




ANÁLISIS DE LA CONSANGUINIDAD SOBRE PARÁMETROS REPRODUCTIVOS EN UN REBAÑO LECHERO EN COSTA CENTRAL

Analysis of inbreeding on parameters reproductive in a dairy herd at central cost

Jorge P. Calderón Velásquez^{1*} ; Gladys L. Garay Livia¹

¹ Facultad de Zootecnia, Universidad Nacional Agraria La Molina, 15024, Lima, Perú.

* E-mail: jcalderonv@lamolina.edu.pe

Recibido: 20/06/2020; Aceptado: 15/12/2022; Publicado: 30/12/20

ABSTRACT

With the objective was analyzing consanguinity on reproductive parameters in a dairy herd Was analyzed records from 4 044 cows Holstein's breed, totalized 9 355 reproduction records, of a herd of dairy cattle on central coast, to evaluate the main effect of the inbreeding on traits reproduction as: age of pregnancy in heifers and age of first calving, calving interval and length of gestation. The 93,17% of the cows were inbred and the range were from 0,1283% to 31,4722% of inbred, the average inbreeding coefficient of all cows was 5,18%. Effect of inbreeding were estimated by a model that included fixed effects: year-seasons, sire groups, number of calving, age at calving, inbreeding. The inbreeding was included in the model as a classification (six class: 0; 3,125; 6,25; 9,375; 12,50 and >12,50%). The average of the age at pregnancy in heifers was 16,40 months and the age at first calving was 25,43 months, were not affected by the levels of inbreeding, show similar averages between the inbred and non-inbred groups, The direct effect of inbreed was estimated, the regression was $-0,13128 \pm 0,0241$ months age at conception in heifers and $-0,15263 \pm 0,02381$ months for age at calving respectively ($P < 0,01$). The effect on calving interval and length of gestation was not significant the inbred, but the regression coefficients of the calving interval and length gestation were: $0,10934 \pm 0,02746$ months and $-0,09986 \pm 0,02594$ days respectively ($P < 0,01$).

Keywords: inbreeding; dairy cattle; reproduction; length of gestation

RESUMEN

Con el objetivo de analizar la consanguinidad sobre parámetros reproductivos en un rebaño lechero se analizó la información reproductiva de 4044 vacas de la raza Holstein, con un total de 9355 registros de reproducción, de un rebaño lechero de la costa central, con la finalidad de determinar el efecto de la consanguinidad sobre las características reproductivas de la edad a la preñez, edad al primer parto, intervalo entre partos y longitud de gestación. Determinándose que el 93,17% de las vacas fueron consanguíneas, variando entre 0,1283% a 31,4722% el valor de la consanguinidad, con un valor medio de 5,18%. El efecto de la consanguinidad fue estimado mediante un modelo que incluyó efectos fijos: año*estación, grupo paterno, edad al parto, número de parto, sexo de la cría, consanguinidad. La consanguinidad fue incluida en el modelo como clasificación (6 clases: 0; 3,125; 6,25; 9,375; 12,5 y >12,50%). La edad a la preñez promedio en vaquillas fue de 16,40 meses, la edad al primer parto promedio fue de 25,43 meses, en ambos casos no fueron afectados por los niveles de consanguinidad, presentando promedios similares entre los grupos consanguíneos y no consanguíneos, se estimó el efecto directo de la consanguinidad

mediante la regresión, obteniéndose un coeficiente de $-0,13128 \pm 0,0241$ meses de la edad a la preñez y de $-0,15263 \pm 0,02381$ meses al primer parto respectivamente ($P < 0,01$). Analizando el intervalo entre partos y la longitud de gestación, no se observó un efecto significativo de la consanguinidad, pero los efectos directos asociados a la consanguinidad del intervalo entre partos y longitud de gestación fueron de $0,10934 \pm 0,02746$ meses y $-0,09986 \pm 0,02594$ días respectivamente ($P < 0,01$).

Palabras clave: consanguinidad; Ganado lechero; reproducción; longitud de gestación

Forma de citar el artículo (Formato APA):

Calderón, J. & Gladys, G. (2020). Análisis de la consanguinidad sobre parámetros reproductivos en un rebaño lechero en costa central. *Anales Científicos*. 81(2), 405-414. <http://dx.doi.org/10.21704/ac.v81i2.1699>

Autor de correspondencia Jorge Calderón. Email: jcalderonv@lamolina.edu.pe

© Los autores. Publicado por la Universidad Nacional Agraria La Molina.

This is an open access article under the CC BY

1. INTRODUCCIÓN

La eficiencia reproductiva en los rebaños lecheros es un factor importante para lograr el número adecuado de hembras de reemplazos con la finalidad de obtener un progreso genético consistente para la producción de leche y otras características de importancia económica en la producción.

