

EVALUACIÓN GENÉTICA MULTIRRACIAL DEL *Cavia porcellus* EN NARIÑO-  
COLOMBIA

CESAR AUGUSTO CAMACHO FAJARDO

UNIVERSIDAD DE NARIÑO  
FACULTAD DE CIENCIAS PECUARIAS  
PROGRAMA DE ZOOTECNIA  
SAN JUAN DE PASTO  
2014

EVALUACIÓN GENÉTICA MULTIRRACIAL DEL *Cavia porcellus* EN NARIÑO-  
COLOMBIA

CESAR AUGUSTO CAMACHO FAJARDO

Informe final de trabajo de grado presentado como requisito parcial para optar al  
título de ZOOTECNISTA

CARLOS E. SOLARTE PORTILLA  
Zoot. M. Sc. Ph. D.  
Director

WILLIAM ORLANDO BURGOS PAZ  
Zoot. M. Sc. Ph. D.  
Codirector

UNIVERSIDAD DE NARIÑO  
FACULTAD DE CIENCIAS PECUARIAS  
PROGRAMA DE ZOOTECNIA  
SAN JUAN DE PASTO  
2014

“las ideas y conclusiones aportadas en la tesis de grado son responsabilidad exclusiva de su autor”

Artículo 1° del acuerdo N° 324 de octubre 11 de 1966, emanado por el Honorable Consejo Directivo de la universidad de Nariño.

Nota de aceptación

---

---

---

---

---

---

---

---

CARLOS E. SOLARTE PORTILLA  
Zoot. M. Sc. Ph. D. Director

---

WILLIAM ORLANDO BURGOS PAZ  
Zoot. M. Sc. Ph. D. Codirector

---

LUIS ERNESTO VITERI SARASTY  
Zoot. Jurado Delegado

---

HERNAN ABDON GARCÍA  
Lic. Fis. Mat. M. Sc. Jurado

San Juan de pasto, Noviembre del 2014

## AGRADECIMIENTOS

Al Dr. Carlos Solarte por confiar en mí tantos conocimientos y ese arduo apoyo en la consecución de este proyecto, permitirme sentarme en hombros de gigantes.

Al Dr. William Burgos por aportar a este trabajo sus conocimientos y guía para conseguir un buen fin.

A mis Jurados, Luis Viteri y Hernan García por darme la oportunidad y el acompañamiento en mejorar este trabajo.

Al Dr. Mauricio Elzo, que por medio de sus escritos y al compartir sus conocimientos.

Al Dr. Mario Cerón, quien compartió su experiencia en la aplicación de estos modelos.

Al M. Sc. Carlos Martínez, quien me dio pautas en el manejo de WOMBAT y compartió sus opiniones del trabajo.

A la M. Sc. Lesvy Ramos y Jhon Parreño por compartirme sus conocimientos y experiencias en la producción de cuyes.

Con la Universidad de Nariño, el Director y exdirector de granjas Hernán Ojeda Jurado y Oscar Fernando Benavides Espíndola por las facilidades que me prestaron en sus momentos, como también al personal de la Granja experimental Botana por su apoyo y amistad, Yobani, Jorge, Fredy, Eder, Fredy, Gutiérrez, Hermes, Carlos.

Para ese grupo de compañeros interesados en el mejoramiento animal Carlos, Carolina, Diana C., Diana, Oscar, Pamela, Paula, Sara y Viviana.

A la Dr. Paulina Dávila y a mi compañero Alexander Moreno por mostrarme el camino de regreso a la universidad.

Con el Profesor Fernando Soto por el grupo de estudio que se formó.

Al profesor Álvaro Burbano del CENTRO DE ESTUDIOS Y ASESORIAS EN ESTADISTICA (CEASE).

A MI AMIGA LORENA QUIEN ME APOYO COMO EDITORA EN TANTOS  
ESCRITOS RELACIONADOS A ESTE TRABAJO.

## DEDICATORIA

A mis dos grandes padres Ever Camacho Perea y Leonor Esperanza Fajardo Guzman dadivosos de todo este luengo vuelo, donde se eterniza la estela de su educación.

A mis hermanos Diego, Ever, Mario y como a los de crianza Edna, Yenny, Diego A. (Q. E. P. D.), Zamir, Darwin, por compartir este ratico, en el que tuvimos y seguiremos teniendo tantas bendiciones.

A mis tíos y tías Fito, Fanny, Diego, Nacho y Mercedes, como también a todos mis demás familiares al hacer de este camino un poco menos fatigoso.

En memoria de mis seres queridos.

A todas las manifestaciones en personas y acciones de ese gran ser, compañía en todas mis luchas.

## RESUMEN

El presente trabajo tuvo como objetivo realizar la evaluación genética de una población multirracial de cuyes (*C. porcellus*) en la granja Botana, de la universidad de Nariño en Colombia. Para este propósito se utilizaron las razas puras peruana y colombiana, las que previamente fueron analizadas molecularmente, mediante marcadores moleculares AFLP y RAP en los trabajos de Solarte et al<sup>1</sup> y Burgos<sup>2</sup> respectivamente, lo que permite identificar los animales de una y otra población.

A partir de los núcleos puros se realizaron los correspondientes cruzamientos para obtener grupos con las composiciones raciales  $\frac{1}{2}$  peruano  $\frac{1}{2}$  colombiano;  $\frac{3}{4}$  peruano  $\frac{1}{4}$  colombiano;  $\frac{1}{4}$  peruano  $\frac{3}{4}$  colombiano;  $\frac{5}{8}$  peruano  $\frac{3}{8}$  colombiano;  $\frac{3}{8}$  peruano  $\frac{5}{8}$  colombiano.

En este estudio se realizó la evaluación genética en una población multirracial de 1730 animales, constituida por 252 parentales; 50 machos y 202 hembras, distribuidos entre colombianos, peruanos y sus híbridos, obteniendo una población generacional dialéctica incompleta.

Se calculó la heredabilidad ( $h^2$ ) y las proporciones de variabilidad del fenotipo representado por los efectos materno ( $m^2$ ) y de camada ( $\sigma_c^2$ ), de las variables peso al nacimiento, al destete, cuarta, octava y duodécima semana, para toda la población multirracial en conjunto, con cero consanguinidad. Los valores encontrados para peso al nacimiento fueron,  $h^2=0,232 \pm 0,085$ ,  $m^2=0,003 \pm 0,04$  y  $\sigma_c^2=0,405 \pm 0,04$ ; peso al destete,  $h^2=0,211 \pm 0,085$ ,  $m^2=0,007 \pm 0,045$  y  $\sigma_c^2=0,496 \pm 0,044$ ; peso a la cuarta semanas,  $h^2=0,178 \pm 0,089$ ,  $m^2=0,000 \pm 0,044$  y  $\sigma_c^2=0,468 \pm 0,045$ ; peso a la octava semana,  $h^2=0,178 \pm 0,096$ ,  $m^2=0,032 \pm 0,046$  y  $\sigma_c^2=0,336 \pm 0,044$ ; peso a la doceava semana,  $h^2=0,133 \pm 0,091$ ,  $m^2=0,034 \pm 0,043$  y  $\sigma_c^2=0,229 \pm 0,042$ .

Se estimó los valores genéticos totales para cada uno de los animales, aplicando modelos lineales generalizados. Se encontró diferencias significativas ( $p<0,05$ )

---

<sup>1</sup> SOLARTE, P., Carlos. ROSERO, G., Carol. CÁRDENAS, H., Heiber. BURGOS, P., William. Caracterización molecular de tres líneas de *Cavia porcellus* mediante la aplicación de AFLP. [online], 2007 [citado 1 Marzo 2012] Disponible en internet: <<http://promegalac.udenar.edu.co/wp-content/uploads/2010/05/Caracterizacion-molecular-de-tres-lineas-de-Cavia-porcellus-mediante-la-aplicacion-de-AFLP.pdf>>

<sup>2</sup> Tomado de TRABAJO DE GRADO DE BURGOS, P, William. Estudio de la diversidad genética de tres líneas de Cuyes *Cavia porcellus* Lin. (*Rodentia: Caviidae*) mediante el marcador molecular RAPD. Trabajo de grado Zootecnista. Pasto: Universidad de Nariño, Facultad de ciencias pecuarias. Departamento de producción y procesamiento animal, 2007. 78 p.

para todos los pesos, mediante la prueba estadística de rango estudentizado de Tukey en los valores genéticos totales, la población que más diferencias significativas se observan para los cuatro caracteres productivos, pesos; nacimiento; destete; cuarta y octava semana de vida, es la población peruana lo que indica que esta es la recomendada para continuar con la reproducción comercial bajo las condiciones del estudio, sin embargo, es necesario conservar la raza nativa como un recurso zoogenéticos.

Palabras claves: *Cavia porcellus*, selección, parámetros genéticos.

## ABSTRACT

The aim of this research was to perform the genetic evaluation of a multibreed population of guinea pig (*C. porcellus*) in the farm Botana of the University of Nariño in Colombia. For this purpose the Peruvian and Colombian pure breeds were used, which were previously molecularly analyzed molecular markers to AFLP and RAP works by Solarte et al and Burgos respectively, which enabled the assignation of animal to each population

From the pure nuclei corresponding crosses were performed for groups with racial compositions  $\frac{1}{2}$  peruvian  $\frac{1}{2}$  colombian;  $\frac{3}{4}$  peruvian  $\frac{1}{4}$  colombian;  $\frac{1}{4}$  peruvian  $\frac{3}{4}$  colombian;  $\frac{5}{8}$  peruvian  $\frac{3}{8}$  colombian;  $\frac{3}{8}$  peruvian  $\frac{5}{8}$  colombian.

In this study the genetic evaluation was performed in a multiracial population of 1730 animals, incorporated in its parent population of 252, 50 males and 202 females, animals among Colombians, Peruvians and their hybrids, obtaining generations, were incomplete diallel population.

Were calculated heritability ( $h^2$ ) and proportion of phenotypic variability by; maternal ( $m^2$ ) and litter size ( $\sigma_c^2$ ), to the variables weights at birth, weaning, the fourth to the eighth and twelfth week, all multibreed population together with zero inbreeding. The values find  $h^2= 0.232 \pm 0.085$ ,  $m^2=0.003 \pm 0.04$  and  $\sigma_c^2=0.405 \pm 0.04$  for birth weight, weaning weight was  $h^2=0.211 \pm 0.085$ ,  $m^2=0.007 \pm 0.045$  and  $\sigma_c^2=0.496 \pm 0.044$ , the fourth week weight was  $h_a^2=0,178 \pm 0.089$   $m^2=0.000 \pm 0.044$  and  $\sigma_c^2=0.468 \pm 0.045$ , weight at eight weeks was  $h^2=0.178 \pm 0.096$ ,  $m^2=0.032 \pm 0.046$  and  $\sigma_c^2=0,336 \pm 0,044$ , for the twelfth week weight was  $0.133 \pm 0.091$ ,  $0.034 \pm 0.043$  and  $0.229 \pm 0.042$ .

Total genetic values for each animal were estimated, using generalized linear models. Significant differences ( $p < 0.05$ ) for all weights find by the statistical test of Tukey Studentized range in total breeding values, the population most significant differences were observed for the four weights production traits, birth; weaning; fourth and eighth week of life, is the peruvian population indicating that this is the recommended way to continue commercial reproduction under the conditions of the study, however, is necessary to preserve the native animal as a genetic resource

Key words: *Cavia porcellus*, selection, genetic parameters.

## CONTENIDO

	Pág.
INTRODUCCIÓN	13
1. DEFINICIÓN Y DELIMITACIÓN DEL PROBLEMA	14
2. FORMULACIÓN DEL PROBLEMA	16
3. OBJETIVOS	17
3.1 OBJETIVO GENERAL	17
3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	17
4. MARCO TEÓRICO	18
4.1 ORDEN DEL MATERIAL GENÉTICO	18
4.1.1 Recombinación genética.	18
4.2 POBLACIÓN	19
4.2.1 Especie raza y grupos subraciales.	19
4.3 HETEROSIS O VIGOR HÍBRIDO	21
4.3.1 Tipos de heterosis.	21
4.3.2 Posibles bases genéticas de la heterosis.	22
4.4 EVALUACIONES GENÉTICAS.	22
4.5 MODELO MULTIRRACIAL	25
4.5.1 Conectividad de los grupos contemporáneos.	26
4.6 EL CUY <i>Cavia porcellus</i> (RODENTIA: CAVIIDAE)	27
4.6.1 Diferencias entre cuyes peruanos y colombianos.	28
5. DISEÑO METODOLOGICO	29
5.1 LOCALIZACIÓN	29
5.2 METODOLOGÍA	29
5.2.1 Formación de la población multirracial a evaluar.	29
5.2.2 Recopilación y procesamiento de los datos.	30
5.3 ANÁLISIS ESTADÍSTICO	31
5.3.1 Variables evaluadas.	31
5.3.2 Estimación de heterosis.	31
5.3.3 Modelo multirracial univariado.	33
5.3.4 Fórmulas de predicción de valores genéticos.	35
5.4 FORMULACIÓN DE HIPÓTESIS	36
6. PRESENTACIÓN Y DISCUSIÓN DE RESULTADOS	38
6.1 HEREDABILIDAD ( $h^2$ ), PARA PESOS AL NACIMIENTO Y DESTETE	38
6.2 PROPORCIÓN DE VARIANZA FENOTÍPICA DADA POR EL EFECTO COMÚN DE CAMADA ( $\sigma_c^2$ ) PARA PESOS AL NACIMIENTO Y DESTETE	39
6.3 PROPORCIÓN DE VARIANZA FENOTÍPICA DADA POR EL EFECTO MATERNO ( $m^2$ ) PARA PESOS AL NACIMIENTO Y DESTETE	39
6.4 HEREDABILIDAD ( $h^2$ ), PARA PESOS A LAS CUATRO, OCHO Y DOCE SEMANAS	40
6.5 PROPORCIÓN DE VARIANZA FENOTÍPICA DADA POR EL EFECTO	

MATERNO ( $m^2$ ) PARA PESOS A LAS CUATRO, OCHO Y DOCE SEMANAS	41
6.6 PROPORCIÓN DE VARIANZA FENOTÍPICA DADA POR EL EFECTO COMÚN DE CAMADA ( $\sigma_c^2$ ) PARA PESOS A LAS CUATRO, OCHO Y DOCE SEMANAS	41
6.7 ESTIMACIÓN DE LOS CUADRADOS MEDIOS GENERALIZADOS PARA <i>HDI</i> Y <i>Hm</i>	42
6.8 ESTIMADOS PARA VARIANZA RESIDUAL, ADITIVA, MATERNO, CAMADA Y FENOTÍPICA	43
6.9 VALORES ENCONTRADOS PARA LOS VALORES GENÉTICOS $V_{G_a}$ , $V_{G_{na}}$ , Y $V_{G_t}$ .	43
6.10 COMPARACIÓN DE LOS $V_{G_t}$ ESTIMADOS PARA LOS CRUCES	44
7. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES	48
7.1 CONCLUSIONES	48
7.2 RECOMENDACIONES	49
BIBLIOGRAFÍA	
ANEXOS	

## LISTA DE TABLAS

	pág.
Tabla 1. Variables pesos evaluados en el presente trabajo	32
Tabla 2. Clasificación general de la Heredabilidad según características de producción	39
Tabla 3. Heredabilidad, proporción de varianza fenotípica dada por el efecto común de camada y materno.	40
Tabla 4. Estimación de los cuadrados medios generalizados para $HDI$ y $Hmen$ todos los pesos.	43
Tabla 5. Estimados para varianza residual, aditiva, materna y camada.	43
Tabla 6. Estadística descriptiva para los pesos al nacimiento y destete $VG_a$ , $VG_{na}$ y $VG_t$ .	44
Tabla 7. Estadística descriptiva para P4, P8 y P12, $VG_a$ , $VG_{na}$ y $VG_t$ .	44
Tabla 8. Proporciones de raza que obtuvieron diferencias en cada peso.	45
Tabla 9. Animales con la mejor clasificación individual por DEPMT.	46

## LISTA DE ANEXOS

	pág.
Anexo A. Histogramas de frecuencias en R-project, para cada uno de los pesos evaluados.	55
Anexo B. Prueba de Shapiro-Wilk para cada uno de los pesos evaluados, con un nivel de confianza 0,05.	55
Anexo C. Clasificación individual de los primeros 50 animales de mayor a menor DEPMT para PN y PD.	56
Anexo D. Clasificación individual de los primeros 50 animales de mayor a menor DEPMT para P4, P8 y P12.	57
Anexo E. Procedimiento GLM para peso al nacimiento, variable dependiente $VG_t$ .	59
Anexo F. Prueba HSD para peso al nacimiento, variable dependiente $VG_t$ .	59
Anexo G. Procedimiento GLM para peso al destete, variable dependiente $VG_t$ .	61
Anexo H. Prueba HSD para peso al destete, variable dependiente $VG_t$ .	61
Anexo I. Procedimiento GLM para peso cuarta semana, variable dependiente $VG_t$ .	63
Anexo J. Prueba HSD para peso cuarta semana, variable dependiente $VG_t$ .	63
Anexo K. Procedimiento GLM para peso octava semana, variable dependiente $VG_t$ .	65
Anexo L. Prueba HSD para peso octava semana, variable dependiente $VG_t$ .	65
Anexo M. Procedimiento GLM para peso doceava semana, variable dependiente $VG_t$ .	67
Anexo N. Prueba HSD para peso a la doceava semana, variable dependiente $VG_t$ .	67
Anexo O. Foto de un cuy pesado por medio del método de oscuridad.	70
Anexo P. Algunas modificaciones hechas en el galpón de pozas.	70

## GLOSARIO

**COVARIABLE:** son variables continuas, las cuales, tienen relación con la variable tratamiento y la variable respuesta.

