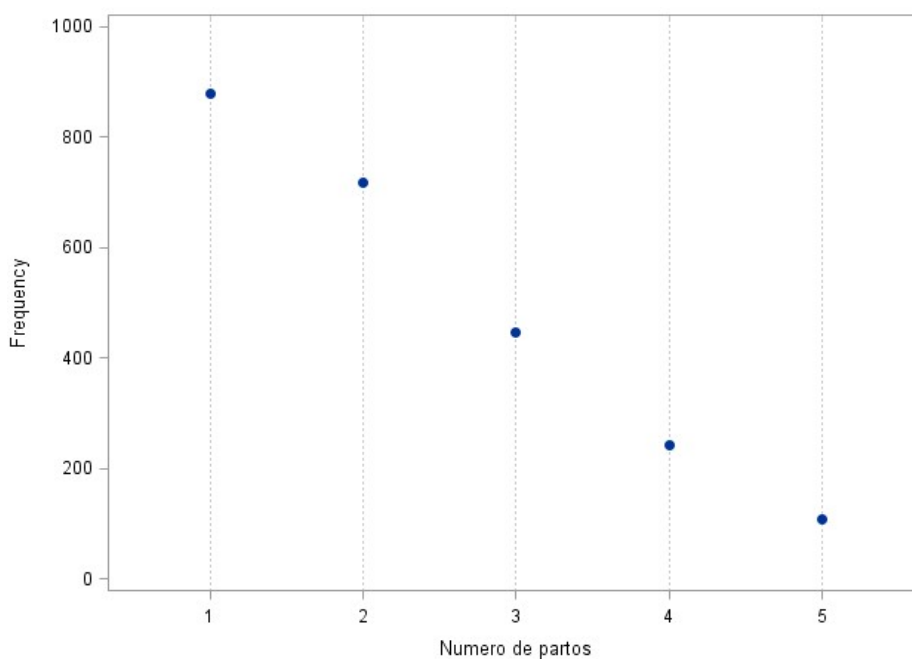
Distribución de los partos logrados por vaca.

Número de partos				
Partos	Frecuencia	Porcentaje	Frecuencia Acumulada	Porcentaje Acumulado
1	879	36.72	879	36.72
2	718	29.99	1597	66.71
3	447	18.67	2044	85.38
4	241	10.07	2285	95.45
5	109	4.55	2394	100.00

Nota. Elaboración propia.

Figura 12

Variación del número de partos por vaca (frecuencia)



Nota. Elaboración propia.

La Figura 12 muestra que el número de vacas, a medida que se incrementa el número de partos ha sido menor, una de las razones es el resultado de los sistemas de selección, lo que nos indica que solamente el 12.40% de las vacas llegan al quinto parto.

La frecuencia observada por grupos de consanguinidad se presenta en la Tabla 14.

Tabla 14

Frecuencia de los partos por grupos de consanguinidad de las vacas.

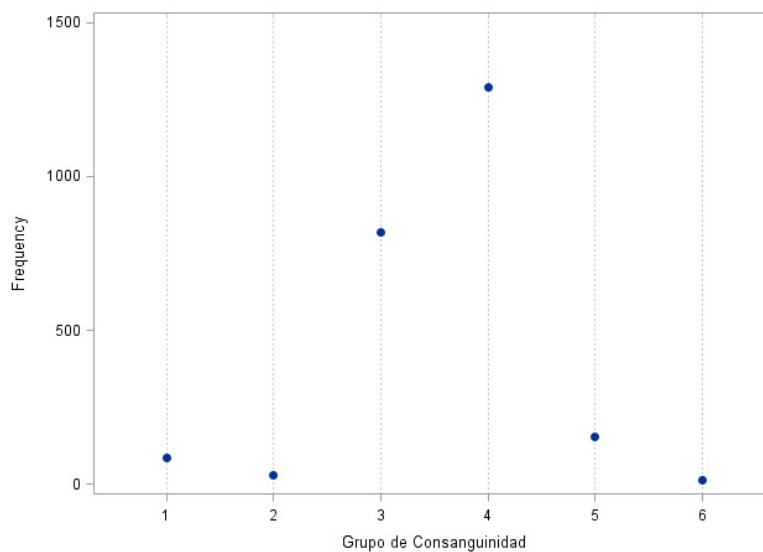
Grupo de Consanguinidad					
Grupo	Frecuencia	Porcentaje	Frecuencia Acumulada	Porcentaje Acumulado	
No consanguínea (1)	87	3.63	87	3.63	
(0.0000 - 0.03125) (2)	30	1.25	117	4.89	
[0.03125 - 0.0625) (3)	819	34.21	936	39.10	
[0.0625 - 0.09375) (4)	1291	53.93	2227	93.02	
[0.09375 - 0.1250) (5)	153	6.39	2380	99.42	
[0.1250 + (6)	14	0.58	2394	100.00	

Nota. Elaboración propia.

La representación de la distribución de los partos logrados por vaca de acuerdo con el grupo de consanguinidad se representa en la Figura 13, observándose que en los grupos 3 y 4 son los que se concentran la mayor cantidad de vacas.

Figura 13

Distribución de los partos de acuerdo con el grupo de consanguinidad de la vaca



Nota. Elaboración propia.

Considerando ya la distribución conjunta del número de partos logrados por vaca y el nivel de consanguinidad de la vaca se muestra en la Tabla 15.

Tabla 15

Distribución del número de partos con referencia al grupo de consanguinidad de las vacas

Número de partos	Grupo de Consanguinidad						Total
	No consanguínea	(0.00 - 0.03125)	[0.03125 - 0.0625)	[0.0625 - 0.09375)	[0.09375 - 0.1250)	+	
	1	2	3	4	5	6	
1	37	8	275	461	92	6	879
2	19	14	241	402	36	6	718
3	16	5	156	252	17	1	447
4	12	3	98	122	5	1	241
5	3	0	49	54	3	0	109
Total	87	30	819	1291	153	14	2394

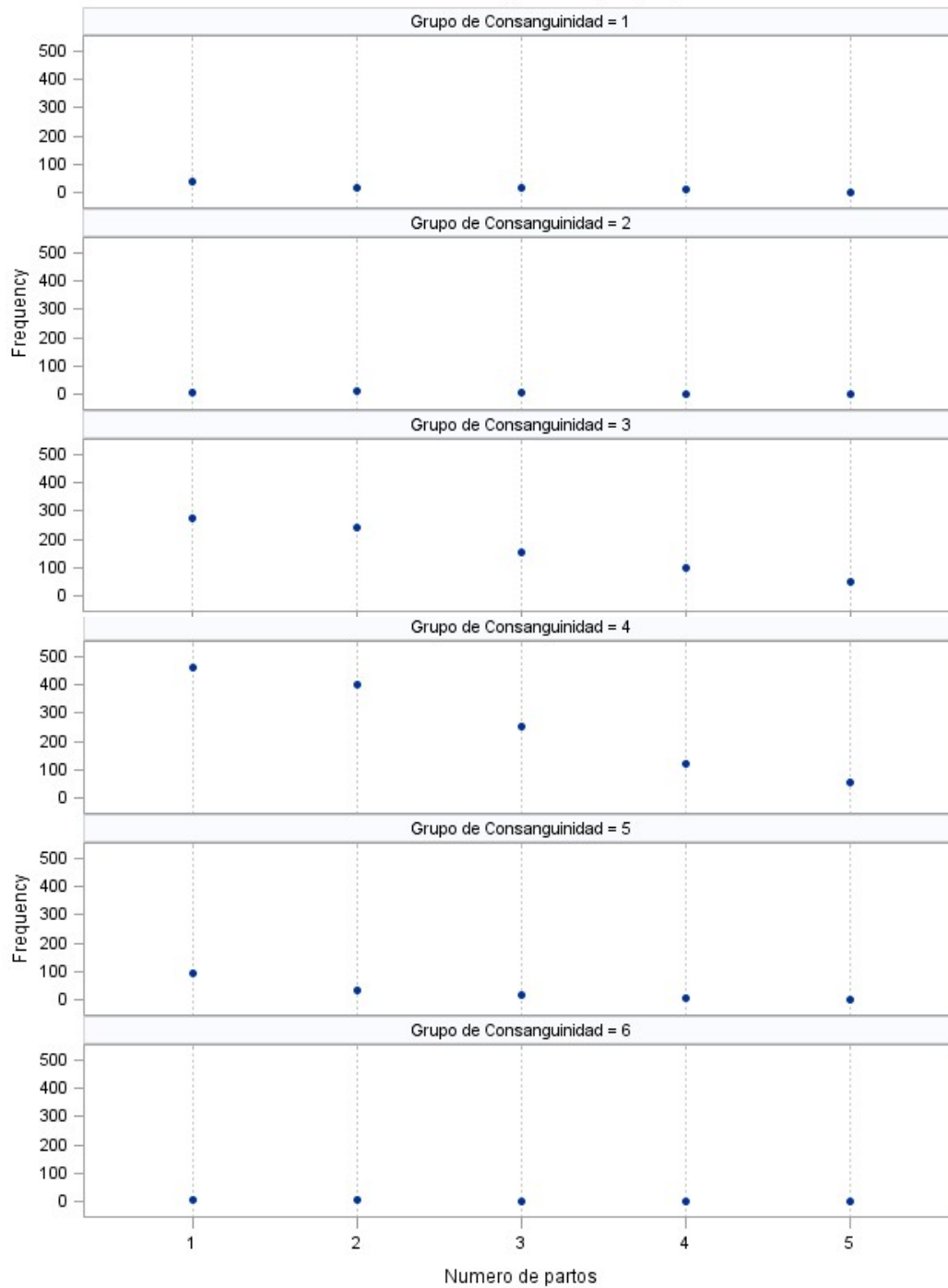
Nota. Elaboración propia

La distribución gráfica considerando el número de partos y a los grupos de la consanguinidad se presenta en la Figura 14.

Para determinar la influencia de la consanguinidad de las vacas sobre el número de partos, entendiéndose que las vacas que se ven afectadas por la depresión endogámica, se ha realizado en análisis de regresión considerando el coeficiente de consanguinidad de la vaca, así como el grupo de consanguinidad a la que pertenece, dichos coeficientes de correlación se presentan en la Tabla 16.

Figura 14

Distribución de las vacas considerando el grupo de consanguinidad dentro de los partos de la vaca



Nota. Elaboración propia.

Tabla 16

Coefficientes de regresión del número de parto sobre los coeficientes de consanguinidad y grupo de consanguinidad de las vacas

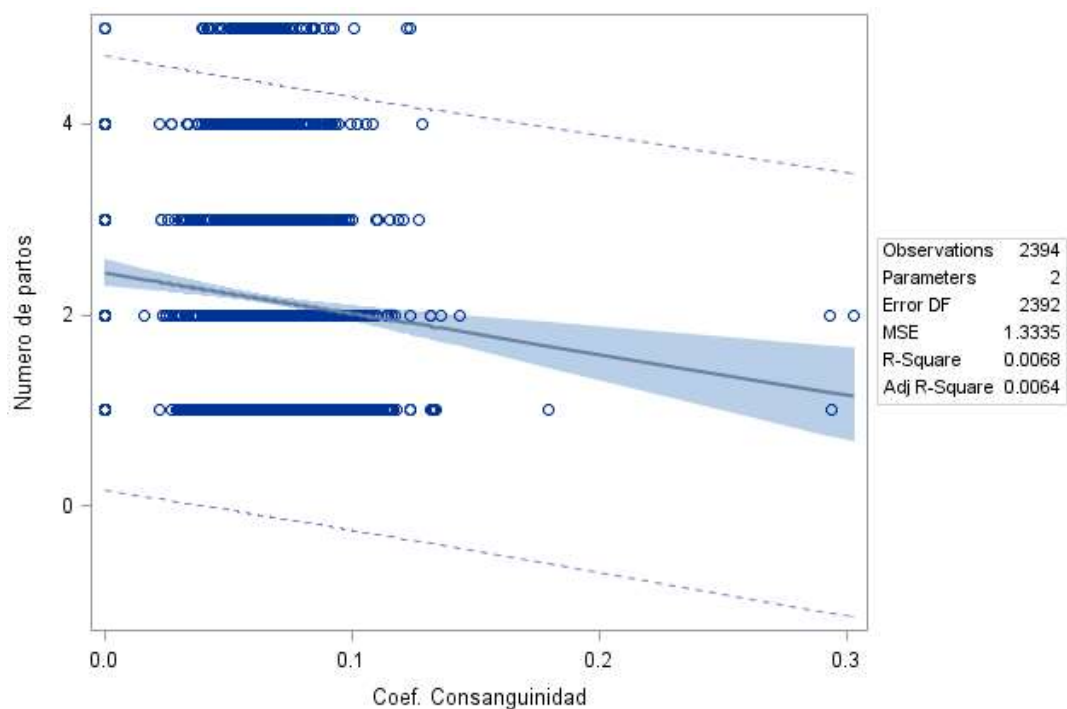
Regresión	n	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E.	t	Pr > t
Coef. Fx	2394	2.4357	0.0727	33.49	<.0001	-4.2241	1.0443	-4.04	<.0001
Grupo Fx	2394	2.5693	0.1083	23.72	<.0001	-0.1144	0.0294	-3.90	0.0001

a = constante de la regresión, E.E. = error estándar, b = coeficiente de regresión

Las representaciones gráficas del análisis de regresión, del número de parto considerando el coeficiente de consanguinidad de las vacas, así como el grupo de consanguinidad se presentan en la Figura 15 y Figura 16.

Figura 15

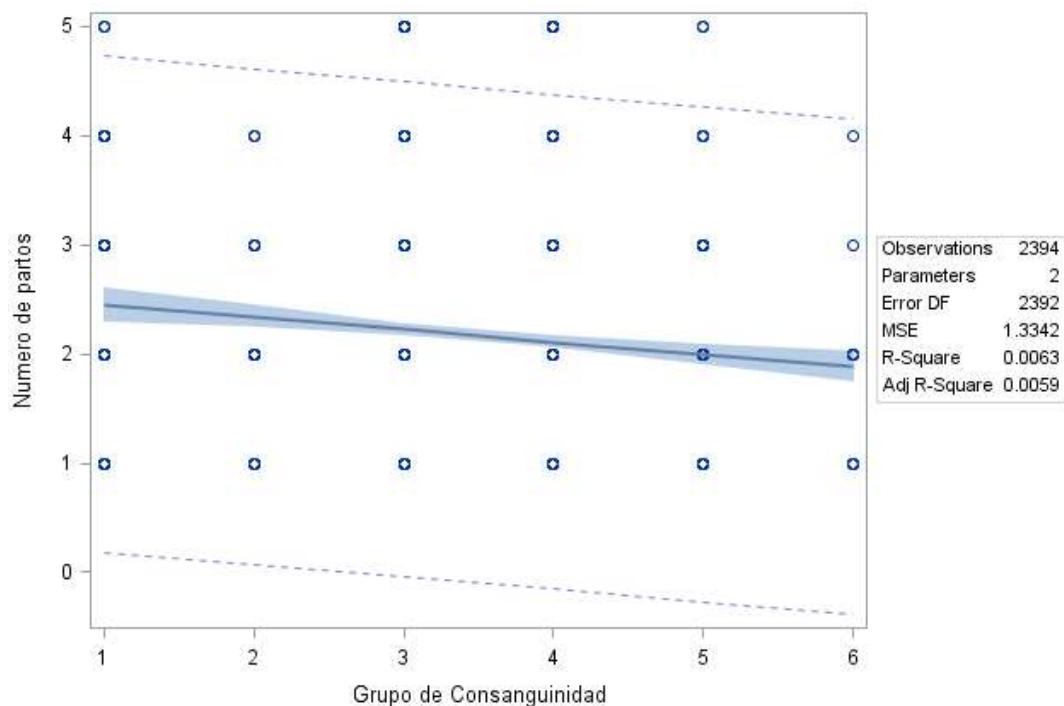
Gráfica del análisis de regresión del número de parto sobre la consanguinidad de las vacas



Nota. Elaboración propia.

Figura 16

Gráfica del análisis de regresión del número de parto sobre el grupo de consanguinidad de las vacas



Nota. Elaboración propia.

4.4 Efecto de la consanguinidad sobre la longitud de la gestación

Para evaluar el efecto de la consanguinidad sobre la longitud de la gestación se ha realizado un análisis considerando el número de parto, año estación de parto, sexo de la cría, y como covariable la edad del animal al parto, obteniéndose los siguientes promedios que se presentan en la Tabla 17.

Tabla 17

Tamaño de muestra de las variables consideradas en el análisis de la longitud de gestación

Variable	N	Promedio	Mínimo	Máximo
Numero de parto	4268	1.9578	1.00	5.00
Año de parto	4278		2009	2022
Época de parto	4278		1.00	2.00
Sexo de la cría	4655			

Nota: Elaboración propia

La variación de la longitud de gestación a través del número de parto se muestra en la Tabla 18.

Tabla 18

Valores promedio, máximos y mínimos de la longitud de gestación por número de parto de la vaca

Parto	N	Promedio	Mínimo	Máximo	E.E.	D.E.	CV (%)
1	2098	275.6158	260	299	0.1104	5.0574	1.8350
2	1362	276.3488	258	299	0.1531	5.6493	2.0443
3	719	276.8331	258	299	0.2223	5.9611	2.1533
4	345	276.4870	259	297	0.3149	5.8484	2.1153
5	131	277.1069	262	297	0.6345	7.2624	2.6208

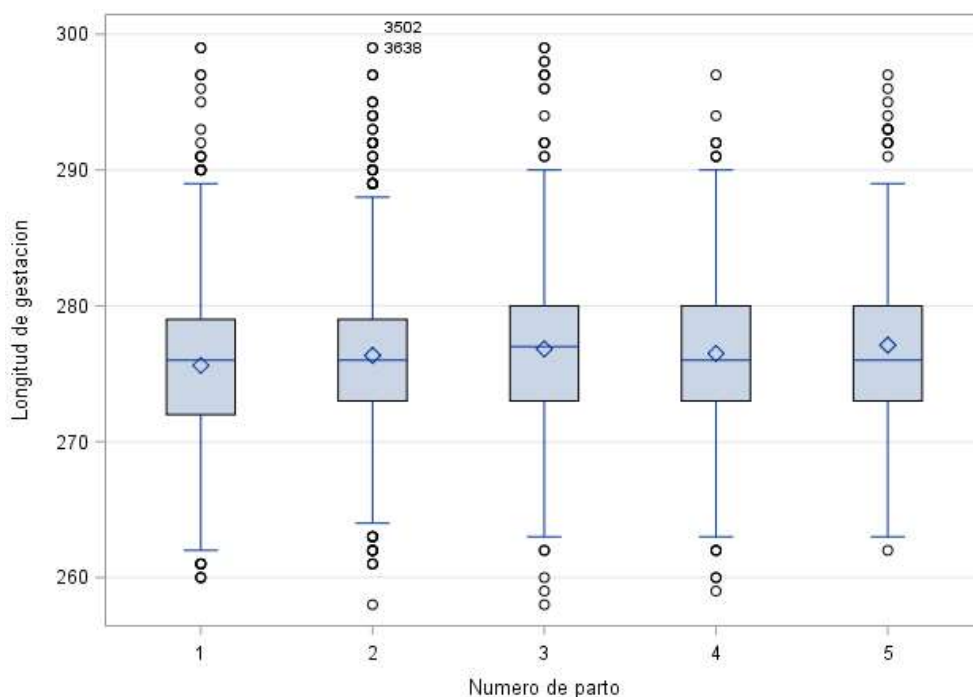
E.E. = Error estándar, D.E. = Desviación estándar, C.V. = Coeficiente de variación

Considerando el número de parto se ha determinado la longitud de gestación, observándose que al primer parto la longitud es menor que los partos sucesivos, y en el parto 5 el valor fue mas alta, y la variabilidad mostrada fue bastante baja, menos del 2.7%.

La variación de la longitud de gestación considerando el número de parto se gráfica en la Figura 17, en una representación de cajas y bigotes.

Figura 17

Representación en cajas y bigotes de la variación de la longitud de gestación de acuerdo con el número de parto de las vacas



Nota. Elaboración propia.

