

## Parámetros genéticos de rasgos productivos de cuyes (*Cavia porcellus*) de las líneas Saños y Mantaro

### Genetic parameters of productive traits in guinea pig (*Cavia porcellus*) of the Saños and Mantaro lines

Danny Julio Cruz<sup>1,5</sup>, Jorge Passuni Huayta<sup>2</sup>, Flor-Anita Corredor<sup>3</sup>, Mariam Pascual<sup>4</sup>

#### RESUMEN

El objetivo del estudio fue estimar los componentes de varianzas, la heredabilidad y correlaciones genéticas y fenotípicas de los rasgos productivos de las líneas de cuyes Saños y Mantaro, desarrolladas en la Estación Experimental Agraria Santa Ana, Junín (Perú). Se calculó además la consanguinidad de las dos líneas. Se analizaron los registros desde 2017 a 2020. Se evaluaron los rasgos productivos de peso al nacimiento (PN), al destete (PD), a la semana 4 (P4), semana 8 (P8) y semana 13 (P13) de 1622 y 1874 cuyes de la línea Saños y Mantaro, respectivamente. La estimación de los componentes de varianza se realizó mediante modelos unicaracter, mientras que la estimación de las correlaciones genéticas y fenotípicas se dio mediante modelos bivariados. Los efectos fijos considerados en el modelo fueron el sexo (S), total de nacidos (TN), número de parto (NP) y temporada de parto de la madre (Tp). El efecto animal y camada constituyeron los compo-

<sup>1</sup> Estación Experimental Agraria Santa Ana, Dirección de Desarrollo Tecnológico Agrario, Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), El Tambo, Huancayo, Junín, Perú

<sup>2</sup> Estación Experimental Agraria Santa Ana, Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), El Tambo, Huancayo, Junín, Perú

<sup>3</sup> Dirección de Desarrollo Tecnológico Agrario, Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Lima, Perú

<sup>4</sup> Programa de Genética y Mejora Animal, Instituto de Investigación y Tecnología Agroalimentarias, Barcelona, España

<sup>5</sup> E-mail: [cruzfloredej@gmail.com](mailto:cruzfloredej@gmail.com)

Recibido: 30 de mayo de 2021

Aceptado para publicación: 5 de marzo de 2022

Publicado: 29 de junio de 2022

©Los autores. Este artículo es publicado por la Rev Inv Vet Perú de la Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Este es un artículo de acceso abierto, distribuido bajo los términos de la licencia Creative Commons Atribución 4.0 Internacional (CC BY 4.0) [<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.es>] que permite el uso, distribución y reproducción en cualquier medio, siempre que la obra original sea debidamente citada de su fuente original

nentes aleatorios dentro del modelo. Para PN y PD, se incluyó también como componente aleatorio el efecto materno. La consanguinidad media poblacional fue 0.67 y 0.18% para la línea Saños y Mantaro, respectivamente. Las heredabilidades de los rasgos productivos fueron  $0.16 \pm 0.02$  y  $0.13 \pm 0.03$  para PN,  $0.18 \pm 0.03$  y  $0.20 \pm 0.05$  para PD,  $0.18 \pm 0.04$  y  $0.14 \pm 0.04$  para P4,  $0.13 \pm 0.03$  y  $0.14 \pm 0.03$  para P8 y,  $0.13 \pm 0.03$  y  $0.12 \pm 0.03$  para P13 para las líneas Saños y Mantaro, respectivamente. La heredabilidad materna para el PN y PD en ambas líneas resultaron menores a 0.10. Las correlaciones genéticas para las líneas Saños y Mantaro fueron  $0.53 \pm 0.02$  y  $0.93 \pm 0.06$  para PN y PD,  $0.85 \pm 0.03$  y  $0.94 \pm 0.05$  para PD y P4,  $0.84 \pm 0.03$  y  $0.74 \pm 0.05$  para P4 y P8 y,  $0.83 \pm 0.05$  y  $0.75 \pm 0.05$  para P8 y P13. El ratio de la varianza debida a la camada con respecto a la varianza fenotípica varió desde 49% hasta 64%, siendo mayor la contribución en el PD de ambas líneas. Tanto las heredabilidades como la ratio de la varianza debida a la camada con respecto a la varianza fenotípica resultaron similares entre ambas líneas de cuyes.