**EFFECTOS ALEATORIOS:** variables continuas las cuales modelan la varianza, por tanto son extensibles a toda la población.

**EFFECTOS FIJOS:** son variables discretas, encargadas de modelar la media, sin poderse extender más allá de sus propios niveles.

**ENDOGAMIA:** apareamiento realizado entre individuos de poblaciones genéticamente aisladas, resultando en descendencias homogéneas.

**ETNOLOGÍA ZOOTÉCNICA:** Ciencia que se encarga del estudio de las razas en animales.

**EROSIÓN GENÉTICA:** es la pérdida de variación genética, por la falta de conservación de las especies nativas.

**EXOGENIA:** apareamiento realizado entre individuos de poblaciones genéticamente distintas, resultando en descendencias homogéneas.

**MODELO:** mínima representación de un fenómeno más complejo, delimitándose en modelo matemático determinístico y modelo probabilístico, no determinístico o estocástico. El primero estima la misma respuesta a partir de las mismas entradas y el segundo, usa las mismas consideraciones que en el anterior modelo, además, especifica una distribución de probabilidad.

**RECURSOS ZOOGENÉTICOS:** son todas las especies de interés Zootécnico de un territorio.

**SISTEMAS DE REPRODUCCIÓN:** se destacan tres los cuales son; S. continuo, es donde los reproductores se mantienen en la poza durante los 4 partos de cada hembra; S. posdestete, la hembra envasada paren en una poza grupal; S. controlado, las hembras se dejan en presencia del macho durante 34 días.

**VARIABLES ALEATORIAS:** son datos impredecibles con anticipación, pueden ser de dos tipos, cualitativas, observaciones subjetivas no tienen más de una clase. Cuantitativas, expresan magnitud representada por números.

**VARIABLE CONTINUA:** característica o atributo que se representa con valores de carácter numérico, entre dos puntos del plano cartesiano.

VARIABLE DISCRETA O DISCONTINUA: consta de unidades o partes separadas unas de otras, toman valores enteros.

## INTRODUCCIÓN

Los sistemas de producción de cuyes (*Cavia porcellus*) son de gran importancia en el departamento de Nariño, así como en los países de Ecuador, Perú y Bolivia, dado su alto valor biológico, precocidad y ciclo reproductivo corto. Mayoritariamente los sistemas de producción de cuyes son de tipo el familiar, aunque también encontramos el nivel comercial y la combinación de los dos, es decir, familiar-comercial.

En la granja experimental Botana de la Universidad de Nariño se ha llevado a cabo diferentes estudios relacionados con el mejoramiento genético del cuy, incluidos la selección masal o la evaluación genética con modelo animal, con el fin de obtener animales de mayor mérito genético. Sin embargo, hasta la fecha no se ha tenido en cuenta la importancia del cruzamiento de las dos principales poblaciones presentes en el departamento, las líneas peruana y colombiana, identificadas como poblaciones sin flujo genético entre ellas a partir de información de marcadores moleculares<sup>3 4</sup>.

La aplicación de cruzamientos de líneas o razas de animales, así como la implementación de modelos multirraciales permiten explorar el componente de varianza genética no aditiva, entendida como la habilidad o aptitud combinatoria específica en el individuo. En este caso, las líneas cruzadas presentan interacciones génicas que producen heterosis, y donde se espera que los animales cruzados sean superiores a la media de las poblaciones parentales.

El aporte de esta investigación es obtener parámetros genéticos de una población normal como también estimaciones generales de una multipoblación constituida por grupos de poblaciones de diferente proporción racial de cuyes para una producción tecnificada. Entre los parámetros de importancia se destaca la heredabilidad en sentido amplio, consecuente al determinar la variabilidad genética no aditiva, y el valor genético total que se define como la habilidad del animal en combinar el valor genético aditivo y el no aditivo. Considerado como un indicador de la selección de los reproductores.

Al establecerse un sistema de cruzamiento, evaluado por modelo multirracial, se genera un continuo cambio en las frecuencias genéticas, principalmente por la influencia de la selección y la migración además del mejoramiento de los animales colombianos. De este modo, es posible evitar la erosión genética de los ejemplares colombianos y peruanos.

---

<sup>3</sup> BURGOS Op. cit, p. 11.

<sup>4</sup> SOLARTE. cit, p. 20.

## 1. DEFINICIÓN Y DELIMITACIÓN DEL PROBLEMA

En Colombia, la producción del cuy se concentra en el Departamento de Nariño; sus modelos productivos van desde el nivel familiar, sin ninguna tecnificación hasta el tecnificado Caicedo<sup>5</sup>. En el consolidado agropecuario (2013), se reporta un número de animales de 2.745.682 y 52.032 producciones cuyícolas en este Departamento<sup>6</sup>.

Por su importancia económica y cultural, el cuy se ha estudiado ampliamente en sus aspectos más relevantes desde el punto de vista reproductivo, nutricional y genético. Sobre este último, en las evaluaciones genéticas se han empleado únicamente modelos uní- raciales, generalmente adaptados de otras especies similares como los conejos y visones<sup>7</sup>. Igualmente se han utilizado cruzamientos entre animales de línea peruana y líneas colombianas, de tal manera que en el Departamento de Nariño la población de cuyes está realmente compuesta por animales puros y cruzados.

Como se mencionó anteriormente, en el caso concreto de Nariño únicamente se ha identificado el desempeño de animales puros (o puros por cruzamiento), pero no se conoce el desempeño de los animales cruzados en lo referente a las variables de importancia económica como los pesos al destete, cuarta, octava y duodécima semana. Entre las en las proporciones raciales a evaluar podemos destacar los  $\frac{1}{2}$  peruano  $\frac{1}{2}$  colombiano;  $\frac{3}{4}$  peruano  $\frac{1}{4}$  colombiano;  $\frac{1}{4}$  peruano  $\frac{3}{4}$  colombiano;  $\frac{5}{8}$  peruano  $\frac{3}{8}$  colombiano;  $\frac{3}{8}$  peruano  $\frac{5}{8}$  colombiano.

Los modelos de evaluación genética multirracial, permiten la obtención de los valores genéticos de animales pertenecientes a una población de diferente composición racial. La estructura de este tipo de modelo, dependerá de la característica a evaluar y de la población multirracial a ser analizada, obteniéndose al final, valores genéticos aditivos, no aditivos y totales<sup>8</sup>.

En el pasado se ha buscado la adaptación de los animales peruanos a las condiciones del trópico alto de Nariño, por medio de sistemas de cruzamiento, sin

---

<sup>5</sup> CAICEDO Alberto. Experiencias investigativas en la producción de cuyes. Pasto: universidad de Nariño, 1999. p. 506

<sup>6</sup> SECRETARÍA DE AGRICULTURA Y MEDIO AMBIENTE. Consolidado agropecuario 2013. Pasto. GOBERNACIÓN DE NARIÑO; 2011.

<sup>7</sup> SOLARTE, C. SOTO. F., PÉREZ. T., Multitrait animal model for the selection of *Cavia porcellus* parents in Colombia. Cuban Journal of Agricultural Science [online], 2002 [citado 1 Marzo 2012]. Disponible en Internet: <<http://promegalac.udlenar.edu.co/wp-content/uploads/2010/04/Multitrait-animal-model-for-the-selection-of-Cavia-porcellus-parents-in-Colombia.pdf>>

<sup>8</sup> VERGARA Oscar. CERÓN, Mario. ELZO, Mauricio. Modelos de evaluación genética multirracial caso peso al destete en bovinos. [online], 2010 [citado 13 Marzo 2012]. Disponible en Internet: <<http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=69319041012>>

determinar los parámetros genéticos de una población multirracial, por tanto, ¿cómo se puede lograr el aprovechamiento de los beneficios de tener animales heterocigotos en una producción de cuyes? Para responder esta pregunta, consideramos que entre las subpoblaciones evaluadas de un sistema dialélico incompleto la media de los valores genéticos totales es diferente estadísticamente del valor genético de los individuos puros, en cada uno de los pesos de interés económico.

## 2. FORMULACIÓN DEL PROBLEMA

¿Cuál de las proporciones raciales resultantes del cruzamiento entre cuyes colombianos y peruanos presenta el mejor desempeño productivo y reproductivo de los animales?

### 3. OBJETIVOS

#### 3.1 OBJETIVO GENERAL

3.1.1 Evaluar genéticamente una población cruzada de cuyes (*Cavia porcellus*) en Nariño-Colombia utilizando modelos multirraciales.

#### 3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

3.2.1 Determinar los valores genéticos aditivos, no aditivos y totales para peso al destete, cuatro semanas, ocho semanas, y 12 semanas en las proporciones raciales  $\frac{1}{2}$  peruano  $\frac{1}{2}$  colombiano;  $\frac{3}{4}$  peruano  $\frac{1}{4}$  colombiano;  $\frac{1}{4}$  peruano  $\frac{3}{4}$  colombiano ;  $\frac{5}{8}$  peruano  $\frac{3}{8}$  colombiano;  $\frac{3}{8}$  peruano  $\frac{5}{8}$  colombiano.

3.2.2 Recomendar la proporción racial más adecuada para la producción comercial, con base en los valores genéticos totales.

## 4. MARCO TEÓRICO

### 4.1 ORDEN DEL MATERIAL GENÉTICO

En la literatura, es posible encontrar múltiples definiciones de gen, aunque podríamos resumirla como una categoría de secuencias de ácidos nucleicos que funcionan como unidades de la herencia y codifican las instrucciones básicas para el desarrollo, la reproducción y mantenimiento del ser vivo.

Cardellino y Rovira<sup>9</sup> definen al gen como una unidad de herencia que codifica las instrucciones básicas para la síntesis de proteínas, las mismas que tienen diferentes funciones, entre las que se encuentra la estructural, relacionada con el desarrollo muscular. El gen ocupa un lugar en el cromosoma denominado locus, y cuyo plural es loci. Los alcances logrados en los estudios a nivel genómico han permitido establecer la compleja organización y funciones de los genes y del genoma<sup>10</sup>.

Desde el punto de vista de la genética cuantitativa, la complejidad de los genomas nos conduce a nuevos retos en la identificación de las causas de la variación fenotípica. De hecho, Cardellino y Rovira<sup>11</sup> manifiestan que la mayoría de los fenómenos de la herencia descritos en las leyes de Mendel y sus excepciones, se deben a las interacciones de genes. Cuando están en un mismo locus, dichas interacciones entre genes se denominan interacciones alélicas (dominancia; completa, incompleta, sobredominancia) y cuando están en diferentes locus o diferentes cromosomas se las llaman interacciones no alélicas (epítasis). Adicionalmente, dichas interacciones y su complejidad dependen también de la especificación de los alelos presentes en cada locus y el número o proporción de los diferentes alelos en cada locus, afectados por la selección, mutación, migración y deriva génica<sup>12</sup>.

4.1.1 Recombinación genética. Para Macarulla y Goñi<sup>13</sup>, la recombinación genética es el proceso por el cual se producen nuevos arreglos del ácido

---

<sup>9</sup> CARDELLINO, R. y ROVIRA, Jalme. Mejoramiento Genético Animal. Hemisferio Sur. 1987. 253 p.

<sup>10</sup> The ENCODE Project. Consortium, An integrated encyclopedia of DNA elements in the human genome. [online], 2012 [citado 23 noviembre 2014]. Disponible en Internet: <<http://www.nature.com/nature/journal/v489/n7414/full/nature11247.html>>

<sup>11</sup> CARDELLINO Op. cit, p.18.

<sup>12</sup> FLACONER, D., S. y MACKAY, Trudy F., C. Introducción a la genética cuantitativa. Traducida por Caballero R., Armando. López-Fanjul de Argüelles, Carlos. Toro, I, Miguel, A. Blasco, M., Agustín. 4 ed. Zaragoza: Acribia. 1996. 469 p. ISBN 84-200-0949-0.

<sup>13</sup> MACARULLA, José, M. y GOÑI, FELIX, M. Bioquímica humana. 2 ed. Barcelona: Revertér. 1994. 517 p. ISBN-84-291-5553-8.

desoxirribonucleico, por intercambio recíproco de secuencias más o menos largas entre dos cromosomas homólogos de procedencia tanto materna como paterna. La recombinación se da en diferentes estadios de la formación del genoma de los individuos, confiriéndole ventajas o desventajas en cuanto los arreglos de los fragmentos de los genomas provenientes de los parentales posean mayor o menor eficacia biológica. Cardellino y Rovira<sup>14</sup> mencionan que a la ley de segregación se debe considerar una excepción: el ligamiento. Esta característica hace que, pese al reordenamiento del nuevo genoma, loci que se encuentran ligados en cromosomas o dos genes que están ubicados en loci muy cercanos en el mismo cromosoma, se heredan en bloque.

## 4.2 POBLACIÓN

Para Falconer y Mackay<sup>15</sup>, una población desde el punto de vista genético, se debe de tomar como un grupo de reproductores que transmiten sus genes de generación en generación. Una vez que los genotipos presentes en los padres se disocian, se generan nuevos grupos de genotipos presentes en las descendencias.

Si bien los genotipos se pueden mantener a través de las generaciones con cambios en sus frecuencias (por ejemplo, a causa de la deriva génica), la combinación en que son segregados y la frecuencia haplotípica, hace que la eficacia biológica de los individuos en una población altere la expresión de determinados caracteres, confiriéndoles así una ventaja particular que puede llegar a ser, por medio de apareamientos selectivos, incorporada en otras poblaciones.

4.2.1 Especie raza y grupos subraciales. El concepto de especie se puede designar a los individuos como perteneciente a una especie por conexiones históricas y no por sus semejanzas, mientras que en un sentido genético, la especie se denota como un grupo de animales con suficiente parecido<sup>16</sup>.

Los mismos autores clasifican a la raza, desde el punto de vista de la etnología zootécnica, en un nivel inferior a especie y superior a subrazas. En esta última clasificación, hay una autonomía para uniformar una población, los criterios

---

<sup>14</sup> CARDELLINO Op. cit, p. 18.

<sup>15</sup> FALCONER. Op. cit, p. 18

<sup>16</sup> RODERO. E., Herrera, M. El concepto de raza. Un enfoque epistemológico. [online], sin año [citado 5 septiembre 2012]. Disponible en Internet: <[http://www.uco.es/zootecniaygestion/img/pictorex/17\\_10\\_25\\_02\\_02\\_15\\_2roderoi\\_naugural.pdf](http://www.uco.es/zootecniaygestion/img/pictorex/17_10_25_02_02_15_2roderoi_naugural.pdf)>

utilizados dependerán de circunstancias concretas dejando al sujeto realizar su propia definición de subraza.