Los valores promedios de gestación de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas se muestran en la Tabla 19

Tabla 19

Valores promedios, máximos y mínimos de la longitud de gestación de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas

Grupo Fx	N	Promedio	Mínimo	Máximo	E.E.	D.E.	CV (%)
1	161	277.46	270	290	0.3270	4.1488	1.4953
2	53	277.26	270	288	0.6084	4.4296	1.5976
3	1,544	276.98	270	290	0.1103	4.3350	1.5651
4	2,295	276.79	270	290	0.0908	4.3487	1.5711
5	211	275.63	270	289	0.2825	4.1042	1.4891
6	17	275.94	270	281	0.9053	3.7328	1.3528

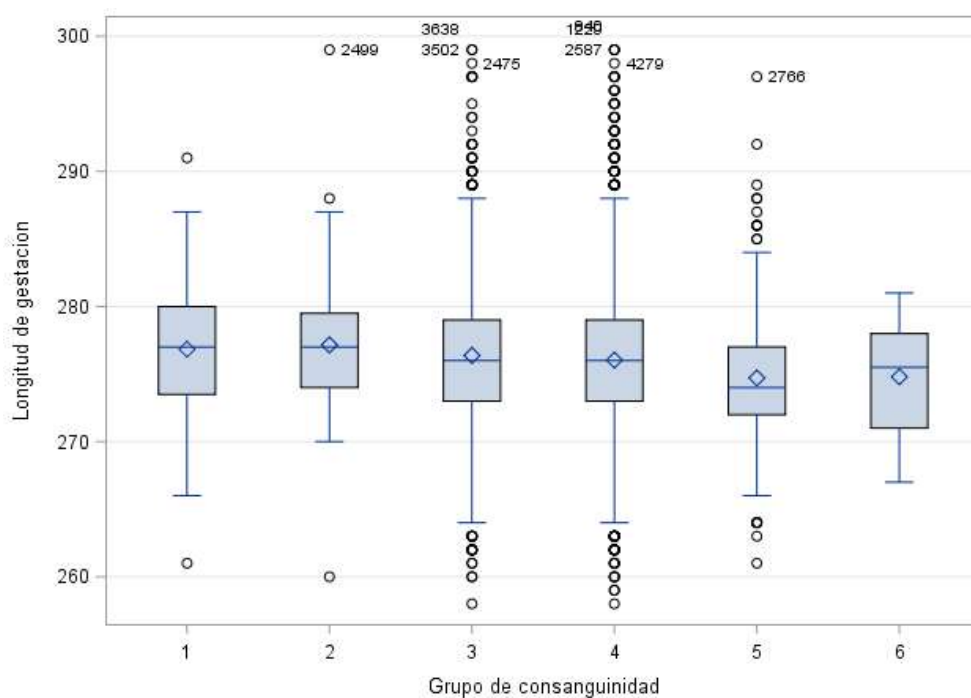
E.E. = Error estándar, D.E. = Desviación estándar, CV = Coeficiente de variación

Considerando los grupos de consanguinidad, presentados en la Tabla 19, se observa que los grupos no consanguíneos y de menor consanguinidad son los que presentan valores más adecuados de longitud, mientras que los grupos consanguíneos van a presentar un menor valor que lo regular.

La representación de la variación de la longitud de la gestación en función de los grupos de gestación se presenta en la Figura 18.

Figura 18

Representación en cajas y bigotes de la variación de la longitud de gestación de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas



Nota. Elaboración propia.

Uno de los factores que de alguna manera puede influenciar en la longitud de la gestación es el sexo de las crías, cuya variación se presenta en la Tabla 20 y Figura 19.

Tabla 20

Valores promedios, máximos y mínimos de la longitud de gestación en función al sexo de la cría gestada

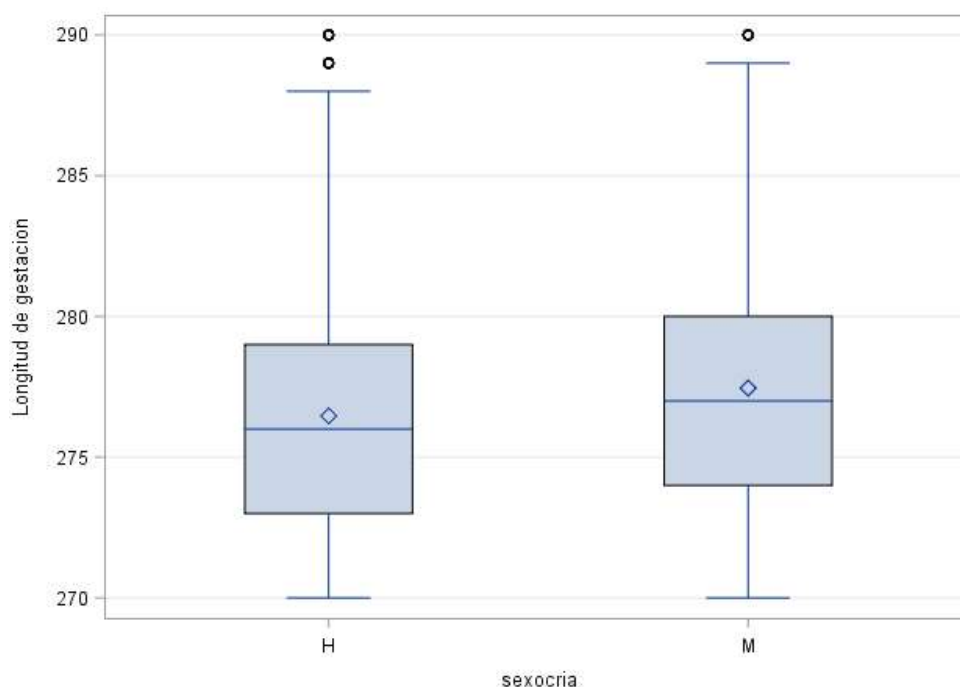
Sexo cría	N	Promedio	Mínimo	Máximo	E.E.	D.E.	CV (%)
H	3070	275.7205	258	299	0.0974	5.3949	1.9567
M	1585	276.9079	258	299	0.1433	5.7050	2.0603

E.E. = Error estándar, D.E. = Desviación estándar, CV = Coeficiente de variación

Considerando el sexo de la cría por que puede ser considerado como un factor de variación en la longitud de gestación, las crías gestadas hembras muestran un menor valor de longitud de gestación que las crías gestadas machos.

Figura 19

Representación en cajas y bigotes de la variación de la longitud de la gestación de acuerdo con el sexo de la cría gestada



Nota. Elaboración propia.

Asimismo, al ser considerado un efecto posible de variación es la época de parición dentro de cada año de parto, se ha determinado los promedios considerando dicho efecto combinado, los valores promedios, mínimos y máximos se presenta en la Tabla 21.

Tabla 21

Valores promedios, mínimos y máximos de la longitud de gestación de acuerdo con el efecto

Año de parto con Época de parto

Año	Época	N	Promedio	Mínimo	Máximo	E.E.	D.E.	CV (%)
2009	1	4	276.2500	274	278	0.8539	1.7078	0.6182
	2							
2010	1	36	275.5000	260	287	1.0687	6.4120	2.3274
	2	83	276.7952	266	291	0.4830	4.4000	1.5896
2011	1	59	277.4915	261	290	0.7258	5.5751	2.0091
	2	140	277.4571	261	299	0.4469	5.2879	1.9059
2012	1	98	277.5714	266	290	0.4854	4.8055	1.7313
	2	206	278.1068	263	290	0.3201	4.5946	1.6521
2013	1	95	277.0526	263	297	0.5858	5.7100	2.0610
	2	246	277.0976	262	298	0.3246	5.0917	1.8375
2014	1	133	276.7744	263	297	0.4938	5.6950	2.0576
	2	250	276.1800	263	299	0.3509	5.5489	2.0092
2015	1	174	275.1207	260	288	0.3692	4.8697	1.7700
	2	335	277.6119	262	296	0.2752	5.0369	1.8144
2016	1	98	276.2143	265	299	0.5410	5.3559	1.9390
	2	259	275.8185	260	299	0.3498	5.6295	2.0410
2017	1	126	273.5952	260	297	0.4729	5.3084	1.9402
	2	313	275.9297	259	295	0.2765	4.8913	1.7727
2018	1	107	275.6355	263	288	0.5111	5.2869	1.9181
	2	284	277.2359	259	298	0.3810	6.4203	2.3158
2019	1	138	274.2029	261	297	0.5599	6.5771	2.3986
	2	254	274.5394	260	299	0.3624	5.7755	2.1037
2020	1	157	274.3631	258	290	0.4490	5.6263	2.0507
	2	300	276.0267	263	292	0.2848	4.9322	1.7869
2021	1	179	274.0950	260	297	0.3971	5.3134	1.9385
	2	337	276.4332	258	297	0.2996	5.5007	1.9899
2022	1	163	274.8650	263	292	0.4290	5.4767	1.9925
	2	81	276.4198	263	296	0.7149	6.4340	2.3276

E.E. = Error estándar, D.E. = Desviación estándar, CV = Coeficiente de variación

Nota. Elaboración propia.

Otro factor que pueda influenciar en la longitud de la gestación es el año de nacimiento así como la época de parto, en la Tabla 21 vemos la variación considerando ambos factores, observado los coeficientes de variación dichos valores fueron muy similares a través de estos factores anidados.

Ajustado los valores de la longitud de gestación por los factores analizados, se presentan los resultados de los promedios ajustados por el sexo de la cría, número de parto y grupo de consanguinidad en la Tabla 22.

Tabla 22

Valores promedios ajustados por mínimos cuadrados (LS) para la longitud de gestación por factores de sexo de la cría, número de parto y grupo de consanguinidad de las vacas

	LS Means	E.E	Pr > t
Sexo de la cría			
Hembra	274.4343	0.3912	<.0001
Macho	275.3908	0.4034	<.0001
Número de parto			
1	277.0649	0.3651	<.0001
2	276.0964	0.3046	<.0001
3	275.1991	0.4229	<.0001
4	273.5735	0.6269	<.0001
5	272.6288	0.8974	<.0001
Grupo de consanguinidad			
1	275.0251	0.5068	<.0001
2	275.8690	0.8042	<.0001
3	275.0075	0.3179	<.0001
4	275.2230	0.3128	<.0001
5	274.6015	0.4592	<.0001
6	273.7493	1.2398	<.0001

LS Means = Promedio Mínimo cuadrado, E.E. = Error estándar

Nota. Elaboración propia.

Para medir el efecto de la consanguinidad en la variación de la longitud de gestación, se ha determinado la regresión de la longitud de la gestación sobre la consanguinidad de las vacas, así como sobre el grupo de consanguinidad a la que perteneces considerando el número de partos, cuyos parámetros de presentan en las Tablas 23 y 24.

Tabla 23

Regresión lineal de la longitud de gestación sobre el coeficiente de consanguinidad de las vacas, por parto

Parto	n	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E.	t	Pr > t
1	2098	277.0834	0.3410	812.61	<.0001	-22.2394	4.8913	-4.55	<.0001
2	1362	276.9495	0.4820	574.63	<.0001	-9.2169	7.0121	-1.31	0.1889
3	719	277.0966	0.7588	365.20	<.0001	-4.1648	11.4647	-0.36	0.7165
4	345	276.5342	1.0697	258.52	<.0001	-0.7617	16.4912	-0.05	0.9632
5	131	277.4322	2.5066	110.68	<.0001	-5.1766	38.5805	-0.13	0.8935
Total	4655	277.1370	0.2577	1075.54	<.0001	-15.5848	3.7667	-4.14	<.0001

a = constante de la regresión, b = coeficiente de regresión, E.E. = Error estándar

Tabla 24

Regresión lineal de la longitud de gestación sobre el grupo de consanguinidad de las vacas, por parto

Parto	n	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E.	t	Pr > t
1	2098	277.7042	0.5039	551.17	<.0001	-0.5791	0.1363	-4.25	<.0001
2	1362	277.6617	0.7273	381.78	<.0001	-0.3674	0.1989	-1.85	0.0650
3	719	277.4565	1.0537	263.32	<.0001	-0.1771	0.2926	-0.61	0.5452
4	345	276.8706	1.4802	187.04	<.0001	-0.1104	0.4162	-0.27	0.7910
5	131	278.4483	3.4818	79.97	<.0001	-0.3796	0.9685	-0.39	0.6958
Total	4655	277.7331	0.3782	734.31	<.0001	-0.4503	0.1034	-4.35	<.0001

a = constante de la regresión, b = coeficiente de regresión, E.E. = Error estándar

La regresión lineal de la longitud de la gestación sobre la consanguinidad de las vacas o grupo de consanguinidad a la que pertenecen las vacas, se observa que solamente en el primer parto dicho efecto fue altamente significativo (p value<0.0001).

4.5 Efecto de la consanguinidad sobre la edad al parto

4.5.1 Efecto sobre la edad al primer parto

La edad al primer parto es fundamental, debido a que está relacionado con la permanencia de la vaca en el rebaño y la producción de leche de por vida, ya que al iniciarse a una edad adecuada será de mayor beneficio al productor o ganadero.

Los promedios logrados al primer parto considerando los grupos de consanguinidad de las vacas se muestran en la Tabla 25.

TABLA 25

Promedios de la edad al primer parto considerando el grupo consanguíneo de la vaca

Grupo Fx	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E.	E.E.	CV (%)
1	86	25.5814	20	46	4.2245	0.4555	16.5139
2	30	25.1667	21	34	3.3639	0.6142	13.3666
3	828	25.1123	20	47	3.1119	0.1081	12.3919
4	1310	25.2206	20	43	3.0234	0.0835	11.9877
5	155	24.5935	20	40	3.0252	0.2430	12.3008
6	14	23.6429	20	27	1.8232	0.4873	7.7116

D.E. = Desviación estándar, E.E. = Error estándar, CV = Coeficiente de variación

Los valores de los parámetros de la regresión lineal estimado de la edad al primer parto sobre el coeficiente de consanguinidad de las vacas se muestran en la Tabla 26.

Tabla 26

Análisis de regresión de la edad al primer parto sobre el valor de consanguinidad de las vacas

Parámetro	gl	Parámetro estimado	Error estándar	t Value	Pr > t
Intercepto	1	25.56571	0.19520	130.97	<.0001
Consanguinidad de la vaca	1	-6.36246	2.80380	-2.27	0.0233

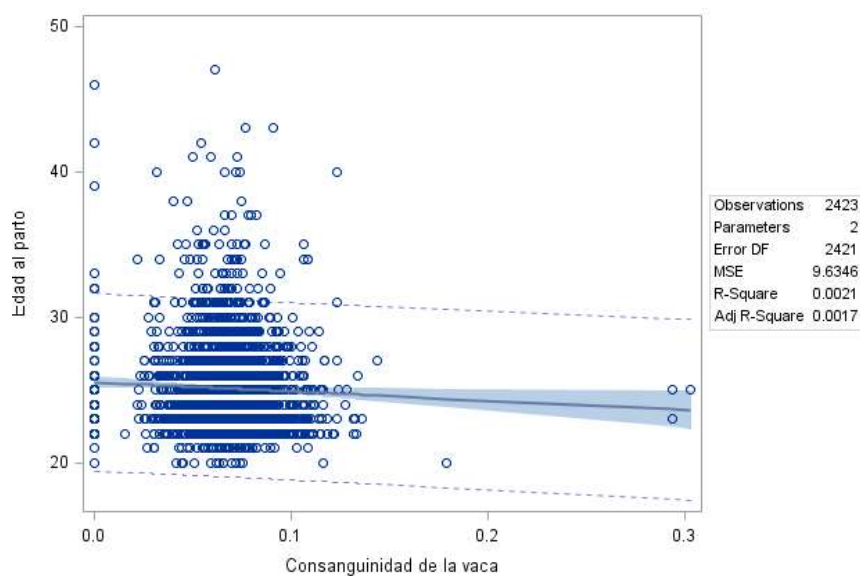
Nota. Elaboración propia

La consanguinidad referida a la edad al primer parto, dicho efecto ha sido considerado significativo ($p \text{ value}=0.0233$)

La representación gráfica derivado del análisis de regresión se presenta en la Figura 20, dicho análisis está referida solamente al primer parto.

Figura 20

Distribución de las edades al primer parto considerando el coeficiente de consanguinidad de las vacas



Nota. Elaboración propia.

Considerando los grupos de consanguinidad formados, la regresión de la consanguinidad sobre edad al primer parto se muestra en la Tabla 27.

Tabla 27

Análisis de regresión de la edad al primer parto sobre el grupo de consanguinidad de las vacas

Parámetro	gl	Parámetro Estimado	Error estándar	t Value	Pr > t
Intercepto	1	25.64128	0.29105	88.10	<.0001
Grupo de consanguinidad	1	-0.13734	0.07887	-1.74	0.0818

Nota. Elaboración propia.

La regresión del grupo de consanguinidad sobre la edad al primer parto considerando los grupos de consanguinidad no es considerado como un efecto significativo.

4.5.2 Edad al segundo a más partos

Los promedios de la edad al segundo a más partos se presentan en la Tabla 28, donde se observa que los números de partos disminuye hasta el quinto parto.

Tabla 28

Promedios de la edad al segundo parto a más considerando el número de parto

Parto	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E.	E.E.	CV (%)
2	1558	41.4487	30	70	5.5704	0.1411	13.4394
3	838	56.8604	43	83	6.8796	0.2377	12.0992
4	390	72.0026	58	100	7.5573	0.3827	10.4959
5	150	86.8267	71	113	9.1202	0.7447	10.5039

D.E. = Desviación estándar, E.E. = Error estándar, CV = Coeficiente de variación

Los valores promedios de la edad a través de los partos muestran una variabilidad baja, siendo el valor más alto de 13.44% observado en el parto 2, mientras que para los partos 4 y 5 son los valores más bajos, siendo similares an ambos casos (CV de 10.50%).

Los valores promedios de la edad al parto (segundo parto a más), los valores mínimos y máximos se presentan en la Tabla 29, dentro de cada parto el grupo de consanguinidad de la vaca, observándose que los coeficientes de variación son relativamente bajos o menos variables, observándose que para el parto 2, fueron los más variables considerando los grupos de consanguinidad.

Tabla 29

Valores promedios de la edad al segundo parto a más considerando el grupo de consanguinidad de la vaca dentro de cada parto

Parto	Grupo Fx	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E.	E.E.	CV (%)
2	1	51	41.2941	34	57	5.5903	0.7828	13.5378
	2	22	42.2727	32	59	6.3259	1.3487	14.9646
	3	559	41.4723	30	70	5.5664	0.2354	13.4219
	4	855	41.5322	30	60	5.5769	0.1907	13.4279
	5	63	39.9365	32	59	5.3878	0.6788	13.4909
	6	8	41.5000	37	47	3.6645	1.2956	8.8301
3	1	31	55.9032	47	66	5.2748	0.9474	9.4356
	2	8	53.8750	45	64	6.8544	2.4234	12.7227
	3	317	57.0978	43	83	6.9656	0.3912	12.1993
	4	453	56.9117	45	80	6.9941	0.3286	12.2893
	5	27	54.9630	46	64	5.4454	1.0480	9.9074
	6	2	60.0000	59	61	1.4142	1.0000	2.3570
4	1	15	71.2667	63	83	6.1117	1.5780	8.5758
	2	3	69.0000	64	76	6.2450	3.6056	9.0507
	3	160	71.7438	58	95	7.0891	0.5604	9.8811
	4	201	72.4229	58	100	8.0496	0.5678	11.1147
	5	10	68.5000	62	79	5.9489	1.8812	8.6845
	6	1	84.0000	84	84			
5	1	3	84.0000	76	98	12.1655	7.0238	14.4828
	3	63	88.3333	72	113	9.2300	1.1629	10.4491
	4	79	85.9367	71	112	9.0033	1.0130	10.4767
	5	5	83.6000	75	95	7.2664	3.2496	8.6918

D.E. = Desviación estándar, E.E. = Error estándar, CV = Coeficiente de variación

Nota. Elaboración propia.

Tabla 30

Parámetros de la regresión lineal de la edad al parto sobre la consanguinidad de las vacas, por parto

Parto	n	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E.	t	Pr > t
2	1558	41.74279	0.45092	92.57	<.0001	-4.53421	6.60161	-0.69	0.4923
3	838	56.91662	0.82091	69.33	<.0001	-0.88635	12.38291	-0.07	0.9430
4	390	71.57691	1.30889	54.69	<.0001	6.82282	20.06159	0.34	0.7340
5	150	89.31913	2.90163	30.78	<.0001	-39.26872	44.18193	-0.89	0.3756

a = constante de la regresión, b = Coeficiente de regresión, E.E. = Error estándar

Nota. Elaboración propia.

Los resultados del análisis de la regresión de la edad (segundo parto a más) sobre la consanguinidad de la vaca considerando el número de partos se muestra en la Tabla 30, observándose que para cada parto, la consanguinidad de las vacas no ha influenciado sobre ella ($p \text{ value} > 0.37$)

Los parámetros de la regresión lineal considerando el efecto de la edad al parto (segundo parto a más) sobre el grupo de consanguinidad de las vacas, por partos se presenta en la Tabla 31.

Tabla 31

Parámetros de la regresión lineal de la edad al parto sobre el grupo de consanguinidad de la vaca, por parto

Parto	n	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E.	t	Pr > t
2	1558	41.92150	0.67458	62.14	<.0001	-0.13262	0.18501	-0.72	0.4736
3	838	56.69127	1.13751	49.84	<.0001	0.04792	0.31524	0.15	0.8792
4	390	70.70642	1.82203	38.81	<.0001	0.37141	0.51045	0.73	0.4673
5	150	91.50159	4.08088	22.42	<.0001	-1.31564	1.12923	-1.17	0.2459

a = constante de la regresión, b = Coeficiente de regresión, E.E. = Error estándar

Nota. Elaboración propia.

La Tabla 31, muestra los valores de regresión considerando los grupos de consanguinidad, a través de los partos (dos o más) la consanguinidad no ha influenciado sobre la edad, considerando que dicha variación se puede deber a otros efectos que no sea la consanguinidad.