**Palabras clave:** líneas genéticas, cuyes, rasgos productivos, heredabilidad, correlaciones, consanguinidad

## ABSTRACT

The aim of this study was to estimate the variance components, heritability, and genetic and phenotypic correlations of the productive traits of the Saños and Mantaro guinea pig lines, developed at the Santa Ana Agrarian Experimental Station, Junín (Peru). The consanguinity of the two lines was also calculated. Records from 2017 to 2020 were studied. The productive traits of weight at birth (PN), weaning (PD), at week 4 (P4), week 8 (P8) and week 13 (P13) of 1622 and 1874 guinea pigs of the Saños and Mantaro line, respectively were analysed. The estimation of the variance components was carried out using single-character models, while the estimation of genetic and phenotypic correlations was carried out using bivariate models. The fixed effects considered in the model were sex (S), total births (TN), parturition number (NP) and the mother's parturition season (Tp). The animal and litter effect constituted the random components within the model. For PN and PD, the maternal effect was also included as a random component. The mean population consanguinity was 0.67 and 0.18% for the Saños and Mantaro lines, respectively. The heritability of the productive traits was  $0.16 \pm 0.02$  and  $0.13 \pm 0.03$  for PN,  $0.18 \pm 0.03$  and  $0.20 \pm 0.05$  for PD,  $0.18 \pm 0.04$  and  $0.14 \pm 0.04$  for P4,  $0.13 \pm 0.03$  and  $0.14 \pm 0.03$  for P8 and  $0.13 \pm 0.03$  and  $0.12 \pm 0.03$  for P13 for the Saños and Mantaro lines, respectively. Maternal heritability for PN and PD in both lines were less than 0.10. The genetic correlations for the Saños and Mantaro lines were  $0.53 \pm 0.02$  and  $0.93 \pm 0.06$  for PN and PD,  $0.85 \pm 0.03$  and  $0.94 \pm 0.05$  for PD and P4,  $0.84 \pm 0.03$  and  $0.74 \pm 0.05$  for P4 and P8, and  $0.83 \pm 0.05$  and  $0.75 \pm 0.05$  for P8 and P13. The ratio of the variance due to the litter with respect to the phenotypic variance ranged from 49% to 64%, with the contribution in the PD of both lines being greater. Both the heritability and the ratio of the variance due to the litter with respect to the phenotypic variance were similar between both lines of guinea pigs.

**Key words:** genetic lines, guinea pigs, productive traits, heritability, correlations, inbreeding

## INTRODUCCIÓN

El cuy doméstico *Cavia porcellus* (Linnaeus 1738) es una especie considerada como una fuente principal de proteína en los Andes (Dillard *et al.*, 1972; Pascual *et al.*, 2017). Estos animales han sido criados tradicionalmente por gran parte de los pueblos andinos como fuente de alimentos e ingresos económicos por su alta fecundidad, tasas de crecimiento rápidas, requerimientos de mantenimiento simples y carne con alto contenido proteico (Atter, 1998).

Se han venido realizando investigaciones en esta especie en áreas como la nutrición, sanidad, manejo, genética y sistemas de producción entre otros (Portocarrero e Hidalgo, 2015; Casart y Falconí, 2016; Pascual *et al.*, 2017; Cruz *et al.*, 2019). A pesar de ello, existe una tendencia a usar individuos con bajo potencial genético como reproductores, lo cual ocasiona que se generen respuestas variables en los aspectos productivos y reproductivos. Es por ello necesario adecuar los programas de mejoramiento genético y el conocimiento en las estimaciones de los parámetros genéticos (Olesen *et al.*, 2000).

Parámetros genéticos como la heredabilidad y correlaciones sirven para la implementación de planes de mejoramiento genético que buscan mantener las líneas y mejorarlas constantemente en caracteres definidos (Jiang *et al.*, 1999). Las diversas metodologías para la estimación de la heredabilidad y correlaciones genéticas hacen uso de registros productivos y reproductivos de los animales. Así mismo, utilizan la información genealógica para establecer relaciones de parentesco entre animales. La heredabilidad, como parámetro genético, ayuda a explicar el grado en que los genes controlan la expresión del rasgo, siendo además utilizado para evaluaciones genéticas basadas en el uso de modelos mixtos y genómicos (Gianola, s.f.; Gutiérrez, 2010; Mrode, 2014). Las estimaciones de heredabilidad para un

rasgo pueden diferir entre especies y razas o pueden cambiar lentamente con el tiempo (Cassell, 2009). Por otro lado, las correlaciones genéticas indican el grado de relación o asociación genética entre dos rasgos originado por fenómenos como la pleiotropía y desequilibrio de ligamiento (Roff y Roff, 1997; van Rheenen *et al.*, 2019) y su importancia radica en que pueden mejorar o retardar la respuesta de la selección (Etterson, 2016).

En la Estación Experimental Agraria Santa Ana se viene realizando la selección de cuyes desde hace más de 20 años. Las líneas genéticas se originaron con colectas de animales de zonas locales, luego se realizaron apareamientos y selección por características productivas y morfológicas como las mencionadas por Rivas y Rico (2014). El propósito fue generar líneas prolíficas y precoces en condiciones ambientales de la sierra central del Perú. Desde entonces se ha logrado uniformizar diversos rasgos morfológicos y algunos rasgos productivos y reproductivos (Reyes, 2015; Navarro, 2016); sin embargo, se desconocen los parámetros genéticos. El presente trabajo tuvo como objetivo estimar la heredabilidad y correlaciones genéticas de los rasgos productivos de cuyes de las líneas Saños y Mantaro de la Estación Experimental Agraria Santa Ana.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Registros

La información recopilada provino de cuyes de la Estación Experimental Agraria Santa Ana del Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), ubicada en el distrito de El Tambo, Junín (Perú), a una altitud de 3320 msnm.