Para Sierra<sup>17</sup>, la raza “Es un concepto técnico-científico, identificador y diferenciador de un grupo de animales a través de una serie de características (morfológicas, productivas, psicológicas, de adaptación, etc.) que son transmisibles a la descendencia, manteniendo por otra parte una cierta variabilidad y dinámica evolutiva”.

Dentro de las clasificaciones para subrazas está el concepto de estirpes. Rodero y Herrera<sup>18</sup> la definen como una población cerrada de individuos de una raza, creado por el productor con reproducción altamente consanguínea, por un periodo mínimo de cinco generaciones sin realizar exogamia.

La línea, continuando con los autores mencionados previamente, la definen como un grupo sub-racial, subdividido de estirpe, originados por métodos de cruzamiento reproductivo idóneo menos exigente en un menor número de generaciones que la estirpe. El mismo término es mencionado por Montaldo y Barría<sup>19</sup> donde, para reducir los costos de mantenimiento, se usan animales dentro de la misma raza con determinado fenotipo direccionado.

Cardellino y Rovira<sup>20</sup> consideran que al aparear individuos menos emparentados entre sí, se les debe de acuñar el concepto de cruzamiento. Los más comunes son los cruzamientos entre razas, variedades y líneas, aprovechando el vigor híbrido. El ISCAH<sup>21</sup> (sigla del Instituto Superior Ciencias Agropecuarias Habana) agrega al respecto: “apareamiento de individuos que no han tenido ancestros comunes en las 4 o 5 generaciones anteriores de su pedigrí”.

Para Elzo<sup>22</sup>, la población multirracial está compuesta por animales puros y cruzados que a su vez se entrecruzan, participando en nuevas generaciones seleccionadas según un propio proceso de producción. Las poblaciones multirraciales pueden ser clasificadas en dialélicos o dialélicos incompletos,

---

<sup>17</sup> SIERRA, I. El concepto de raza: evolución y realidad. [online], sin año [citado 5 septiembre 2012]. Disponible en Internet: <[http://www.uco.es/organiza/servicios/publica/az/php/img/web/01\\_22\\_53\\_07sierra.pdf](http://www.uco.es/organiza/servicios/publica/az/php/img/web/01_22_53_07sierra.pdf)>

<sup>18</sup> RODERO Op. cit, p.21.

<sup>19</sup> MONTALDO., V., Hugo H., BARRÍA., P., Nelson. Mejoramiento Genético de Animales. Ciencia al día. [online], Septiembre 1998 [citado 5 septiembre 2012]. Disponible en Internet: <<http://www.ciencia.cl/CienciaAIDia/volumen1/numero2/articulos/cad-2-3.pdf>>

<sup>20</sup> CARDELLINO Op. cit, p.18.

<sup>21</sup> INSTITUTO SUPERIOR DE CIENCIAS AGROPECUARIAS HABANA (Cuba). Manual de genética animal II y III. 1982.

<sup>22</sup> ELZO Mauricio, A. Multibreed evaluation - theory and application. University of Florida. [online], sin año [citado 5 Enero 2012]. Disponible en internet: <[http://www.animal.ufl.edu/elzo/Publications/Proceedings/MultEval-TnP-t.htm#\\_ftn1](http://www.animal.ufl.edu/elzo/Publications/Proceedings/MultEval-TnP-t.htm#_ftn1)>

Cardellino y Rovira<sup>23</sup>, y Falconer y Mackay<sup>24</sup> menciona las fórmulas de sistema reproductivo donde N líneas se cruzan con N líneas, resultando  $N(N-1)$  y en caso de no trabajar con el recíproco es;  $\frac{1}{2}N(N-1)$ , respectivamente.

#### 4.3 HETEROSIS O VIGOR HÍBRIDO

Al estudiar poblaciones multirraciales, es importante destacar la heterosis o vigor híbrido. Antes de analizar esta definición, hace falta mencionar que la heterocigosis desde el punto de vista de los cruzamientos, hace referencia a individuos con distintos alelos de uno o más loci dados por padres de distinta constitución genética, resultando en descendencia híbrida.

De acuerdo con Cardellino y Rovira<sup>25</sup> la heterosis o vigor híbrido en términos matemáticos es la diferencia entre el valor fenotípico de los cruzados y el promedio de la población parental. A esto ISCAH<sup>26</sup> se refiere como, un fenómeno resultado del cruce, consiguiendo en la siguiente generación superar el promedio de la población parental. Montaldo<sup>27</sup>, sugiere que la heterosis es un fenómeno que permite explorar el hecho que diferentes alelos han sido fijados en diversos loci en razas distintas y que al ser cruzadas se puede esperar un incremento en la heterocigosis asociándose a un mayor rendimiento productivo, mayor fertilidad y mayor tasa de supervivencia.

Falconer y Mackay<sup>28</sup>, destacan que la heterosis es un fenómeno opuesto a la depresión consanguínea, debido al cruce de líneas consanguíneas, otorgando a la progenie un incremento en aquellos caracteres a los cuales no se dirigió la selección. Esta heterosis es máxima si encontramos un alelo fijado en una población y el otro alelo fijado en la otra población. Como en la depresión endogámica, la heterosis depende de la dominancia; si las poblaciones evaluadas no presentan variabilidad en las frecuencias génicas, no se tendrá ninguna diferencia en la media de los animales cruzados con respecto a los parentales.

4.3.1 Tipos de heterosis. Cardellino y Rovira<sup>29</sup> distinguen tres tipos o niveles de heterosis: **Heterosis individual**, atribuida a los genes que el individuo posee y no a los efectos maternos, paterno o ligados al sexo; **Heterosis materna**, donde las madres cruzadas de la población expresan su habilidad maternal en el desempeño

---

<sup>23</sup> CARDELLINO Op. cit, p.18.

<sup>24</sup> FALCONER. Op. cit, p. 18

<sup>25</sup> CARDELLINO Op. cit, p.18.

<sup>26</sup> ISCAH Op. cit, p.21.

<sup>27</sup> MONTALDO. Op. cit, p. 21.

<sup>28</sup> FALCONER. Op. cit, p. 18

<sup>29</sup> CARDELLINO Op. cit, p. 18.

de sus descendientes; y la **Heterosis paterna**, es la ventaja obtenida al usar padres híbridos en vez de aparear padres puros, implicando un mayor eficiencia reproductiva del sistema de apareamiento.

4.3.2 Posibles bases genéticas de la heterosis. Para Cardellino y Rovira<sup>30</sup> a mayor cantidad de animales heterocigotos mayor vigor híbrido en el conjunto de muestras estudiadas. La heterosis depende de la acción entre alelos que ocupan el mismo locus direccionado al mismo fenotipo. Esta interacción puede ser positiva cuando hay dominancia por presencia de alelos favorables al carácter medido, aunque también puede darse para alelos desfavorables, cancelando entonces los efectos positivos de la interacción.

En cuanto a la sobredominancia, los mismos autores mencionan que los valores de heterocigoto superan a los de homocigoto, presentándose en la característica estudiada, la acción de uno o más loci. Por otra parte, se puede considerar la epístasis como base genética de la heterosis. En este caso, la respuesta a los desvíos observados en los individuos cruzados y en especial en la segunda generación, muchas veces presentan niveles menores a la mitad de la primera generación. Valle<sup>31</sup> al igual que los anteriores autores, hace mención de esta acción y agrega la dificultad práctica al medir el modelo en individuos altamente heterocigotos para caracteres cuantitativos.

Cardellino y Rovira<sup>32</sup> con respecto a los mencionados modelos no consideran el efecto de ligamiento entre los loci, cuando la segregación no es completa, y destacan que se requieren muchas generaciones para que los bloques de ligamiento se desintegren por entrecruzamiento.

#### 4.4 EVALUACIONES GENÉTICAS.

Montaldo y Barría<sup>33</sup> consideran que el mejoramiento genético está basado en la aplicación de principios biológicos, económicos y matemáticos, para encontrar estrategias óptimas en el aprovechamiento de la variación genética de las poblaciones maximizando su valor genético, medido en parámetros y pedigrí, involucrando variación genética entre individuos de una raza, como también variación entre razas y cruza. Los parámetros son definidos por los anteriores autores como características de la población requeridas para evaluación genética.

---

<sup>30</sup> CARDELLINO Op. cit, p. 18.

<sup>31</sup> VALLE, Alberto. Cruzamiento de bovinos lecheros. [online], 2007 [citado 5 octubre 2012]. Disponible en Internet: <[http://www.produccion-animal.com.ar/genetica\\_seleccion\\_cruzamientos/bovinos\\_de\\_leche/04-cruzamiento.pdf](http://www.produccion-animal.com.ar/genetica_seleccion_cruzamientos/bovinos_de_leche/04-cruzamiento.pdf)>

<sup>32</sup> CARDELLINO Op. cit, p. 18.

<sup>33</sup> MONTALDO. Op. cit, p. 21.

Entre las características usadas como criterios para realizar una evaluación genética de una población, se encuentran el genotipo del animal como efecto directo y el genotipo de la madre referido como efecto materno<sup>34</sup>. El efecto materno es solo ambiental en relación a sus gazapos machos, pero la variación genotípica entre reproductoras para el efecto materno transmitido a sus descendientes hembras, se expresan en valores fenotípicos de sus camadas<sup>35</sup>.

Cardellino y Rovira<sup>36</sup>, resaltan la importancia de la estimación de la variación genética aditiva para caracteres cuantitativos, así también como los efectos ambientales. Para ISCAH<sup>37</sup> entre la variación no genética hay dos clases, la encontrada entre todos los individuos de la población y el ambiente común. Estas variaciones solo se dan en los subgrupos de la población estudiada, como puede ser el caso de la camada de nacimiento en especies multíparas. Por otro lado, el pedigrí según los mencionados autores, es de gran utilidad en la obtención de los valores y parámetros genéticos, así como en el cálculo de coeficientes de consanguinidad y parentesco; este último relaciona los valores genéticos de cada animal en el modelo.

Elzo y Vergara<sup>38</sup> destacan que la correlación entre los efectos aditivo y materno es negativa, denotando un antagonismo entre los dos efectos que dificulta la selección genética. Si se selecciona genéticamente individuos considerando uno de los dos efectos, el otro disminuirá. En cuyes, la selección realizada por su peso al destete en la granja Botana, propiedad de la Universidad de Nariño, junto al proceso llevado a cabo en las generaciones parentales de los animales importados en los años 70's, pudieron conducir a que los efectos maternos perdieran relevancia en la expresión de las características de interés productivo. En contraste, dado que los animales colombianos, los que no han tenido el cambio de frecuencias génicas hacia la ganancia de peso, conservando una habilidad materna.

Entre los parámetros a estimar se encuentran la heredabilidad ( $h^2$ ) que explica la proporción de variación total por diferencias genéticas<sup>39</sup> (Tabla 2.). Este término se puede expresar como *heredabilidad en sentido amplio y estricto o estrecho*. El sentido amplio se refiere a la proporción de varianza fenotípica que se explica por

---

<sup>34</sup> ELZO, Mauricio, A. VERGARA, G., Óscar, D. Modelación aplicada a las ciencias animales: II. Evaluaciones genéticas, 1 ed. Medellín: Fondo editorial Biogénesis. Sin año. 134 p. ISBN: 978-958-8748-58-0

<sup>35</sup> WILLHAM, R., L. The role of maternal effects in animal breeding: iii. Biometrical aspects of maternal effects in animals. Journal of animal science. J. Anim. Sci. 1972, 35:1288-1293.

<sup>36</sup> CARDELLINO Op. cit, p. 18.

<sup>37</sup> ISCAH Op. cit, p.21.

<sup>38</sup> ELZO Op. cit. p. 23.

<sup>39</sup> CARDELLINO Op. cit, p. 18.

las variaciones de efectos genéticos aditivos más los genéticos no aditivos. El sentido estricto o estrecho hace alusión a la proporción de varianza total explicada únicamente por la varianza genética aditiva.

Falconer y Mackay<sup>40</sup>, mencionan como propiedad de  $h^2$  su carácter numérico, y mide la proporción de varianza total debida a las diferencias en valor mejorante, y será la que determina la semejanza entre la nueva generación de la población. La relevancia más destacable de este carácter métrico es su función de predecir el valor mejorante y por lo tanto, la heredabilidad da un predictor a través de la correspondencia entre los valores fenotípicos y mejorantes, el correspondiente modelo matemático determinístico es el siguiente:

$$h^2 = \frac{V_A}{V_P}$$

Donde:

$V_A$  = Varianza genética.

$V_P$  = Varianza fenotípica.

Willham<sup>41</sup> menciona otra vía en que las madres se expresan en el fenotipo de sus crías, por medio del efecto materno, el cual se mide con la proporción de varianza fenotípica dada por el efecto materno ( $m^2$ ). Otro parámetro es el denominado proporción de varianza fenotípica dada por el efecto común, que para Solarte y colaboradores<sup>42</sup> es la afectación por factores distintos de acción aditiva propio de cuyes al igual que en otras especies multíparas.

En un modelo padre donde no se tiene en cuenta el ambiente como lo menciona Cardellino y Rovira<sup>43</sup>, el modelo matemático no determinístico para la proporción de varianza fenotípica debida al efecto materno será:

$$\hat{h}_{(d)}^2 = \frac{4\sigma_d^2}{\sigma_s^2 + \sigma_d^2 + \sigma_w^2}$$

Donde:

---

<sup>40</sup> FALCONER Op. cit, p. 18.

<sup>41</sup> WILLHAM Op. cit, p. 23.

<sup>42</sup> SOLARTE, C. IMUEZ., M, A. PÉREZ, T. Multitrait animal model for the estimation of genetic parameters of *Cavia porcellus* in Colombia. Cuban Journal of Agricultural Science [online], 2002 [citado 1 Marzo 2012]. Disponible en Internet: <<http://promegalac.udenar.edu.co/wp-content/uploads/2010/04/Multitrait-animal-model-for-the-estimation-of-genetic-parameters-of-Cavia-porcellus-in-Colombia.pdf>>

<sup>43</sup> CARDELLINO Op. cit, p. 18.

$\hat{h}_{(d)}^2$  = Heredabilidad estimada usando el componente madre.

$\sigma_s^2$  = Componente de varianza entre padres.

$\sigma_d^2$  = Varianza del efecto materno.

$\sigma_w^2$  = Componente de varianza entre progenie.

Otro modelo matemático estocástico es el de los mismos autores donde la heredabilidad en sentido amplio más efecto materno, será:

$$h_{(s+d)}^2 = \frac{2(\sigma_s^2 + \sigma_d^2)}{\sigma_s^2 + \sigma_d^2 + \sigma_w^2}$$

Donde:

$h_{(s+d)}^2$  = Heredabilidad en sentido amplio (más efecto materno).

$\sigma_s^2$  = Componente de varianza entre padres.

$\sigma_d^2$  = Componente de varianza del efecto materno.

$\sigma_w^2$  = Componente de varianza entre progenie.

#### 4.5 MODELO MULTIRRACIAL

Definido por Vergara, Cerón y Elzo<sup>44</sup> los modelos de evaluación genética multirracial permiten la obtención de los valores genéticos de animales perteneciente a una población de diferente composición racial, lo que en un modelo genético animal solo se consigue las diferencias dentro de una única población o aptitud combinatoria específica. La estructura de este tipo de modelo va a depender de la característica a evaluar y de la población multirracial a ser analizada.

La complejidad de los modelos multirraciales básicos está dada según Elzo<sup>45</sup> por que debe de explicar los efectos ambientales, los genéticos aditivos y genéticos no aditivos en poblaciones compuestas por individuos de diferentes razas endogámicas y sus híbridos de múltiples proporciones raciales. La manera como se explica cada uno de los efectos y de los supuestos asociados a ellos, da lugar a la complejidad del modelo matemático estadístico a usar.