El uso de las técnicas de reproducción permiten que se utilice cada vez menos reproductores (padres) para producir las hembras necesarias para mantener la población en equilibrio o estabilizada, además, los procesos de selección para lograr una mejora genética, hace que los animales superiores puedan estar relacionados genéticamente, permitiendo que la consanguinidad se incremente año tras año, y manifestar una mayor depresión endogámica en las características reproductivas y productivas (Andere et al., 2017; Martikainen et al., 2017; Doeckes et al., 2019).

La fertilidad, así como el intervalo entre partos, la edad al primer parto, entre otras son características funcionales de importancia económica, porque están asociados a los costos de producción, haciendo que éstas sean mayores (Groen et al., 1997; Hofmannová et al., 2019). Asimismo, la fertilidad de la hembra, el intervalo entre partos, son caracteres que están altamente correlacionados como las razones principales de la saca involuntaria en el ganado vacuno lechero (González-Recio et al., 2007).

La depresión endogámica y la heterocigosidad se encuentran muy relacionados en los sistemas de

apareamientos que se produce como resultado de la consanguinidad o de los cruzamientos (Freyer et al., 2005).

Leroy (2014) manifiesta que la base genética de este fenómeno está relacionado a tres hipótesis, a la parcial dominancia, sobre dominancia y a la epistasis, y que de acuerdo a una de las hipótesis el efecto de la consanguinidad puede ser una función lineal (dominancia y sobre dominancia) o una función no lineal (epistasis).

El coeficiente de consanguinidad (F) es la base de la teoría genética cuantitativa, existiendo tres niveles en la cual la consanguinidad puede ser medida: a nivel poblacional, individual y a nivel de locus, siendo el estimador menos específico el de la población promedio, el cual aplica a todos los individuos y loci. La media poblacional puede ser calculada dada algunas asunciones evolutivas (Falconer y Mackay, 1996; Freyer et al., 2005):

$$F_t = 1 - (1 - \Delta F)^t$$

donde ΔF es la tasa de consanguinidad o endogamia de una generación a la otra o la nueva consanguinidad. Y la tasa de consanguinidad para cada individuo será:

$$\Delta F_i = 1 - \sqrt[t]{1 - \Delta F}$$

donde F_i es el coeficiente de consanguinidad del individuo i , calculado previamente, y t = número de generaciones equivalente para ese individuo.

La determinación del valor de la consanguinidad dependerá del número de generaciones que se considere

en el análisis así como que las generaciones se encuentren completas y por tanto sus efectos a través de la depresión endogámica serán mejor estimadas, como lo manifiesta Casell et al. (2003) quienes indican que la consanguinidad y su desviación estándar se incrementan con una mayor información de la genealogía, de $0,04 \pm 0,84$ a $1,65 \pm 2,05$ y $2,06 \pm 2,22$ cuando se analizó con menos de 31%, de 31 a 70% y de 71 a 100% de pedigrí completo de 5 generaciones.

Asimismo, comparando las metodologías de estimación, Lutaaya et al. (1999) encontró diferencias en los valores de consanguinidad, cuando utilizó el algoritmo de consanguinidad regular (RA) basado en la definición de Wright (1922), y el algoritmo (VRA) propuesto por VanRaden (1992), con pedigríes incompletos encontraron diferencia en los valores, observando un valor de 3,47% para el algoritmo RA y un incremento a 4,2% con el algoritmo VRA.

Las poblaciones actuales de ganado Holstein, están mostrando un incremento de la consanguinidad, así un estudio realizado en el ganado Holstein en el sur de Brazil, Sieklicki et al. (2020) determinaron la estructura genética determinando un intervalo de generación de 6,3 años y la media de consanguinidad de la población de 4,99%, observándose que la diversidad genética se mantiene elevada, el cual es importante para lograr un progreso genético en los programas de mejora en el ganado Holstein.

Doekes et al. (2019) evaluando la depresión endogámica en el ganado Holstein Alemán, reportaron un incremento en el intervalo entre partos de 0,48 días (ES=0,15) por cada 1% de incremento en la consanguinidad genómica (FROH).

Evaluando la performance fenotípica en ganado Holstein canadiense, Makanjuola et al. (2020) observaron que la depresión endogámica en las características productivas y reproductivas mostraron efectos no favorables, para la característica del primer servicio a la concepción determinaron valores de 0,29; 0,24 y 0,31 días adicionales por cada 1% de incremento de la consanguinidad, calculados por tres métodos de estimación del valor de consanguinidad, mediante un análisis de pedigrí (FPED), medida genómica utilizando un segmento base (FROH) y marcador por marcador genético (FGRM).

Bezdiček et al. (2007) estudiaron los efectos de la consanguinidad sobre el periodo de servicio y longitud de gestación en ganado de la raza Holstein y Fleckviehs Czech después del primer parto, encontrando un rango de consanguinidad en dicha población de 1,25 a 25,0%, la depresión endogámica sobre el periodo de preñez fue más pronunciado en los niveles altos de consanguinidad (+2,81 hasta 8,23 días), pero no significativo estadísticamente, y las diferencias encontradas en la longitud de gestación no fueron significativas, asimismo, evaluando la longitud de gestación los animales con alto valor de consanguinidad mostraron 0,43 días más que las demás.