La información constó de registros de peso al nacimiento (PN), peso al destete (15 días de vida; PD), peso a la cuarta semana (P4), peso a la octava semana (P8), peso a la décimo tercera semana (P13), sexo (S) y to-

Cuadro 1. Número de registros productivos evaluados de cuyes de las líneas de cuyes Saños y Mantaro, Estación Experimental Agraria Santa Ana, Junín, Perú, (3320 msnm)

Característica	Saños		Mantaro	
	Pesos (n)	Camada (n)	Pesos (n)	Camada (n)
Peso al nacimiento	1622	670	1874	758
Peso al destete	1587	670	1678	758
Peso semana 4	1505	652	1561	666
Peso semana 8	1397	637	1391	633
Peso semana 13	1160	596	1072	570

tal de nacidos (TN) de 1622 y 1874 cuyes de las líneas Saños y Mantaro, respectivamente, desde abril de 2017 hasta marzo de 2020. Además, se incluyeron registros del número de parto hasta el quinto parto (NP), temporada de parto (doce trimestres) (Tp) de 343 y 357 madres Saños y Mantaro, respectivamente. El número de datos de rasgos productivos de las dos líneas, así como el número de camadas consideradas para la estima de la varianza del ambiente materno ( $c^2$ ) se presentan en el Cuadro 1.

### Sistema de Producción

La granja tiene áreas de cultivo para su propio abastecimiento de forraje. Los animales reciben una alimentación con base a forrajes y, en ocasiones, residuos de cosecha. El sistema de reproducción es el empadre continuo. Las instalaciones son pozas con divisiones de madera. Se manejan en promedio 440 animales de la línea Mantaro (154 madres y 33 reproductores) y 570 de la línea Saños (185 madres y 35 reproductores). En los registros diarios se anota información de características productivas y reproductivas de los animales, los cuales se encuentran identificados con aretes metálicos. Los datos para el presente trabajo corresponden a cuatro años e incluyen cinco y cuatro generaciones solapadas de las líneas Saños y Mantaro, respectivamente.

### Análisis Estadístico

El cálculo del coeficiente de consanguinidad y la estimación de los componentes de varianza y las correlaciones fenotípicas y genéticas se realizaron por línea genética. El coeficiente de consanguinidad fue calculado con el uso del software VCE en las generaciones evaluadas de la línea Saños y Mantaro.

Los modelos ajustados para PN y PD (1) y para P4, P8 y P13 (2), basado en los modelos mixtos propuestos por Henderson (1984) y Mrode (2014), fueron  $y = x\beta + Wc + Z\mu + Mm + e$  (1)  $y = x\beta + Wc + Z\mu + e$  (2), donde  $y$  es el vector de las observaciones de PN, PD, P4, P8 y P13;  $\beta$  es el vector de efectos fijos (sexo de la cría, número de parto, total de nacidos, temporada);  $\mu$  es el vector de los efectos genéticos directos como aleatorio;  $c$  es el vector de efecto aleatorio de camada;  $m$  es el vector de efecto genético materno como aleatorio;  $e$  es el vector de los errores aleatorios asociados a cada observación, y  $X$ ,  $Z$ ,  $W$  y  $M$  son matrices de incidencia que relacionan registros con efectos ambientales fijos, animales y genéticos maternos.

Los componentes de varianza de todos los caracteres fueron estimados aplicando modelos univariados para cada carácter. Los

Cuadro 2. Valor promedio del rasgo ( $\bar{x}$ ), desviación estándar (D.S), mínimo (Min.) y máximo (Max.) de las líneas de cuyes Saños y Mantaro (Junín, Perú)

Línea genética	Rasgo productivo <sup>1</sup>	$\bar{x}$	D.S	Min.	Max.
Saños	PN	154.85	28.01	70.00	234.00
	PD	303.14	57.41	120.00	500.00
	P4	426.00	91.36	200.00	670.00
	P8	636.77	127.76	400.00	940.00
	P13	853.72	158.82	640.00	1255.00
Mantaro	PN	149.20	29.72	70.00	233.00
	PD	297.15	67.61	118.00	500.00
	P4	408.44	81.74	185.00	667.00
	P8	608.85	110.76	300.00	944.00
	P13	819.13	138.08	631.00	1245.00

<sup>1</sup>PN, PD, P4, P8, P13: pesos (g) al nacimiento, destete (15 d) y semanas 4, 8 y 13 de edad

efectos fijos que fueron incluidos en los modelos aplicados a cada parámetro fueron los que mostraron un efecto significativo. Los análisis de significancia de los efectos fijos se realizaron con la función *nlme* (Pinheiro *et al.*, 2021) del software R v. 4.0.2 (R Core Team, 2020).

La heredabilidad fue calculada como la ratio de la varianza aditiva y la varianza fenotípica, obtenida como la suma de la varianza aditiva, la varianza debida a la camada y la varianza residual. Para la estimación de las correlaciones genéticas y fenotípicas se formularon modelos bivariados entre los rasgos productivos. Los componentes de varianzas y covarianzas y las correlaciones fenotípicas y genéticas se obtuvieron mediante el modelo animal del programa VCE6 v. 6.0.2 (Groeneveld, 2010), que estima componentes de varianzas por metodología REML con sus respectivos errores estándar.