Los trabajos realizados a la fecha, en su mayoría, han sido realizados en poblaciones bovinas, con las mismas dificultades de manejo matricial, ausencia de datos dentro de los grupos raciales, evaluaciones en una sola descendencia, entre

---

<sup>44</sup> VERGARA Op. cit, p. 14.

<sup>45</sup> ELZO, Mauricio, A. Evaluación genética de animales en poblaciones multirraciales de bovinos utilizando modelos lineales. [online], 2006 [citado 13 Noviembre 2014]. Disponible en internet: <<http://www.bioline.org.br/pdf?la06027>>

otros. De la mano al desarrollo matemático de este tipo de evaluación, herramientas informáticas como los algoritmos computacionales desarrollados por Mauricio Elzo (Department of Animal Sciences, University of Florida, Gainesville, Florida, USA.), han permitido estimar los componentes de varianza genéticos aditivos y no aditivos y ambientales en poblaciones multirraciales compuestas de dos razas puras y de todos los cruces posibles entre ellos.

Otras herramientas informáticas empleadas para la solución de estos modelos las podemos encontrar en SAS o R-Project<sup>46</sup>, donde este último se destaca por su mayor flexibilidad en los parámetros incorporados para la modelación. Pero la herramienta más empleada para evaluar éste tipo de modelos es WOMABT, propuesto por Meyer<sup>47</sup> escrito en lenguaje Fortran y es de uso libre.

De las soluciones del modelo multirracial se obtiene la aptitud combinatoria específica representada en valores genéticos aditivos y valores genéticos no aditivos. El efecto aditivo en este modelo corresponde a la suma del efecto promedio de todos los genes de un individuo relacionado al modelo infinitesimal, mientras que el efecto genético no aditivo, es la desviación de los grupos raciales, por la acción en un loci o más. La suma de los dos efectos anteriores, resulta, la aptitud combinatoria. Para Elzo, Martínez y Manrique<sup>48</sup> los valores de predicción descritos anteriormente se les llama Desvíos Esperados de Predicción Multirracial (DEPM), que es el desvío de la media de la población evaluada genéticamente obtenida por los hijos de los candidatos a reproductores.

Dentro de las variaciones calculadas a partir de los datos de una población multirracial se puede encontrar los Desvíos de Predicción Aditivos (DEPMA), Desvíos de Predicción No Aditivos (DEPMN) y Desvíos de Predicción Totales (DEPMT). Su utilidad es servir de criterios de selección individual de los animales en el caso de DEPMA, DEPMN y DEPMT, o selección de grupos raciales con los valores genéticos totales DEPMT.

4.5.1 Conectividad de los grupos contemporáneos. Para Elzo y Vergara<sup>49</sup> es necesario en la evaluación genética de una población un grupo contemporáneo, para agrupar los individuos que presenten condiciones similares como es

---

<sup>46</sup> R Core Team 2014 R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0.

<sup>47</sup> MEYER, Karin. Wombat. [online]. Version 30-08-2013 para Windows 64-bit. Digging Deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. Disponible en internet: <[http://didgeridoo.une.edu.au/km/download.php?file=wombat\\_W64.zip](http://didgeridoo.une.edu.au/km/download.php?file=wombat_W64.zip)>

<sup>48</sup> ELZO, M. A. MARTÍNEZ, G. MANRIQUE, C. Evaluación genética multirracial y su aplicación en programas de ganado criollo, [online], 2003 [citado 1 octubre re 2014]. Disponible en internet: <<http://www.bdigital.unal.edu.co/29542/1/28059-99438-1-PB.pdf>>

<sup>49</sup> ELZO Op. cit. p. 23.

ambiente y manejo, los criterios a usarse podrían ser sexo, una época o un año específico, una determinada hacienda, o bajo un establecido plan de manejo, y su connotación es: galpón – año – época (herd – year - season por sus siglas en ingles hys) etc.

Estos agrupamientos hacen notar la significancia estadística de algunos niveles de los mismos, por lo que se propone aumentar el número de individuos por cada grupo racial, o realizar los agrupamientos considerando pocos niveles de cada factor de ajuste buscando obtener efectos positivos en la evaluación genética al incrementar el número de individuos que satisfacen dichos grupos contemporáneos (ejemplo, usar trimestre en lugar de bimestre para el nivel del factor mes de nacimiento).

En los modelos multirraciales el concepto de grupos contemporáneos según Elzo, Martínez y Manrique<sup>50</sup> es la encargada de conectar grupos raciales que se evalúan en diferente tiempo. En la práctica al no poderse cumplir con la situación óptima estadística, donde se debe de tener todos los animales de las poblaciones parentales y cruzadas conformando el grupo contemporáneo, los citados autores describen unos mínimos para lograr conectividad: tener en los grupos contemporáneos al menos dos grupos raciales, tener al menos dos machos reproductores en los grupos contemporáneos.

Con respecto a la cantidad de datos, tal como plantea Searle<sup>51</sup>, estimaciones de parámetros a partir de modelos mixtos requiere un tamaño de muestra grande, a fin de ampliar el espacio muestral de los componentes de varianza y reducir el error de los parámetros.

#### 4.6 EL CUY *Cavia porcellus* (RODENTIA: CAVIIDAE)

Es descrito por Caicedo<sup>52</sup> como un mamífero roedor monogástrico que está distribuido en los países andinos a lo largo de sus territorios, mientras que en Colombia su distribución es regional, principalmente en el departamento de Nariño y otras regiones como Cauca y Putumayo. NCBI<sup>53</sup> clasifica la especie **C. porcellus** perteneciente a la clase mammalia, de la subclase theria, corresponde a la Infraclase eutheria, del orden rodentia, suborden histrichomorfa, familia caviidae. Para Ortegón y Morales<sup>54</sup> su falta de la lámina infraorbital y del tamaño

---

<sup>50</sup> ELZO Op. cit, p. 26.

<sup>51</sup> SEARLE S., CASELLA G. & McCULLOCH CH. Variance Componentes. Published by Jhon Wiley & Sons, Inc., Hoboken. New Jersey. 2006. p,223

<sup>52</sup> CAICEDO Op. cit. p. 10.

<sup>53</sup> NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION (E.E.U.U.). [online], sin año [citado 10 marzo 2012]. Disponible en Internet: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>>

<sup>54</sup> ORTEGÓN, M. MORALES, F. El Cuy. Universidad de Nariño, Facultad de Zootecnia. Pasto, Colombia. 295 p. 1987.

relativo del foramen infraorbital, hacen la diferencia en esta rama filogénica de la rata (*Rattus norvegicus*), ratón (*Mus musculatus*) los que pertenecen al suborden miomorphos, dejando sin base científica la hibridación del cuy y el ratón o rata.

4.6.1 Diferencias entre cuyes peruanos y colombianos. La investigación de Burgos<sup>55</sup>, sobre la variabilidad genética dentro y entre poblaciones de cuyes pudo diferenciar dos líneas: la línea mejorada en el caso de este trabajo contemplada como peruana y dos líneas nativas a la que hacemos referencia como colombiana. Dos poblaciones distintas de acuerdo con las distancias genéticas medidas con marcadores polimorfismos de ADN amplificado arbitrariamente (*Random Amplified Polymorphic DNA*, por sus siglas en inglés RAPD). Menciona el autor que la reducida población de animales colombianos la ha llevado a su diferenciación y menor variabilidad. En contraste, la población peruana, además de haber sido mejorada en su país de origen, obtuvo por medio de cruzamientos absorbentes un tamaño de población efectivo mayor y habilidad de adaptación al medio de los cuyes colombianos. Esta observación corroboró los resultados de Solarte et al<sup>56</sup> obtenidos con marcadores moleculares polimorfismos de fragmentos de longitud variable (*Amplified Fragment Length Polymorphism*, por sus siglas en inglés AFLP).

Las dos poblaciones evaluadas son diferenciadas fenotípicamente de la siguiente forma. Ortegón y Morales<sup>57</sup> definen la línea colombiana como “animales rústicos, pequeños, de bajo peso, cabeza alargada, angulosos y cuello relativamente largo con poca masa muscular”. Mientras que la población peruana, según Solarte et al<sup>58</sup>, se distingue por una “conformación enmarcada dentro de un paralelepípedo clásico en las líneas productoras de carne, buena longitud, profundidad y ancho, mayor desarrollo muscular fijado en una buena base ósea, cabeza pequeña en la que no se distingue la separación con el cuerpo, pelo corto de colores claros, mayor velocidad de crecimiento y buena conversión alimenticia”.

---

<sup>55</sup> BURGOS Op. cit. p. 10.

<sup>56</sup> SOLARTE Op. cit. p. 10.

<sup>57</sup> ORTEGÓN Op. cit. p. 27.

<sup>58</sup> SOLARTE Op. cit. p. 10.

## 5. DISEÑO METODOLOGICO

### 5.1 LOCALIZACIÓN

El presente proyecto se realizó en la granja experimental “Botana”, propiedad de la Universidad de Nariño, “Ubicada a 9 Km al sur de la ciudad San Juan de Pasto, departamento de Nariño” Solarte<sup>59</sup>, situada entre las coordenadas geográficas 01° 09´ latitud Norte y 77° 08´ longitud Oeste, a una altura de 2.820 msnm, temperatura promedio de 12,4°C, precipitación media anual de 930,8 mm, humedad relativa de 78% y brillo solar de 1.187.8 hr/día” INSTITUTO DE HIDROLOGÍA, METEOROLOGÍA Y ESTUDIOS AMBIENTALES DE COLOMBIA (por sus siglas IDEAM)<sup>60</sup>. “La zona de vida corresponde a una formación bosque seco montano bajo” Torres y Aragon<sup>61</sup>.

### 5.2 METODOLOGÍA

5.2.1 Formación de la población multirracial a evaluar. La población utilizada para este estudio fue formada a partir de 132 individuos (37 machos y 95 hembras) que fueron seleccionados por su fenotipo y que constituyeron la población parental. Los animales provenían del programa de producción cuyícola de la granja experimental Botana, propiedad de la Universidad de Nariño.

Mediante cruzamientos alternos de las poblaciones parentales puras peruana (P) y colombiana (C) e individuos  $\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$  y  $\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$  y hembras  $\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$ , se construyó una población multirracial con proporciones raciales de “medios”, “cuartos” y “octavos” en un diseño dialélico incompleto. Durante la fase experimental se obtuvo la siguiente conformación considerando el total de la descendencia de la población parental: 119 animales P, 48 animales C, 576 animales  $\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$ , 166 animales  $\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$ , 13 animales  $\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$ , 366 animales  $\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$ , 191 animales  $\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$ , 31 animales  $\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$ , 90 animales  $\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$ . La población total construida considerando los parentales estuvo compuesta por 1730 animales.

Desde el inicio de la investigación se tuvo dificultades para albergar la población, al presentar sobrepoblación, por lo tanto se diseñó divisiones de pozas en malla, para albergar 8 animales en la poza 10. Por lo anterior se adecuó una nueva

---

<sup>59</sup>SOLARTE Op. cit, p. 10

<sup>60</sup> Datos suministrados por la estación meteorológica del IDEAM localizada en la Granja Experimental Botana. 2014

<sup>61</sup> Tomado de TRABAJO DE GRADO DE TORRES, C, Leidy, L. ARAGON, Livia. SILVA, P, Amanda. Efecto de la Acacia (acacia de currens) en el desarrollo y producción del pasto Aubade (*Lolium multiflorum*, Lam) Trabajo de grado Zootecnista. Pasto: Universidad de Nariño, Facultad de ciencias pecuarias. Departamento de producción y procesamiento animal, 2009. p 41.

división para 10 animales en la poza 11 (Anexo P), reutilizando malla y tapas de jaulas, con esto se contó con un espacio de recuperación y descarte de los animales que cumplían su tiempo de evaluación.

En cuanto a las instalaciones, se utilizaron pozas en piso, con divisiones en madera con un área de 1 m por 1,2 m por 0,6 m. Dado que los animales colombianos podían saltar de poza en poza, se agregó tablas a los muros. Se usaron las pozas 22 a 45 con fines de albergue de reproductores, y a medida que se iba adquiriendo espacio en el galpón todas las demás pozas se usaron para mantener la población multirracial. Las pozas estuvieron provistas de una canastilla metálica para el suministro de pasto y comederos de piedra para el suministro de balanceado. Los animales colombianos que se conservan en la granja Botana, se han alojado en pozas cuando se someten a reproducción.

Se siguió el plan de manejo establecido en la granja respecto a la sanidad y alimentación. El plan sanitario que se llevó a cabo fue: Limpieza y encalado de pozas del periodo de evaluación fue cada 8 días, por parte de los operarios de la granja. Posteriormente los animales, en el inicio del apareamiento y en el destete se desparasitaron y suministro vitaminas. Para la alimentación se utilizó como base forrajera una mezcla de Aubade (***lolium multiflorum, Lam***) con trébol (***Trefolium repens L***) más complemento alimenticio comercial, garantizando la composición de humedad máximo 12%, proteína 20%, grasa 3%, fibra 16%, cenizas 8%, que se suministró de acuerdo con la fase de crecimiento correspondiente. El complemento alimenticio comercial se suministró en las primeras horas de la mañana y el Pasto Aubade más Trébol se suministró fresco en dos raciones al día; 8 am y 12 m.

5.2.2 Recopilación y procesamiento de los datos. La base de datos se construyó a partir de la información recopilada con fines de evaluación genética multirracial, desde julio del 2011 y actualizada con datos recolectados desde junio del 2012, hasta agosto del 2013.

La información de pesajes se registró tres veces por semana en animales que se encontraban en el día de pesaje o un día más o menos inmediato a la fecha. Se realizaron pesajes al nacimiento (PN), destete (PD), cuatro (P4), ocho (P8) y doce (P12) semanas de edad. El pesaje de los neonatos se realizó por parte del personal de la granja, debido a su comportamiento noctámbulo y la mayoría de sus partos se dan en horas de la noche, así como también a la imposibilidad de estar todos los días en campo. Toda la información se registró en papel como registros productivos y se conserva en el archivo de la granja Botana. La información fue recopilada en medios virtuales en un archivo construido con el

lenguaje de programación Visual Fox Pro versión 9.0<sup>62</sup>. De la población constituida, 1597 animales fueron pesados al nacimiento (PN), 1297 animales al destete (PD), 1181, para pesos a la cuarta semana (P4), 1132 para la octava semana (P8) 1073 y a las 12 semanas (P12).

Los protocolos a seguir para pesaje de los animales fueron los usados en la granja Botana y consistió en anotar el primer número arrojado por la balanza. Otro método usado fue el desarrollado en el presente trabajo, donde el animal se pesa cubierto por una bolsa de tela (Anexo N), con intención de someter al individuo a oscuridad. El cambio brusco en la intensidad de la luz hace que el animal tienda a mantenerse quieto<sup>63 64</sup>. Esta práctica mejoró el manejo de los animales y la toma de datos, puesto que al tener animales calmados se logró leer con precisión los datos de la balanza digital evitando el cambio brusco de los números de la pantalla digital. También se redujo el comportamiento de huida de los animales, reduciendo el tiempo de manipulación, golpes y estrés.

### 5.3 ANÁLISIS ESTADÍSTICO

5.3.1 Variables evaluadas. Las variables de interés en este estudio fueron las relacionadas con los pesos en diferentes estadios productivos de los animales. Así, fueron consideradas las variables: peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD) medido a los 15 días de edad, y los pesos a las cuatro (P4), ocho (P8) y doce (P12) semanas de vida en una población multirracial de cuyes.

5.3.2 Estimación de heterosis. Dado que se plantea evaluar una población multirracial, se estimó la probabilidad de heterocigosis en cada animal. Siguiendo las recomendaciones de Elzo y Vergara<sup>65</sup>, se aplicaron las siguientes formulas:

-  Estimación de heterosis directa (*HDI*). Se encuentra la heterocigosis en el total de los individuos menos la sumatoria de las frecuencias esperadas de los heterocigotos:

---

<sup>62</sup> © 2013 Microsoft. All rights reserved. Microsoft Visual FoxPro 9.0. Disponible en internet: <http://msdn.microsoft.com/en-us/vfoxpro/>

<sup>63</sup> GRANDIN, Temple. Hay que pensar como los animales. Colorado State University [online], sin año [citado 12 Diciembre 2013]. Disponible en internet: <http://www.grandin.com/spanish/pensar.animales.html>

<sup>64</sup> GRANDIN, Temple. Hágala fácil. Colorado State University [online], sin año [citado 12 Diciembre 2013]. Disponible en internet: <http://www.grandin.com/spanish/hagal.facil.html>

<sup>65</sup> ELZO Op. cit. p. 23.

$$H_o = 1 - \sum_{i=1}^n (P_p * P_c)$$

Donde:

$P_p$ = Probabilidad de interacción de alelo o loci de genes peruanos del padre.