Diversos estudios han demostrado que los efectos de la consanguinidad a la edad al primer parto, intervalos entre partos fueron significativos, que un incremento en 1% de la consanguinidad resulta en un incremento en el intervalo de partos de 1,88 días, más no la edad al primer parto (Silva et al., 2019; Makanjuola et al., 2020) y sobre características productivas también se observa un efecto de la depresión endogámica (Moradpour y Hamidi, 2019; Gorelik et al., 2020).

Cassell et al. (2003), determinaron que la depresión endogámica en el ganado Holstein y Jersey registrado fueron positivas (no deseables) pero no significativa para los días al primer servicio, pero si fue significativa el efecto sobre la producción de leche, observándose que por cada 1% de incremento de la consanguinidad disminuyó en -0,12 a -0,06 kg/d en el ganado Holstein. Al evaluar el efecto del incremento de la consanguinidad en una población de vacunos lecheros, sobre la performance reproductiva utilizando información genómica, Bjelland et al. (2013) encontraron que por cada 1% de incremento de la consanguinidad los días abiertos se incrementó en 1,76 d evaluando el porcentaje de homocigosis (FPH) y de 1,06 d utilizando la estimación de la endogamia derivada de la matriz de relación genómica (FGRM).

El objetivo de la investigación es determinar los niveles de consanguinidad de la población en estudio y los efectos de la consanguinidad, medido como depresión endogámica, en la población del vacuno lechero en un rebaño cerrado de la costa central, en los aspectos reproductivos como la edad a la preñez, edad al primer parto, intervalo entre partos y longitud de gestación en vacas lecheras de la raza Holstein.

2. MATERIALES Y MÉTODOS

Registros de producción y reproducción

Los datos corresponden a un rebaño comercial de crianza de vacunos lecheros de la raza Holstein, ubicada en la costa central del Perú, con un clima tropical seco, caracterizado por baja precipitación anual, de alta humedad relativa en la época de invierno y verano.

Es un rebaño libre de brucella y tuberculosis bovina, certificado por el Sistema Nacional de Sanidad Agrícola

(SENASA), sistema estabulado de crianza intensiva, con sistema de alimentación TMR, con sistema de reproducción por inseminación artificial.

La tasa de preñez para el periodo 2000-2016 (primer semestre), de manera global, considerando el número de servicio, se presenta en la Tabla 1, observándose que al primer servicio se logró una tasa de concepción alta.

Tabla 1. Tasa de preñez de acuerdo con el número de servicios o inseminaciones.

	Número de servicios				
	1	2	3	4	5
Inseminaciones, n	2,528	1,560	1,009	677	496
Tasa de preñez, %	40,32	24,88	16,09	10,80	7,91

Consanguinidad

Los coeficientes de consanguinidad de los animales que componen la población, incluyendo los animales propios del rebaño como el de genealogía, fueron estimados utilizando el algoritmo descrito por Meuwissen y Luo (1992), método basado en la descomposición de la matriz genética de relaciones aditivas A , $A = LDL'$, donde L es una matriz triangular inferior que contiene las fracciones de los genes de los animales que derivan de sus ancestros, y D es una matriz diagonal conteniendo la varianza genética aditiva dentro de la familia de los animales (Henderson, 1976), mediante los programas informáticos Pedigraph (Garbe y Da, 2008) y Endog (Gutiérrez y Goyache, 2005; Gutiérrez et al., 2010).

Determinado los coeficientes de consanguinidad de los animales del rebaño, se formaron los grupos de acuerdo a los valores de consanguinidad en 6 grupos (Tabla 2).

De acuerdo a los valores genéticos de los padres (Predicted Transmitting Ability, PTA) para producción de leche, estandarizados a las pruebas norteamericanas de agosto de 2020 (CDCB, 2020), se formaron los grupos de padres para ser considerado en los modelos de análisis como se indica en la Tabla 3.

En el caso de los padres que no se tiene información de evaluación genética, como son los toros nacionales, se

ha considera un valor genético equivalente a cero, que se encuentran considerados en el grupo 5.

Tabla 2. Grupos de consanguinidad de acuerdo al intervalo del valor de consanguinidad.

Rango de valor de consanguinidad, %	Grupo
Fx: 0, No consanguíneos	1
Fx: (0; 3,125]	2
Fx: (3,125; 6,25]	3
Fx: (6,25; 9,375]	4
Fx: (9,375; 12,50]	5
Fx: >12,50	6

Tabla 3. Grupos genéticos de acuerdo al valor genético de padres (PTA leche, lb).