4.6 Efecto de la consanguinidad sobre el intervalo entre partos

La estrategia en la crianza de vacunos de leche es lograr partos sucesivos en intervalos de periodos adecuados, la consanguinidad puede afectar de alguna manera que dichos intervalos sean mayores, la evaluación de los promedios se muestra en la Tabla 32 y la representación de la variación en la Figura 21.

Tabla 32

Promedios de intervalos entre partos (meses), por número de partos

Parto	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D. E.	E. E.	CV (%)
2	1543	16.1238	10	36	4.3444	0.1106	26.9440
3	832	15.7668	10	35	3.9953	0.1385	25.3399
4	388	15.5387	10	34	3.7878	0.1923	24.3765
5	200	15.6050	10	32	4.1309	0.2921	26.4716

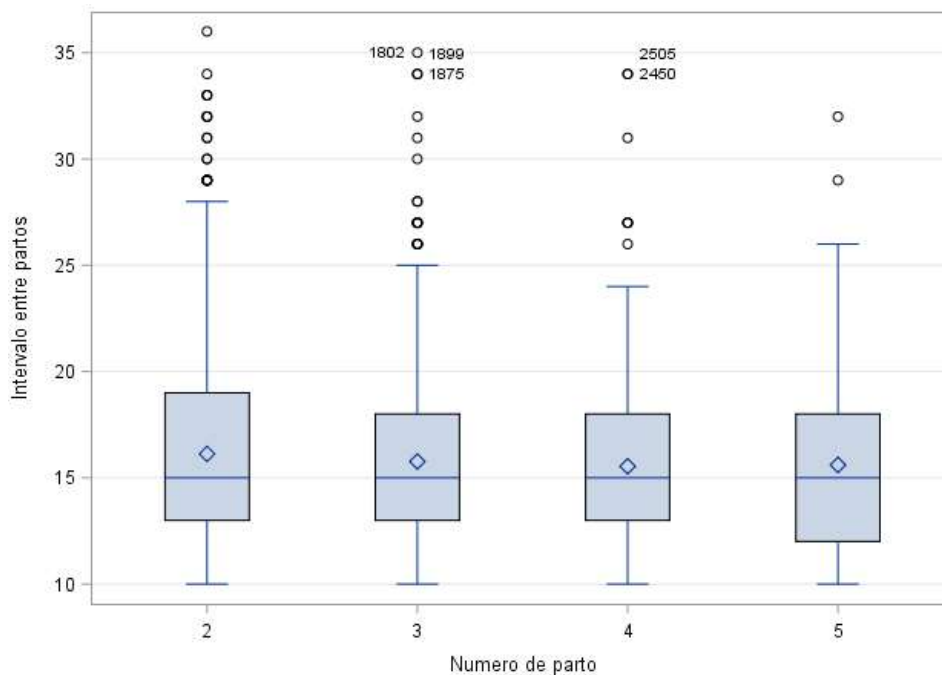
D.E. = Desviación estándar, E.E. = Error estándar, CV = Coeficiente de variación

Nota. Elaboración propia.

Los valores promedio del intervalo entre partos, se observó que existe una alta variabilidad, ya que para todos los partos se ha reportado valores máximos de 32 a 36 meses de intervalo, lo cual hace que la variabilidad también sea alta (CV entre 24.38 a 26.94%).

Figura 21

Valores promedios del intervalo entre partos (meses) de acuerdo con el número de parto de las vacas



Nota. Elaboración propia.

Considerando los grupos de consanguinidad de las vacas, los valores promedios de los intervalos entre partos se muestran en la Tabla 33 y la variación de esta en la Figura 22, observándose que los grupos no consanguíneo y de menor consanguinidad presentaron un menor intervalo entre partos, y que el grupo de mayor consanguinidad el mayor intervalo.

Tabla 33

Promedios de intervalo entre partos (meses) considerando los grupos de consanguinidad

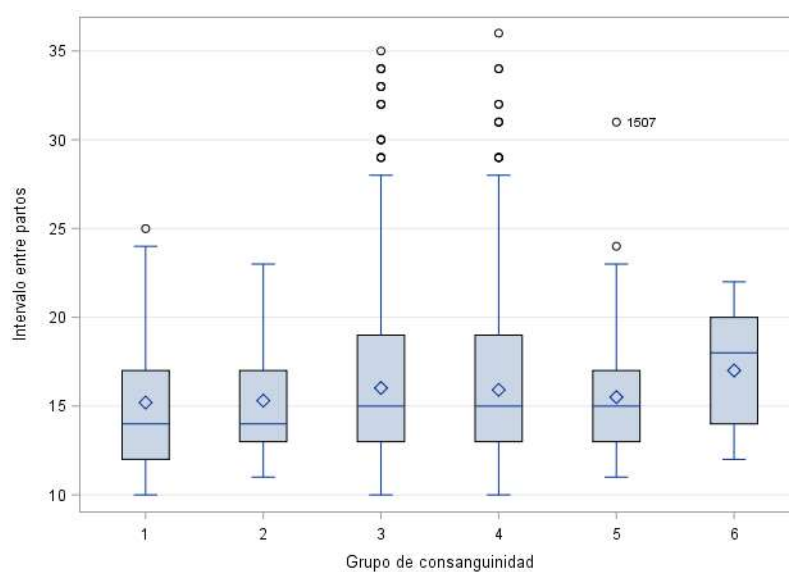
Grupo Fx	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D. E.	E. E.	CV (%)
1	100	15.2000	10	25	3.3993	0.3399	22.3641
2	33	15.3030	11	23	3.5837	0.6238	23.4181
3	1110	16.0171	10	35	4.2453	0.1274	26.5045
4	1604	15.9152	10	36	4.2053	0.105	26.4232
5	105	15.5048	11	31	3.6298	0.3542	23.4109
6	11	17.0000	12	22	3.3166	1.0000	19.5096

D.E. = Desviación estándar, E.E. = Error estándar, CV = Coeficiente de variación

Nota. Elaboración propia.

Figura 22

Valores promedios del intervalo entre partos (meses) de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas



Nota. Elaboración propia.

La variación del intervalo entre partos en cuanto al número de parto y los grupos de consanguinidad de las vacas se presentan en la Tabla 34.

Tabla 34

Promedios de intervalo entre parto (meses) considerando el número de parto y los grupos de consanguinidad de las vacas

Parto	Grupo Fx	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E.	E.E.	CV (%)
2	1	51	15.5294	11	25	3.7755	0.5287	24.3117
	2	22	15.9091	11	23	4.1047	0.8751	25.8009
	3	556	16.1960	10	33	4.2945	0.1821	26.5156
	4	844	16.1564	10	36	4.4548	0.1533	27.5728
	5	62	15.4355	11	31	3.8946	0.4946	25.2315
	6	8	17.3750	12	22	3.4200	1.2092	19.6835
3	1	31	14.8387	10	24	3.1843	0.5719	21.4594
	2	8	13.8750	11	17	1.9594	0.6928	14.1219
	3	316	15.9209	10	35	4.103	0.2308	25.7715
	4	449	15.7617	10	34	4.0282	0.1901	25.5570
	5	26	15.5769	11	23	3.3247	0.6520	21.3440
	6	2	17.0000	14	20	4.2426	3.0000	24.9567
4	1	15	15.1333	11	20	2.6957	0.696	17.8128
	2	3	14.6667	13	16	1.5275	0.8819	10.4149
	3	160	15.6750	10	34	4.1702	0.3297	26.6041
	4	199	15.5075	10	31	3.6110	0.2560	23.2852
	5	10	15.0000	12	23	3.0912	0.9775	20.6080
	6	1	14.0000	14	14			
5	1	3	13.6667	12	16	2.0817	1.2019	15.2317
	3	78	15.8333	10	32	4.6162	0.5227	29.1551
	4	112	15.4375	10	26	3.8550	0.3643	24.9716
	5	7	16.5714	12	22	3.4572	1.3067	20.8625

D.E. = Desviación estándar, E.E. = Error estándar, CV = Coeficiente de variación

La Tabla 34 muestra las variaciones del intervalo considerando los partos con los grupos de consanguinidad, observándose que independientemente a los partos el grupo no consanguíneo presentó una menor variabilidad.

Con la finalidad de determinar la variación en los intervalos de parto en cada parto, se ha determinado un análisis de la regresión del intervalo entre partos sobre el coeficiente de consanguinidad de las vacas, dichos valores se resumen en la Tabla 35.

Tabla 35

Análisis de regresión del intervalo entre partos (meses) sobre la consanguinidad de las vacas por parto

Parto	n	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E.	t	Pr > t
2	1543	15.97755	0.35236	45.34	<.0001	2.25669	5.16264	0.44	0.6621
3	832	15.42883	0.47733	32.32	<.0001	5.33297	7.20718	0.74	0.4595
4	388	15.63815	0.65611	23.83	<.0001	-1.59532	10.05778	-0.16	0.8741
5	200	15.75914	1.17516	13.41	<.0001	-2.39671	17.69574	-0.14	0.8924

a = constante, b = coeficiente de regresión, E.E. = Error estándar, t = t de students

Nota. Elaboración propia.

La Tabla 35 presenta los coeficientes de regresión dentro de cada parto considerando la consanguinidad de las vacas, en ese sentido dentro de cada parto la consanguinidad no ha demostrado tener un efecto en la variación (p value > 0.4595).

Para determinar la variación promedio del efecto del nivel de consanguinidad de las vacas en término general se ha estimado la regresión del intervalo de parto sobre el nivel de consanguinidad, resumiendo los coeficientes en la Tabla 36 y la variación en la Figura 23.

Tabla 36

Regresión lineal del intervalo entre partos (meses) sobre el nivel de consanguinidad de las vacas

n	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E.	t	Pr > t
2963	15.73085	0.25404	61.92	<.0001	2.82692	3.78182	0.75	0.4548

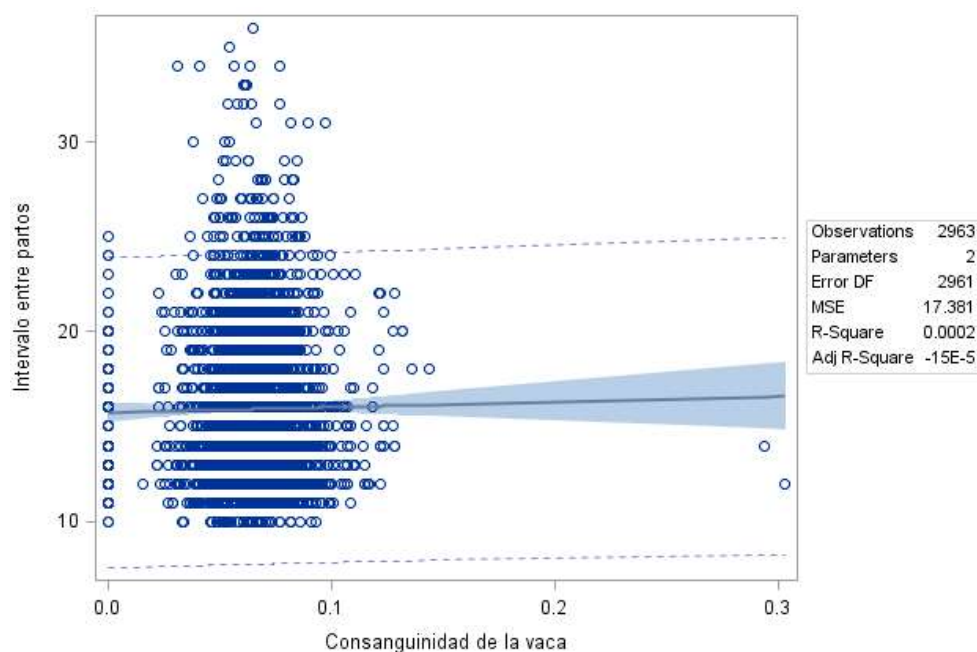
a = constante, b = coeficiente de regresión, E.E. = Error estándar

Nota. Elaboración propia.

El valor de la regresión de manera global muestra que los intervalos de partos no han sido influenciados por la consanguinidad de las vacas ya que la probabilidad del coeficiente de regresión no fue significativa (p value > 0.4548).

Figura 23

Distribución del intervalo entre parto (meses) de acuerdo con el nivel de consanguinidad de las vacas



Nota. Elaboración propia.

Asimismo, se ha estimado los coeficientes de regresión considerando los grupos de consanguinidad, para determinar el efecto en la variación del intervalo entre partos sobre el grupo de consanguinidad, los coeficientes se resumen en la Tabla 37.

Tabla 37

Regresión lineal del intervalo entre partos (meses) sobre el grupo de consanguinidad de las vacas por parto

Parto	n	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E.	t	Pr > t
2	1543	15.97541	0.52730	30.30	<.0001	0.04165	0.14472	0.29	0.7735
3	832	15.26130	0.66209	23.05	<.0001	0.14340	0.18366	0.78	0.4351
4	388	15.64707	0.91432	17.11	<.0001	-0.03109	0.25632	-0.12	0.9035
5	200	15.31700	1.69225	9.05	<.0001	0.08000	0.46298	0.17	0.8630

a = constante, b = coeficiente de regresión, E.E. = Error estándar

Nota. Elaboración propia.

La Tabla 37 muestra los coeficientes de regresión de los grupos de consanguinidad sobre el intervalo entre partos considerando dentro de cada parto, observándose que debido a la consanguinidad (grupo de consanguinidad) se incrementa el intervalo entre partos, pero que dicha variación no fue significativa ($p \text{ value} > 0.4351$).

Considerando todos los partos se ha determinado el coeficiente de regresión para estimar la variación sobre el intervalo entre partos considerando los grupos de consanguinidad de las vacas, cuyos valores se presentan en la Tabla 38 y la distribución en la Figura 24. Observándose que dicha variación indica que a medida que una vaca pertenece a un grupo de consanguinidad el intervalo de parto se incrementará, pero no fue significativa ($p \text{ value} > 0.4889$)

Tabla 38

Regresión lineal del intervalo entre partos (meses) sobre el grupo de consanguinidad de las vacas

n	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E	t	Pr > t
2963	15.66211	0.36894	42.45	<.0001	0.07047	0.10181	0.69	0.4889

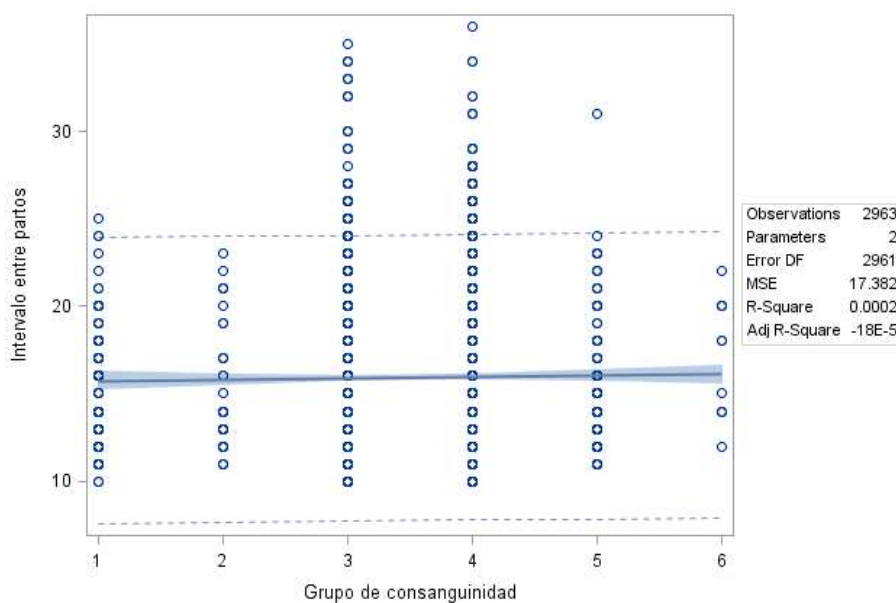
a = constante, b = coeficiente de regresión, E.E. = Error estándar

Nota. Elaboración propia.

La representación gráfica de dicha variación de los intervalos de parto de acuerdo a los grupos de consanguinidad se presenta en la Figura 24, observándose que en los grupos de consanguinidad 3 y 4 se da la mayor variación de dicho efecto de la consanguinidad.

Figura 24

Distribución del intervalo entre parto (meses) de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas



Nota. Elaboración propia.

4.7 Efecto de la consanguinidad sobre los días vacíos

El tiempo voluntario de espera (días vacíos) influye en el intervalo entre partos, que puede estar afectado por el nivel de consanguinidad de las vacas, siendo los valores obtenidos de la evaluación presentadas en la Tabla 39, y en la Figura 25 se muestra la variación en una representación en cajas y bigotes.

Tabla 39

Valores promedio de días vacíos por parto de las vacas

Parto	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E.	E.E.	CV (%)
2	1025	143.9483	55	270	60.0448	1.8755	41.7128
3	587	146.5400	55	268	55.3274	2.2836	37.7558
4	291	149.8247	56	268	57.5524	3.3738	38.4132
5	140	142.7643	59	269	56.3985	4.7665	39.5046

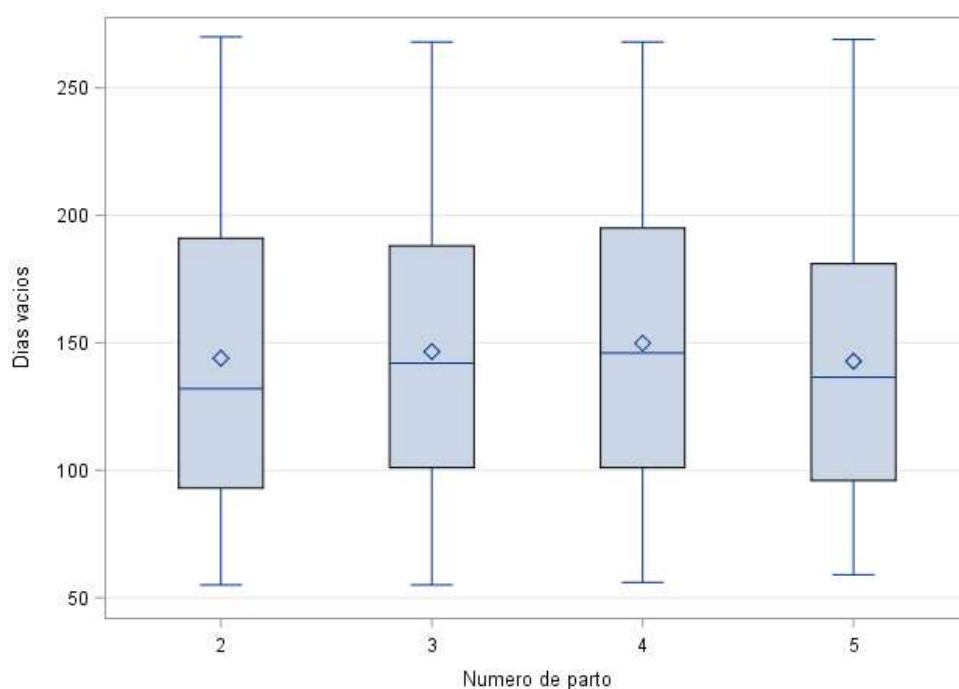
D.E. =Desviación estándar, E.E. = Error estándar, CV =Coeficiente de variación

Nota. Elaboración propia.

Considerando los días vacíos por parto se observó que para los partos 2 y 5 los días vacíos fueron menores que para los partos 3 y 4, encontrándose el mayor intervalo para el parto 4, pero la variabilidad en todos los partos ha sido altas, siendo para el parto 2 la mayor variabilidad observada.

Figura 25

Variación de los promedios de días vacíos por parto de las vacas, presentación en cajas y bigotes



Nota. Elaboración propia.

Los valores promedios de los días vacíos y su variación dentro de cada parto está representada en la Figura 25, donde se observa que los promedios presentan valores similares con una variabilidad similar entre los partos.

Considerando los grupos de consanguinidad establecidos de las vacas, los valores promedios de días vacíos se muestran en la Tabla 40, y la variación en la Figura 26.

Tabla 40

Valores promedio de días vacíos de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas

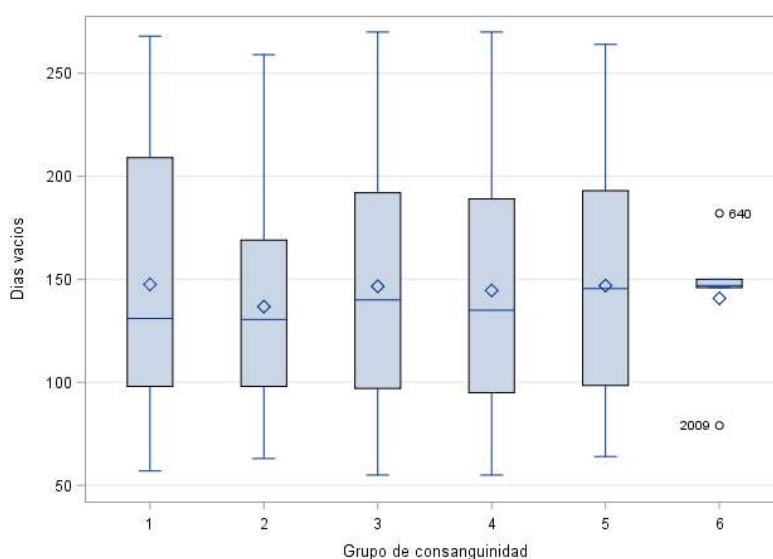
Grupo Fx	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E.	E.E.	CV (%)
1	75	147.5467	57	268	63.2089	7.2987	42.8399
2	24	136.7500	63	259	50.4977	10.3078	36.9270
3	757	146.6037	55	270	58.2035	2.1154	39.7012
4	1102	144.6116	55	270	58.3348	1.7573	40.3390
5	80	146.9875	64	264	53.4968	5.9811	36.3955
6	5	140.8000	79	182	37.6391	16.8327	26.7323

D.E. = Desviación estándar, E.E. = Error estándar, CV = Coeficiente de variación

En la Tabla 40 se presenta los valores promedios de días vacíos por cada grupo de consanguinidad, para el grupo de vacas no consanguíneas (grupo1) se observa un mayor promedio de días vacíos, mientras que los grupos consanguíneos presentaron un menor valor de días vacíos, asimismo, la variabilidad observada ha sido muy alta en todos los grupos consanguíneos.