$P_c$ = Probabilidad de interacción de alelo o loci de genes colombianos de la madre.

1= Hace referencia a la heterocigosidad esperada de la población.

- Estimación de heterosis materna ( $H_m$ ). Esta dada directamente por la heterosis directa individual. La diferencia radica en que este valor solo es considerado en las madres:

$$H_m = \text{HDI del animal madre}$$

5.3.2 Análisis exploratorio de datos y modelación lineal. Para llevar a cabo la modelación, inicialmente se verificaron los supuestos de normalidad y homocedasticidad de las variables respuesta mediante las pruebas de Shapiro-Wilk, usando el programa R-Project<sup>66</sup>. Posteriormente se estimaron los estadísticos de tendencia central (media, mínimo y máximo) y dispersión (desviación típica) para cada una de las variables a evaluar (Tabla 1). Las estimaciones fueron realizadas usando el programa R.

Tabla 1. Variables pesos evaluados en el presente trabajo

Variables	Media	Máximo	Mínimo	Desviación típica
PN	141,74	298	65	27,828
PD	290,959	557	110	67,039
P4	496,361	940	213	86,835
P8	778,292	1329	370	134,953
P12	987,812	1550	414	170,651

La modelación lineal se realizó con el fin de encontrar aquellos efectos fijos que tuvieran incidencia sobre las variables a analizar. Los efectos fijos evaluados fueron, el número de parto, sexo del animal, raza, proporción racial, Grupo

<sup>66</sup> R Core Team 2014 R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0.

contemporáneo (año-época) y las covariables tamaño de camada al nacer, heterosis directa, heterosis paterna, heterosis materna, Para determinar el modelo más informativo, se incluían uno a uno los efectos fijos y covariables y luego se evaluaba su significancia en el mismo. De este modo, si un efecto no contribuía de manera significativa a describir el comportamiento de la variable respuesta, este se retiraba del modelo.

El criterio de información Akaike (por sus siglas en inglés AIC), fue usado para elegir el mejor modelo matemático según la menor pérdida estimada de información<sup>67</sup>.

$$AIC = (-2) \log (\text{máxima verosimilitud}) + 2k$$

Donde:

$k$  = Número de parámetros ajustados de forma independiente dentro del modelo.

Entre los efectos fijos que incidieron sobre las variables respuesta fueron: el sexo, número de parto que nació el animal y el grupo contemporáneo constituido por la época-año (tres épocas por año).

.

Como covariables fueron consideradas el tamaño de camada al nacer (gazapos nacidos en el mismo parto), la proporción de peruano en el animal, la *HDI* y *Hm*.

En cuanto a los efectos aleatorios, se incluyó el animal, la madre y la camada. Este último consistió en un código que identificó los animales agrupados nacidos en el mismo sitio del galpón (poza), hijos de la misma madre y del mismo padre. El animal y la madre tienen relación en la matriz de parentesco aunque no se calculó la correlación entre ellos.

Se obtuvieron los estimados de los parámetros genéticos  $h^2$ ,  $c^2$ , *HDI*, *Hm*, con las soluciones generalizadas del cuadrado medio para la heterosis directa. Se calcularon los valores genéticos aditivos, no aditivos y totales con la aplicación de las fórmulas para estos parámetros.

5.3.3 Modelo multirracial univariado. La evaluación genética de la población de cuyes se realizó con el siguiente modelo multirracial univariado, basado en el

---

<sup>67</sup> AIKAIKE, Hirotugu. A New Look at the Statistical Model Identification. [online], 1974 [citado 12 Agosto 2013]. Disponible en internet: <[http://www.unt.edu/rss/class/Jon/MiscDocs/Akaike\\_1974.pdf](http://www.unt.edu/rss/class/Jon/MiscDocs/Akaike_1974.pdf)>

modelo multirracial de Elzo<sup>68</sup> y modificado por Martínez<sup>69</sup>. En este estudio se agregó el vector de camada con su respectiva matriz de relación, para predecir la proporción de varianza fenotípica dada por el efecto común de camada:

$$y = X\beta + Q_{ga}g_a + Q_n h + Z_a a + Z_m m + W_c c + e$$

(Ecuación 1)

Dónde:

$y$  = Vector de registros.

$\beta$  = Vector de efectos fijos.

$g_a$  = Vector desconocido de efectos aditivos directos de grupo racial.

$h$  = Vector desconocido de efectos no aditivos fijos.

$a$  = Vector aleatorio desconocido con los efectos genéticos aditivos directos de cada animal.

$m$  = Vector aleatorio desconocido de efectos genéticos aditivos maternos.

$c$  = Vector aleatorio desconocido de efectos de camada.

$e$  = Vector aleatorio de residuos.

$X$  = Matriz de incidencia de efectos no genéticos fijos al vector de registros a través de unos.

$Q_{ga}$  = Matriz de incidencia de efectos aditivos directos fijos de grupo racial al vector de registros mediante la fracción esperada de cada grupo en el individuo.

$Q_n$  = Matriz de incidencia que relaciona el efecto de heterosis al vector de registros mediante la probabilidad de alelos de diferentes razas en un locus.

$Z_a$  = Vector de efectos aleatorios directos aditivos al vector de registros a través de unos.

$Z_m$  = Matriz de incidencia de efectos aleatorios maternos aditivos al vector de registros mediante unos.

$W_c$  = Matriz de incidencia de efectos aleatorios de camada al vector de registros a través de unos.

Los supuestos considerados en la aplicación del modelo multirracial son los siguientes:



Los animales pueden tener 1 o más registros.



Los efectos genéticos no aditivos se explican cómo efectos entre razas y dentro de razas, efectos de interacción en 1 o más loci que se modelan

<sup>68</sup> ELZO, Mauricio, A. Chapter 16m eqve eqva fxna multibreed animal model with equal residual variances, equal additive genetic variances, and no random nonadditive genetic effects. University of Florida, [online], 2010 [citado 12 Diciembre 2013]. Disponible en internet: <[http://www.animal.ufl.edu/elzo/Publications/Animal%20Breeding%20Notes/Multibreed%20Chapter%20s/MABN\\_16M\\_EQVE\\_EQVA\\_FXNA/MABN\\_2010\\_16M\\_EQVE\\_EQVA\\_FXNA\\_a.pdf](http://www.animal.ufl.edu/elzo/Publications/Animal%20Breeding%20Notes/Multibreed%20Chapter%20s/MABN_16M_EQVE_EQVA_FXNA/MABN_2010_16M_EQVE_EQVA_FXNA_a.pdf)>

<sup>69</sup> Tomado de TRABAJO DE GRADO DE MARTÍNEZ, N, CARLOS A. Evaluación genética de cruzamientos de ganado Brahman para características de crecimiento y medidas de ultrasonido en la microrregión del Sur del Cesar. Para la Universidad Nacional de Colombia, p. 134, 2011.

como efectos de regresión independientes. Solo los efectos fijos genéticos no aditivos se tienen en cuenta en el modelo. Los efectos genéticos no aditivos aleatorios se consideran parte del residuo.

👤 No hubo ninguna selección de reproductores en la población:

La matriz de covarianzas para los tres efectos aleatorios se asumió como:

$$E(y) = X\beta + Q_{ga}g_a + Q_n h$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Ag_{11} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & Ag_{22} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Dónde:

A= Matriz de parentescos aditivos.

I= Matriz de identidad.

$g_{11}$ = Varianza aditiva para efectos directos.

$g_{21}$ = Varianza aditiva para efectos maternos.

$\sigma_c^2$  = Varianza de camada.

$\sigma_e^2$  = Varianza residual.

La estructura matricial del modelo de evaluación multirracial descrito anteriormente es la siguiente:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Q_{ga} & X'Q_n & X'Z_a & X'Z_m & X'W_c \\ & Q'_{ga}Q_{ga} & Q'_{ga}Q_n & Q'_{ga}Z_a & Q'_{ga}Z_m & Q'_{ga}W_c \\ & & Q'_nQ_n & Q'_nZ_a & Q'_nZ_m & Q'_nW_c \\ & \text{simétrica} & & Z'_aZ_a + \alpha_1 & Z'_aZ_m & Z'_aW_c \\ & & & & Z'_mZ_m + \alpha_2 & Z'_mW_c \\ & & & & & W'_cW_c + \alpha_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ g_a \\ h \\ a \\ m \\ c \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Q'_{ga}y \\ Q'_ny \\ Z'_ay \\ Z'_my \\ W'_cy \end{bmatrix}$$

(Ecuación 2)

De la ecuación dos se obtiene los mejores estimadores lineales insesgados para;  $\beta$ ,  $g_a$ ,  $h$ ,  $a$ ,  $m$ ,  $c$ . En los términos del modelo que relaciona los efectos aleatorios, se consideró los valores  $\alpha$  que relacionan las varianzas como:

$$\alpha_1 = \sigma_e^2/\sigma_a^2; \quad \alpha_2 = \sigma_e^2/\sigma_m^2; \quad \alpha_3 = \sigma_e^2/\sigma_c^2$$

Los parámetros genéticos, las soluciones para los efectos fijos y los valores genéticos para cada animal, fueron estimados con ayuda del programa WOMBAT<sup>70</sup>

5.3.4 Fórmulas de predicción de valores genéticos. Para el cálculo del valor genético aditivo ( $VG_a$ ), no aditivo ( $VG_{na}$ ) y total ( $VG_t$ ), se tomó como población base el parental colombiano. Por tanto, los estimados para las demás líneas representan el desvío respecto a la colombiana. Para el cálculo de los parámetros se empleó las siguientes fórmulas modificadas de Elzo<sup>71</sup>:

-  Predicción de valores genéticos aditivos  $VG_a$ . En este estimador, la fracción racial hace referencia al aporte que hace la proporción peruano del animal en el modelo como regresor, este se define por Mahía<sup>72</sup> como: de cada unidad que aumente “x” en la misma proporción aumenta “y”. Así, el regresor se presenta desde cero a uno, por tanto los MPLI para efectos genéticos aditivos aumenta de en relación a la proporción peruano del animal así:

$$VG_a = \text{Proporción racial de peruano en el animal} + \text{MPLI para } VG_a$$

-  Predicción de valores genéticos no aditivos  $VG_{na}$ . Se determina el MELI para HDI, el cual fue aportado por la probabilidad de interacción en cada grupo racial. Con la aplicación de esta fórmula se excluye a los animales peruanos y colombianos, asumiendo que las poblaciones de las líneas parentales no tienen HDI, y se aplica la siguiente formula:

$$VG_{na} = \text{Proporción racial de peruano en el animal} * HDI$$

-  Predicción de valores genéticos totales  $VG_t$ . La siguiente formula puede considerarse como la habilidad combinar el  $VG_a$  y  $VG_{na}$  en el animal, por esto, este es el criterio que se empleó para decidir cuál subpoblación es la indicada para tenerse como reproductores de un plantel cuyícola.

$$VG_t = VG_a + VG_{na}$$

---

<sup>70</sup> MEYER Op. cit. p. 26.

<sup>71</sup> ELZO, Mauricio, A. Noticias y ayuda. [online]. Menssage to: Carlos Solarte, 9 Octubre 2013 [citado 1 Diciembre 2013]

<sup>72</sup> MAHÍA, Ramón. Breve apunte sobre el problema de los regresores estocásticos en el modelo básico de regresión lineal. [online], 2008 [citado 2 Septiembre 2014]. Disponible en internet: <[http://www.uam.es/personal\\_pdi/economicas/rarce/pdf/reg\\_estoc.pdf](http://www.uam.es/personal_pdi/economicas/rarce/pdf/reg_estoc.pdf)>

Una vez calculados los valores genéticos, se utilizó un modelo lineal para estimar el efecto del grupo racial sobre los valores genéticos. Las diferencias observadas para cada composición racial fueron evaluadas estadísticamente usando la prueba de comparación múltiple HSD (Honestly-significant-difference) de Tukey. Estas estimaciones fueron realizadas con el programa estadístico SAS versión 9,20.

#### 5.4 FORMULACIÓN DE HIPÓTESIS

Como hipótesis en este trabajo se consideró:

Hipótesis nula: la media de los valores genéticos totales es igual en todas las proporciones raciales.

$$\begin{aligned} H_0 = VG_t(P) &= VG_t(C) = VG_t(\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C) = VG_t(\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C) = VG_t(\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C) \\ &= VG_t(\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C) = VG_t(\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C) \end{aligned}$$

Hipótesis alterna: la media de los valores genéticos totales es diferente en al menos dos proporciones raciales.

## 6. PRESENTACIÓN Y DISCUSIÓN DE RESULTADOS

Los resultados presentados a continuación son los primeros estimados para una población de ***C. porcellus*** constituida por el cruce de individuos de las líneas peruana y colombiana, por medio del modelo multirracial el cual fue modificado para poder evaluar el efecto común de camada. Cabe resaltar que en los registros empleados en éste estudio no hubo parentesco entre los cuyes reproductores o de los animales padre o madres de la población base.

### 6.1 HEREDABILIDAD ( $h^2$ ), PARA PESOS AL NACIMIENTO Y DESTETE

Los caracteres PN y PD tienen una  $h^2$  media a alta, clasificada así por Cardellino y Rovira (Tabla 2.) contrario a los resultados de SOLARTE et al<sup>73</sup> para PN  $0,12 \pm 0.05$  y PD  $0.13 \pm 0.05$ , el mismo autor citando los estudios de VITERI PN  $0.18 \pm 0.09$  y PD  $0.11 \pm 0.08$ , Córdova y Delgado PN  $0.24 \pm 0.05$  y PD  $0.24 \pm 0.05$ .

Las diferencias observadas respecto a lo reportado por Viteri y Córdova y Delgado, pueden deberse a diferencias en los métodos de modelación Utilizados. Sin embargo, las diferencias observadas en los parámetros reportados en la tabla 3., con respecto a las presentadas por Solarte et al<sup>74</sup> para la población de cuyes de Botana, aporta una prueba sobre el cambio sostenido de las productividad de las poblaciones mediante los procesos de selección a que la población peruana ha sido sometida con el ánimo de incrementar el peso al destete en los últimos años. Al respecto, tanto Cardellino y Rovira<sup>75</sup> como Falconer y Mackay<sup>76</sup> reportan que las posibles consecuencias de los cambios en la heredabilidad, a razón de modificaciones en el ambiente o cambios en la frecuencia génica, como también a que, lo reportado en heredabilidades está en sentido estricto, el reporte de Martínez y otros<sup>77</sup> en vacunos, dan argumento a la acción del  $VG_{na}$ , el cual se tiene en cuenta para calcular  $h^2$  en sentido amplio. Los cambios observados en los parámetros demuestran claramente la aplicabilidad de los programas de mejoramiento genético.

---

<sup>73</sup> SOLARTE. Op. cit. p. 24.

<sup>74</sup> SOLARTE. Op. cit. p. 24.

<sup>75</sup> CARDELLINO Op. cit, p. 18.