Rango de valores de PTA en leche (lb)	Grupo
< -3000 lb	1
[-3000, -2000) lb	2
[-2000, -1000) lb	3
[-1000, 0) lb	4
0 lb	5
(0, +1000] lb	6
> +1000 lb	7

Modelo estadístico

Para analizar el efecto de la consanguinidad sobre la edad a la preñez y al primer parto se utilizó el siguiente modelo:

$$Y_{ijklm} = \mu + Fx_i + BV_j + AN_k + AES_l + \epsilon_{ijklm}$$

Para analizar el efecto sobre el intervalo entre partos se utilizó el siguiente modelo:

$$Y_{ijklmn} = \mu + Fx_i + BV_j + AEP_k + EP_l \beta_l + NPM + \epsilon_{ijklmn}$$

Y para analizar el efecto de la consanguinidad sobre la longitud de gestación el modelo empleado fue:

$$Y_{ijklmn} = \mu + Fx_i + BV_j + AEP_k + EP_l \beta_l + NPM + Sn + \epsilon_{ijklmn}$$

donde:

Y_{ijklm} = Edad (meses) a la preñez, al primer parto, Intervalo entre partos (meses) y Longitud de gestación (días).

μ = media general.

Fx_i = Grupo de consanguinidad ($Fx=0$ no consanguíneos)

BV_j = Valor genético del padre del animal

AN_k = Año de nacimiento del animal

AES_l = Año Estación de servicio

AEP_k = Año Estación de parto

EP_l = Edad al parto

NPM = Número de parto

b_l = Regresión del intervalo entre partos sobre la edad al parto

Sn = Sexo de la cría

ϵ_{ijklmn} = error residual $N(\mu, \sigma)$

Adicionalmente se realizó un análisis de regresión para determinar la tendencia de la consanguinidad de acuerdo a la fecha de nacimiento de los animales, y correlaciones lineales simples para estimar la posible depresión endogámica sobre los caracteres en estudio.

3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Consanguinidad de la población

La estructura de la genealogía de los animales considerados en el estudio, determinó que de los 4044 animales el 91,66% de ellos tenían padre identificado,

y madre identificada el 83,24%. Por la línea paterna se ha logrado identificar el mayor porcentaje de los ascendentes, y por la línea materna siempre fueron menores.

Evaluado la genealogía de las vacas que contaba la ganadería, en el periodo 1990 al 2016 (primer semestre) se generó 34 963 registros genealógicos, estimando los coeficientes de consanguinidad de las vacas de la ganadería. La distribución de los valores de consanguinidad de acuerdo a los años de nacimientos de las vacas se presenta en la Tabla 4.

Como se puede observar a través de los años de nacimiento los valores de la consanguinidad promedio de los animales se ha incrementado desde el año 1986 hasta el año 1995, y a partir de ese año hasta el 2011 se ha mantenido casi constante para luego incrementarse a niveles de 6,6% en promedio, dichos valores son un poco menor que la tendencia encontrada en vacas de los Estados Unidos de Norteamérica (CDCB, 2020).

Tabla 4. Valores promedios de consanguinidad (%) por año de nacimiento de las vacas.

Año	n	Fx promedio	Año	n	Fx promedio
1986	1	1,36%	2002	154	5,73%
1987	2	3,18%	2003	153	4,48%
1988	3	3,26%	2004	132	5,40%
1989	2	0,00%	2005	101	5,55%
1990	9	2,60%	2006	111	5,35%
1991	26	2,12%	2007	148	5,40%
1992	18	3,43%	2008	177	5,24%
1993	43	3,79%	2009	172	5,91%
1994	77	3,85%	2010	227	5,41%
1995	49	3,88%	2011	202	5,57%
1996	144	4,35%	2012	266	6,06%
1997	128	4,68%	2013	287	5,97%
1998	144	5,50%	2014	299	6,40%
1999	182	5,06%	2015	380	6,64%
2000	172	4,92%	2016	96	6,53%
2001	139	3,69%	Promedio	4044	5,45%

En la Figura 1 se presenta la tendencia de los valores de consanguinidad observada en los animales de acuerdo al año de nacimiento, presentando una tendencia positiva a tener animales consanguíneos en dicha población, siendo la tasa de incremento de la consanguinidad de 0,10884% por año de nacimiento.

Del análisis de las regresiones de los valores residuales con respecto a los valores predichos de la consanguinidad, nos indica que está bien representado las asociaciones entre ellas, así como la normalidad mostrada por los valores residuales, dando consistencia a la estimación de dicha relación (Figura 2).