Figura 26

Variación de los promedios de días vacíos por grupo de consanguinidad de las vacas, presentación de cajas y bigotes



Nota. Elaboración propia.

Considerando la distribución y los valores promedios de días vacíos entre el número de parto con los grupos de consanguinidad de las vacas, dichos valores se resumen en la Tabla 41.

Tabla 41

Valores promedios de días vacíos en función al número de parto y grupo de consanguinidad de las vacas

Parto	Grupo Fx	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E.	E.E.	CV (%)
2	1	33	130.3030	57	262	60.4920	10.5303	46.4241
	2	13	126.9231	69	259	54.2163	15.0369	42.7159
	3	372	146.9005	55	270	58.8622	3.0519	40.0695
	4	556	143.1583	57	270	61.4761	2.6072	42.9428
	5	48	144.6458	64	239	54.0608	7.8030	37.3746
	6	3	137.0000	79	182	52.7162	30.4357	38.4790
3	1	26	163.2308	58	268	62.2622	12.2106	38.1437
	2	8	142.6250	63	212	47.4099	16.7619	33.2409
	3	218	147.8440	57	268	55.8279	3.7811	37.7614
	4	315	144.3206	55	265	54.7086	3.0825	37.9077
	5	19	147.1579	65	257	55.6390	12.7645	37.8090
	6	1	147.0000	147	147			
4	1	13	160.9231	67	266	68.1744	18.9082	42.3646
	2	3	163.6667	127	213	44.3772	25.6212	27.1144
	3	116	148.4052	56	268	59.8674	5.5585	40.3405
	4	149	149.4497	57	268	56.5136	4.6298	37.8145
	5	9	154.1111	72	196	40.9067	13.6356	26.5437
	6	1	146.0000	146	146			
5	1	3	143.3333	107	213	60.3517	34.8441	42.1059
	3	51	135.0392	59	269	59.9266	8.3914	44.3772
	4	82	146.7927	65	269	53.4671	5.9045	36.4236
	5	4	158.2500	84	264	78.3002	39.1501	49.4788

D.E. = Desviación estándar, E.E. = Error estándar, CV = Coeficiente de variación

Nota. Elaboración propia.

En la Tabla 41 podemos observar los valores promedios de días vacíos por parto anidado a los grupos de consanguinidad, observándose que en todos los casos la variabilidad fue alta, observándose que la variabilidad en todos los casos fue alta.

Asimismo, hay una variación observada entre los años de parto con la época de parto, dichos valores promedios se presentan en la Tabla 42.

Tabla 42

Valores promedio de días vacíos en función al año y época de parto de las vacas

Año	Época	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E.	E.E.	CV (%)
2011	1	11	111.0000	55	183	40.7701	12.2926	36.7298
	2	47	114.4043	57	213	39.8817	5.8173	34.8603
2012	1	25	144.2000	58	268	68.9456	13.7891	47.8125
	2	68	138.9118	56	268	56.4879	6.8502	40.6646
2013	1	28	164.6429	88	268	50.8696	9.6135	30.8970
	2	136	155.5294	58	269	54.2330	4.6504	34.8699
2014	1	58	159.3448	55	266	68.3334	8.9726	42.8840
	2	123	142.5041	63	267	54.7520	4.9368	38.4213
2015	1	62	145.4839	58	268	61.6225	7.8261	42.3569
	2	148	143.5203	58	268	52.4348	4.3101	36.5348
2016	1	58	153.5517	58	270	60.2920	7.9167	39.2650
	2	147	155.4694	56	264	57.6499	4.7549	37.0812
2017	1	53	152.6604	71	265	60.6341	8.3287	39.7183
	2	116	125.1897	59	266	54.6750	5.0764	43.6737
2018	1	53	132.7925	61	266	65.4706	8.9931	49.3029
	2	174	154.8276	64	269	56.8966	4.3133	36.7483
2019	1	48	152.7917	58	269	65.4708	9.4499	42.8497
	2	108	125.6481	57	270	51.9251	4.9965	41.3258
2020	1	69	165.0000	61	266	59.2666	7.1349	35.9191
	2	132	152.0303	57	267	58.0905	5.0561	38.2098
2021	1	77	144.8831	55	269	64.9259	7.3990	44.8126
	2	175	143.5371	59	269	55.8172	4.2194	38.8869
2022	1	78	147.0000	60	266	58.6305	6.6386	39.8847
	2	49	127.7755	58	267	56.4960	8.0709	44.2151

D.E. = Desviación estándar, E.E. = Error estándar, CV = Coeficiente de variación

Nota. Elaboración propia.

En la Tabla 42 se presenta la variación de los días vacíos en función a los años de parto y época de parto, como se puede observar que para las épocas de verano (época 1) los valores de días vacíos fueron mayores que en las épocas frías (época 2), pero de la misma manera,

como en los casos anteriores la variabilidad encontrada fue alta, medido con el coeficiente de variabilidad.

La determinación de la variación medido a través de un coeficiente de regresión de los días vacíos sobre la consanguinidad de la vaca se resume en la Tabla 43, así como la variación de esta en la Figura 27.

Tabla 43

Coefficiente de regresión de los días vacíos sobre la consanguinidad de las vacas

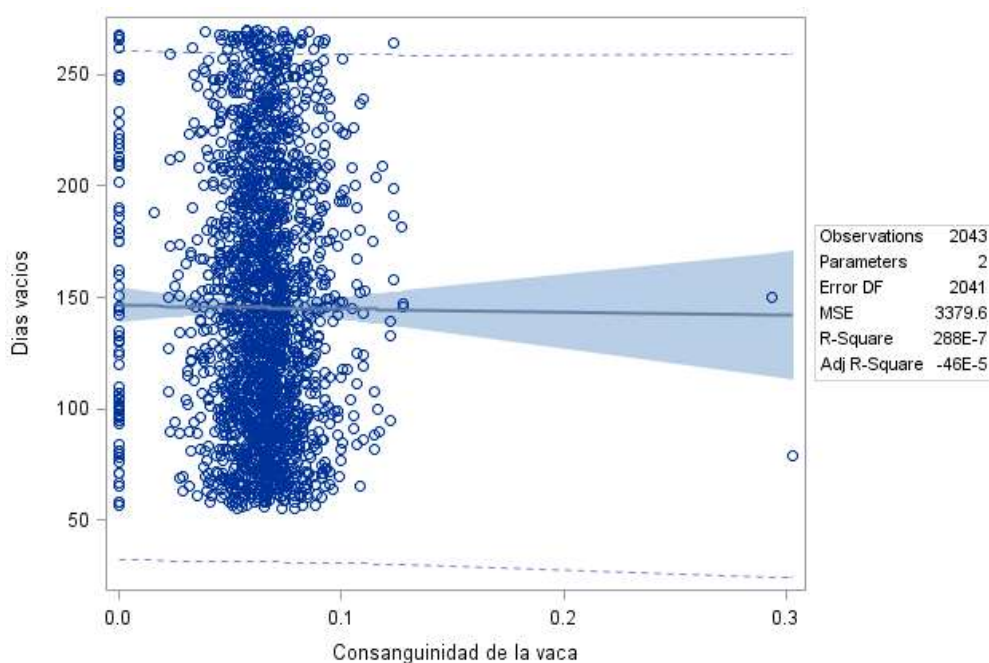
n	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E.	t	Pr > t
2043	146.399	4.12336	35.5	<.0001	-14.85343	61.24756	-0.24	0.8084

a = constante, b = coeficiente de regresión, E.E. = Error estándar

Nota. Elaboración propia

Figura 27

Variación de los días vacíos de acuerdo con la consanguinidad de las vacas



Nota: Elaboración propia.

Con la finalidad de observar la variación dentro de cada parto, se ha determinado los coeficientes de regresión de los días vacíos sobre los niveles de consanguinidad de las vacas, considerando cada parto, a partir del segundo parto, donde se considera los primeros días vacíos, dichos valores se resume en la Tabla 44.

Tabla 44

Coefficientes de regresión de los días vacíos sobre los niveles de consanguinidad de las vacas por parto

Parto	n	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E.	t	Pr > t
2	1025	141.1610	5.8111	24.29	<.0001	42.9387	84.7261	0.51	0.6124
3	587	153.9290	7.5760	20.32	<.0001	-117.4286	114.8020	-1.02	0.3068
4	291	153.4623	10.9250	14.05	<.0001	-58.2630	166.4045	-0.35	0.7265
5	140	137.4635	18.0959	7.60	<.0001	82.1167	270.3671	0.30	0.7618

a = constante, b = coeficiente de regresión, E.E. = Error estándar

Nota. Elaboración propia.

Con la finalidad de ver el efecto de los grupos de consanguinidad sobre los días vacíos se ha determinado el coeficiente de regresión de los días vacíos sobre el grupo de consanguinidad de las vacas, cuyos valores se presenta en la Tabla 45, así como la variación a través de los grupos de consanguinidad en la Figura 28.

Tabla 45

Coefficiente de regresión de los días vacíos sobre los grupos de consanguinidad de las vacas

n	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E.	t	Pr > t
2043	147.9720	6.0890	24.30	<.0001	-0.7127	1.6813	-0.42	0.6717

a = constante, b = coeficiente de regresión, E.E. = Error estándar

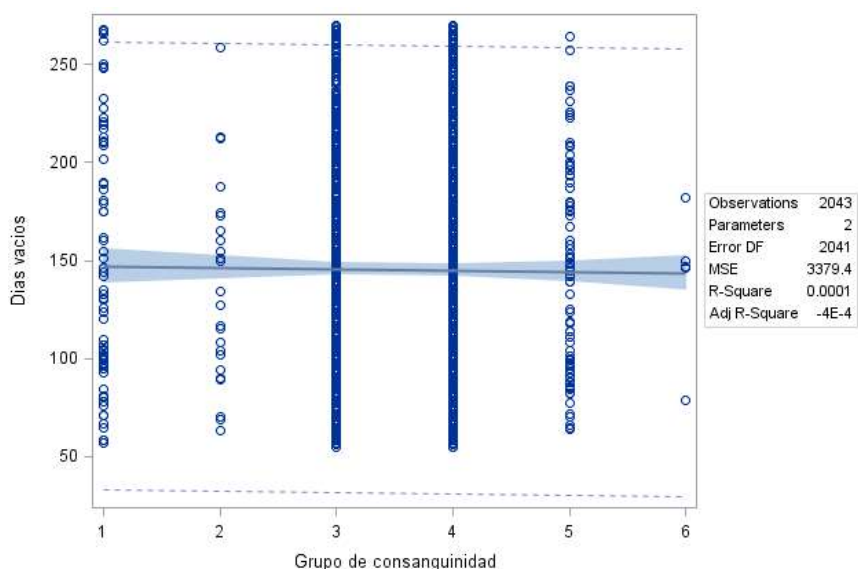
Nota. Elaboración propia.

El valor determinado del coeficiente de regresión para medir la variación observada en los días vacíos por los grupos de consanguinidad muestra una variación de -0.7127 días por

cada incremento de la consanguinidad por grupo, pero que no ha resultado dicha variación significativa (p vale > 0.6717).

Figura 28

Variación de los días vacíos en función a los grupos de consanguinidad de las vacas



Nota. Elaboración propia.

Para determinar el efecto que puede tener los grupos de consanguinidad, es que se ha estimado los coeficientes de regresión de los días vacíos sobre el grupo de consanguinidad de las vacas por parto, cuyos valores se resumen en la Tabla 46.

Tabla 46

Coefficientes de regresión de los días vacíos sobre los grupos de consanguinidad de las vacas por partos

Parto	n	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E.	t	Pr > t
2	1025	139.7901	9.0237	15.49	<.0001	1.1655	2.4739	0.47	0.6377
3	587	161.1357	10.4234	15.46	<.0001	-4.1651	2.9024	-1.44	0.1518
4	291	156.0017	15.3181	10.18	<.0001	-1.7727	4.2878	-0.41	0.6796
5	140	115.5348	26.7209	4.32	<.0001	7.5638	7.3035	1.04	0.3022

a = constante, b = coeficiente de regresión, E.E. = Error estándar

Nota. Elaboración propia.

Determinada la variación de los días vacíos por parto, Tabla 46, se determinó que a nivel del parto 2, se observa un incremento de los días vacíos por cada grupo de consanguinidad de incremento, mientras que para los partos 3 y 4, la variación se reduce a menos días vacíos y para el parto 5 la variación en los días vacíos es el de mayor incremento, pero en todos los casos dicha variación no fue significativa.

4.8 Efecto de la consanguinidad sobre la producción de leche (305d3X)

Los resultados del análisis del efecto de la consanguinidad sobre la producción de leche estandarizada a 305 días y 3 ordeños, se muestra en la Tabla 47 y la variación en la Figura 29.

TABLA 47

Promedios de producción de leche (lactaciones completas) de acuerdo con el número de parto de la vaca

Parto	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E.	E.E.	CV (%)
1	1894	7,613.5238	3,032	14,866	1,295.0178	29.7568	17.0094
2	1205	8,425.6224	3,030	12,618	1,391.2713	40.0791	16.5124
3	612	8,801.5131	3,659	13,698	1,381.5111	55.8443	15.6963
4	267	8,676.2509	3,866	11,615	1,363.6714	83.4553	15.7173
5	112	8,551.0893	4,886	11,439	1,217.6655	115.0586	14.2399

D.E.= Desviación estándar, E.E. = Error estándar, CV = Coeficiente de variabilidad

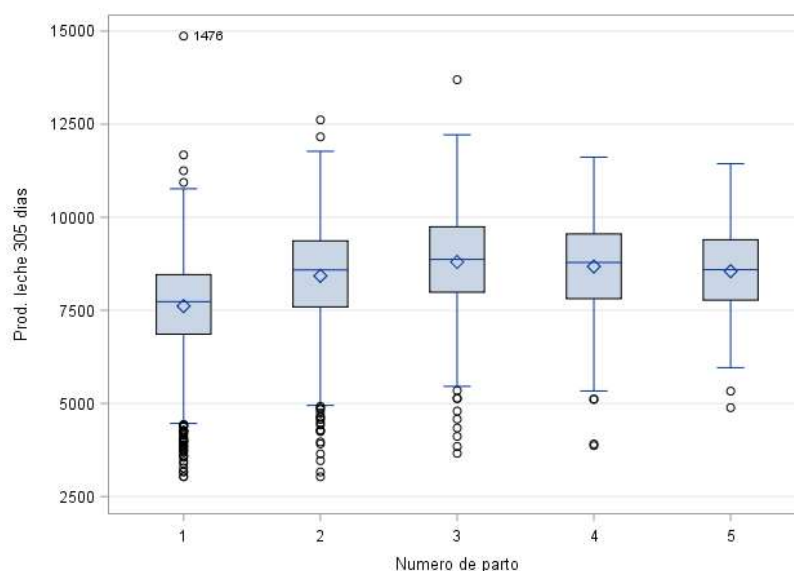
Nota. Elaboración propia.

Los valores promedio de la producción de leche por parto ha mostrado diferentes valores promedios, así tenemos se observa que en el primer parto el promedio de producción es menor, lo cual es consistente con la edad de los animales, ya que a edad temprana la producción es menor, observándose que la producción de leche se va incrementando a medida que se incrementa el número de partos, esta tendencia se observa hasta el tercer parto, para luego comenzar a disminuir, de la misma manera en cada parto la variabilidad ha sido similar.

Dicha variación se muestra en la Figura 29, mediante un diagrama de cajas y bigotes, observándose la tendencia de los promedios de producción de leche a través del número de partos.

Figura 29

Variación de los promedios de producción de leche (lactaciones completas) de acuerdo con el número de parto de la vaca



Nota. Elaboración propia.

TABLA 48

Promedios de producción de leche (lactaciones completas) por grupo de consanguinidad de las vacas

Grupo Fx	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E.	E.E.	CV (%)
1	141	7,653.36	3,158	11,615	1,504.8257	126.7292	19.6623
2	49	8,115.71	5,365	11,287	1,286.3023	183.7575	15.8495
3	1524	8,118.18	3,162	14,866	1,472.5465	37.7204	18.1389
4	2203	8,157.68	3,030	12,216	1,404.4480	29.9225	17.2163
5	159	8,141.18	4,116	10,546	1,198.4792	95.0456	14.7212
6	14	8,498.21	6,873	10,968	940.3146	251.3097	11.0648

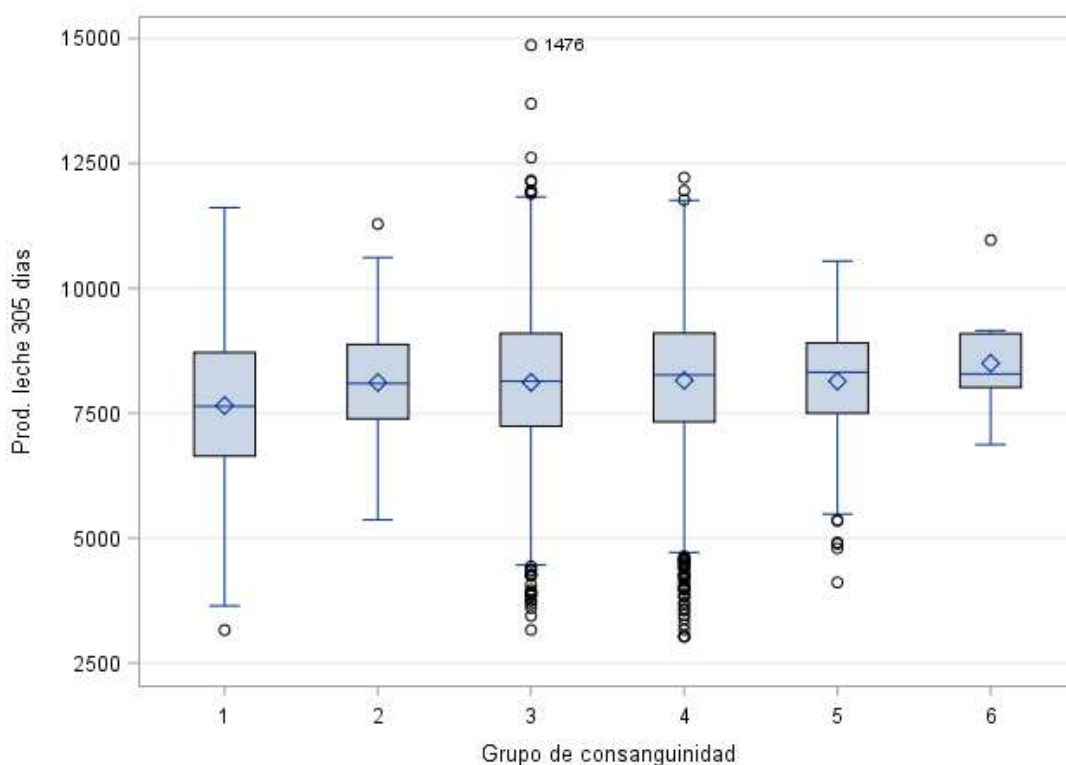
D.E. = Desviación estándar, E.E. = Error estándar, CV = Coeficiente de variación

Nota. Elaboración propia.

Si asociamos la producción de leche a los grupos de consanguinidad, el grupo no consanguíneo (grupo 1) muestra el menor promedio de producción de leche, y entre los grupos de consanguinidad 2 hasta el 5, los valores promedios de producción son similares.

Figura 30

Variación de la producción de leche (lactaciones completas) de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas



Nota. Elaboración propia.