<sup>76</sup> FALCONER. Op. cit, p. 18

<sup>77</sup> MARTÍNEZ, N., Carlos, A. ELZO, Mauricio, A. MANRIQUE, P., Carlos. JIMENÉZ, R., Ariel. Genetic parameters and breeding values for live weight using random regression models in a *Bos taurus*-*Bos indicus* multibreed cattle population in Colombia. Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias, [online], 2012 [citado 13 Mayo 2014] Disponible en Internet: <<http://rccp.udea.edu.co/index.php/ojs/article/view/818>>

Tabla 2. Clasificación general de la Heredabilidad según características de producción

Grupos de características	$h^2$	
Reproducción (intervalo entre partos, intervalo parto-concepción, duración de la gestación, tamaño de camada, etcétera)	Baja	5-15
Productivas (ganancia de peso, eficiencia alimentaria, producción de leche, producción de lana, etcétera)	Media a alta	20-40
Calidad de los productos (caracteres de la carcasa, porcentajes de de grasa de la leche, grasa en cerdos, etcétera)	Alta	45-60
Esqueléticas o anatómicas	Alta a Muy alta	>50

Fuente Cardellino y Rovira<sup>78</sup>

## 6.2 PROPORCIÓN DE VARIANZA FENOTÍPICA DADA POR EL EFECTO

### COMÚN DE CAMADA ( $\sigma_c^2$ ) PARA PESOS AL NACIMIENTO Y DESTETE

La  $\sigma_c^2$  estimada por Solarte y otros<sup>79</sup> fue  $0,47 \pm 0,03$  y  $0,57 \pm 0,03$  para PN y PD respectivamente, valores similares a los encontrados aquí, las diferencias en el trabajo citado pudo darse por estimar este parámetro sin considerar el efecto materno, el que si no se diferencia se asocia dentro del ambiente común de camada, porque dentro del agrupamiento del efecto común de camada se usa como criterio las madres.

<sup>78</sup> CARDELLINO Op. cit, p. 18.

<sup>79</sup> SOLARTE. Op. cit. p. 24.

### 6.3 PROPORCIÓN DE VARIANZA FENOTÍPICA DADA POR EL EFECTO MATERNO ( $m^2$ ) PARA PESOS AL NACIMIENTO Y DESTETE

Este parámetro no se tiene en cuenta en los trabajos de Solarte y colaboradores antes citados. Los valores estimados para este efecto parece no ser altos en comparación con los otros componentes de varianza. Sin embargo, los resultados son interesantes en el sentido que el efecto materno fue más importante en los estadios tardíos de vida del animal. El manejo de los animales puede causar un gran impacto en el efecto materno, y en esta especie en particular vemos que la separación de los individuos de su madre al destete el efecto pierde importancia (P4,  $m^2 = 0,000$ ) para luego subir. Como se esperaba, el efecto materno en los animales mejorados ha dejado de tener mucha importancia, posiblemente por el manejo, y es entonces sería importante identificar si la selección por PD realizada en la granja puede no ser tan adecuada si el objetivo es lograr mayor ganancia de peso. La validación de este resultado requerirá una modelación más exhaustiva.

Tabla 3. Heredabilidad, proporción de varianza fenotípica dada por el efecto común de camada y materno.

Parámetros Variables	$h^2$	Error de muestreo ( $\pm$ )	$m^2$	Error de muestreo ( $\pm$ )	$\sigma_c^2$	Error de muestreo ( $\pm$ )
PN	0,232	0,085	0,003	0,04	0,405	0,04
PD	0,211	0,085	0,007	0,045	0,496	0,044
P4	0,178	0,089	0,000	0,044	0,468	0,045
P8	0,178	0,096	0,032	0,046	0,336	0,044
P12	0,133	0,091	0,034	0,043	0,229	0,042

### 6.4 HEREDABILIDAD ( $h^2$ ), PARA PESOS A LAS CUATRO, OCHO Y DOCE SEMANAS

La heredabilidad directa estimada en este estudio fue baja (Tabla 3) en comparación a lo reportado por Solarte et al<sup>80</sup>, para las características P4, P8 y P12 los valores de  $h^2$  fueron de  $0,32 \pm 0,04$  en P4,  $0,34 \pm 0,04$  en P8 y  $0,31 \pm 0,04$  en P12, clasificándose como media a alta (Tabla 2). El mismo autor indica los resultados para  $h^2$  del trabajo de Lizeca donde se midió a las 13 semanas de vida en  $0,30 \pm 0,34$ .

<sup>80</sup> SOLARTE. Op. cit. p. 24.

Es posible que estas diferencias de  $h^2$ , como se mencionó anteriormente, se deban al método de mejoramiento genético de la población peruana en la granja Botana, donde los pesos a las cuatro, ocho y doce semanas no son tomados en cuenta en la selección de reproductores. La selección de individuos con pesos iguales o superiores a 400 g. de peso vivo en el destete parece tener un efecto notable en la heredabilidad. Sin embargo, es necesario considerar que los trabajos antes citados, no contemplan el efecto materno el cual puede ser incluido entonces en la  $h^2$  de acuerdo con lo reportado por Riley y otros<sup>81</sup>.

## 6.5 PROPORCIÓN DE VARIANZA FENOTÍPICA DADA POR EL EFECTO MATERNO ( $m^2$ ) PARA PESOS A LAS CUATRO, OCHO Y DOCE SEMANAS

De la varianza total observada estimada en este estudio para P4, P8 y P12 fue muy baja. La  $m^2$  para P4 no necesariamente fue cero, pero fue el predictor más bajo en comparación a los demás, posiblemente debido a que los cuyes se están acoplando a un ambiente diferente, en el que no se encontraba su principal fuente alimenticia, la leche materna. Cabe notar que  $m^2$  en comparación con todos los pesos es mayor para P8 y P12, indicando una presencia del efecto materno en estos estadios de vida de las crías. Una explicación biológica que se lo podría dar a este fenómeno, es la forma de transmitir las defensas de las madres a sus crías, Janeway<sup>82</sup> como Peña<sup>83</sup> describen como la inmunización primaria o adquirida se memoriza a través del fenómeno de expansión clonal, en el cual se conservan las especificidades de las inmunoglobulinas necesarias para afrontar los cuerpos extraños presentes en el plantel y que afectaron a la madre, quienes tienden a romper la homeostasis del individuo, en otras palabras la madre vacuna a sus crías. Al encontrarse el animal en las edades señaladas, su comportamiento territorial hace presentar peleas, permitiendo la entrada de patógenos de todo tipo, por las barreras naturales lesionadas.

---

<sup>81</sup> RILEY, D, G. CHASE, Jr., C. COLEMAN, S, W. OLSON, T. A. Genetic parameters for body weight, hip height, and the ratio of weight to height from random regression analyses of Brahman feedlot cattle. J. Anim. Sci. 2007.85:42-52.

<sup>82</sup> JANEWAY, CHARLES, A, TRAVES, Paul. WALPORT, Mark. SHLOMCHIK, Mark, j. Inmunobiología: el sistema inmunitario en condiciones de salud y enfermedad. Traducida por Sanz Eva. Parraga, Mario. De la Hera, Antonio. Pérez del Pulgar, G., Sofía. 2 ed. Barcelona: Elsevier, 2003. 733 p. ISBN 978-84-458-1176-4.

<sup>83</sup> PEÑA, M., Jose. Inmunología en línea. [online], sin año [citado 12 Junio 2014]. Disponible en Internet:

<[http://www.inmunologiaenlinea.es/index.php?option=com\\_content&view=article&id=71&Itemid=294](http://www.inmunologiaenlinea.es/index.php?option=com_content&view=article&id=71&Itemid=294)>

## 6.6 PROPORCIÓN DE VARIANZA FENOTÍPICA DADA POR EL EFECTO COMÚN DE CAMADA ( $\sigma_c^2$ ) PARA PESOS A LAS CUATRO, OCHO Y DOCE SEMANAS

Para  $\sigma_c^2$  no se encontró reportes para este efecto aleatorio, si se hace una clasificación general como en la tabla 2, todas las características de peso se encuentran entre medias a altas. Como se observa en la tabla 3., desde el PN hasta PD,  $\sigma_c^2$  decrece, desde alta hasta media. Una razón que justifique esta observación puede ser el cambio de ambiente donde los competidores por alimento son en muchos casos otros animales con edades similares o avanzadas, pero no es tan notoria en P4 como si lo es al compararse por ambiente materno. Para los demás pesos, se puede asumir que su grupo se reduce aún más por cuestión de manejo, mortalidad, y las estructuras jerárquicas a las que se acoplan, pero aun así para este estudio los efectos comunes de camada son de importancia al proporcionar varianza total que son atribuibles al efecto de otros factores, contrario a lo expresado por Solarte y colaboradores<sup>84</sup> donde se ignoró la  $\sigma_c^2$ , para los pesos tomados posterior al destete.

## 6.7 ESTIMACIÓN DE LOS CUADRADOS MEDIOS GENERALIZADOS PARA

### *HDI Y Hm*

Muscari, Higaoma y Chauca<sup>85</sup> reportan valores de heterosis general para el cruce entre tres líneas de cuyes (Perú, Inti y Andina) de 0.06 g., 0.22 g. y 0.11g. Para PD, P4 y P12 respectivamente. Los resultados de la tabla 4, muestran valores de heterosis negativos en *HDI* para PD, P8 y P12. Lo mismo se observó en la *Hm* para PN. De este modo, los individuos híbridos no tiene ventaja respecto a sus parentales, y pierden peso al nacimiento en -5.29147 g., peso al destete en -2.46204 g., peso a las ocho semanas -10.1245 g., y peso a las 12 semanas -0,478843 g.

---

<sup>84</sup> SOLARTE. Op. cit. p. 24.

<sup>85</sup> MUSCARI, J. Higaoma, R. Chauca, L. Heterosis obtenida mediante el cruzamiento de tres líneas de cuyes (*Cavia porcellus*). En: INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIÓN AGRARIA (Perú). Investigaciones en cuyes [online]. LIMA: INIA, 2008. Vol. 2. p. 19. Consultado el 20 de junio de 2014 Disponible en internet: <  
<http://www.inia.gob.pe/images/AccDirectos/publicaciones/cuyes/doc/APPA-RESUMEN-1994-2007.pdf>>

Los datos negativos también fueron reportados por Riley y otros<sup>86</sup> y citan a Gregory y a Olson, en cruzamiento de Boran-Ankone y Angus-Chorolais, la comparación en la magnitud de las observaciones dan pie a que los resultados no se deben al manejo de los datos, si no, a un fenómeno de interacción que se da en otras especies, llevando a la decisión de que las *HDI* y *Hm* no son convenientes en el cruzamiento en los pesos mencionados, debido a la reducción del beneficio para el productor. Cabe anotar que si se hace la operación para cada peso entre *HDI* y *Hm*, la heterosis hace aumentar el peso del animal para; PN en 1,038987 g., PD en 0,18186 g., P4 en 19,1157 g., P8 en 11,53146 g., y P12 en 9,6594 g, en algunos casos el aumento no es alto individualmente, pero al pasar estos datos en el total de la subpoblación se podrá encontrar un aumento de peso.

Tabla 4. Estimación de los cuadrados medios generalizados para *HDI* y *Hm* en todos los pesos.

Variab Parámetros	PN	PD	P4	P8	P12
<i>HDI</i>	1,51783	-5,29147	5,7576	-2,46204	-10,1245
<i>Hm</i>	-0,478843	5,47333	13,3581	13,9935	19,7839

## 6.8 ESTIMADOS PARA VARIANZA RESIDUAL, ADITIVA, MATERNO, CAMADA Y FENOTÍPICA

Al igual que en la tabla 3, la varianza materna de P8 y P12, son mayores a las de PN, PD y P4, observándose mejor la incidencia de la madre en el desarrollo del animal, sobre todo en estas últimas fases que son las más importantes desde el punto de vista comercial. Las varianzas se describen en la tabla 5. Esta observación también fue hecha por el INIA<sup>87</sup> donde el peso a la octava y en el caso particular de la investigación citada, peso a las treceava semana, concluyen que los animales cruzados tuvieron mayor ganancia de peso en relación a los animales nativos.

Tabla 5. Estimados para varianza residual, aditiva, materna y camada.

---

Varianza

---

<sup>86</sup> RILEY, D, G. CHASE, Jr., C. C. COLEMAN, S, W. OLSON, T. A. 2014. Evaluation of birth and weaning traits of Romosinuano calves as purebreds and crosses with Brahman and Angus. J. Anim. Sci. 2014.92:1911–1919.

<sup>87</sup> INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIÓN AGRARIA. (Perú). Proyecto sistemas de producción de cuyes [online]. LIMA: INIA, 1991. p. 14. Vol. 2. Consultado el 12 Junio 2014. Disponible en internet: <[http://idl-bnc.idrc.ca/dspace/bitstream/10625/35272/4/104403\\_v2.pdf](http://idl-bnc.idrc.ca/dspace/bitstream/10625/35272/4/104403_v2.pdf)>

Variables	Residual	Aditiva	Materna	Camada	Fenotípica
PN	232,65	149,36	25,548	261,52	645,16
PD	1109,3	815,98	35,156	1917,72	3868,5
P4	2470,1	1243,2	0,015812	3268,0	6981,4
P8	6678,8	2621,3	474,509	4946,49	14721,1
P12	13547	3111,2	723,47	5156,2	22538

## 6.9 VALORES ENCONTRADOS PARA LOS VALORES GENÉTICOS $VG_a$ , $VG_{na}$ Y

$VG_t$ .

En las tablas 6 y 7 se reportan los estadísticos descriptivos para las variables evaluadas. La media de los  $VG_{na}$  en la mayoría de pesos son menores comparados con  $VG_a$ , a excepción de PN y P4, sugiriendo que la habilidad de combinar  $VG_a$  y  $VG_{na}$  no es la mejor en la mayoría de los híbridos.

Tabla 6. Estadística descriptiva para los pesos al nacimiento y destete  $VG_a$ ,  $VG_{na}$  y  $VG_t$ .

Variables	Media	Máximo	Mínimo	Desviación típica
$VG_a$	0,845	27,251	-18,562	7,032
PN $VG_{na}$	0,849	1,518	0	0,355
$VG_t$	1,694	27,82	-17,424	7,088
$VG_a$	-0,905	68,997	-54,898	17,077
PD $VG_{na}$	-3,013	0	-5,291	1,201
$VG_t$	-3,918	66,351	-58,867	16,884

Es importante resaltar la alta variabilidad encontrada en los valores genéticos aditivos y totales, los cuales suponen una fuente de información para la continuación de un programa de mejoramiento genético en esta población.

Tabla 7. Estadística descriptiva para P4, P8 y P12,  $VG_a$ ,  $VG_{na}$  y  $VG_t$ .

Variables	Media	Máximo	Mínimo	Desviación típica
$VG_a$	-0,059	60,419	-63,012	19,077
P4 $VG_{na}$	3,272	5,758	0	1,303
$VG_t$	3,213	66,177	-60,113	19,406
$VG_a$	-0,848	104,73	-71,016	25,699
P8 $VG_{na}$	-1,404	0	-2,462	0,559
$VG_t$	-2,253	103,449	-72,247	25,625
$VG_a$	0,595	71,784	-78,977	25,311
P12 $VG_{na}$	-5,766	0	10,125	2,325

$$\overline{VG_t} \quad -5,172 \quad 66,722 \quad -86,57 \quad 25,31$$

## 6.10 COMPARACIÓN DE LOS $VG_t$ ESTIMADOS PARA LOS CRUCES

La prueba HSD Tukey, para las medias de  $VG_t$  indicó que existen diferencias estadísticas significativas ( $P < 0,05$ ) en todos los pesos para los grupos genéticos.

Tabla 8. Proporciones de raza que obtuvieron diferencias en cada peso.

Proporciones	Pesos		Semana		
	Nacimiento	Destete	Cuarta	Octava	Doceava
COLOMBIANO		✓	✓	✓	✓
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$		✓			
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$					✓
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$					
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	✓	✓	✓	✓	✓
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	✓	✓	✓		✓
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	✓	✓	✓	✓	
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	✓		✓	✓	✓
PERUANO	✓	✓	✓	✓	✓

(\*) ✓ indica por lo menos una diferencia entre poblaciones.

En los anexos F, H, J, L, N y O, es posible observar con mayor detalle los resultados de los contrastes para cada uno de los pesos en las proporciones raciales evaluadas.

En la tabla 8., se puede observar que los animales peruanos tuvieron más diferenciación en la media de  $VG_t$ . La línea  $\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$  superó a la población colombiana en las variables PN, PD, P4 y P12, como también los cuyes  $\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$ , quienes obtuvieron en todos los pesos una mejor habilidad combinar  $VG_a$  y  $VG_{na}$ , superando incluso en PN, P4 y P8 a los animales colombianos.