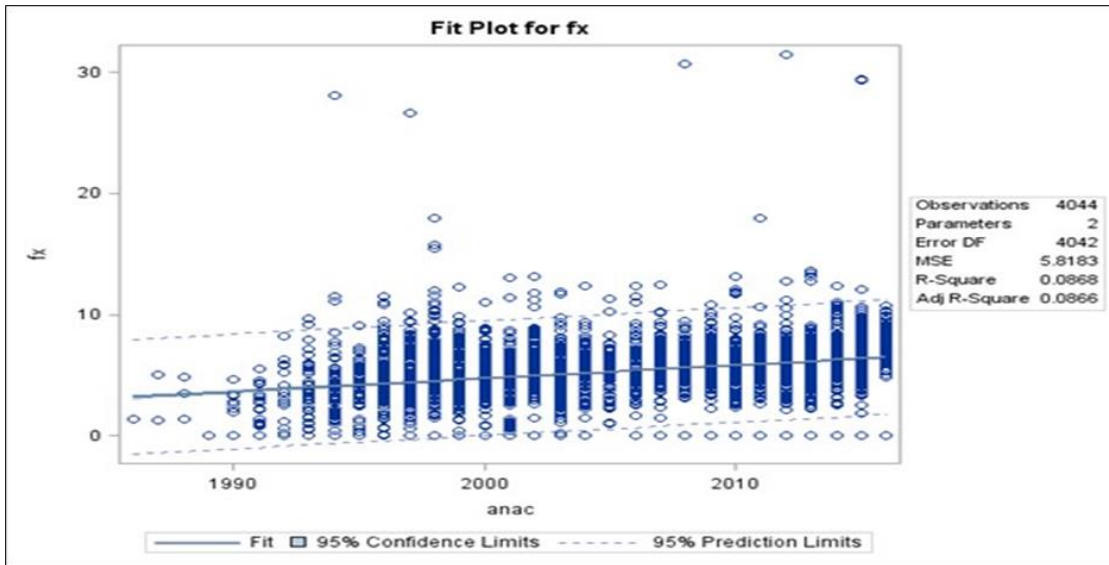


Figura 1. Tendencia de la consanguinidad de acuerdo al año de nacimiento ($-212,94794 + 0,10884 \cdot \text{Año de nacimiento}$).

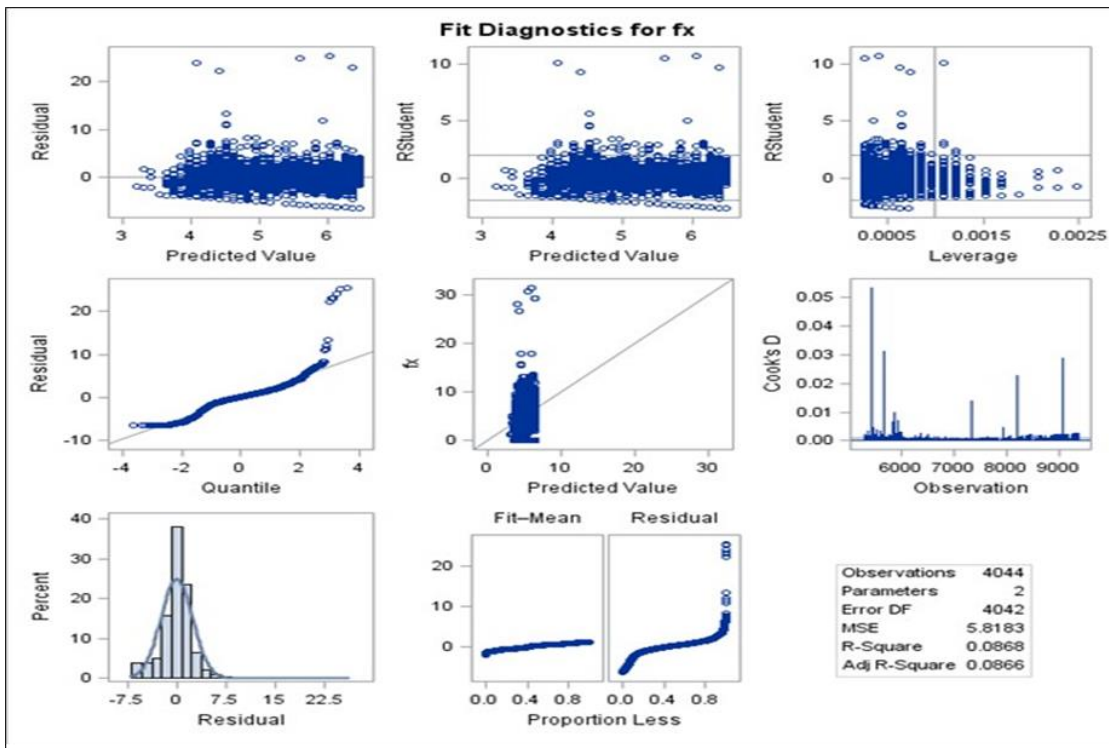


Figura 2. Diagnóstico ajustado para la consanguinidad de los animales de la población de referencia.

De la población en estudio (n = 4044) se determinó que el 6,83% de las vacas (276 vacas) no fueron consanguíneas, mientras que el 93,17% fueron consanguíneas, el rango de la consanguinidad, en las vacas consanguíneas fue de 0,1283% a 31,47%.

De los grupos de consanguinidad formados la distribución de las vacas está dados en la Tabla 5.