TABLA 49

Parámetros del coeficiente de regresión de la producción de leche (lactaciones completas) sobre la consanguinidad de las vacas

n	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E.	t	Pr > t
4090	7,908.9333	73.70419	107.31	<.0001	3,380.0256	1,096.0287	3.08	0.0021

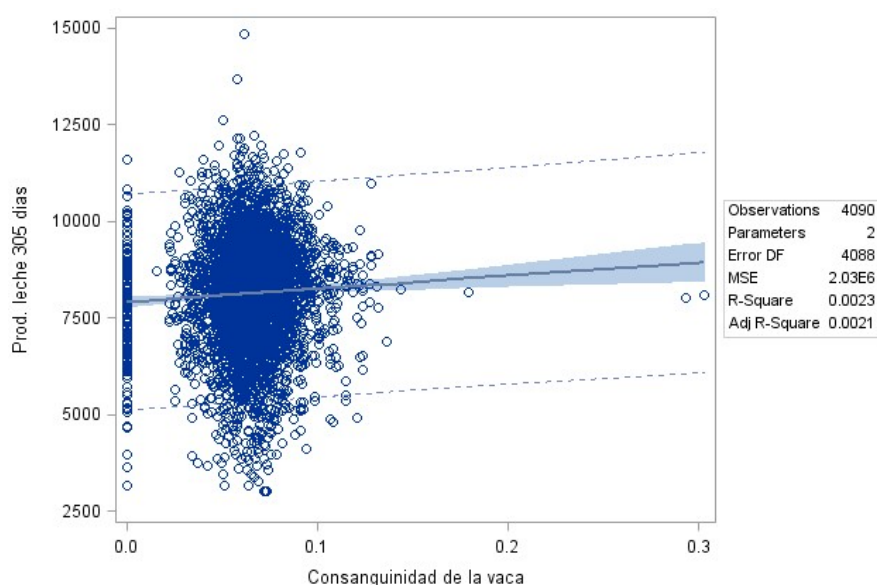
a = constante, b = coeficiente de regresión, E.E. = Error estándar

Nota. Elaboración propia.

Considerando la consanguinidad de las vacas se relacionó con la producción de leche, observándose que la producción de leche no se ve afectado por la consanguinidad, ya que el coeficiente de regresión muestra una tendencia de incremento positiva, y esta variación es altamente significativa (p value = 0.0021).

Figura 31

Variación de la producción de leche (lactaciones completas) de acuerdo con el nivel de consanguinidad de las vacas



Nota. Elaboración propia.

La regresión de la producción de leche sobre el grupo de consanguinidad de las vacas se presenta en la Tabla 50, y su variación se muestra en la Figura 32.

Tabla 50

Parámetros del coeficiente de regresión de la producción de leche (lactaciones completas) sobre el grupo de consanguinidad de las vacas

N	a	E.E.	t	Pr > t	b	E.E.	t	Pr > t
4090	7787.6338	106.32911	73.24	<.0001	95.31607	29.32267	3.25	0.0012

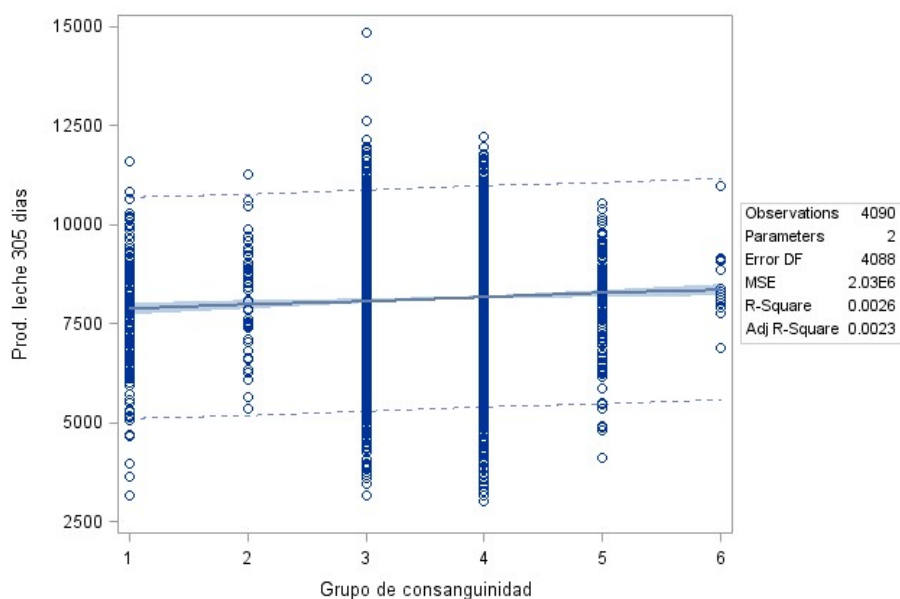
a = constante, b = Coeficiente de regresión, E.E. = Error estándar

Nota. Elaboración propia.

Considerando los grupos de consanguinidad se observa que a medida que se incrementó la consanguinidad la producción de leche se incrementó en 95.31 kg, esta variación (coeficiente de regresión) resultó ser altamente significativo (p value = 0.0012).

Figura 32

Variación de la producción de leche (lactaciones completas) de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas



Nota. Elaboración propia.

La producción de leche (lactaciones completas) determinado a través del año y época de parto se muestra en la Tabla 51, donde se puede observar los valores promedios, máximos y mínimos, dentro de cada año y época de parto de las vacas.

En dicha Tabla 51, se observa que a través de los años de parto y relacionado con la época de parto dentro de cada año, se encontró que el primer año la producción fue la más baja, que se va incrementando en los años posteriores llegando a los últimos años con mayor valor de producción. Si consideramos los valores mínimos y máximos el primer año los animales tuvieron los menores valores de producción de leche, llegando a la mejor producción en la época 2 del año 2015 (14,866 kg de leche).

Tabla 51*Promedios de producción de leche (lactaciones completas) según año y época de parto*

Año	Época	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E.	E.E.	CV (%)
2009	1	3	4,046.67	3,384	4,690	653.2146	377.1336	16.1420
2010	1	33	6,511.00	4,178	8,981	1,119.4782	194.8761	17.1936
	2	81	7,442.07	4,922	9,549	1,031.4554	114.6062	13.8598
2011	1	54	7,970.94	5,289	10,938	1,167.2171	158.8381	14.6434
	2	126	7,878.40	3,646	10,395	1,195.7153	106.5228	15.1771
2012	1	95	7,505.84	3,158	10,850	1,309.6174	134.3639	17.4480
	2	190	7,519.29	3,914	10,710	1,240.8391	90.0199	16.5021
2013	1	98	7,878.14	3,033	12,159	1,648.5701	166.5307	20.9259
	2	230	7,971.75	3,552	11,831	1,366.6909	90.1169	17.1442
2014	1	124	8,376.73	3,032	11,926	1,641.8308	147.4408	19.5999
	2	252	8,493.77	3,162	12,134	1,360.8562	85.7259	16.0218
2015	1	162	8,738.94	3,968	11,956	1,428.2834	112.2165	16.3439
	2	315	8,095.51	3,030	14,866	1,485.6643	83.7077	18.3517
2016	1	94	8,010.07	3,757	10,823	1,574.7755	162.4257	19.6599
	2	247	7,135.60	3,162	11,281	1,412.7382	89.8904	19.7984
2017	1	133	8,387.05	4,005	12,618	1,535.9702	133.1855	18.3136
	2	299	8,032.43	3,582	13,698	1,467.4305	84.8637	18.2688
2018	1	110	8,067.82	3,846	11,052	1,479.7080	141.0846	18.3409
	2	289	7,939.44	3,709	11,772	1,383.9499	81.4088	17.4313
2019	1	131	8,380.39	3,659	10,906	1,239.7747	108.3196	14.7938
	2	247	8,048.92	4,266	10,513	1,095.1077	69.6800	13.6056
2020	1	148	8,638.00	4,405	11,400	1,274.0677	104.7277	14.7496
	2	273	8,773.64	3,270	12,216	1,187.5848	71.8759	13.5358
2021	1	141	8,734.89	4,838	11,607	1,094.3365	92.1598	12.5283
	2	215	8,757.29	3,965	11,467	1,097.0734	74.8198	12.5275

D.E. = Desviación estándar, E.E. = Error estándar, CV = Coeficiente de variación

Nota. Elaboración propia.

Del análisis del modelo estadístico para determinar el efecto de la consanguinidad considerando todos los factores se presenta en la Tabla 52, en la cual se presenta el análisis de la varianza, considerando la suma de cuadrados tipo III al ser un modelo desbalanceado.

Tabla 52

Análisis de varianza para determinar el efecto del grupo de consanguinidad sobre la producción de leche

Variable dependiente: Producción de leche (305d,3X)

Fuente	gl	Suma de Cuadrados	Cuadrado Medio	F	Pr > F
Modelo	34	1,846,223,110	54,300,680	34.03	<.0001
Error	4,055	6,470,298,114	1,595,635		
Total corregido	4,089	8,316,521,223			

R²	CV	Raíz CME	Promedio
0.221995	15.54574	1,263.184	8,125.598

Fuente	gl	SC Tipo I	CM	F	Pr > F
Año * Época	24	970,771,201.2	40,448,800.0	25.35	<.0001
Edad al parto	1	587,972,474.5	587,972,474.5	368.49	<.0001
Número de parto	4	262,578,351.2	65,644,587.8	41.14	<.0001
Grupo de consanguinidad	5	24,901,082.7	4,980,216.5	3.12	0.0081

Fuente	gl	SC Tipo III	CM	F	Pr > F
Año * Época	24	740,708,621.7	30,862,859.2	19.34	<.0001
Edad al parto	1	50,400,088.0	50,400,088.0	31.59	<.0001
Número de parto	4	265,172,001.1	66,293,000.3	41.55	<.0001
Grupo de consanguinidad	5	24,901,082.7	4,980,216.5	3.12	0.0081

Nota. Elaboración propia.

De este análisis de varianza, se observa, en la SC Tipo III, que los factores considerados en el modelo de evaluación tienen una significancia en la producción de leche, así el factor año*época de parto, la edad al parto y el número de parto el efecto es altamente significativo, asimismo, la consanguinidad, medida como grupo de consanguinidad presenta una alta significancia, lo que hace necesario evaluar la depresión endogámica observada posible.

V. DISCUSIÓN DE RESULTADOS

5.5 Consanguinidad de la población en estudio

De la determinación de los valores de consanguinidad, utilizando los 5,526 registros de genealogía de las vacas del rebaño, correspondiendo a 36 años de nacimiento (1986-2021), el incremento de la consanguinidad medido a través del coeficiente de regresión se ha determinado un incremento anual promedio de 0.1575% (0.00157 de coeficiente de consanguinidad), con un valor de R^2 de 21.78% y presentando una alta significancia en dicha variación ($P < 0.0001$).

Los valores de incremento de la consanguinidad fueron menores a los reportados por la CDCB (2022) para su población de vacas en los Estados Unidos de Norteamérica, y similares a lo determinado en la población de vacas mexicanas reportada por García-Ruíz (2021), pero ligeramente superior a lo reportado por Andere et al. (2017), de una tendencia de 0.0013 (0.13%) por año de nacimiento.

En cuanto a los valores promedios de consanguinidad en el periodo evaluado se ha determinado que el promedio de las vacas consanguíneas ha sido de 0.0654 (6.54%), y el promedio de consanguinidad de la población total fue de 0.0627 (6.27%), siendo dichos valores mayores a lo reportado por Andere et al. (2017) quienes reportaron que para la población de hembras en Argentina fue de 4% en promedio.

Si vemos el comportamiento del incremento de la consanguinidad en la población en estudio se observa que los valores individuales de la consanguinidad estimado para las vacas han sido hasta 0.3031 (30.31%) y de 0.3269 (32.60%) para los años de nacimiento 2019 y 2020 respectivamente, lo cual indica además, que del total de vacas de la población para el año de nacimiento 2019, el 98.12% de las vacas fueron consanguíneas, decreciendo ligeramente para

el año 2020, siendo el 88.56% consanguíneas, mientras que para el año 2021 se incrementó la proporción de vacas consanguíneas con respecto al total, llegando a ser 99.05% de las vacas consanguíneas. Eso evidencia que los apareamientos realizados para la generación de las progenies han sido considerando padres con grados de parentesco alto, como se advierte el incremento al relacionarse los valores de consanguinidad de los padres y la progenie (Figura 6 y Figura 7).

Este comportamiento poblacional, en cuanto al coeficiente de consanguinidad de los animales, fue superior en nuestro estudio, ya que, en el año 2021, los animales consanguíneos fueron el 99.05% de la población, siendo superior a lo reportado por Machado et al. (2020) quienes reportaron un valor medio de animales consanguíneos del orden del 87.09% en la población de vacas en Brasil en la raza Shorthorn.

Los valores promedios de consanguinidad de las vacas del rebaño en estudio fueron superiores a los reportados en estudios similares, reportados por Sell-Kubiak et al. (2018), Zanella et al. (2018), García-Ruíz et al. (2022).

5.2 Depresión endogámica sobre el número de servicios a la preñez

Analizando los valores promedios del número de servicios por preñez, considerando el número de partos, se evidencia que, al primer parto, es decir inseminaciones realizadas en animales vírgenes, reporta un menor número de servicios (2.70 ± 0.05) a la preñez, con respecto a los demás partos en la cual se observa un incremento en el número de servicios requeridos, el mayor valor de servicios se observó en vacas de segundo parto (4.36 ± 0.09).

A la prueba de medias, mediante la prueba de Tukey (HSD), solamente se ha encontrado diferencias estadísticas ($P < 0.05$) entre las medias del número de servicios por preñez entre los partos 1 – 2 ($\Delta=1.66$), 1 – 3 ($\Delta=1.42$), 1 – 5 ($\Delta=1.36$), y 1 – 4 ($\Delta=1.35$), lo cual es evidente ya que al primer parto las condiciones de las vaquillas son muchos mejores que las

vacas que ya tuvieron un parto. Por otro lado, los valores promedios entre los partos (del segundo al quinto parto) las diferencias no fueron significativas, aun cuando en los partos 4 y 5 los valores promedios son menores (Anexo C).

Al evaluar el número de servicios por cada grupo de consanguinidad de las vacas, el grupo 1, que corresponde a las vacas no consanguíneas ($F_x = 0$), el promedio determinado (3.43 ± 0.20) no fue el menor promedio, entendiéndose que en ese grupo de vacas no se tiene el efecto de la consanguinidad, mientras que los grupos de consanguinidad 2, 3 y 4, presentan valores promedios más alto que las vacas no consanguíneas, pudiéndose entender que se podría atribuir que la consanguinidad está afectando a la eficiencia reproductiva de las vacas de esos grupos respectivamente, mientras que los grupos de mayor consanguinidad (grupo 5 y 6) presentaron los menores valores, incluso menor al promedio de servicios a la preñez del grupo no consanguíneo. A la prueba estadística de Tukey (Anexo C) solamente se ha establecido diferencias significativas ($P < 0.05$) entre los promedios del Grupo consanguíneo 3 y 4, 3 y 5 y 4 y 5.

Los valores promedios, en la tendencia de que es afectado por los niveles de consanguinidad, las vacas pertenecientes al Grupo 2, requirieron 0.15 más servicios a la preñez que las vacas no consanguíneas, y las vacas del Grupo 3, se incrementó en 0.29 servicios a la preñez, dicha variación concuerda a lo establecido por Baes et al. (2019), siendo, además, los valores de incremento de número de servicios a la preñez menores a los reportado por Gutiérrez-Reinoso et al. (2022).

La determinación de la depresión endogámica se ha realizado mediante la relación de la consanguinidad de las vacas, así como el Grupo de consanguinidad con el número de servicios a la preñez, utilizando un modelo de regresión. La estimación del coeficiente de

regresión del número de servicios a la preñez sobre la consanguinidad de la vaca, así como sobre el grupo de consanguinidad se presentó en la Tabla 10 y 11 respectivamente.

Analizando el efecto de los niveles de consanguinidad dentro de cada parto (Tabla 10), para el parto 1, refleja la condición de animal virgen (animales con menos problemas reproductivos) presentándose un valor medio del número de servicios bajo, mientras que los demás partos los promedios son mayores comparado con el parto 1. Los coeficientes de regresión estimados no reflejaron el posible efecto de la consanguinidad, establecido como depresión endogámica, ya que, al análisis estadístico, dichos coeficientes resultaron no significativos, a excepción del parto 4, resultando que el valor del coeficiente de regresión fue significativo ($P < 0.05$).

Al analizar el número de servicios por parto, considerando el grupo de consanguinidad de las vacas, se encontró una tendencia similar al análisis anterior, para el parto 1, se determinó también, un menor valor medio del número de servicios a la preñez y para los demás partos el valor medio fue mayor en todos los casos, incrementándose a medida que el grupo de consanguinidad sea mayor, y los coeficientes de regresión del número de servicios a la preñez sobre el grupo de consanguinidad no fue significativa, a excepción del grupo consanguíneo 4, que presento una significancia ($P < 0.05$), dichos valores se reportaron en la Tabla 11.

La determinación de la depresión endogámica considerando el coeficiente de consanguinidad de las vacas, analizado mediante un modelo de regresión, se determinó que la consanguinidad no afectó al número de servicios a la preñez (Tabla 10), y si se considera el Grupo de consanguinidad, en el mismo sentido, no determinó una depresión endogámica (Tabla 11), ya que en ambos casos el signo del coeficiente de regresión fue negativo, indicando que no existe un incremento del número de servicios por cada unidad de variación en la consanguinidad, difiriendo a lo reportado por Gutiérrez-Reinoso et al. (2022) quienes indican

que la depresión endogámica incrementa en 0.45 a 0.75 más servicios por preñez por cada 1% de variación o incremento de la consanguinidad.

Al análisis de varianza el efecto de la consanguinidad (establecido como grupo de consanguinidad) no mostro diferencias significativas entre los grupos de consanguinidad ($p=0.3633$), corregidos las medias por mínimos cuadrados (LSM) se estableció que las diferencias entre los grupos de consanguinidad todas fueron no significativas ($P>0.01$), dichos valores se presentan en el Anexo C.

5.3 Depresión endogámica sobre el número de parto

La permanencia de las vacas en el rebaño está directamente asociado al número de partos logrados por la vaca a través de su vida productiva, evaluando la distribución del número de vacas por número de parto (Tabla 13), el número de vaquillonas que han logrado un primer parto, en el periodo de estudio, fueron 879 animales (100%), y que fueron disminuyendo, así tenemos que las vacas que lograron un segundo parto fueron solamente 718 vacas, observándose una reducción del orden del 18.32%, lo cual equivale a una saca del mismo orden, las causas pueden ser atribuidos a muchos factores, productivos, reproductivos básicamente, y que solamente llegan a lograr un quinto parto 109 vacas, lo que equivale solamente el 12.40% de las vacas que tuvieron un primer parto.

Al analizar la distribución de las vacas considerando el grupo de consanguinidad, en la que no considera el número de parto, los grupos de consanguinidad 3 y 4 son los que más partos han concentrado (819 y 1291 partos), mientras que el grupo de consanguinidad 6 ($F_x > 12.50\%$), el de más alto valor de consanguinidad promedio, solamente se registró 14 partos, esas mayores diferencias entre la distribución de los partos refuerzan de que la consanguinidad en algún momento ha ejercido efecto para que en ese grupo de alta consanguinidad no se

encuentren más animales, ya que la selección por niveles de producción y eficiencia reproductiva han sido las causas de eliminación de los animales (Tabla 14).

Analizando la Tabla 15, se observa que la mayor distribución de partos logrados está en la intercepción de los partos tres y cuatro con los grupos de consanguinidad 3 y 4, lo que podría indicar indirectamente que a mayor consanguinidad se va a lograr menor número de partos.

Para evaluar la depresión endogámica, medido como el efecto de la consanguinidad, se ha realizado el análisis de regresión del número de partos sobre el nivel de consanguinidad de las vacas, así como sobre el grupo de consanguinidad en las cuales se distribuyeron las vacas, cuyos valores de los coeficientes de la regresión se presentaron en la Tabla 16, observándose que cuando se analizó los coeficientes de regresión considerando el valor de la consanguinidad de las vacas (coeficiente de consanguinidad) se ha determinado que la depresión endogámica observada es del orden del -0.042 partos menos por cada 1% de Consanguinidad de incremento sobre el promedio de la población, siendo este valor muy significativo ($P < 0.0001$).

Al estimar la depresión endogámica, considerando el grupo de consanguinidad de las vacas, el valor determinado fue de -0.11441 ($P < 0.0001$) partos por cada grupo de consanguinidad que se incremente en la población, entendiéndose que la variación promedio es de 0.03125 o 3.125% de consanguinidad por grupo de consanguinidad, resultando en un valor equivalente a la variación anterior. Estos valores de variación (depresión endogámica) fueron similares a los reportados por Pryce et al. (2014), que asocia un mayor intervalo entre partos que significa menos partos por vaca.

En ambos métodos la depresión endogámica estimada determina que el efecto de la consanguinidad en la población está afectando en tener mayor número de partos por vaca, sino

que la tendencia a medida que se incremente la consanguinidad el número de partos se va a disminuir, afectado por la baja en la producción y en la eficiencia reproductiva.

5.4 Depresión endogámica sobre la longitud de gestación

La longitud de gestación es una característica diferenciada entre las diferentes razas de *Bos taurus*, así se tiene que el valor promedio de gestación en la Holstein es de 279 ± 9 días, sin distinguir edad ni número de parto del animal.