La selección en PD que se da en los animales peruanos hace que su  $VG_a$  sea superior al del cuy colombiano y al  $VG_{na}$  de la mayoría de los cruces. Según SOLARTE y otros<sup>88</sup> la correlación de PD con respecto a P4 de  $0.67 \pm 0.05$ , P8 de  $0,40 \pm 0.07$  y P12 de  $0,30 \pm 0.07$ , sugiere que el efecto medio de los genes tiene una relación directa sobre todos los pesos. Si se selecciona un animal en PD como se hace en la granja Botana, los otros pesos también serán favorecidos.

Por el contrario, en los animales colombianos el  $VG_a$  no aumenta su valor de cría y son superados por los animales cruzados. Este bajo valor genético aditivo es posiblemente influenciado por la falta de un plan de mejoramiento genético definido, y donde los reproductores son seleccionados fenotípicamente por no presentar problemas en la piel debido a peleas principalmente.

Por tanto las proporciones de genes transmitidos a los cruces por las poblaciones parentales probablemente no interactúan notablemente, quizá por una estrecha relación histórica en la población, y no aumento en tal magnitud el valor genético no aditivo en los cruces para superar a los cuyes peruanos, aunque en algunos casos si superaron al otro parental de origen colombiano. Al respecto, podemos destacar los animales  $\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$ ,  $\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$ ,  $\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$  y  $\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$ . Esta observación, donde los animales cruzados son superiores a una de las poblaciones parentales también esta reportada por el INIA<sup>89</sup>.

Algunas diferencias observadas entre grupos raciales cruzados, pudieron originarse por el tamaño de muestra de los mismos, como es el caso de las poblaciones  $\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$  (n=13),  $\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$  (n=31) y  $\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$  (n=90). Sin embargo, los animales  $\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$  (n=576) superaron en número a los animales peruanos conteos de la primera línea (n= 119) de la subpoblación endogámica. La diferencia numérica fue amplia entre las dos líneas, sin obtener diferencias honestamente significativas del primer cruce con respecto a esta línea parental, además los animales  $\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$  como ya se mencionó, se destacaron en la evaluación genética multirracial igual que  $\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$ , no obstante de encontrarse en desventaja en la muestra.

Al observar la tabla 8., y dividirla con un meridiano horizontal que serían los animales media sangre hasta los animales peruanos, los vistos buenos son más comunes debido a que hay más probabilidad de encontrar genes de cuyes peruanos, esto podría ser una explicación de por que entre los híbridos se encontró tantas diferencias significativas con la prueba de HSD Tukey.

Otro de los métodos descritos para seleccionar dentro de una población multirracial, es la selección individual por Desvíos De Predicción totales. En la

---

<sup>88</sup> SOLARTE. Op. cit. p. 24.

<sup>89</sup> INIA. Op. cit. p. 43.

tabla 9., se puede observar los animales que obtuvieron los mayores Desvíos De Predicción Totales en esta población (anexos C y D). En casi todos los pesos evaluados, se encontraron animales cruzados superiores a los animales de las poblaciones parentales, a excepción de P4, donde el animal peruano 122275 es el mejor en relación a las demás subpoblaciones.

Tabla 9. Animales con la mejor clasificación individual por DEPMT.

	ANIMAL	RAZA	DEPMT
PN	132702	$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	13,910
PD	132749	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	33,176
P4	122275	P	30,210
P8	122395	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	51,749
P12	111700	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	33,361

Esta contrariedad con la anterior discusión sobre la selección bajo el criterio de  $VG_t$  es posiblemente debido a que son criterios de selección diferentes. Por otra parte, es necesario recordar que aunque la media de los valores genéticos pueda ser baja en los cruzados que en los parentales, el valor genético sigue una distribución y no se puede descartar casos excepcionales de individuos de mérito genético muy superior. El cálculo del  $VG_t$  de los individuos es uno de los tantos beneficios del modelo animal multirracial.

## 7. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

### 7.1 CONCLUSIONES

- Al evaluar genéticamente una población multirracial de *Cavia porcellus*, los estimados tienen menor residuo al tener en cuenta los valores genéticos no aditivos. Adicionalmente, los valores genéticos aditivos fueron más grandes que los valores genéticos no aditivos en los cuyes peruanos. Por esta razón la población peruana fue superior a todas de las líneas cruzadas en todos los pesos.
- Los valores para las varianzas materna y de camada estimados en este estudio, demuestran que dichos efectos deben ser considerados en la evaluación genética de cuyes, pues aportan información valiosa que permite realizar inferencia del valor genético de los individuos con mayor precisión en los pesos a diferentes edades en los animales.
- Tomando como referencia los pesos de la población colombiana se encontraron las diferentes proporciones raciales que producen individuos de mayor peso. Los mejores cruces fueron: PN: media sangre,  $\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$  y  $\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$ . En PD:  $\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$ . Para P4: media sangre,  $\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$ ,  $\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$  y  $\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$ . En P8 no hubo animales superiores a los colombianos. Por último en P12:  $\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$ .
- Al no encontrarse una interacción genética superior a las medias de las dos poblaciones parentales, se hace notorio la necesidad de contar con un programa de mejoramiento genético y selección en la población colombiana.

## 7.2 RECOMENDACIONES

- Es necesario validar los resultados obtenidos en este estudio con grupos raciales compuestos por un mayor tamaño de población.
- El sistema productivo de los planteles cuyicolas está influenciado por una gran cantidad de factores de tipo ambiental, por lo que se hace indispensable el control de variables productivas y los apareamientos, en especial con poblaciones multirraciales
- El sistema de mejoramiento genético empleado en la granja experimental de la Universidad de Nariño, podría adoptar evaluaciones genéticas multirraciales y considerar el mejoramiento genético de individuos locales continuando con su labor de protección de los recursos zoogenéticos y su cruce con animales mejorados genéticamente.
- Para una evaluación global del modelo animal multirracial se recomienda completar el sistema dialélico con todas las proporciones sanguíneas representadas en todos los reproductores machos y hembras.

## BIBLIOGRAFÍA

AIKAIKE, Hirotugu. A New Look at the Statistical Model Identification. [online], 1974 [citado 12 Agosto 2013]. Disponible en internet: <[http://www.unt.edu/rss/class/Jon/MiscDocs/Akaike\\_1974.pdf](http://www.unt.edu/rss/class/Jon/MiscDocs/Akaike_1974.pdf)>

BURGOS, P., William. Estudio de la diversidad genética de tres líneas de Cuyes *Cavia porcellus* Lin. (Rodentia: Caviidae) mediante el marcador molecular RAPD. Trabajo de grado Zootecnista. Pasto: Universidad de Nariño, Facultad de ciencias pecuarias. Departamento de producción y procesamiento animal, 2007. 78 p.

BOLDMAN, K.G., Kriese, L.A., van Vleck, L.D. & Kachman, S.D. 1993. A manual for use of MTDFRML. A set of programs to obtain.

CAICEDO Alberto. Experiencias investigativas en la producción de cuyes. Pasto: Universidad de Nariño, 1999. p. 506

CARDELLINO, R. ROVIRA, Jaime. Mejoramiento Genético Animal. Uruguay. Hemisferio Sur. 1987. 253 p.

ELZO, Mauricio, A. Evaluación genética de animales en poblaciones multirraciales de bovinos utilizando modelos lineales. [online], 2006 [citado 13 Noviembre 2014]. Disponible en internet: <<http://www.bioline.org.br/pdf?la06027>>

\_\_\_\_\_ Chapter 16m eqve eqva fxna multibreed animal model with equal residual variances, equal additive genetic variances, and no random nonadditive genetic effects. University of Florida, [online], 2010 [citado 12 Diciembre 2013]. Disponible en internet: <[http://www.animal.ufl.edu/elzo/Publications/Animal%20Breeding%20Notes/Multibreed%20Chapters/MABN\\_16M\\_EQVE\\_EQVA\\_FXNA/MABN\\_2010\\_16M\\_EQVE\\_EQVA\\_FXNA\\_a.pdf](http://www.animal.ufl.edu/elzo/Publications/Animal%20Breeding%20Notes/Multibreed%20Chapters/MABN_16M_EQVE_EQVA_FXNA/MABN_2010_16M_EQVE_EQVA_FXNA_a.pdf)>

\_\_\_\_\_ Multibreed evaluation - theory and application. University of Florida. [online], sin año [citado 5 Enero 2012]. Disponible en internet: <[http://www.animal.ufl.edu/elzo/Publications/Proceedings/MultEval-TnP-t.htm#\\_ftn1](http://www.animal.ufl.edu/elzo/Publications/Proceedings/MultEval-TnP-t.htm#_ftn1)>

\_\_\_\_\_ MARTÍNEZ, G. MANRIQUE, C. Evaluación genética multirracial y su aplicación en programas de ganado criollo, [online], 2003 [citado 1 octubre 2014]. Disponible en internet: <<http://www.bdigital.unal.edu.co/29542/1/28059-99438-1-PB.pdf>>

\_\_\_\_\_ A. VERGARA, G., Óscar, D. Modelación aplicada a las ciencias animales: II. Evaluaciones genéticas. 1 ed. Medellín: Fondo editorial Biogénesis. Sin año. 134 p. ISBN: 978-958-8748-58-0.

FLACONER, D., S. y MACKAY, Trudy F., C. Introducción a la genética cuantitativa. Traducida por Caballero R., Armando. López-Fanjul de Argüelles, Carlos. Toro, I, Miguel, A. Blasco, M., Agustín. 4 ed. Zaragoza: Acribia, 1996. 469 p. ISBN 84-200-0949-0.

GRANDIN, Temple. Hágala fácil. Colorado State University [online], [citado 12 Diciembre 2013]. Disponible en internet: <<http://www.grandin.com/spanish/hagal.facil.html>>

\_\_\_\_\_ Hay que pensar como los animales. Colorado State University [online], sin año [citado 12 Diciembre 2013]. Disponible en internet: <<http://www.grandin.com/spanish/pensar.animales.html>>

INSTITUTO SUPERIOR DE CIENCIAS AGROPECUARIAS HABANA (Cuba). Manual de genética animal II y III. 1982.

JANEWAY, CHARLES, A, TRAVES, Paul. WALPORT, Mark. SHLOMCHIK, Mark, j. Inmunobiología: el sistema inmunitario en condiciones de salud y enfermedad. Traducida por Sanz Eva. Parraga, Mario. De la Hera, Antonio. Pérez del Pulgar, G., Sofía. 2 ed. Barcelona: Elsevier, 2003. 733 p. ISBN 978-84-458-1176-4.

MACARULLA, José, M. y GOÑI, FELIX, M. Bioquímica humana. 2 ed. Barcelona: Revertér. 1994. 517 p. ISBN-84-291-5553-8.

MAHÍA, Ramón. Breve apunte sobre el problema de los regresores estocásticos en el modelo básico de regresión lineal. [online], 2008 [citado 2 Septiembre 2014]. Disponible en internet: <[http://www.uam.es/personal\\_pdi/economicas/rarce/pdf/reg\\_estoc.pdf](http://www.uam.es/personal_pdi/economicas/rarce/pdf/reg_estoc.pdf)>

MARTÍNEZ, N., Carlos, A. ELZO, Mauricio, A. MANRIQUE, P., Carlos. JIMENÉZ, R., Ariel. Genetic parameters and breeding values for live weight using random regression models in a Bos taurus-Bos indicus multibreed cattle population in Colombia. Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias, [online], 2012 [citado 13 Mayo 2014] Disponible en Internet: <<http://rccp.udea.edu.co/index.php/ojs/article/view/818>>

\_\_\_\_\_ Wombat. [online]. Versión 30-08-2013 para Windows 64-bit. Digging Deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. Disponible en internet: <[http://didgeridoo.une.edu.au/km/download.php?file=wombat\\_W64.zip](http://didgeridoo.une.edu.au/km/download.php?file=wombat_W64.zip)>

© Microsoft. All rights reserved. Microsoft Visual FoxPro 9.0. [online], 2007 [citado 1 Diciembre 2013]. Disponible en internet: <<http://msdn.microsoft.com/en-us/vfoxpro/>>

MONTALDO., V. Hugo H., BARRÍA., P. Nelson. Mejoramiento Genético de Animales. Ciencia al día. [online], Septiembre 1998 [citado 5 septiembre 2012]. Disponible en Internet: <<http://www.ciencia.cl/CienciaAIDia/volumen1/numero2/articulos/cad-2-3.pdf>>

MUSCARI, J. HIGAOMA, R. CHAUCA, L. Heterosis obtenida mediante el cruzamiento de tres líneas de cuyes (Cavia porcellus). En: INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIÓN AGRARIA (Perú). Investigaciones en cuyes [online]. LIMA: INIA, 2008. Vol. 2. p. 16. Consultado el 20 de junio de 2014 Disponible en internet: <<http://www.inia.gob.pe/images/AccDirectos/publicaciones/cuyes/doc/APPA-RESUMEN-1994-2007.pdf>>

NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION (E.E.U.U.). [online], sin año [citado 10 Marzo 2012]. Disponible en Internet: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>>

ORTEGÓN, M. MORALES, F. El Cuy. Universidad de Nariño, Facultad de Zootecnia. Pasto, Colombia. 295 p. 1987.

PEÑA, M., Jose. Inmunología en línea. [online], sin año [citado 12 Junio 2014]. Disponible en Internet: <[http://www.inmunologiaenlinea.es/index.php?option=com\\_content&view=article&id=71&Itemid=294](http://www.inmunologiaenlinea.es/index.php?option=com_content&view=article&id=71&Itemid=294)>

RILEY, D, G. CHASE, Jr., C. C. COLEMAN, S, W. OLSON, T. A. Evaluation of birth and weaning traits of Romosinuano calves as purebreds and crosses with Brahman and Angus. J. Anim. Sci. 2014.92:1911–1919.

\_\_\_\_\_. Genetic parameters for body weight, hip height, and the ratio of weight to height from random regression analyses of Brahman feedlot cattle. J. Anim. Sci. 2007.85:42-52.

R Core Team 2014 R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0.

RODERO, E., Herrera, M. El concepto de raza. Un enfoque epistemológico. [online], sin año [citado 5 septiembre 2012]. Disponible en Internet: <[http://www.uco.es/zootecniaygestion/img/pictorex/17\\_10\\_25\\_02\\_02\\_15\\_2roderoi-naugural.pdf](http://www.uco.es/zootecniaygestion/img/pictorex/17_10_25_02_02_15_2roderoi-naugural.pdf)>

SECRETARIA DE AGRICULTURA Y MEDIO AMBIENTE. Consolidado agropecuario 2013. Pasto. GOBERNACIÓN DE NARIÑO; 2013.

SEARLE S., CASELLA G. & McCULLOCH CH. Variance Componentes. Published by Jhon Wiley & Sons, Inc., Hoboken. New Jersey. 2006. p,223

SIERRA, I. El concepto de raza: evolución y realidad. [online], sin año [citado 5 septiembre 2012]. Disponible en Internet: <[http://www.uco.es/organiza/servicios/publica/az/php/img/web/01\\_22\\_53\\_07sierra.pdf](http://www.uco.es/organiza/servicios/publica/az/php/img/web/01_22_53_07sierra.pdf)>

SOLARTE, P., Carlos. ROSERO, G., Carol. CÁRDENAS, H., Heiber. BURGOS, P., William. Caracterización molecular de tres líneas de Cavia porcellus mediante la aplicación de AFLP. [online], 2007 [citado 1 Marzo 2012] Disponible en internet: <<http://promegalac.udenar.edu.co/wp-content/uploads/2010/05/Caracterizacion-molecular-de-tres-lineas-de-Cavia-porcellus-mediante-la-aplicacion-de-AFLP.pdf>>

\_\_\_\_\_ IMUEZ, M, A. PÉREZ, T. Multitrait animal model for the estimation of genetic parameters of *Cavia porcellus* in Colombia. Cuban Journal of Agricultural Science [online], 2002 [citado 1 Marzo 2012]. Disponible en Internet: <<http://promegalac.udenar.edu.co/wp-content/uploads/2010/04/Multitrait-animal-model-for-the-estimation-of-genetic-parameters-of-Cavia-porcellus-in-Colombia.pdf>>

\_\_\_\_\_ SOTO. F., PÉREZ. T., Multitrait animal model for the selection of ***Cavia porcellus*** parents in Colombia. Cuban Journal of Agricultural Science [online], 2002 [citado 1 Marzo 2012]. Disponible en Internet: <<http://promegalac.udenar.edu.co/wp-content/uploads/2010/04/Multitrait-animal-model-for-the-selection-of-Cavia-porcellus-parents-in-Colombia.pdf>>

The ENCODE Project. Consortium, An integrated encyclopedia of DNA elements in the human genome. [online], 2012 [citado 23 noviembre 2014]. Disponible en Internet: <<http://www.nature.com/nature/journal/v489/n7414/full/nature11247.html>>

TORRES, C, Leidy, L. ARAGON, Livia. SILVA, P, Amanda. Efecto de la Acacia (acacia de currens) en el desarrollo y producción del pasto Aubade (*Lolium multiflorum*, Lam) Trabajo de grado Zootecnista. Pasto: Universidad de Nariño, Facultad de ciencias pecuarias. Departamento de producción y procesamiento animal, 2009. p 41.