Edad a la preñez y primer parto

Analizado el comportamiento de la edad a la preñez, en función de la consanguinidad promedio de las vacas, de acuerdo al modelo estadístico analizado, las vacas no consanguíneas (Fx = 0) mostraron una mayor edad promedio a la preñez (17,39 ± 0,29 meses) y a medida que se incrementaba el valor de la consanguinidad medio, las edades de las vaquillas fueron disminuyendo, y que al análisis de la varianza entre los grupos consanguíneos no difirieron estadísticamente, y que el grupo de mayor valor de consanguinidad en la que se encuentra animales de hasta 31,47% de consanguinidad las edades a la preñez fue la que menor valor reportó (14,91 ± 0,32 meses), no coincidiendo con la teoría que indica que a mayor consanguinidad la depresión endogámica es más marcada (Tabla 6), indicado por Mankanjuola *et al.* (2020), mientras que el efecto medio de la consanguinidad fue de -0,13128±0,0241 meses (P<0,05), debido al comportamiento observado en las vaquillas la edad a la preñez.

Al analizar la edad al primer parto (Tabla 7), se ha encontrado que los promedios de la edad lograda al primer parto se ha observado diferencias significativas entre los grupos de consanguinidad de las vacas, el

grupo de vacas no consanguíneas son los que han mostrado valores promedios mayores que las vacas consanguíneas (26,47 ± 0,30 vs 25,78 ± 0,34 meses), y entre los grupos consanguíneos los valores promedio de la edad al primer parto fueron similares, mientras que el grupo de vacas con el más alto valor de consanguinidad (Fx > 12,75%) presentó un menor valor de edad al primer parto (23,82 ± 0,33 meses), este comportamiento indica que la consanguinidad, si bien es cierto afecta a este parámetro reproductivo, pero en este análisis de la información de dicho rebaño no se observa dicho efecto, y la depresión endogámica estimada representa una variación de -0,15263 ± 0,02381 meses de edad por cada 1% de variación de la consanguinidad (P<0,001).

Intervalo entre partos

En el modelo analizado, se observa que el nivel de consanguinidad de las vacas, al análisis de varianza presentaron diferencia estadística (P<0,05) entre los niveles medios de consanguinidad de las vacas, pero al análisis de medias no fueron estadísticamente diferentes, observándose que el grupo no consanguíneo presento un menor intervalo entre partos (15,06 ± 0,21 meses), mientras que los grupos consanguíneos reportaron un valor ligeramente superior (15,60 ± 0,09 meses), como se puede observar en la Tabla 8. Asimismo, de los 5 grupos de vacas consanguíneas el grupo de vacas de alta consanguinidad (Fx > 12,75) ya no permanecieron en el rebaño más allá del primer parto. Indudablemente el efecto de la consanguinidad si se hace evidente, ya que influye en un mayor intervalo entre partos.

Tabla 5. Distribución de las vacas de acuerdo al grupo de consanguinidad (Fx).

Grup	Fx, %	n	promedio	mínimo	máximo	DS	ES
1	0	276	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
2	0,128 - 3,110	286	2,11	0,1283	3,1231	0,82	0,05
3	3,132 - 6,248	1954	5,02	3,1263	6,2486	0,84	0,02
4	6,250 - 9,362	1412	7,26	6,2502	9,3626	0,75	0,02
5	9,400 - 12,487	98	10,61	9,4000	12,4874	0,88	0,09
6	12,730 - 31,472	18	19,32	12,7304	31,4722	7,46	1,76

Tabla 6. Edad promedio de las vaquillas a la preñez (meses) en función al nivel de consanguinidad promedio.

Grupo	Fx, %	n	promedio		mínimo	máximo	DS	ES
1	0	171	17,39	a	13	28	3,85	0,29
2	0,128 - 3,110	220	17,00	a	13	28	3,11	0,21
3	3,132 - 6,248	1327	16,28	a	13	28	2,85	0,08
4	6,250 - 9,362	723	16,22	a	13	28	2,74	0,10
5	9,400 - 12,487	51	16,45	a	13	26	2,62	0,37
6	12,730 - 31,472	11	14,91	b	14	17	1,04	0,31

Letras diferentes indica diferencias significativas (P<0,05)

Tabla 7. Promedio de edad al parto (meses) de las vacas en función al nivel de consanguinidad promedio.

Grupo	Fx, %	n	promedio		mínimo	máximo	DS	ES
1	0	171	26,47	a	22	38	3,87	0,30
2	0,128 - 3,110	220	26,12	ab	22	37	3,12	0,21
3	3,132 - 6,248	1327	25,32	ab	22	38	2,85	0,08
4	6,250 - 9,362	723	25,19	b	22	37	2,62	0,10
5	9,400 - 12,487	51	25,49	ab	22	35	2,62	0,37
6	12,730 - 31,472	11	23,82	c	22	25	1,08	0,33

Letras diferentes indican diferencias significativas (P<0,05).

Tabla 8. Promedios de intervalos entre partos (meses) de acuerdo a los niveles de consanguinidad de las vacas.