## RESULTADOS

La consanguinidad media poblacional fue 0.67 y 0.18% para las líneas Saños y Mantaro, respectivamente. La consanguinidad media en la línea Saños de cuyes consanguíneos fue 7.46% con un máximo de 12.50%, mientras que en la línea Mantaro la consanguinidad media de cuyes consanguíneos fue 8.72% con un valor máximo de 25%.

Los estadísticos descriptivos de las dos líneas de cuyes se presentan en el Cuadro 2. Se aprecia que los ejemplares de la línea Saños tienden a ser más pesados que los de la línea Mantaro, llegando a obtener un peso al beneficio o a las 13 semanas de 34.6 g más que en la línea Mantaro. Esto se evidencia igualmente en las distintas etapas de vida (PN, PD, P4, P8 y P13).

Cuadro 3. Heredabilidades en la diagonal y en negrita, correlaciones genéticas sobre la diagonal y correlaciones fenotípicas debajo de la diagonal de rasgos productivos<sup>1</sup> de la línea de cuyes Saños (Junín, Perú)

	PN	PD	P4	P8	P13	PNm	PDm
PN	<b>0.16 (0.02)</b>	0.53 (0.02)	0.38 (0.15)	0.38 (0.13)	0.28 (0.15)	-0.77 (0.08)	-0.30 (0.20)
PD	0.65	<b>0.18 (0.03)</b>	0.85 (0.03)	0.50 (0.07)	0.33 (0.11)	-0.22 (0.16)	-0.22 (0.19)
P4	0.52	0.71	<b>0.18 (0.04)</b>	0.84 (0.03)	0.52 (0.08)	-0.15 (0.15)	-0.21 (0.19)
P8	0.40	0.54	0.70	<b>0.13 (0.03)</b>	0.83 (0.05)	0.65 (0.14)	0.54 (0.17)
P13	0.30	0.44	0.56	0.75	<b>0.13 (0.03)</b>	0.80 (0.08)	0.43 (0.13)
PNm						<b>0.09 (0.02)</b>	0.85 (0.15)
PDm							<b>0.05 (0.01)</b>

<sup>1</sup> Peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD, 15 d), peso a la cuarta semana (P4), peso a la octava semana (P8), peso a la décimo tercera semana (P13), efecto genético materno de peso al nacimiento (PNm), efecto materno de peso al destete (PDm)  
Error estándar entre paréntesis

Las heredabilidades directas de PN y PD y de los rasgos posdestete de los cuyes de la línea Saños se presentan en el Cuadro 3. La heredabilidad materna del peso al nacimiento y peso al destete (PNm y PDm) fue de  $0.09 \pm 0.02$  y  $0.05 \pm 0.01$ , respectivamente. Las correlaciones genéticas fueron positivas y entre moderadas a altas, con excepción de la correlación entre PN y P13 de  $0.28 \pm 0.15$ . La correlación entre el valor genético directo de peso al nacimiento y el valor genético materno de peso al nacimiento fue negativa y alta ( $-0.77 \pm 0.08$ ). Del mismo modo, se encontró una correlación genética negativa ( $-0.22 \pm 0.19$ ) entre el valor genético de peso al destete directo y materno. Por otro lado, se observan correlaciones fenotípicas altas y positivas, siendo esta correlación mayor entre medidas próximas. La correlación entre PN y PD fue de 0.65, las correlaciones consecutivas entre PD, P4, P8 y P13 fueron 0.71, 0.70 y 0.75, tal como se muestra en el Cuadro 3.

Las heredabilidades directas de PN y PD y de los rasgos posdestete de los cuyes de la línea Saños se presentan en el Cuadro 4. Las heredabilidades maternas de PNm y PDm fueron  $0.04 \pm 0.01$  y  $0.05 \pm 0.02$ , respectivamente. Las correlaciones genéticas fueron positivas y entre moderadas a altas con valores mínimos de 0.46 y valores máximos de 0.93. La correlación entre el valor genético directo de peso al nacimiento y el valor genético materno de peso al nacimiento fue negativa ( $-0.14 \pm 0.15$ ). Así mismo, la correlación genética entre el valor genético directo y materno de peso al destete fue de  $-0.58 \pm 0.15$ . Las correlaciones fenotípicas fueron altas y positivas; la correlación fenotípica entre PN y PD fue de 0.63, mientras que las correlaciones fenotípicas entre PD y P4, P4 y P8, P8 y P13, tomaron valores dentro del rango de 0.66 a 0.76.