Los valores de longitud de gestación considerando el número de parto se han presentado en la Tabla 18, en la que se puede observar que en el primer parto se ha obtenido el menor valor de gestación (275.62 ± 0.11 días) con una menor variación (CV de 1.84%), mientras que en los partos sucesivos los valores promedios fueron ligeramente mayores (276.35 ± 0.15 , 276.83 ± 0.22 , 276.49 ± 0.31 días, para el segundo, tercero y cuarto parto respectivamente), mientras que el mayor valor de gestación se determinó en el quinto parto, siendo este promedio de 277.11 ± 0.63 días con una variación también mayor (CV de 2.62%). Al análisis estadístico los valores de longitud de gestación mostraron diferencias altamente significativas entre sí ($P < 0.001$), siendo significativo la diferencia entre los valores medios del primer parto y los siguientes partos, mientras que los valores de longitud de gestación del segundo al quinto parto las diferencias encontradas no fueron significativas ($P > 0.05$).

Uno de los factores que puede influir en la longitud de gestación es el sexo de la cría que está gestando la vaca, la tendencia de menor longitud de gestación se observa en gestaciones de crías hembras, y siendo un valor superior en gestaciones de crías machos, en la población en estudio se ha observado que el grupo de crías machos presentaron un mayor valor (276.91 ± 0.14 días) mientras que en el grupo de las hembras fue de 275.72 ± 0.09 días, siendo estos promedios diferentes estadísticamente a la prueba de Tukey ($P < 0.001$), dichos valores se muestra en la Tabla 20.

Cuando se analizó los valores promedios de longitud de gestación de las vacas considerando el grupo de consanguinidad de los animales, el grupo no consanguíneo (Grupo 1) presentó el mayor valor de gestación, cercanamente al valor medio de la raza, de 277.46 ± 0.33 días. A medida que iba incrementando la consanguinidad media de los animales ($\Delta=0.0315$ de consanguinidad) la longitud de gestación disminuyó, siendo los valores que corresponde a los grupos sanguíneos 5 y 6 (consanguinidades promedio de 10.94% y más de 12.50%) de 275.63 ± 0.28 y 275.94 ± 0.91 días respectivamente. Al análisis de las diferencias de los promedios solamente se mostraron diferentes entre el grupo no consanguíneo (Grupo 1) y los grupos consanguíneos 2, 3, 4 y 5; mientras que las diferencias entre los grupos de alta consanguinidad (Grupo 5 y 6) las diferencias no fueron significativas.

El modelo de regresión utilizado para determinar la depresión endogámica, se analizó considerando los coeficientes de consanguinidad de las vacas dentro de cada parto, así como los grupos de consanguinidad formados dentro de cada parto, considerando el modelo general, independientemente del número de parto sea observado que por efecto de la consanguinidad se ha observado una reducción de 0.15 días en promedio por cada 1% de incremento en la consanguinidad de las vacas, siendo este valor de coeficiente altamente significativo (Tabla 23), siendo un valor superior a lo reportado por Leroy (2014) y difiere, además en la significancia.

Al analizar la depresión endogámica dentro de cada parto causado por la consanguinidad de las vacas, solamente en el primer parto se ha observado que la depresión endogámica estimada (0.22 días por cada incremento del 1% de la consanguinidad) fue significativa dicha variación ($P<0.0001$), mientras que en los demás partos se observa una reducción de la media de gestación, estas variaciones no fueren significativas.

Cuando se considera el Grupo de consanguinidad dentro de cada parto, la depresión endogámica estimada en el primer parto fue de -0.58 días por cada incremento de un valor

medio de 3.125% de consanguinidad, siendo este valor muy significativo ($P < 0.0001$), mientras que en los demás partos el grupo de consanguinidad si bien es cierto causo un efecto, pero éste no fue significativo (Tabla 24), y considerando el total de vacas independientemente del número de parto, la depresión estimada fue de -0.45 días, siendo este valor muy significativo ($P < 0.0001$).

Al análisis de la varianza del modelo planteado en la que se consideró el efecto de año*estación de parto, sexo de la cría, número de parto, grupo de consanguinidad (Anexo X), para el factor de interés de análisis, no presentaron diferencias significativas al análisis.

5.5 Depresión endogámica sobre la edad al parto

Al analizar el efecto de la consanguinidad al primer parto, esta condición tiene importancia porque es el reflejo del sistema de manejo que se ha implementado en el rebaño, cuando los sistemas de producción no son eficiente en la etapa de la recria el inicio de la lactancia (edad al primer parto) será a mayor edad, reduciendo la media de permanencia de las vacas en el rebaño así como la longevidad de las vacas.

En los animales primerizos (de primer parto) se determinó los promedios de acuerdo a los grupos de consanguinidad formados, de acuerdo a la Tabla 25, con respecto al grupo no consanguíneo (Grupo 1) y los grupos consanguíneos moderados (Grupo 2, 3 y 4) los promedios fueron similares: 25.58 ± 0.46 , 25.17 ± 0.61 , 25.11 ± 0.11 , 25.22 ± 0.08 meses respectivamente, mientras que para los Grupos de consanguinidad altos (Grupo 5 y 6) los valores promedios de la edad al primer parto fueron ligeramente menores (24.59 ± 0.24 y 23.64 ± 0.49 meses respectivamente), lo que estaría indicando que la consanguinidad no afectó significativamente sobre este carácter, pero si consideramos el periodo de gestación 9 meses aproximadamente, la edad al primer servicio efectivo sería los 16 meses de edad, edad demasiada alta ya que se recomienda lograr la preñez a los 13 a 14 meses, esa diferencia podría deberse a un efecto de

la consanguinidad, ya que estaría afectando el desarrollo adecuado de los animales y que logren los pesos y tallas a dicha edad. Los valores determinados coinciden con los reportados por Gutiérrez-Reinoso et al. (2020) y por Remmik et al. (2020) quienes indican que la edad promedio al primer parto fue a los 25.34 meses, edad considerada muy alta.

Para estimar la posible depresión endogámica sobre la edad al primer parto se analizó mediante un modelo de regresión (Tabla 26) encontrándose que el valor de cambio por cada 1% de incremento en la consanguinidad fue de -0.063 meses, siendo este valor significativo en la variación ($p=0.0233$), y cuando se consideró los grupos de consanguinidad para determinar la depresión endogámica se determinó un valor de -0.14 meses por cada 0.0315 de incremento en la consanguinidad, siendo este valor no significativo (Tabla 27).

El efecto de la consanguinidad sobre la edad al parto a partir del segundo parto, medido a través del análisis de regresión, para poder determinar la posible depresión endogámica. Considerando el coeficiente de consanguinidad de las vacas dentro de cada parto (dos a más) se observa un efecto en la edad debido al incremento del 1% de la consanguinidad, pero no fueron significativos (Tabla 30).

Considerando el Grupo de consanguinidad, para el segundo a más partos, de la misma manera se observa una variación promedio (Tabla 31) pero que dicha variación no fue significativa.

Los resultados en la determinación del efecto de la depresión endogámica sobre el número de partos coinciden con los reportados por Gutiérrez-Reinoso et al. (2020) que determinaron que el efecto no fue significativo.

5.6 Depresión endogámica sobre el Intervalo de parto

El intervalo entre parto es una medida indirecta de evaluar la eficiencia reproductiva de la hembra, las prácticas de manejo reproductivo, ya que de ella depende, además de lograr mas

partos por vaca, su permanencia en el rebaño; es una característica muy importante dentro de la crianza de los vacunos lecheros, de lograr intervalos adecuados para lograr vacas más eficientes a través de su vida productiva.

Evaluando los valores promedios de intervalo entre partos, se observa que para el segundo parto el intervalo fue mayor que los partos subsiguientes (16.12 ± 0.11 meses vs. 15.76 ± 0.14 meses para el tercer parto), este mayor valor observado en el segundo parto, en parte puede ser efecto de la consanguinidad de los animales, ya que la depresión endogámica se observa en una menor tasa reproductiva, lo cual incrementa los intervalos entre partos. Asimismo, si evaluamos el coeficiente de variación de los intervalos entre partos, a partir del segundo parto, éstos muestran un coeficiente muy similar, del orden del 26% en promedio, siendo un valor muy variable.

Analizado los valores promedios de acuerdo al Grupo de consanguinidad de las vacas, se observa realmente el efecto de la consanguinidad, ya que el grupo de vacas no consanguíneas presentaron un valor más bajo (15.20 ± 0.34 meses), mientras que los grupos de mayor valor de consanguinidad promedio fueron los que mostraron valores de intervalo entre partos superiores, así el grupo 6 de consanguinidad presentó un valor de 17.00 ± 1.00 meses, y el grupo 3 y 4 de consanguinidad, grupos en la que se encuentra la mayor cantidad de vacas mostraron valores promedios de 16.01 ± 0.13 y 15.92 ± 0.11 meses respectivamente, el cual es una de las razones por que tenemos menos vacas en el rebaño que hayan logrado 5 partos. Estos valores de intervalos reportados en el presente estudio son superiores a los reportados en la revisión bibliográfica, así Remmik et al. (2020) reportaron intervalos de 13.25 meses valor promedio menor al promedio del rebaño, valor similar al reportado por Martínez-Castillero et al. (2021).

Cuando se referencia el número de parto con los grupos de consanguinidad de las vacas se observa que el segundo parto con el grupo de consanguinidad 6, se observó un valor

promedio muy alto (17.33 ± 1.21 meses), así en el tercer parto y el grupo de consanguinidad 6 valores de 17.00 ± 3.00 meses y en el quinto parto con el grupo consanguíneo 5 le promedio fue de 16.59 ± 1.31 meses, manteniéndose la tendencia que los valores mayores de intervalo se observa en los niveles altos de consanguinidad de las vacas.

Al estimar la depresión endogámica, considerando el valor de la consanguinidad de las vacas medido dentro de cada parto, observamos que existe una evidencia en el efecto de la consanguinidad (Tabla 35), especialmente en el segundo y tercer parto (0.02 y 0.05 meses por cada 1% de incremento de la consanguinidad respectivamente), y si consideramos el efecto total la depresión endogámica fue estimada en 0.028 meses por cada 1% de incremento en la consanguinidad de las vacas (Tabla 36), lo cual evidencia que la consanguinidad contribuye a tener mayores intervalos entre partos. Dicha tendencia de variación por efecto de la depresión endogámica es coincidente a los reportados por Baes et al. (2019), Doekes et al. (2020), Gutiérrez-Reinoso et al. (2022).

Cuando se consideró el Grupo de consanguinidad de la vaca, la depresión endogámica también fue evidente (Tabla 37), observándose un mayor valor en el tercer parto (+0.14 meses por cada 3.125% de incremento de consanguinidad promedio), y al evaluar en su conjunto la depresión endogámica obtenido en la población fue de 0.07 meses por cada 3.125% de incremento de la consanguinidad en promedio (Tabla 38).

De acuerdo con los resultados del análisis de los valores medios, coeficientes de regresión como estimadores de la depresión endogámica, considerando la consanguinidad de las vacas, así como los grupos de consanguinidad de las vacas, ha demostrado que existe un efecto negativo de la consanguinidad, lo cual hace que los intervalos de partos sean más prolongados.

5.7 Depresión endogámica sobre los días vacíos

Los días vacíos, considerando el tiempo voluntario de espera, es un parámetro que debe de considerarse para lograr una mejor eficiencia reproductiva en las vacas, así como acortar el intervalo entre partos y de esta manera lograr una mayor longevidad productiva de las vacas, y así una mayor producción de leche.

Evaluated los días vacíos a través de los partos, observamos (Tabla 39) que para el segundo parto los días vacíos en promedio fueron de 143.95 ± 1.88 días, incrementándose en el tercer y cuarto parto (146.50 ± 2.28 y 149.82 ± 3.37 días respectivamente) y para el quinto parto se disminuyó a 142.76 ± 4.77 días; la variación observada mediante el coeficiente de variación muestra que los días vacíos presentaron, en todos los partos, una alta variabilidad, ya que el rango fue desde 55 a 270 días.

Los promedios de días vacíos de acuerdo con el grupo de consanguinidad de las vacas (Tabla 40) mostró que las vacas no consanguíneas (Grupo1) presentaron el mayor valor promedio de días vacíos (147.55 ± 7.30 días) con respecto a los grupos consanguíneos. Los grupos consanguíneos (Grupos 2 al Grupo 6) los promedios fueron significativos, para el grupo de menor consanguinidad el promedio fue de 136.75 ± 10.31 días y para el grupo consanguinidad 5 el promedio fue mayor (146.99 ± 5.98 días), lo que indica que a medida que la consanguinidad se incrementa los días vacíos tendrá un mayor valor promedio, mostrando de la misma manera, una alta variabilidad dentro de cada grupo de consanguinidad, desde 26.73 a 42.84%.

La variación en los promedios de días vacíos, analizado a partir de los años y época de parto se observa que para los primeros años los días vacíos promedios fue solamente de 111.00 ± 12.29 días, y que al pasar los años el valor promedio también se fue incrementando, determinándose un mayor valor promedio en el año 2016 de 155.47 ± 4.75 días, y que par el

año 2022 el promedio de días vacíos se ve reducida a 127.78 ± 8.07 días, estas variaciones en los días promedios de días vacíos está demostrando que existe un efecto significativo causado por los efectos medio ambientales (Anexo H). Los valores promedios encontrados son similares a los reportados por Remmik et al. (2020).

Analizando la depresión endogámica causado por la consanguinidad mostrado por las vacas, mediante un modelo de regresión, éste fue estimado en un valor no significativo ($P > 0.81$), no evidenciando que existiese un efecto negativo de la consanguinidad, pero al evaluar la depresión endogámica dentro de cada partos (Tabla 44), se observa que para el segundo parto si se nota un efecto causado por la consanguinidad, determinándose que por cada 1% de incremento de la consanguinidad se incrementa en 0.43 días los días vacíos, siendo mayor el efecto en el quinto parto, ya que dicha variación fue de un incremento de 0.82 días por cada 1% de variación o incremento de la consanguinidad.

Teniendo en cuenta los grupos de consanguinidad, se estimó la depresión endogámica, utilizando un modelo de regresión (Tabla 45), el valor hallado no fue significativo ($P > 0.67$), mientras que analizado dentro de cada parto, si se evidenció un efecto negativo del grupo de consanguinidad, que para el segundo parto la depresión encontrada fue de +1.17 días más días vacíos, y para el quinto parto la depresión fue mayor (+7.56 días de días vacíos), valores presentados en la Tabla 46.

5.8 Depresión endogámica sobre la producción de leche

La producción de leche es el carácter de mayor importancia económica en los sistemas de producción de ganado vacuno lechero, los programas de selección consideran como la característica principal por la cual una vaca es retirada del rebaño, ya que la progenie que va a reemplazar a los animales de menor producción lechera debe de provenir del grupo selecto,

asimismo, la producción de leche está afectado por muchos factores no genéticos que debe de considerarse en la evaluación.

El número de parto es un factor de variación de la producción de leche, como se puede observar en la Tabla 47, la producción de leche se va incrementando a medida que la vaca tenga más partos, así en el primer parto la producción de leche tuvo un valor más bajo ($7,613.52 \pm 29.76$ kg), mientras que al tercer parto el valor de producción fue mayor ($8,801.51 \pm 55.84$ kg), esta variación asociada a la edad al parto, como se describió previamente al analizar el efecto de la edad al parto del animal.

En el análisis de la consanguinidad, considerando el grupo de consanguinidad de las vacas, el grupo no consanguíneo (Grupo 1) presentó el menor valor de producción de leche ($7,653.38 \pm 126.73$ kg de leche), mientras que los grupos consanguíneos los valores promedios de producción de leche fueron mayores (del Grupo 2 al Grupo 5 los promedios fueron similares: $8,115.71 \pm 183.76$ kg de leche), valores presentados en la Tabla 48, este comportamiento de los valores promedios no es explicado por el efecto de la consanguinidad por si misma.

En la población en estudio se ha determinado que no existe un efecto negativo de la consanguinidad sobre la producción de leche, que al ser analizado mediante un modelo de regresión, de la producción de leche sobre la consanguinidad de la vaca se encontró que la producción de leche no fue afectada por el nivel de consanguinidad ($p=0.0021$), resultado que se contradice con lo reportado por la literatura, que si existe un efecto negativo originado por la consanguinidad del animal (Tabla 49), y al ser analizado mediante los grupos de consanguinidad, la tendencia fue similar, no existe un efecto negativo de los grupos de consanguinidad de las vacas sobre la producción de leche ($p=0.0012$); que al análisis de la varianza en el modelo completo el factor considerado como Grupo de consanguinidad fue solamente significativo ($p=0.0225$), que no necesariamente significa que existió una depresión endogámica, lo que si nos está indicando es que los valores promedios comparados difieren

solamente del grupo no consanguíneo vs los grupos consanguíneos, mas no diferencias entre los grupos consanguíneos entre sí (Anexo I). Los autores Bjelland et al (2013), Leroy (2014), Dezetter et al. (2015), Doekes et al. (2020), Malteca et a;. (2020), García-Ruíz et al. (2021) y Gutiérrez-Reinoso et al. (2022) reportaron que existía una depresión endogámica en la producción de leche producida por el nivel de consanguinidad de las vacas, mientras que Gutiérrez-Reinoso et al. (2020) en ese trabajo de investigación determino que la depresión endogámica observada no era significativa.

VI. CONCLUSIONES

- 6.5 La población en estudio desde su fundación, los animales fundadores ya presentaron un nivel de consanguinidad, y a medida que fue incrementándose el número de animales nacidos en la población, los niveles de consanguinidad de las vacas también se han incrementado, las vacas de acuerdo al año de nacimiento, al inicio presentaron una consanguinidad de 0.6572% se incrementó al año de nacimiento del 2021, teniendo un valor promedio de 9.3925%, cuando se consideró las madres presentaron un valor de 0% al inicio (año de nacimiento de las vacas: 1986) y en el 2021 las madres promediaron un valor de consanguinidad de 7.66%, mientras que los padres utilizados al inicio ya fueron consanguíneos en un valor de 1.50% e incrementándose a 11.26% al año 2021.
- 6.6 La depresión endogámica, como efecto negativo de la consanguinidad, no se observó en los caracteres del número de servicios por preñez, días vacíos y producción de leche (305d,3X), los valores determinados por los modelos de regresión no fueron significativos.
- 6.7 Los caracteres de número de partos, longitud de gestación, edad al primer parto, edad al segundo y más partos, intervalo entre partos, se determinó que existe un efecto causado por la depresión endogámica, lo cual afecta sobre el rendimiento económico de la producción, teniendo vacas menos productivas y con menor número de partos en el rebaño.

VII. RECOMENDACIONES

- 7.5 Con la finalidad de reducir los niveles de consanguinidad de los animales, debe de realizarse un análisis de los registros de genealogía, tanto de las vacas como de los machos reproductores a utilizar en la reproducción, con la finalidad de poder implementar un sistema de apareamiento de mínima consanguinidad, lo cual se logrará con un sistema de apareamientos dirigidos, ya que en la población se ha observado un incremento de la consanguinidad muy significativa.
- 7.6 En la selección de los machos reproductores a utilizarse en el programa de mejora, adicionalmente a la evaluación de los valores genéticos de los caracteres productivos y reproductivos, se debe de incluir la revisión de la genealogía de por lo menos 3 generaciones, con un número ideal de 5 generaciones.
- 7.7 Para lograr un inicio en la producción a una edad adecuada de las vaquillas, es necesario revisar los sistemas de crianza en la edad de terneras, ya que eso influye, adicionalmente al nivel de consanguinidad de los animales, a tener una edad mayor el servicio o al parto.
- 7.8 Un manejo más adecuado de las condiciones ambientales, ya que este factor tiene un efecto muy significativo sobre los valores reproductivos y productivos en las vacas.
- 7.9 Plantear estudios en dicha población sobre la presencia de haplotipos que estén relacionados con la eficiencia reproductiva y sobrevivencia de los animales, tanto en la etapa de recría como en la edad reproductiva, así como la deficiencia de colesterol en animales de recría.