Grupo	Fx, %	n	promedio		mínimo	máximo	DS	ES
1	0	336	15,06	a	10	35	3,83	0,21
2	0,128 - 3,110	556	15,18	a	10	44	4,41	0,19
3	3,132 - 6,248	2333	15,66	a	10	72	4,58	0,10
4	6,250 - 9,362	1064	15,88	a	10	37	4,54	0,14
5	9,400 - 12,487	107	15,34	a	10	38	4,76	0,46
6	12,730 - 31,472	11	23,82	c	22	25	1,08	0,33

Tabla 9. Longitud de gestación promedio (días) en función a la consanguinidad media de las vacas.

Grupo	Fx, %	n	promedio		mínimo	máximo	DS	ES
1	0	254	277,45	a	255	295	4,95	0,22
2	0,128 - 3,110	264	278,02	a	258	299	5,31	0,19
3	3,132 - 6,248	1876	277,03	ab	253	299	5,35	0,09
4	6,250 - 9,362	1070	277,11	ab	253	299	5,44	0,12
5	9,400 - 12,487	78	276,12	ab	260	293	5,16	0,41
6	12,730 - 31,472	11	274,45	b	267	286	5,43	1,16

Letras diferentes indican diferencias significativas (P<0,05).

Analizando la regresión del intervalo entre partos, en meses, sobre la consanguinidad de los animales, ésta se ha determinado en $0,10934 \pm 0,02746$ meses el efecto en la variación del intervalo, siendo este valor altamente

significativo (P<0,001) y que a tener animales con alta consanguinidad los valores medios del intervalo entre partos también se incrementarán.

Longitud de gestación

Evaluando la longitud de gestación se ha determinado que no existe diferencia estadística entre los animales no consanguíneos y consanguíneos los promedios de días de gestación son muy similares ($277,45 \pm 0,22$ vs $277,11 \pm 0,10$ días) y entre los grupos de vacas consanguíneas de la misma manera los promedios de gestación no presentaron diferencias significativas (Tabla 9), a excepción del grupo con mayor valor medio de consanguinidad que resultaron siendo en promedio 0,3 días menor (Bezdiček *et al.*, 2007).

Determinando la regresión de los días de gestación sobre la consanguinidad, se determinó que el valor del coeficiente fue de $-0,09986 \pm 0,02594$ días, resultando al análisis estadístico un valor altamente significativo ($P < 0,01$), lo que indica que a medida que se incrementa la consanguinidad en 1% se observará una reducción en la longitud de gestación, lo cual no es conveniente por que podría afectar la viabilidad del ternero recién nacido.

4. CONCLUSIONES

La población de vacas del rebaño estudiado, presentaron una consanguinidad promedio de 5,45%, el grupo de vacas consanguíneas el valor de la consanguinidad varió de 0,1283% a 31,4722%, correspondiendo al 93,17% de las vacas estudiadas.

La edad a la preñez en vaquillas fue de 16,40 meses, y de acuerdo al grupo de consanguinidad, las vaquillas no consanguíneas presentaron un valor de $17,39 \pm 0,29$ meses, mientras que los grupos consanguíneos $16,33 \pm 0,25$ meses, no mostraron diferencias significativas, y el efecto de la consanguinidad medido como regresión fue de $-0,13128 \pm 0,0241$ meses por cada 1% de incremento de la consanguinidad ($P < 0,01$).

La edad al primer parto en vaquillonas fue de 25,43 meses, presentando una mayor edad al primer parto el grupo de las vaquillonas no consanguíneas ($26,47 \pm 0,30$ meses) que las consanguíneas ($25,35 \pm 0,24$ meses), sin mostrar diferencias estadísticas, y la regresión de la edad al primer parto con respecto al nivel de consanguinidad fue de $-0,15263 \pm 0,02381$ meses ($P < 0,01$).

La consanguinidad presentó un efecto sobre el intervalo entre partos de las vacas analizadas, ya que el grupo de vacas no consanguíneas presentó un intervalo entre partos de $15,06 \pm 0,21$ meses, mientras que el grupo consanguíneo presentó un promedio de $15,65 \pm 0,18$ meses, corroborado con la regresión del intervalo entre parto con el nivel de consanguinidad siendo el coeficiente de $0,10934 \pm 0,01746$ meses ($P < 0,01$).

La longitud de gestación no fue afectada por la consanguinidad de manera significativa, ya que las vacas no consanguíneas presentaron una gestación de $277,61 \pm 0,22$ días y las vacas consanguíneas promediaron un valor de $277,19 \pm 0,15$ días, y la regresión de los días de gestación sobre los valores de consanguinidad fue de $-0,09986 \pm 0,02594$ días ($P < 0,01$).

Conflictos de intereses

Los autores firmantes del presente trabajo de investigación declaran no tener ningún potencial conflicto de interés personal o económico con otras personas u organizaciones que puedan influir indebidamente con el presente manuscrito.

Contribuciones de los autores

Preparación y ejecución: JCV, GGV; Desarrollo de la metodología: JCV, GGV; Concepción y diseño: JCV, GGV; Edición del artículo: JCV, GGV; Supervisión del estudio: JCV, GGV.