Parte de los componentes de varianza mostrados en el Cuadro 5 especifican valores de varianzas de PN debida a la camada

Cuadro 4. Heredabilidades en la diagonal y en negrita, correlaciones genéticas sobre la diagonal y correlaciones fenotípicas debajo de la diagonal de rasgos productivos<sup>1</sup> de la línea de cuyes Mantaro (Junín, Perú)

	PN	PD	P4	P8	P13	PNm	PDm
PN	<b>0.13 (0.03)</b>	0.93 (0.06)	0.94 (0.07)	0.61 (0.08)	0.46 (0.15)	-0.14 (0.15)	-0.41 (0.20)
PD	0.63	<b>0.20 (0.05)</b>	0.94 (0.05)	0.56 (0.10)	0.50 (0.11)	-0.27 (0.17)	-0.58 (0.15)
P4	0.52	0.73	<b>0.14 (0.04)</b>	0.74 (0.05)	0.72 (0.08)	-0.02 (0.15)	-0.30 (0.11)
P8	0.47	0.62	0.66	<b>0.14 (0.03)</b>	0.75 (0.05)	0.24 (0.19)	0.33 (0.18)
P13	0.41	0.51	0.53	0.76	<b>0.12 (0.03)</b>	0.30 (0.19)	0.18 (0.17)
PNm						<b>0.04 (0.01)</b>	0.79 (0.13)
PDm							<b>0.05 (0.02)</b>

<sup>1</sup> Peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD, 15 d), peso a la cuarta semana (P4), peso a la octava semana (P8), peso a la décimo tercera semana (P13), efecto genético materno de peso al nacimiento (PNm), efecto materno de peso al destete (PDm)  
Error estándar entre paréntesis

Cuadro 5. Componentes de varianza<sup>1</sup>, ratio de la varianza debida a la camada con respecto a la varianza fenotípica<sup>2</sup> de los rasgos productivos<sup>3</sup> de las líneas de cuyes Saños y Mantaro (Junín, Perú)

Líneas		$\sigma_p^2$	$\sigma_b^2$	$\sigma_e^2$	$c^2 \pm s.e$
Saño	PN	513.60	295.40	186.03	0.58 ± 0.02
	PD	3328.40	2050.20	817.22	0.61 ± 0.02
	P4	6551.80	3576.00	1818.78	0.54 ± 0.03
	P8	13896.6	7370.90	4711.43	0.53 ± 0.02
	P13	21315.2	12129.90	6371.80	0.57 ± 0.02
Mantaro	PN	596.50	299.96	210.98	0.50 ± 0.02
	PD	3228.10	2083.02	719.56	0.64 ± 0.03
	P4	5451.80	2691.59	2012.87	0.49 ± 0.03
	P8	10503.80	5555.81	3504.67	0.53 ± 0.03
	P13	16577.20	8751.16	6095.69	0.53 ± 0.03

<sup>1</sup> Varianza fenotípica ( $\sigma_p^2$ ), varianza debida a la camada ( $\sigma_b^2$ ) y varianza residual ( $\sigma_e^2$ )

<sup>2</sup> Proporción de la varianza ambiental materna ( $c^2$ )

<sup>3</sup> Peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD), peso a la cuarta semana (P4), peso a la octava semana (P8), peso a la décimo tercera semana (P13)

de 295.40 y 299.96 para las líneas Saños y Mantaro, respectivamente, y varianzas de PD debidas a la camada de 2050.20 y 2083.02 para las líneas Saños y Mantaro, respectivamente. Por lo general, las varianzas debidas a la camada de rasgos posdestete fueron mayores en la línea Saños que en la línea Mantaro. La proporción de la varianza ambiental materna ( $c^2$ ), en ambas líneas fue mayor al peso al destete, con contribuciones del 61 y 64% sobre el fenotipo total de la línea Saños y Mantaro, respectivamente.

## DISCUSIÓN

Las consanguinidades media poblacional de la línea Saños (0.67%) y Mantaro (0.18%) para las líneas Saños y Mantaro fueron menores al 2.011% indicado por Solarte *et al.* (2002), pese a la falta de un esquema de apareamiento adecuado y la reducida población de cada línea. Los autores mencionados utilizaron un esquema de apareamiento Poilley adoptado para cuyes por Ortegón y Morales (2002).

Los pesos evaluados y corregidos por efectos fijos como el tamaño de camada, número de parto y otros, en las mismas líneas genéticas son detallados y discutidos en el estudio publicado por Cruz *et al.* (2021). En el análisis estadístico de los datos no se encontraron diferencias significativas entre las dos líneas para PD y P13, con excepción de mejores valores para PN, P4 y P8 en la línea Saños que en la línea Mantaro, aunque se debe destacar que las diferencias no fueron relevantes.

Las heredabilidades de PN y PD de las dos líneas de cuyes fueron similares a las halladas por Vargas (2015) quien reportó heredabilidades de  $0.158 \pm 0.036$  y  $0.24 \pm 0.05$  para PN y PD de cuyes del genotipo Cieneguilla, respectivamente. Del mismo modo, Rodríguez (2013) reportó heredabilidades de  $0.17 \pm 0.05$  y  $0.26 \pm 0.07$  para PN y PD en el mismo genotipo. Por otro lado,

Solarte *et al.* (2002) obtuvieron heredabilidades de  $0.12 \pm 0.05$  y  $0.13 \pm 0.05$  para PN y PD, respectivamente. Los resultados muestran que las heredabilidades de PN y PD son similares entre ambas líneas. Asimismo, según la escala dada a conocer por Cardellino y Rovira (1987), las heredabilidades de PN de ambas líneas serían bajas, mientras que las heredabilidades de PD entre bajas a moderadas.