VIII. REFERENCIAS

- Andere, C.I., Rubio, N., Rodríguez, E., Aguilar, I., Casanova, D. (2017). Análisis de la consanguinidad de la población de bovinos Holando inscritos en el sistema de Control Lechero Oficial de la República Argentina. *Revista de Investigaciones Agropecuarias (RIA)*. 43(1):92-97
- Baes, C.F., Makanjuola, B.O., Miglior, F., Marras, G., Howard, J.T., Fleming, A., Maltecca, C. 2019. Symposium review: The genomic architecture of inbreeding: How homozygosity affects health and performance. *J. Dairy Sci.* 102(3):2807-2817. doi.org/10.3168/jds.2018-15520
- Bjelland, D.W., Weigel, K.A., Vukasinovic, N., Nkrumah, J.D. 2013. Evaluation of inbreeding depression in Holstein cattle using whole-genome SNP markers and alternative measures of genomic inbreeding. *J. Dairy Sci.* 96(7):4697-4706. [dx.doi.org/10.3168/jds.2012-6435](https://doi.org/10.3168/jds.2012-6435).
- Boucher, W. 1988. Calculation of the inbreeding coefficient. *J. Math. Biol.* 26:57-64. doi.org/10.1007/bf00280172.
- CDCB. Council on Dairy Cattle Breeding. 2023. Trend in inbreeding coefficients of Cows for Holstein or Red & White. MD. USA. <https://queries.uscdcb.com/eval/summary/inbrd.cfm>. Accedido en abril 20, 2023.
- Caballero, A. 2020. *Quantitative genetics*. Cambridge. Cambridge University Press.
- Calderón, V. P., Garay L., G. 2014. Niveles de consanguinidad en un rebaño lechero y su efecto en la producción y reproducción. *Anales Científicos*. 75(2):423-429. <http://dx.doi.org/10.21704/ac.v75i2.983>
- Dezetter, C., Leclerc, H., Mattalia, S., Barbat, A., Boichard, D., Ducrocq, V. 2015. Inbreeding and crossbreeding parameters for production and fertility traits in Holstein,

- Montbéliarde, and Normande cows. *J. Dairy Sci.* 98(7):4904-4913. [dx.doi.org/10.3168/jds.2014-8386](https://doi.org/10.3168/jds.2014-8386).
- Dijkinga, F.J., Sotomaior, V.S., Sotomaior, C.S. 2022. Endogamia e seus efeitos na raça Holandesa. *Research, Society and Development.* 11(8). [dx.doi.org/10.33448/rsd-v11i8.31288](https://doi.org/10.33448/rsd-v11i8.31288).
- Doekes, H.P., Bijma, P., Veerkamp, R.F., de Jong, G., Wientjes, Y.C.J., Winding, J.J. 2020. Inbreeding depression across the genome of Dutch Holstein Friesian dairy cattle. *Genet. Sel. Evol. (GSE).* 52:64. doi.org/10.1186/s12711-020-00583-1.
- Doekes, H.P., Bijma, P., Winding, J.J. 2022. Inbreeding depression in livestock: comparing trait groups and inbreeding measures. *Proceedings of 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP)*. doi.org/10.3920/978-90-8686-940-4_184.
- Falconer, D.S., MacKay, T.F.C. 1996. *Introduction to quantitative genetics*. 4th ed. Harlow: Pearson Longman.
- Ferenčaković, M., Sölkner, J., Kapš, M., Curik, I. 2017. Genome-wide mapping and estimation of inbreeding depression of semen quality traits in a cattle population. *J. Dairy Sci.* 100(6):4721-4730. doi.org/10.3168/jds.2016-12164
- Forutan, M., Mahyari, S.A., Baes, Ch., Melzer, N., Schenkel, S.F., Sargolzaei, M. 2018. Inbreeding and runs of homozygosity before and after genomic selection in North American Holstein cattle. *BMC Genomics.* 19(98). doi.org/10.1186/s12864-018-4453-z.
- François, O., Gain, C. 2021. A spectral theory for Wright's inbreeding coefficients and related quantities. *PLoS Genetics.* 17(7). doi.org/10.1371/journal.pgen.1009665.
- Gamboa, A. (2019). *Efectos de la consanguinidad en la producción y reproducción en vacunos lecheros del Establo Lechero Granados de la Cuenca Lechera de Lima*. [Tesis de

- pregrado, Universidad Católica Sedes Sapientiae]. Repositorio Institucional UCSS. <https://repositorio.ucss.edu.pe/bitstream/handle/20.500.14095/648>
- Garbe, J. R., Da, Y. 2008. Pedigraph: A software tool for the graphing and analysis of large complex pedigree. User Manual version 2.4. Department of Animal Science, University of Minnesota.
- García-Ruíz, A., Martínez-Marín, G.J., Cortez-Hernández, J., Ruíz-López, F.J. 2021. Inbreeding levels and their effects on phenotypic expression in Holstein cattle. *Rev. Mex. Ciencias Pecuarias*. 12(4):996-1007. doi.org/10.22319/rmcp.v12i4.5681
- Golden, B.L., Brinks, J.S., Bourdon, R.M. 1991. A performance programmed method for computing inbreeding coefficient from large datasets for use in mixed-model analyses. *J. Anim. Sci.* 69:3564-3573.
- Gutiérrez, J.P., Cañón, J., Rico, M. 1990. Aplicación de un método modificado de cálculo del coeficiente de consanguinidad en una muestra del ganado vacuno frisón español. *Arch. Zootec.* 39:3-8.
- Gutiérrez-Reinoso, M.A., Aponte, P.M., Cabezas, J., Rodríguez-Álvarez, Ll., García-Herreros, M. 2020. Genomic evaluation of primiparous High-Producing dairy cows: Inbreeding effects on genotypic and phenotypic production-reproduction traits. *Animal*. 10:1704. doi.org/10.3390/ani10091704.
- Gutiérrez-Reinoso, M.A., Aponte, P.M., García-Herreros, M. 2022. A review of inbreeding depression in dairy cattle: current status, emerging control strategies, and future prospects. *Journal of Dairy Research*. 89:3-12. doi.org/10.1017/S0022029922000188.
- Henderson, C.R. 1976. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in the prediction of breeding values. *Biometrics*. 32:69-83.

- Hofmannová, M., Příbyl, J., Krupa, E., Pešek, P. 2019. Estimation of inbreeding effect on conception in Czech Holstein. *Czech Journal of Animal Science*. 64(7):309-316. doi.org/10.17221/154/2018-CJAS.
- Holstein Foundation. 2021/2022. Holstein Association USA. Pedigree information. Family Tree Search. www.holsteinusa.com
- Howard, J.T., Pryce, J.E., Baes, Ch., Maltecca, C. 2017a. Invited review: Inbreeding in the genomics era: Inbreeding, inbreeding depression, and management of genomic variability. *J. Dairy Sci.* 100(8):6009-6024. doi.org/10.3168/jds.2017.12787
- Howard, J.T., Tiezzi, F., Huang, Y., Gray, K.A., Maltecca, C. 2017. A heuristic method to identify runs of homozygosity associated with reduced performance in livestock. *J. Anim. Sci.* 95(10):4318-4332. doi.org/10.2527/jas2017.1664
- Leroy, G. 2014. Inbreeding depression in livestock species: review and meta-analysis. *Animal Genetics*. 45:618-628. doi.org/10.1111/age.12178
- Machado, J.P.M., Carolino, N., Ferreira, O.G.L. 2020. Genetics structure and inbreeding based on the 112 years of shorthorn records in Brazil. *Livestock Science*. 242:104300, doi.org/10.106/j.livsci.2020.104300
- Maltecca, C., Tiezzi, F., Cole, J. B., Baes, C. 2020. Symposium review: Exploiting homozygosity in the era of genomics – Selection, Inbreeding, and mating programs. *J. Dairy Sci.* 103(6):5302-5313. doi.org/10.3168/jds.2019-17846.
- Martínez-Castillero, M., Verona, L., Pegolo, S., Rossoni, A., Cecchinato, A. 2021. Bayesian inference of the inbreeding load variance for fertility traits in Brown Swiss cattle. *J. Dairy Sci.* 104(9):10040-10048. doi.org/10.3168/jds.2020-20087.
- Mastrangelo, S., Tolone, M., Di Gerlando, R., Fontanesi, L., Sardina, M. T., Portolano, B. 2016. Genomic inbreeding estimation in small populations: evaluation of runs of

- homozygosity in three local dairy cattle breeds. *Animal*. 10(5):746-754.
doi.org/10.1017/S1751731115002943
- Meuwissen, T.H.E., Lou, Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetics Selection Evolution*. 24:305-313.
- Meuwissen, T.H.E., Hayes, B.J., Goddard, M.E. 2001. Prediction of total genetic value using Genome-Wide dense marker maps. *Genetics* 157:1819-1829.
- Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego (MIDAGRI). 2022, Anuario Estadístico. Producción Ganadera y Avícola 2021, Dirección General de Estadística, Seguimiento y Evaluación de Políticas. Año Nro. 6. Lima, Perú.
- Neil, M. 1973. Analysis of gen diversity in subdivided populations. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*. 70(12):3321-3323. doi.org/10.1073/pnas.70.12.3321
- Oré, C. J., Fuentes, N. E., Mellisho, S. E. 2009. Estimación del coeficiente de consanguinidad de toros Brown Swiss registrados en el Perú (2003). *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*. 20(2):208-212. doi.org/10.15381/rivep.v20i2.608
- Parland, S. Mc., Kearney, J.F., Rath, M., Berry, D.P. 2007. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *J. Anim. Sci.* 85:322-331.
doi.org/10.2527/jas.2006.367
- Piñeira Vargas, J.E., Gebauer Mery, F.J. 2022. Explorando un sistema de control de la consanguinidad vía toros de inseminación en sistemas de producción cerrados carentes de registros genealógicos. *CES Med. Zootec.* 17(3):37-45.
dx.doi.org/10.21615/cesmvz.6890
- Piñeira Vargas, J.E., Díaz Ortega, M.A., Cancino López, O.C., 2020. Relación genética entre toros de inseminación comercializados en Chile por distintas empresas proveedoras de semen: Un estudio de caso en las razas Holstein y Angus. *Rev. CES Med. Zootec.* 15(2):38-48. dx.doi.org/10.21615/cesmvz.15.2.3

- Pryce, J. E.; Haile-Mariam, M., Goddard, M.E., Hayes, B.J. 2014. Identification of genomic regions associated with inbreeding depression in Holstein and Jersey dairy cattle. *Genetics Selection Evolution*. 46:71. doi.org/10.1186/s12711-014-0071-7
- Quass, R.L. 1976. Computing the diagonal elements and inverse of a large numerator relationship matrix. *Biometrics*. 32:949-953.
- Remmik, A., Värnik, R., Kask, K. 2020. Impact of calving interval on milk yield and longevity of primiparous Estonian Holstein cows. *Czech Journal of Animal Science*. 65(10):365-372. doi.org/10.17221/130/2020-CJAS.
- Ruiz, J. B. (2016). *Efectos de la consanguinidad en la producción y reproducción del Establo Montegrando de la Cuenca Lechera de Lima*. [Tesis de posgrado, Universidad Nacional Agraria La Molina]. Repositorio Institucional UNALM. <https://repositorio.lamolina.edu.pe/bitstream/handle/20.500.12996/1712>.
- Silva, M.H.M.A., Malhado, C.H.M., Kern, E.L., Daltro, D.S., Cobuci J.A., Carneiro P.L.S. 2019. Inbreeding depression in Holstein cattle in Brazil. *R. Bras. Zootec.* 48:e20170212. doi.org/10.1590/rbz4820170212
- Statistical Analysis System. 2022. SAS® OnDemand for Academics. SAS Institute Inc. USA.
- Thomassen, J. R., Liu, H., Sørensen, A.C. 2020. Genotyping more cows increase genetic gain and reduces rate of true inbreeding in a dairy cattle breeding scheme using female reproductive technologies. *J. Dairy Sci.* 103(1):597-606. doi.org/10.3168/jds.2019-16974.
- Tier, B. 1990. Computing inbreeding coefficients quickly. *Genetics Selection Evolution*. 22:419-430.
- Villares, M. (2019). *Efecto de la consanguinidad en los parámetros reproductivos de vacas Holstein friesian, en la Provincia de Cotopaxi, Ecuador*. [Tesis de posgrado, Escuela

Superior Politécnica de Chimborazo, Ecuador]. Repositorio Institucional ESPOCH.

<https://dspace.esPOCH.edu.ec/bitstream/123456789/13418/1/20T01292.pdf>

Wray, N.R., Thompson, R. 1990. Prediction of rates of inbreeding in selected populations.

Genet. Res. Camb. 55:41-54. doi.org/10.1017/S0016672300025180.

Wright, S. 1922. Coefficients of Inbreeding and Relationship. The American Naturalist. Jul. –

Aug., 56(645):330-338.

Zanella, R., Lago, V.L., da Silva, N.A, Pértille, F., de Carvalho, S.N., Panetto, C.J.C., Zanella,

G.C., Facioli, F.L., da Silva, G.B.M.V. 2018. Genetic Characterization of Indubrasil cattle breed population. Vet. Sci. 5:98. doi.org/10.3390/vetsci5040098

IX. ANEXOS

Anexo A.

Estructura de la información para la determinación del coeficiente de consanguinidad de los animales de la población

No. (a)	Arete (b)	HB (c)	Name (d)	Sex (e)	Date of birth (f)	Sire AI code (g)	Sire (h)	Sire eartag (i)	Dam eartag (j)	Dam (k)	Dam's sire (l)	Establo (m)	Filtro (n)
61		37260	SEGIS	2	3/26/1986	029HO04535	SEGIS	1720087	11516004	ERIC	ERIC	Sequion	1
84	48	37261	INGE	2	5/6/1986	011HO01208	MILLIS-AN	1682056	11785941	IONE	JEWELMAKER	Sequion	1
73	106	37262	FORCAST 2 TW	2	5/9/1986	008HO01012	FORECASTER	1739498	10533815	MONICA	MARCH	Sequion	1
62	33	37264	JENNY	2	5/10/1986	014HO00690	RICO	1734865	10838972	JENNY	ASTRO	Sequion	1
85	49	37265	JOANN	2	5/15/1986	011HO01208	MILLIS-AN	1682056	11785943	JOY	APOLLO	Sequion	1
29	36	37266	YVONNE	2	5/16/1986	007HO02717	STARWARS	1747064	11899695	YVETTE-TWIN	BOOTMAKER	Sequion	1
119	67	37267	EDEN	2	5/17/1986		HERO	1953922	11772108	EDITH		Sequion	1
16	18	37269	LUCKY	2	5/20/1985		VANDERBILT-ET	1965556	11473351	AGE	STONEY	Sequion	1
171	65	37270	DOLLY	2	6/3/1986	008HO01158	SKYLER	1781631	10362121	GINNY		Sequion	1
128	42	37271	MANDY	2	6/20/1986	008HO00922	TROY	1721333	11641998	AMADA		Sequion	1
170	71	37272	NELLIE	2	6/20/1986	008HO01731	SILVANUS-ET	1945077	11043370	NEIL		Sequion	1
65	54	37273	RICA	2	6/27/1986	014HO00690	RICO	1734865	10679378	HOLLY	PETE	Sequion	1
202	41	37274	BETTY	2	7/4/1986	008HO00886	STARGAZER	1710104	9962865	BETTY	MODEL - TWIN	Sequion	1
75	62	37276	HARLATA	2	7/7/1986	002HO00453	LEO-ET	1935908	11222270	HARLA	CHECKMATE	Sequion	1
76	79	37277	JAM TW	2	7/11/1986	008HO01198	QUESTOR	1780684	10125587	SUE	HALLMARK	Sequion	1
168	53	37279	DANCER	2	7/17/1986	008HO01082	WARSAW	1762363	11462288	DEBI		Sequion	1
2		37280	UNICE	2	7/17/1986	008HO01012	FORECASTER	1739498	10689382	ULENE		Sequion	1
167	76	37281	FRIENDLY	2	7/19/1986	008HO01758	MOHICAN	1959246	10855717	CHRIS		Sequion	1
126	40	37282	ABBY	2	7/21/1986	008HO01158	SKYLER	1781631	11206980	ANNABELL		Sequion	1
35	56	37283	ARROW	2	7/21/1986	008HO01758	MOHICAN	1959246	11421204	HALO	SHAMROCK	Sequion	1
47	70	37284	SALLY	2	7/22/1986	009HO00576	SAXON	1721263	10374610	SUZY	BICKEN	Sequion	1
166	57	37285	BONNIE	2	8/1/1986	008HO00318	REBEL	1755806	12127494	LASS		Sequion	1
137	52	37286	SHEBA	2	8/1/1986	007HO00401	MARS	1626813	10652585	SANDY		Sequion	1
165	94	37287	HORNS	2	8/1/1986	008HO01258	STARWAR	1811374	11276507	PATSY		Sequion	1
77	88	37288	BAHOOT	2	8/6/1986	007HO01518	BASIL	1802342	10770082	BAHOO	BATES	Sequion	1

No. (a)	Arete (b)	HB (c)	Name (d)	Sex (e)	Date of birth (f)	Sire AI code (g)	Sire (h)	Sire eartag (i)	Dam eartag (j)	Dam (k)	Dam's sire (l)	Estab/o (m)	Filtro (n)
200HO02828		11004723	SYMPATICO-ET	1	6/27/2011		SNOWMAN-ET	388965513	106109413	SILK-ET			
250HO01002		11104016	EPIC-ET	1	5/26/2010	001HO08778	SUPERSTITION-ET	62065919	139232811	EMILY-ET			
151HO00618		11087870	BEACONATOR-ET	1	4/7/2011	029HO13366	BEACON-ET	136800233	9862923	SNOOZE			2
250HO01127		11596146	EVENT-ET	1	10/31/2012	007HO11314	MOGUL-ET	3006972816	11084001	ELDA-ET			
151HO03121		12076784	APPLEBOY-RED	1	7/10/2014	200HO03927	BREKEM-ET	107559777	107645114	DOMI-ET			
551HO03432		12111876	REVIVAL-RED-ET	1	9/21/2015	200HO07823	ATWORK-ET	662221	108502616	SCARLET RED			
007HO05615		17010646	EMORY KEN-ET	1	12/28/1995	007HO03948	EMORY-ET	2114601	14899290	KAY K-ET			2
014HO02909		17013014	PYREX-ET	1	4/6/1996	029HO06658	JUROR-ET	2124357	14503707	PIZZA			2
		17015973	ADEN-RED	1	3/9/1996		ACE	2258829	15108783	ASHLEY			2

Anexo B.

Estructura de la base de datos para el análisis de la información productiva y reproductiva.

No.	Arete	Eartag	Name	Date of birth	Sire AI code	Name of Sire	Sire eartag	Dam Arete	Dam eartag	Dam	Nro. Parto	Nro. Servicios	Fecha de Serv.	Fecha de Parto
(a)	(b)	(c)	(d)	(e)	(f)	(g)	(h)	(i)	(j)	(k)	(l)	(m)	(n)	(o)
4429	4429	100325	CANDY	4/16/2008		COLORAO	14611		99742	MAXIME	1	1	6/9/2009	3/5/2010
4430	4430	4430	4430	4/16/2008	007HO07313	NATHAN-ET	60493022		99897	SURITA				
4431	4431	100326	AUREA	4/21/2008	007HO07313	NATHAN-ET	60493022		99848	CRISP	1	2	7/30/2009	4/30/2010
	4431	100326	AUREA								2	6	6/12/2011	3/14/2012
	4431	100326	AUREA								3	4	10/27/2012	8/4/2013
	4431	100326	AUREA								4	11	7/31/2014	4/29/2015
4432	4432	100327	LOLA	4/22/2008	014HO03161	GALLEON	18053686		100015	ANGHELA	1	8	1/21/2010	10/30/2010
	4432	100327	LOLA								2	14	5/2/2012	1/25/2013
4434	4434	100329	SUSANA	4/26/2008	014HO03161	GALLEON	18053686		99801	NINIVE	1	5	11/12/2009	8/17/2010
	4434	100329	SUSANA								2	1	11/2/2010	8/8/2011
	4434	100329	SUSANA								3	10	9/12/2012	2/12/2013
4435	4435	100330	IRIS	4/30/2008	014HO03161	GALLEON	18053686		99799	BABY	1	2	7/27/2009	4/23/2010
9168	9168	9168	9168	8/3/2014	203HO00376	ERNESTO	133759547	9123	9123		1	4	12/25/2015	9/29/2016
	9168	9168	9168								2	8	10/26/2017	7/26/2018
9169	9169	9169	9169	9/3/2014	203HO00376	ERNESTO	133759547	9112	9112		1	1	10/17/2015	7/23/2016
9170	9170	9170	9170	9/7/2014	203HO01328	ECLIPSE	57113830	9050	9050		1	7	6/13/2016	3/14/2017
9171	9171	9171	9171	9/30/2014	203HO01105	CODY	131886632	9056	9056		1	7	12/5/2015	8/2/2016
	9171	9171	9171								2	1	10/8/2016	7/6/2017
	9171	9171	9171								3	6	12/30/2017	10/15/2018
9175	9175	9175	9175	2/4/2015	203HO01344	BENHART	66625749	9084	9084		1	1	6/17/2016	3/14/2017
	9175	9175	9175								2	16	7/5/2018	3/31/2019
9176	9176	9176	9176	2/26/2015	203HO01344	BENHART	66625749	9130	9130		1	2	7/13/2016	4/18/2017
9177	9177	9177	9177	3/9/2015	151HO00618	BEACONATOR	11087870	9134	9134					
9179	9179	9179	9179	4/4/2015	151HO00618	BEACONATOR	11087870	9132	9132		1	2	9/4/2016	6/12/2017
	9179	9179	9179								2	5	1/4/2018	10/20/2018

Anexo B.
Continuación ...