5. LITERATURA CITADA

- Andere, C.I., Rubio, N., Rodriguez, 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. RIA. 43(1): 92-97.
- Besdiček, J., Šubrt, J., Filipčík, R., Bjelka, M., & Dufek, A. 2007. The effects of inbreeding on service period and pregnancy length in Holstein and Czech Fleckviehs after the first calving. Arch. Tierz., Dummerstorf, 50(2007):455-463.
- Bjelland, D.W., Weigel, K.A., Vukasinovic, N. & Nkrumah. (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.

- Cassell, B., Adamec, V. & Pearson, R.E. (2003). Effect of incomplete pedigrees on estimates of inbreeding and inbreeding depression for day to first service and summit milk yield in Holstein and Jerseys. *J. Dairy Sci.* 86(9):2967-2976.
- Council on Dairy Cattle Breeding (CDCB). (2020). Disponible en www.uscdcb.com.
- Doekes, H.P., Veerkamp, R.F., Bijma, P., Gerben, J., Hiemstra, S.J., & Windig, J.J. (2019). Inbreeding depression due to recent and ancient inbreeding in Dutch Holstein-Friesian dairy cattle. *Genet Sel. Ecol.*, 51:54.
- Falconer, D.S., & Mackay, T.F.C. (1996). An introduction to quantitative genetics. 4th ed. Addison Wesley Longman, Harlow, UK, pag. 464
- Freyer, G., Hernández-Sánchez, J., & Cassell, B.G. (2005). A note on inbreeding in dairy cattle breeding. *Arch. Tierz., Dummerstorf*, 48(2):130-137.
- Garbe, J.R., & Da, Y. (2008). Pedigraph: A software tool for the graphing and analysis of large complex pedigree. User manual V2.4. Department of Animal Science. University of Minnesota. USA.
- González-Recio, O., López de Maturana, E., & Gutiérrez, J.P. (2007). Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 90:5744-5752.
- Gorelik, O.V., Likhodeevskaya, E., Zezin, N.N., Sevostyanov, M.Y., & Leshonok, O.I. (2020). The uses of inbreeding in dairy cattle breeding. *IOP Conf Series: Earth and Environmental Sciences*. 548. Doi: 10.1088/1755-1315/548/8/082013.
- Groen, A.F., Steine, T., Colleau, J., Pedersen, J., Přibyl, J., & Reinsch, N. (1997). Economics value in dairy cattle breeding, with special reference to functional traits. Report of an EAAP – working group. *Livest. Prod. Sci.* 49:1-21.
- Gutierrez, J.P., & Goyache, F. (2005). A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal and Animal Breeding and Genetics*, 122:172-176
- Gutierrez, J.P., Goyache, F., & Cervantes, I. (2010). User's Guide. Endog V4.8. A computer program to monitoring genetic variability of populations using pedigree information. Universidad Complutense de Madrid. España.
- 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., Přibyl, 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: 10.17221/154/2018-CJAS.
- Leroy, G. (2014). Inbreeding depression in livestock species: review and meta-analysis. *Animal Genetics*, 45(5):618-628. doi:10.1111/age.12178
- Lutaaya, E., Misztal, I., Bertrand, J. K., & Mabry, J.W. (1999). Inbreeding in populations with incomplete pedigrees. *J. Anim. Breed. Genet.* 116(1999):475-480.
- Makanjoula, B. O., Maltecca, Ch., Miglior, F., Schenkel, F. S., & Baes, Ch. F. (2020). Effect of recent and ancient inbreeding on production and fertility traits in Canadian Holsteins. *BMC Genomics*. 21:605.
- Martikainen, K., Tyriseva, A. M., Matilainen, K., Pösö, J., & Uimari, P. (2017). Estimation of inbreeding depression on female fertility in the Finish Ayrshire population. *J. Anim. Breed. Genet.* 2017:1-10. doi:10.1111/jbg.12285
- Meuwissen T., & Luo, Z. (1992). Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.* 24:305-313. Elsevier/INRA.
- Moradpour, F., & Hamidi, H. (2019). Assessment of inbreeding depression and inbreeding trend of production traits in Iraqi Holstein Cows. *Asian Journal of Biotechnology and Bioresource Technology*, 5(4):1-9.
- Sieklicki, M.F., Mulin, H.A., Pinto, L. F.B., Valloto, An. A. & Pedrosa, V. B. (2020). Population structure and inbreeding of Holstein cattle in southern Brazil. *R. Bras. Zootec.* 49:e20190052. doi:10.37496/rbz4920190052.
- Silva, M.H.M. A., Malhado, C. H. M., Kern, E. L., Daltro, D. S., Cobuci, J. A., & Carneiro, R.L.S. (2019). Inbreeding depression in Holstein cattle in Brazil. *Revista Brasileira de Zootecnia. Brazilian Journal of Animal Science.* doi: 10.1590/rbz4820170212.
- VanRaden, P. M. (1992). Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetics evaluations of large populations. *J. Dairy Sci.* 75:3136-3144.