Las heredabilidades de los tres caracteres posdestete (P4, P8, P13) fueron similares entre ambas líneas y se encuentran en el rango de bajo a intermedio según la escala de Cardellino y Rovira (1987). Solarte *et al.* (2002), reportaron heredabilidades de  $0.32 \pm 0.04$  y  $0.34 \pm 0.04$  en pesos de cuyes de 4 y 8 semanas, valores superiores a los de esta investigación; posiblemente debido a la inclusión de la varianza ambiental materna dentro de la evaluación para la estima de las heredabilidades de los rasgos mencionados. Las heredabilidades estimadas de P13 para cuyes Saños y Mantaro fueron  $0.13 \pm 0.03$  y  $0.12 \pm 0.03$ , respectivamente, y similares al  $0.17 \pm 0.05$  encontrado por Chauca (1997).

Por lo general, heredabilidades altas aseguran el progreso genético; sin embargo, se debe considerar que las correlaciones genéticas podrían afectar este progreso (Falconer y Mackay, 1996). En el presente estudio se encontró que la influencia del efecto de camada sobre los pesos post destete no demuestra reducción de los efectos no aditivos con el incremento de la edad, tal como lo menciona Solarte *et al.* (2002); quienes mencionaron que es más preciso el uso de las heredabilidades de pesos de posteriores semanas asumiendo que hay reducción de efectos no aditivos en función al incremento de la edad del animal. Por otro lado, las heredabilidades maternas de PN y PD fueron menores a los valores entre 0.11 hasta 0.14 hallados por Cedano *et al.* (2021) en otras líneas genéticas de cuyes, por lo que es preferible el uso del efecto genético directo (heredabilidades directas) en vez de un efecto genético materno (heredabilidad materna).

Las correlaciones fenotípicas son positivas de magnitud entre moderadas a altas según la escala de Mukaka (2012). En la literatura científica se encuentran correlaciones fenotípicas y genéticas como resultado de la aplicación de diversos modelos mixtos que hace que los resultados difieran entre ellos. Así se tiene que Solarte *et al.* (2002) reportaron correlaciones genéticas de  $0.79 \pm 0.13$  entre el peso al nacimiento y el destete, en tanto que Chauca (1997) compiló resultados de investigaciones obteniendo correlaciones fenotípica y genética de 0.47 y  $0.47 \pm 0.1$  entre PN y P4, respectivamente, así como valores variados de correlaciones fenotípicas y genéticas entre PN, PD y P13 obtenido de trabajos realizados en varias zonas geográficas del Perú. Por otro lado, Quijandría *et al.* (1983) reportaron correlaciones fenotípicas de 0.51, 0.38 y 0.46 y correlaciones genéticas de 0.50, 0.24 y 0.61 entre PN y PD, PN y P13 y, PD y P13, respectivamente; en tanto que Hualparuca (2017) en su estudio con cuyes de la línea Saños reportó valores de correlación fenotípicas con rango desde 0.34 hasta 0.81 en machos y desde 0.33 hasta 0.72 en hembras para los diferentes pesos.

La correlación fenotípica entre el PN y PD en ambas líneas fueron numéricamente menores a la correlación entre los demás pesos, posiblemente debido a que los pesos en etapas iniciales suelen ser afectados principalmente por factores exógenos como el tamaño de camada, número de parto de la madre o la competición por el alimento con los adultos a diferencia de etapas posteriores (Burgos *et al.* 2010; Pajares, 2009). Por lo general, los pesos están correlacionados a lo largo de la curva de crecimiento (Coyne *et al.*, 2016), enunciado que concuerda con los valores de correlación obtenidas. Además, los resultados muestran que las correlaciones fenotípicas y genéticas suelen ser mayores entre medidas próximas y menores entre medidas lejanas.

Varianzas de 342.44 y 409.25 debidas al efecto azar de camada ( $\sigma^2_b$ ) para PN fueron reportados por Vargas (2015) y Rodríguez

*et al.* (2013), respectivamente; en tanto que en este estudio fueron de 295.40 y 299.96 para las dos líneas. Así mismo, las varianzas atribuidas por estos autores al efecto al azar de camada para PD fueron de 2054.26 y 1635.40, respectivamente, mientras que en este trabajo se observaron varianzas de 2050.20 y 2083.02. Las proporciones de la varianza de la camada para PN de las líneas Saños y Mantaro representaron aproximadamente el 58 y 50% de la varianza total, mientras que autores como Solarte *et al.* (2002), Rodríguez *et al.* (2013) y Vargas (2015) encontraron contribuciones del 47, 54 y 45.6%, respectivamente; asimismo, estos autores encontraron contribuciones ambientales maternas de 53, 60 y 49 sobre PD, respectivamente, mientras que en esta investigación no superaron el 60%. Los porcentajes obtenidos muestran que hubo una mayor contribución por parte de la varianza ambiental materna sobre PD que sobre PN en ambas líneas. Rodríguez *et al.* (2013) mencionan que los porcentajes altos de la contribución de la varianza ambiental materna puede ser debido al efecto ambiental temporal de la poza.