Gestación (p)	Sexo cría (q)	Evento (r)	Edad al Parto (s)	Intervalo Partos (t)	Año de Parto (u)	Mes de Parto (v)	Días vacíos (w)	Fx CDCB (x)	Fx Madre (y)	Fx Padre (z)	Leche305d3X (aa)	Leche Real (bb)	DIM (cc)	Fx Grupo (dd)
269	H		23		2010	3		0.0666	0.0509	0.0524	5163	12144	751	4
								0.0756	0.0474	0.0593				4
274	H		24		2010	4		0.0612	0.0718	0.0593	6292	13069	634	3
276	H		47	23	2012	3	408	0.0612			9693	11644	420	3
281	H		63	16	2013	8	227	0.0612			9863	12949	461	3
272	M		84	21	2015	4	361	0.0612				129	13	3
282	M		30		2010	10		0.0741	0.0639	0.1124	7676	11931	577	4
268	H		57	27	2013	1	550	0.0741			4424	4424	239	4
278	H		28		2010	8		0.0658	0.0478	0.1124	9152	9180	306	4
279	H		39	11	2011	8	77	0.0658			8685	10521	457	4
153			58	19	2013	2	401	0.0658				2796	221	4
270	H		24		2010	4		0.0743	0.0590	0.1124				4
279	H		26		2016	9		0.0394	0.0508	0.0690	6825	9719	471	3
273	H		48	22	2018	7	392	0.0394			7598	8227	352	3
280	M		23		2016	7		0.0440	0.0292	0.0690	5876	6551	324	3
274	H		30		2017	3		0.0272	0.0000	0.0680	6358	11649	615	2
241			22		2016	8		0.0497	0.0000	0.0661	4563	5212	320	3
271	H		33	11	2017	7	67	0.0497			7771	8495	351	3
289	H		49	16	2018	10	177	0.0497			8106	9085	351	3
270	H		25		2017	3		0.0366	0.0000	0.0735	7908	17829	614	3
269	H		50	25	2019	3	478	0.0366			8855	11845	508	3
279	M		26		2017	4		0.0591	0.0601	0.0735	7811	12438	615	3
								0.0748	0.0575	0.0720				4
281	H		26		2017	6		0.0559	0.0755	0.0720	7661	12150	417	3
289	M		43	17	2018	10	206	0.0559			7956	8666	336	3
								0.0325	0.0000	0.0720				3
274	H		23		2017	4		0.0507	0.0221	0.0654	7455	9966	442	3

Anexo C

Análisis de varianza para determinar significancia del efecto de la consanguinidad sobre el número de servicios.

Variable Dependiente: Número de servicios

Fuente	gl	Suma de Cuadrados	Cuadrado Medio	F	Pr > F
Modelo	36	14,863.12164	412.86449	70.84	<.0001
Error	5,324	31,027.90354	5.82793		
Total corregido	5,360	45,891.02518			

R ²	CV	Raíz MSE	Promedio
0.323879	65.44320	2.414111	3.688864

Fuente	gl	SC Tipo I	CM	F	Pr > F
Número de parto	4	2,853.45234	713.36309	122.40	<.0001
Edad al parto	1	10,576.69803	10,576.69803	1,814.83	<.0001
Año*Época parto	26	1,414.93094	54.42042	9.34	<.0001
Grupo consanguinidad	5	18.04034	3.60807	0.62	0.6853

Fuente	gl	SC Tipo III	CM	F	Pr > F
Número de parto	4	8,812.84978	2,203.21245	378.04	<.0001
Edad al parto	1	10,450.61429	10,450.61429	1,793.19	<.0001
Año*Época parto	26	1,389.15791	53.42915	9.17	<.0001
Grupo consanguinidad	5	18.04034	3.60807	0.62	0.6853

Tukey's Studentized Range (HSD) Test for Número de servicio

Note: This test controls the Type I experimentwise error rate.

Nivel de error	0.05
Grados de Libertad del error	4892
Cuadrado medio del error	5.334715
Rango del valor critico Student	3.85910

Comparación significativa al nivel de 0.05 es
indicado por ***.

Número de parto Comparado	Diferencia entre medias	Límite de confianza al 95%	
2 - 3	0.23237	-0.04680	0.51155
2 - 5	0.30080	-0.25503	0.85662
2 - 4	0.30753	-0.05543	0.67050
2 - 1	1.65592	1.44248	1.86936 ***
3 - 2	-0.23237	-0.51155	0.04680
3 - 5	0.06842	-0.50817	0.64502
3 - 4	0.07516	-0.31888	0.46920
3 - 1	1.42354	1.16071	1.68638 ***
5 - 2	-0.30080	-0.85662	0.25503
5 - 3	-0.06842	-0.64502	0.50817
5 - 4	0.00674	-0.61477	0.62824
5 - 1	1.35512	0.80733	1.90292 ***
4 - 2	-0.30753	-0.67050	0.05543
4 - 3	-0.07516	-0.46920	0.31888
4 - 5	-0.00674	-0.62824	0.61477
4 - 1	1.34838	0.99783	1.69893 ***
1 - 2	-1.65592	-1.86936	-1.44248 ***
1 - 3	-1.42354	-1.68638	-1.16071 ***
1 - 5	-1.35512	-1.90292	-0.80733 ***
1 - 4	-1.34838	-1.69893	-0.99783 ***

Grupo Fx	Número de Servicio LSMEAN	Error estándar	Pr > t	LSMEAN Número
1	-0.54845732	0.21708525	0.0116	1
2	-0.70132459	0.33027101	0.0338	2
3	-0.57222934	0.13401623	<.0001	3
4	-0.62721711	0.13238132	<.0001	4
5	-0.38705775	0.19661475	0.0490	5
6	-0.28734523	0.50219174	0.5672	6

Promedio mínimo cuadrado para Efecto: Grupo de consanguinidad
t para H0: LSMean(i)=LSMean(j) / Pr > |t|
Variable dependiente: Número de servicios

i/j	1	2	3	4	5	6
1		0.429913	0.126001	0.416832	-0.66775	-0.50359
		0.6673	0.8997	0.6768	0.5043	0.6146
2	-0.42991		-0.4161	-0.23948	-0.91321	-0.72202
	0.6673		0.6774	0.8107	0.3612	0.4703
3	-0.126	0.416096		0.735901	-1.09834	-0.58264
	0.8997	0.6774		0.4618	0.2721	0.5602
4	-0.41683	0.23948	-0.7359		-1.49197	-0.69721
	0.6768	0.8107	0.4618		0.1358	0.4857
5	0.66775	0.913209	1.098342	1.491966		-0.19611
	0.5043	0.3612	0.2721	0.1358		0.8445
6	0.503587	0.722017	0.582642	0.697213	0.19611	
	0.6146	0.4703	0.5602	0.4857	0.8445	

ANEXO D

Análisis de varianza para determinar la significancia del efecto de la consanguinidad sobre el número de parto.

Análisis de Varianza

Fuente	gl	Suma de Cuadrados	Cuadrado Medio	F	Pr > F
Modelo	1	20.24888	20.24888	15.18	0.0001
Error	2,392	3,191.38229	1.33419		
Total corregido	2,393	3,211.63116			

Raíz CME	1.15507	R²	0.0063
Promedio	2.15748	Adj R²	0.0059
CV	53.53806		

Parámetro Estimado

Parámetro	gl	Parámetro Estimado	Error estándar	t	Pr > t
Intercepto	1	2.56930	0.10831	23.72	<.0001
Coefficiente de regresión	1	-0.11441	0.02937	-3.90	0.0001

Anexo E

Análisis de varianza para determinar la significancia el efecto de la consanguinidad sobre la longitud de gestación.

Variable dependiente: Longitud de gestación

Fuente	gl	Suma de Cuadrados	Cuadrado Medio	F	Pr > F
Modelo	37	4,890.62129	132.17895	7.55	<.0001
Error	4,160	72,811.09000	17.50267		
Total corregido	4,197	77,701.71129			

R ²	CV	Raíz CME	Promedio
0.062941	1.511384	4.183619	276.8071

Fuente	gl	SC Tipo I	CM	F	Pr > F
Número de parto	4	454.297107	113.574277	6.49	<.0001
Año*Época parto	26	3,174.842455	122.109325	6.98	<.0001
Sexo de la cría	1	638.426511	638.426511	36.48	<.0001
Edad al parto	1	533.122457	533.122457	30.46	<.0001
Grupo consanguinidad	5	89.932758	17.986552	1.03	0.3994

Fuente	gl	SC Tipo III	CM	F	Pr > F
Número de parto	4	288.255309	72.063827	4.12	0.0025
Año*Época parto	26	3,074.635892	118.255227	6.76	<.0001
Sexo de la cría	1	546.992107	546.992107	31.25	<.0001
Edad al parto	1	510.746449	510.746449	29.18	<.0001
Grupo consanguinidad	5	89.932758	17.986552	1.03	0.3994

Grupo de Consang.	Longitud de Gestación, LSMEAN	Standard Error	Pr > t	Número LSMEAN
1	275.025070	0.506843	<.0001	1
2	275.868985	0.804185	<.0001	2
3	275.007459	0.317942	<.0001	3
4	275.223033	0.312791	<.0001	4
5	274.601460	0.459174	<.0001	5
6	273.749257	1.239838	<.0001	6

**Promedio Mínimos Cuadrados para Efecto Grupo de consanguinidad
t para H0: LSMean(i)=LSMean(j) / Pr > |t|
Variable dependiente: Longitud de gestación**

i/j	1	2	3	4	5	6
1		-0.98567	0.040151	-0.45064	0.755192	1.001797
		0.3243	0.9680	0.6523	0.4502	0.3165
2	0.985666		1.139286	0.85591	1.525098	1.498835
	0.3243		0.2546	0.3921	0.1273	0.1340
3	-0.04015	-1.13929		-1.21219	1.034659	1.03983
	0.9680	0.2546		0.2255	0.3009	0.2985
4	0.450644	-0.85591	1.212187		1.663698	1.221839
	0.6523	0.3921	0.2255		0.0962	0.2218
5	-0.75519	-1.5251	-1.03466	-1.6637		0.681556
	0.4502	0.1273	0.3009	0.0962		0.4956
6	-1.0018	-1.49884	-1.03983	-1.22184	-0.68156	
	0.3165	0.1340	0.2985	0.2218	0.4956	

The REG Procedure
Variable dependiente: Longitud de gestación
Número de observaciones leídas 4,655
Número de observaciones utilizadas 4,655

Análisis de varianza

Fuente	gl	Suma de Cuadrados	Cuadrado Medio	F Value	Pr > F
Modelo	1	521.81483	521.81483	17.12	<.0001
Error	4653	141831	30.48155		
Total corregido	4654	142352			

Raíz CM Error	5.52101	R²	0.0037
Promedio LG	276.12481	R² Ajustado	0.0035
CV (%)	1.99946		

Parámetro	gl	Parámetro Estimado	Error estándar	t Value	Pr > t
Intercepto	1	277.13700	0.25767	1075.54	<.0001
Consanguinidad de la vaca	1	-15.58479	3.76670	-4.14	<.0001

The REG Procedure
Variable dependiente: Longitud de gestación
Número de observaciones leídas 4,655
Número de observaciones utilizadas 4,655

Análisis de varianza

Fuente	gl	Suma de Cuadrados	Cuadrado Medio	F Value	Pr > F
Modelo	1	577.36291	577.36291	18.95	<.0001
Error	4653	141775	30.46962		
Total corregido	4654	142352			

Raíz CM Error	5.51993	R²	0.0041
Promedio	276.12481	R² ajustado	0.0038
CV (%)	1.99907		

Variable	gl	Parámetro Estimado	Error estándar	t Value	Pr > t
Intercepto	1	277.73312	0.37822	734.31	<.0001
Grupo de consanguinidad	1	-0.45027	0.10344	-4.35	<.0001

Anexo F

Análisis de varianza para determinar la significancia el efecto de la consanguinidad sobre la edad al parto

Variable dependiente: Edad al parto

Fuente	gl	Suma de Cuadrados	Cuadrado Medio	F	Pr > F
Modelo	9	1,504,736.898	167,192.989	6,143.28	<.0001
Error	5,349	145,576.273	27.216		
Total corregido	5,358	1,650,313.171			

R²	CV	Raíz CME	Promedio
0.911789	13.04817	5.216858	39.98153

Fuente	gl	SC Tipo I	CM	F	Pr > F
Número de parto	4	1,504,399.635	376,099.909	1,3819.3	<.0001
Grupo consanguinidad	5	337.263	67.453	2.48	0.0299

Fuente	gl	SC Tipo III	CM	F	Pr > F
Número de parto	4	1,492,718.938	373,179.735	1,3712.0	<.0001
Grupo consanguinidad	5	337.263	67.453	2.48	0.0299

Grupo de Consang.	Edad al parto LSMEAN	Número LSMEAN
1	56.3387773	1
2	56.2182046	2
3	56.5046826	3
4	56.5157235	4
5	55.3496511	5
6	56.3454429	6

Promedio Mínimos Cuadrados para Efecto Grupo de consanguinidad
t para H0: LSMean(i)=LSMean(j) / Pr > |t|
Variable dependiente: Edad al parto

i/j	1	2	3	4	5	6
1		0.158513 0.8741	-0.4141 0.6788	-0.44835 0.6539	1.972457 0.0486	-0.006 0.9952
2	-0.15851 0.8741		-0.42871 0.6682	-0.44769 0.6544	1.185114 0.2360	-0.10318 0.9178
3	0.414103 0.6788	0.428712 0.6682		-0.07196 0.9426	3.34203 0.0008	0.151587 0.8795
4	0.448353 0.6539	0.447693 0.6544	0.071959 0.9426		3.445777 0.0006	0.162464 0.8709
5	-1.97246 0.0486	-1.18511 0.2360	-3.34203 0.0008	-3.44578 0.0006		-0.9115 0.3621
6	0.005997 0.9952	0.103177 0.9178	-0.15159 0.8795	-0.16246 0.8709	0.911499 0.3621	

Anexo G

Análisis de varianza para determinar la significancia del efecto de la consanguinidad sobre el intervalo entre parto

Variable dependiente: Intervalo entre partos

Fuente	gl	Suma de Cuadrados	Cuadrado Medio	F	Pr > F
Modelo	10	17,218.84303	1,721.88430	147.82	<.0001
Error	2,979	34,702.03857	11.64889		
Total corregido	2,989	51,920.88161			

R ²	CV	Raíz CME	Promedio
0.331636	21.48514	3.413047	15.88562

Fuente	gl	SC Tipo I	CM	F	Pr > F
Número de parto	4	386.54498	96.63625	8.30	<.0001
Edad al parto	1	16,767.92554	16,767.92554	1,439.44	<.0001
Grupo consanguinidad	5	64.37251	12.87450	1.11	0.3554

Fuente	gl	SC Tipo III	CM	F	Pr > F
Número de parto	4	15,061.15015	3,765.28754	323.23	<.0001
Edad al parto	1	16,723.75018	16,723.75018	1,435.65	<.0001
Grupo consanguinidad	5	64.37251	12.87450	1.11	0.3554

Grupo de Consang.	Intervalo entre Parto LSM	Error estándar	Pr > t	Número LSM
1	12.7331986	0.3685750	<.0001	1
2	12.6534251	0.6140608	<.0001	2
3	13.3124000	0.1738413	<.0001	3
4	13.1101322	0.1681946	<.0001	4
5	13.4131078	0.3633800	<.0001	5
6	13.5877854	1.0420187	<.0001	6

**Promedio Mnimo Cuadrado para efecto Grupo de consanguinidad
t para H0: LSMean(i)=LSMean(j) / Pr > |t|
Variable dependiente: Intervalo entre parto**

i/j	1	2	3	4	5	6
1		0.116512	-1.63278	-1.07596	-1.42788	-0.7882
		0.9073	0.1026	0.2820	0.1534	0.4306
2	-0.11651		-1.09217	-0.76039	-1.11474	-0.78619
	0.9073		0.2748	0.4471	0.2651	0.4318
3	1.63278	1.092166		1.524498	-0.28852	-0.26615
	0.1026	0.2748		0.1275	0.7730	0.7901
4	1.075964	0.760387	-1.5245		-0.87968	-0.46238
	0.2820	0.4471	0.1275		0.3791	0.6438
5	1.427878	1.114737	0.288521	0.879679		-0.16139
	0.1534	0.2651	0.7730	0.3791		0.8718
6	0.788195	0.786191	0.266154	0.462376	0.161386	
	0.4306	0.4318	0.7901	0.6438	0.8718	

Anexo H

Análisis de varianza para determinar la significancia del efecto de la consanguinidad sobre los días vacíos

Variable dependiente: Días vacíos

Fuente	gl	Suma de Cuadrados	Cuadrado Medio	F	Pr > F
Modelo	32	1,092,802.219	34,150.069	11.82	<.0001
Error	2,010	5,805,199.186	2,888.159		
Total corregido	2,042	6,898,001.405			

R ²	CV	Raíz CME	Promedio
0.158423	36.94879	53.74159	145.4488

Fuente	gl	SC Tipo I	CM	F	Pr > F
Año*Época parto	23	284,159.4013	12,354.7566	4.28	<.0001
Edad al parto	1	136,702.5797	136,702.5797	47.33	<.0001
Número de parto	3	660,127.3353	220,042.4451	76.19	<.0001
Grupo consanguinidad	5	11,812.9026	2,362.5805	0.82	0.5367

Fuente	gl	SC Tipo III	CM	F	Pr > F
Año*Época parto	23	213,719.4839	9,292.1515	3.22	<.0001
Edad al parto	1	795,159.1169	795,159.1169	275.32	<.0001
Número de parto	3	666,087.8170	222,029.2723	76.88	<.0001
Grupo consanguinidad	5	11,812.9026	2,362.5805	0.82	0.5367

Grupo Fx	Días vacíos LSMEAN	Error estándar	Pr > t	LSMEAN Numero
1	109.182036	6.929637	<.0001	1
2	91.178367	11.469834	<.0001	2
3	104.982978	3.382703	<.0001	3
4	103.715394	3.300268	<.0001	4
5	111.467702	6.688955	<.0001	5
6	86.843777	24.423887	0.0004	6

Promedio Mínimos Cuadrados para efecto Grupo de consanguinidad
t para H0: LSMean(i)=LSMean(j) / Pr > |t|
Variable dependiente: Días vacíos

i/j	1	2	3	4	5	6
1		1.402511 0.1609	0.629877 0.5288	0.813894 0.4158	-0.25469 0.7990	0.892167 0.3724
2	-1.40251 0.1609		-1.22685 0.2200	-1.11624 0.2645	-1.59795 0.1102	0.163004 0.8705
3	-0.62988 0.5288	1.226854 0.2200		0.475389 0.6346	-0.99467 0.3200	0.747837 0.4546
4	-0.81389 0.4158	1.116237 0.2645	-0.47539 0.6346		-1.22607 0.2203	0.696836 0.4860
5	0.254693 0.7990	1.597948 0.1102	0.994671 0.3200	1.226071 0.2203		0.988248 0.3232
6	-0.89217 0.3724	-0.163 0.8705	-0.74784 0.4546	-0.69684 0.4860	-0.98825 0.3232	

Anexo I

Análisis de varianza para determinar la significancia del efecto de la consanguinidad sobre la producción de leche (305d,3X)

Variable dependiente: Producción de leche (305d,3X)

Fuente	gl	Suma de Cuadrados	Cuadrado Medio	F	Pr > F
Modelo	34	1,846,223,110	54,300,680	34.03	<.0001
Error	4,055	6,470,298,114	1,595,635		
Total corregido	4,089	8,316,521,223			

R ²	CV	Raíz CME	Promedio
0.221995	15.55	1,263.184	8,125.60

Fuente	gl	SC Tipo I	CM	F	Pr > F
Año*época de parto	24	970,771,201.2	40,448,800.0	25.35	<.0001
Edad al parto	1	587,972,474.5	587,972,474.5	368.49	<.0001
Número de parto	4	262,578,351.2	65,644,587.8	41.14	<.0001
Grupo consanguinidad	5	24,901,082.7	4,980,216.5	3.12	0.0081

Fuente	gl	SC Tipo III	CM	F	Pr > F
Año*Época de parto	24	740,708,621.7	30,862,859.2	19.34	<.0001
Edad al parto	1	50,400,088.0	50,400,088.0	31.59	<.0001
Número de parto	4	265,172,001.1	66,293,000.3	41.55	<.0001
Grupo consanguinidad	5	24,901,082.7	4,980,216.5	3.12	0.0081

Grupo de consang.	Producción de leche LSMEAN	Error estándar	Pr > t	Número LSMEAN
1	7,435.72384	133.04189	<.0001	1
2	7,901.67066	198.06069	<.0001	2
3	7,866.06684	84.03004	<.0001	3
4	7,828.02114	83.59720	<.0001	4
5	7,819.82229	127.68610	<.0001	5
6	8,156.84060	348.79957	<.0001	6

Promedio Mínimos Cuadrados para Efecto Grupo de consanguinidad
t para H0: LSMean(i)=LSMean(j) / Pr > |t|
Variable dependiente: Producción de leche (305d,3X)

i/j	1	2	3	4	5	6
1		-2.19571 0.0282	-3.80669 0.0001	-3.44961 0.0006	-2.53482 0.0113	-2.02675 0.0428
2	2.195713 0.0282		0.193055 0.8469	0.400316 0.6889	0.391659 0.6953	-0.66434 0.5065
3	3.806692 0.0001	-0.19306 0.8469		0.857392 0.3913	0.424538 0.6712	-0.85487 0.3927
4	3.449614 0.0006	-0.40032 0.6889	-0.85739 0.3913		0.077728 0.9380	-0.96807 0.3331
5	2.534816 0.0113	-0.39166 0.6953	-0.42454 0.6712	-0.07773 0.9380		-0.95273 0.3408
6	2.026747 0.0428	0.664339 0.5065	0.854865 0.3927	0.968067 0.3331	0.952735	