## CONCLUSIONES

- Los pesos vivos de cuyes de las líneas Saños y Mantaro tienen heredabilidades bajas a medias, y las correlaciones genéticas y fenotípicas entre los pesos son positivas y entre moderadas y altas.
- La selección podría hacerse en cualquiera de los rasgos evaluados por estar correlacionados positivamente; sin embargo, el peso al destete es el que tiene mayor heredabilidad y podría ser utilizado con fines de evaluación genética.
- Las heredabilidades directas de los rasgos evaluados fueron mayores a las heredabilidades maternas en ambas líneas de cuyes, por lo que se debería de considerar al momento de estimar los valores genéticos de los rasgos evaluados.

- Las heredabilidades y la ratio de la varianza debida a la camada con respecto a la varianza fenotípica fueron similares entre ambas líneas de cuyes evaluadas.
- Las contribuciones debidas a la varianza ambiental materna resultaron tener una alta influencia sobre los rasgos en estudio, con proporciones que van desde el 49 al 64%.

### Agradecimientos

Los autores agradecen al Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura (IICA), por el financiamiento del proyecto. Del mismo modo, agradecen al Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA) y al personal de apoyo Ing. Nancy Kajjak y Tec. Norma Garay Lazo, quienes trabajaron desde el inicio con las líneas de cuyes hasta su consolidación.

### LITERATURA CITADA

1. **Atter Calero C. 1998.** History and importance of guinea pig production for the indigenous people of the Peruvian Andes. MSc Thesis. USA: University of Montana. 91 p.
2. **Burgos-Paz W, Solarte-Portilla C, Cerrón-Muñoz M. 2010.** Efecto del tamaño de camada y número de parto en el crecimiento de cuyes (*Cavia porcellus* Rodentia: caviidae). Rev Lasallista Investig 72: 47-55.
3. **Cardellino R, Rovira J. 1987.** Mejoramiento genético animal. 2° ed. Montevideo, Uruguay: Ed Agropecuaria Hemisferio Sur. 253 p.
4. **Cassell BG 2009.** Using heritability for genetic improvement. Virginia Cooperative Extension. Publication 404-084. [Internet]. Available in: <http://hdl.handle.net/10919/48372>
5. **Casart Y, Falconí M. 2016.** Tipificación molecular de Salmonella aislada de cuyes (*Cavia porcellus*) de Loja, Ecuador. Rev Cient Ecuatoriana 3(1). doi: 10.36331/revista.v3i1.19
6. **Cedano-Castro J, Jiménez R, Huamán A, Wurzinger M, Gutiérrez G. 2021.** Estimation of genetic parameters for four Peruvian guinea pig lines. Trop Anim Health Prod 53: 34. doi: 10.1007/s11250-020-02473-6
7. **Chauca L. 1997.** Producción de cuyes (*Cavia porcellus*). Roma: FAO. [Internet]. Disponible en: <https://www.fao.org/3/w6562s/w6562s00.htm>
8. **Coyne JM, Matilainen D, Berry DP, Sevón-Aimonen M-L, Mäntysaari EA, Juga J, Serenius T. 2016.** Estimation of genetic (co) variances of Gompertz growth function parameters in pigs. J Anim Breed Genet 134. doi: 10.1111/jbg.12237
9. **Cruz DJ, Passuni Huayta J, Corredor F-A, Pascual M. 2021.** Parámetros productivos y reproductivos de cuyes (*Cavia porcellus*) de las líneas Saños y Mantaro. Rev Inv Vet Perú 32: e20397. doi: 10.15381/rivep.v32i3.20397
10. **Cruz DJ, Ticona Huaroco C, Pascual Amoros M. 2019.** Advantages of using economic weights in animal production. Vet Zootec 13: 93-98. doi: 10.17151/vetzo.2019.13.1.7
11. **Dillard EU, Vaccaro R, Lozano J, Robison OW. 1972.** Phenotypic and genetic parameters for growth in guinea pigs. J Anim Sci 34: 193-195. doi: 10.2527/jas1972.342193x
12. **Etterson JR. 2016.** Climate change, quantitative genetics and. In: Encyclopedia of evolutionary biology. Elsevier. p 277-286.
13. **Falconer DS, Mackay TEC. 1996.** Introduction to quantitative genetics. 4<sup>th</sup> ed. Essex: Longman. 480 p.
14. **Gianola D, Hammond K. 1987.** Statistical methods in the genetic improvement of livestock. Springer. 540 p.

15. **Groeneveld E. 2010.** VCE User's Guide and Reference Manual v. 6.0.
16. **Gutiérrez JP. 2010.** Iniciación a la valoración genética animal: metodología adaptada al EEES. Madrid, España: UCM Editorial Complutense. 355 p.
17. **Henderson CR. 1984.** Applications of linear models in animal breeding. Ontario, Canada: University of Guelph. 462 p.
18. **Hualparuca J. 2017.** Determinación de regresiones y correlaciones fenotípicas de características productivas en cuyes de la línea Kory Imperial en el I.N.I.A. Santa Ana – Huancayo. Tesis de Ingeniero Zootecnista. Huancayo, Perú: Universidad Nacional del Centro del Perú. 66 p.
19. **Jiang X, Groen A, Brascamp E. 1999.** Discounted expressions of traits in broiler breeding programs. *Poultry Sci* 78: 307-316. doi: 10.1093/ps/78.3.307
20. **Mrode AR. 2014.** Linear models for the prediction of animal breeding values. 3<sup>rd</sup> ed. CABI. 360 p.
21. **Mukaka MM. 2012.** Statistics corner: a guide to appropriate use of correlation coefficient in medical research. *Malawi Med J* 24: 69 -71.
22. **Navarro J. 2016.** Caracterización zoométrica de cuyes de la Línea Mantaro en la E.E.A. Santa Ana - INIA Huancayo. Tesis de Ingeniero Zootecnista. Huancayo, Perú: Universidad Nacional del Centro del Perú. 72 p.
23. **Olesen I, Groen AF, Gjerde B. 2000.** Definition of animal breeding goals for sustainable production systems. *J Anim Sci* 78: 570-582. doi: 10.2527/2000.-783570x
24. **Ortegón M, Morales F. 2002.** El cuy. Pasto, Colombia: Universidad de Nariño. 295 p.
25. **Pajares C. 2009.** Reproducción y manejo reproductivo en cuyes (*Cavia porcellus*). Sirivs. [Internet]. Disponible en: <https://docplayer.es/18943205-Reproduccion-y-manejo-reproductivo-en-cuyes-cavia-porcellus.html>
26. **Pascual M, Cruz DJ, Blasco A. 2017.** Modeling production functions and economic weights in intensive meat production of guinea pigs. *Trop Anim Health Prod* 49: 1361-1367. doi: 10.1007/s11250-017-1334-4
27. **Pinheiro J, Bates D, DebRoy S, Sarkar D, R Core Team. 2021.** nlme: Linear and nonlinear mixed effects models (R package version 3.1-152). [Internet]. Available in: <https://cran.r-project.org/package=nlme>
28. **Portocarrero J, Hidalgo V. 2015.** Evaluación de una premezcla orgánica comercial en dietas de crecimiento engorde para cuyes (*Cavia porcellus*) sobre parámetros productivos. *Anales Científicos* 76: 219-224. doi: 10.21704/ac.v76i2.784
29. **Quijandria B, Chauca L, Robison OW. 1983.** Selection in guinea pigs: I. Estimation of phenotypic and genetic parameters for litter size and body weight. *J Anim Sci* 56: 814-819. doi: 10.2527/jas1983.564814x
30. **R Core Team. 2020.** R: a language and environment for statistical computing. [Internet]. Available in: <https://www.r-project.org/>
31. **Reyes R. 2015.** Influencia de las características fenotípicas externas de cuyes de la Línea Mantaro en la producción y reproducción, en la estación experimental Santa Ana del INIA-Huancayo. Tesis de Ingeniero Zootecnista. Huancayo, Perú: Univ. Nacional del Centro del Perú. 61 p.
32. **Rivas Valencia C, Rico Numbela E. 2014.** Distinción de rasgos genéticos en líneas de cuyes. *Rev Científ Inv Infor* 1: 38-46.
33. **Rodríguez H. 2013.** Evaluación fenotípica y estimación de parámetros genéticos en características productivas y reproductivas en cuyes de la granja de Cieneguilla. Tesis Doctoral. Lima, Perú: Univ Nacional Agraria La Molina. 79 p.
34. **Rodríguez H, Palomino M, Hidalgo V, Gutiérrez G. 2013.** Efectos de factores fijos y al azar sobre el peso al nacimiento y al destete en cuyes de la costa

- central del Perú. *Rev Inv Vet Perú* 24: 16-24. doi: 10.15381/rivep.v24i1.1647
35. **Roff DA, Roff DA. 1997.** The genetic correlation. In: *Evolutionary quantitative genetics*. USA: Springer. p 73-117.
36. **Solarte C, Imuez A, Pérez T. 2002.** Modelo animal multicarácter para la estimación de parámetros genéticos del *Cavia porcellus* en Colombia. *Rev Cubana Cienc Agríc* 36: 19-24.
37. **van Rheenen W, Peyrot WJ, Schork AJ, Lee SH, Wray NR. 2019.** Genetic correlations of polygenic disease traits: from theory to practice. *Nature Reviews Genetics* 20: 567-581. doi: 10.1038/s41576-019-0137-z
38. **Vargas A. 2015.** Estimación de parámetros genéticos en cuyes utilizando ASReml-R. *Anales Científicos* 76: 393-395. doi: org/10.21704/ac.v76i2.806