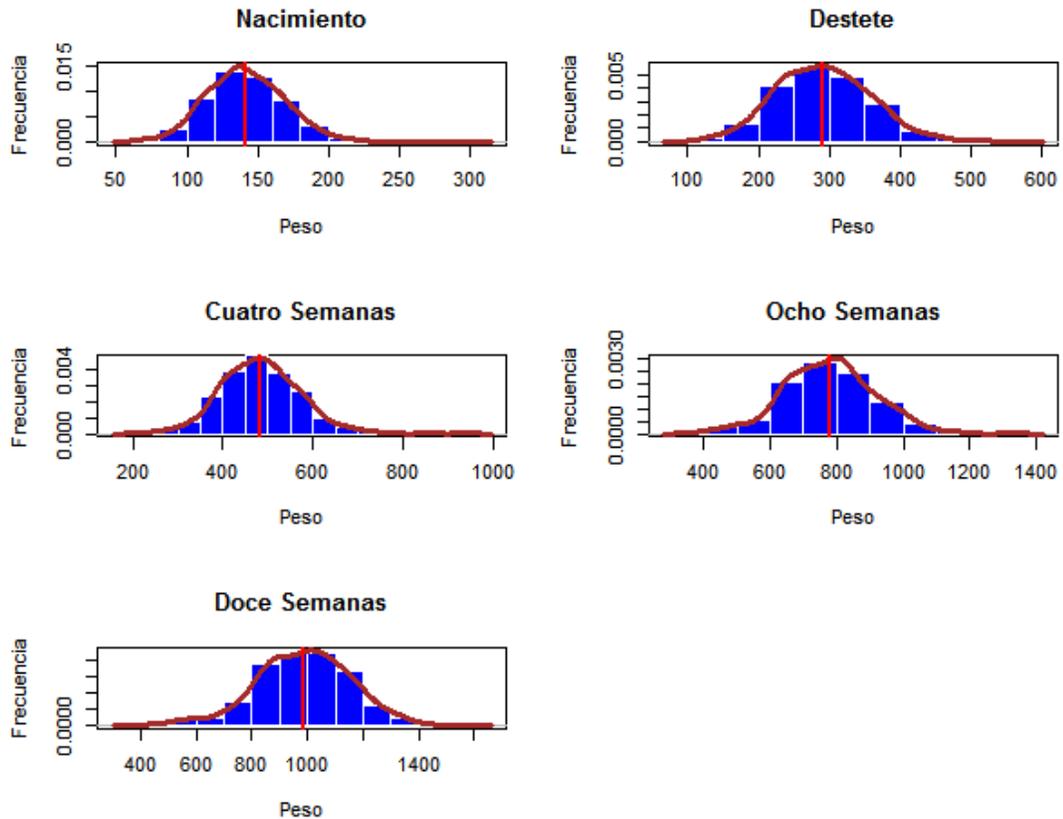
VALLE, Alberto. Cruzamiento de bovinos lecheros. [online], 2007 [citado 5 octubre 2012]. Disponible en Internet: <[http://www.produccion-animal.com.ar/genetica\\_seleccion\\_cruzamientos/bovinos\\_de\\_leche/04-cruzamiento.pdf](http://www.produccion-animal.com.ar/genetica_seleccion_cruzamientos/bovinos_de_leche/04-cruzamiento.pdf)>

VERGARA, Oscar. CERÓN, Mario. ELZO, Mauricio. Modelos de evaluación genética multirracial caso peso al destete en bovinos. [online], 2010 [citado 13 Marzo 2012]. Disponible en Internet: <<http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=69319041012>>

WILLHAM, R., L. The role of maternal effects in animal breeding: iii. Biometrical aspects of maternal effects in animals. Journal of animal science. J. Anim. Sci. 1972, 35:1288-1293.

## ANEXOS

Anexo A. Histogramas de frecuencias en R-project, para cada uno de los pesos evaluados.



Anexo B. Prueba de Shapiro-Wilk para cada uno de los pesos evaluados, con un nivel de confianza 0,05.

	PN	PD	P4	P8	P12
ESTADÍSTICO	0,63660	0,63659	0,63655	0,66568	0,63645
VALOR-P	$9,16 \times 10^{-50}$	$9,01 \times 10^{-46}$	$2,17 \times 10^{-44}$	$1,15 \times 10^{-43}$	$9,14 \times 10^{-43}$

Anexo C. Clasificación individual de los primeros 50 animales de mayor a menor DEPMT para PN y PD.

PN			PD		
ANIMAL	RAZA	DEPMT	ANIMAL	RAZA	DEPMT
132702	$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	13,910	132749	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	33,176
122360	$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	12,627	132569	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	28,371
132663	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	12,236	122275	P	28,113
132764	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	12,185	111793	P	27,391
132776	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	11,430	122277	P	26,730
132662	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	11,385	454	C	25,324
132569	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	10,769	121971	P	23,958
132544	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	10,492	122427	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	23,421
111641	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	10,278	121941	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	23,330
132732	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	10,231	122006	P	22,158
132557	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	9,542	122400	P	21,992
111639	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	9,358	122243	P	21,438
111675	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	9,167	132663	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	21,076
132777	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	9,122	132983	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	20,897
132778	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	9,052	121994	P	20,290
132983	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	8,964	122155	P	20,230
122427	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	8,953	122244	P	20,022
122275	P	8,945	111810	P	20,022
132979	$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	8,824	122152	P	19,910
132775	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	8,809	121993	P	19,523
111673	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	8,784	122128	P	19,214
133066	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	8,715	122242	P	18,852
132735	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	8,651	122153	P	18,835
132888	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	8,584	122069	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	18,685
132874	$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	8,558	122126	P	18,677
121941	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	8,533	111792	P	18,668
122277	P	8,511	122190	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	18,052
111700	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	8,486	122004	P	17,856
132772	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	8,478	132662	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	17,715
132762	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	8,418	122399	P	17,516
122318	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	8,364	132881	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	17,490
132982	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	8,356	122125	P	17,466
133058	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	8,267	132994	$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	17,409
132536	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	8,108	122071	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	17,276
132884	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	8,098	122318	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	17,130
122319	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	8,069	122187	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	17,111

Anexo C. (Continuación).

PN			PD		
ANIMAL	RAZA	ANIMAL	RAZA	ANIMAL	RAZA
111670	½P½C	8,055	111809	P	17,104
133097	¾P¼C	8,042	132693	⅝P⅜C	16,882
111580	½P½C	8,039	111816	P	16,799
2830	C	7,977	122081	P	16,530
122116	½P½C	7,955	122100	½P½C	16,526
132570	¾P¼C	7,922	121973	P	16,295
111674	½P½C	7,900	132992	⅝P⅜C	16,104
122071	½P½C	7,886	111815	P	15,818
111514	⅞P⅛C	7,880	111807	P	15,585
111824	½P½C	7,857	132995	⅝P⅜C	15,527
121954	½P½C	7,827	132942	¾P¼C	15,428
132855	¾P¼C	7,809	122003	P	15,301
132714	¾P¼C	7,588	122401	P	15,135
122069	½P½C	7,576	122305	½P½C	15,066

Anexo D. Clasificación individual de los primeros 50 animales de mayor a menor DEPMT para P4, P8 y P12.

P4			P8			P12		
ANIMAL	RAZA	DEPMT	ANIMAL	RAZA	DEPMT	ANIMAL	RAZA	DEPMT
122275	P	30,210	122395	½P½C	51,749	111700	½P½C	33,361
122395	½P½C	29,904	121941	½P½C	42,442	111701	½P½C	33,185
122026	½P½C	28,118	132649	¾P¼C	38,606	132759	⅝P⅜C	29,799
132942	¾P¼C	27,945	122116	½P½C	33,561	111508	½P½C	28,754
122427	¾P¼C	26,975	132942	¾P¼C	32,967	132832	⅜P⅝C	28,262
132662	¾P¼C	26,777	122191	½P½C	32,771	111759	½P½C	28,016
132543	¾P¼C	25,008	111678	½P½C	31,685	122448	¾P¼C	26,605
132663	¾P¼C	24,465	132850	⅜P⅝C	31,024	122272	½P½C	25,736
132569	¾P¼C	23,331	111700	½P½C	30,913	122207	¼P¾C	24,901
132650	¾P¼C	22,690	122424	¾P¼C	30,591	132820	¾P¼C	24,185
132832	⅜P⅝C	22,553	122253	½P½C	30,542	132662	¾P¼C	24,155
121941	½P½C	22,406	122331	½P½C	30,224	122140	½P½C	24,016
122448	¾P¼C	22,258	111798	½P½C	29,392	111678	½P½C	23,771
111700	½P½C	21,714	132662	¾P¼C	28,901	9094	C	23,309
122253	½P½C	21,711	121938	½P½C	28,730	1230	C	23,304
122318	¾P¼C	21,677	1172	C	28,664	122142	½P½C	23,279
111514	⅞P⅛C	21,359	111632	½P½C	28,548	122394	½P½C	23,170

Anexo D. (Continuación).

P4			P8			P12		
ANIMAL	RAZA	DEPMT	ANIMAL	RAZA	DEPMT	ANIMAL	RAZA	DEPMT
132565	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	21,354	132664	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	28,354	111680	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	22,226
122424	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	21,294	122427	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	28,321	122033	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	22,089
122278	P	21,263	122186	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	28,273	132707	$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	21,861
132647	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	21,079	122078	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	28,129	121941	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	21,370
132651	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	20,631	132832	$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	27,961	122116	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	21,326
132764	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	20,566	111661	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	27,901	462	C	21,294
122319	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	20,017	111638	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	27,452	122397	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	21,275
111701	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	19,732	111679	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	27,174	111679	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	21,196
111639	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	19,726	111702	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	26,812	111800	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	21,187
111702	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	19,704	122319	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	26,713	132819	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	21,146
132992	$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	19,664	111516	$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	26,529	132663	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	21,065
122071	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	19,495	121935	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	26,241	121936	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	20,634
122089	$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	19,224	132647	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	26,179	111506	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	20,514
132994	$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	19,213	111677	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	26,108	122159	$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	20,482
2830	C	19,191	122320	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	25,975	111639	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	20,388
132536	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	18,939	111508	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	25,170	111711	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	20,333
132765	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	18,801	132828	$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	25,125	122431	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	20,244
121938	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	18,721	122396	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	25,091	122117	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	19,884
132881	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	18,522	122079	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	25,026	122160	$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	19,864
122426	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	18,278	122101	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	24,984	9098	C	19,846
111569	$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	18,160	132853	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	24,823	132764	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	19,716
132560	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	18,028	132663	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	24,800	122428	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	19,420
132660	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	18,011	111711	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	24,456	132536	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	19,419
111593	$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	17,932	121937	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	24,382	111795	P	19,355
111516	$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	17,792	27	C	24,345	111674	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	19,294
122215	$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	17,703	122119	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	24,321	1172	C	19,188
132751	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	17,656	122272	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	24,217	132664	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	19,097
122023	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	17,630	132618	$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	24,080	122261	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	19,042
111497	$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	17,508	111681	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	24,024	122319	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	18,995
122320	$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	17,504	122117	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	23,718	122253	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	18,844
111661	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	17,500	122075	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	23,672	111641	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	18,700
133018	$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	17,329	9094	C	23,174	122143	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	18,696
122143	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	17,257	111680	$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	23,155	121884	P	18,384

Anexo E. Procedimiento GLM para peso al nacimiento, variable dependiente  $VG_t$ .

Fuente	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
Modelo	8	2285,46598	285,68325	6,03	<,0001
Error	1712	81156,01188	47,40421		
Total corregido	1720	83441,47786			

Anexo F. Prueba HSD para peso al nacimiento, variable dependiente  $VG_t$ .

Contraste	Diferencia entre medias	Simultáneos 95% Límites de confianza	
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - P$	0,4705	-3,8414	4,7823
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	1,5310	-2,9221	5,9841
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	2,1439	-5,6326	9,9204
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	2,2153	-1,7863	6,2169
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	2,2330	-1,7096	6,1755
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	3,9238	-0,2620	8,1096
$P - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-0,4705	-4,7823	3,8414
$P - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	1,0605	-1,9266	4,0476
$P - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	1,6734	-5,3669	8,7138
$P - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	1,7448	-0,5147	4,0043
$P - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	1,7625	-0,3907	3,9156
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-1,5310	-5,9841	2,9221
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - P$	-1,0605	-4,0476	1,9266
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	0,6130	-6,5148	7,7407
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	0,6843	-1,8343	3,2030
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	0,7020	-1,7217	3,1257
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	2,3929	-0,4092	5,1949
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - C$	2,7048	-0,0609	5,4706
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-2,1439	-9,9204	5,6326
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - P$	-1,6734	-8,7138	5,3669
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	-0,6130	-7,7407	6,5148
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	0,0714	-6,7833	6,9261
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	0,0890	-6,7314	6,9094
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	1,7799	-5,1839	8,7438
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - C$	2,0919	-4,8574	9,0412
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	2,1353	-4,8023	9,0729
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-2,2153	-6,2169	1,7863
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - P$	-1,7448	-4,0043	0,5147
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	-0,6843	-3,2030	1,8343

\* Las comparaciones importantes del nivel 0,05.

Anexo F. (Continuación).

Contraste	Diferencia entre medias	Simultáneos 95% Límites de confianza	
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	-0,0714	-6,9261	6,7833
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	0,0177	-1,4165	1,4519
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	1,7086	-0,3000	3,7171
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-2,2330	-6,1755	1,7096
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - P$	-1,7625	-3,9156	0,3907
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	-0,7020	-3,1257	1,7217
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	-0,0890	-6,9094	6,7314
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	-0,0177	-1,4519	1,4165
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	1,6909	-0,1972	3,5790
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-3,9238	-8,1096	0,2620
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	-2,3929	-5,1949	0,4092
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	-1,7799	-8,7438	5,1839
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	-1,7086	-3,7171	0,3000
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-1,6909	-3,5790	0,1972
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - C$	0,3120	-1,9989	2,6228
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	0,3554	-1,9201	2,6308
$C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	-2,7048	-5,4706	0,0609
$C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	-2,0919	-9,0412	4,8574
$C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	-0,3120	-2,6228	1,9989
$C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	0,0434	-2,1871	2,2739
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	-2,1353	-9,0729	4,8023
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	-0,3554	-2,6308	1,9201
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - C$	-0,0434	-2,2739	2,1871
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - C$	4,2358	0,0743	8,3973 *
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	4,2792	0,1372	8,4212 *
$P - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	3,4534	0,8817	6,0250 *
$P - C$	3,7653	1,2333	6,2973 *
$P - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	3,8087	1,3090	6,3085 *
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	2,7483	0,0120	5,4845 *
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - C$	2,0205	0,0630	3,9780 *
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	2,0639	0,1483	3,9796 *
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - C$	2,0029	0,1691	3,8366 *
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	2,0463	0,2573	3,8352 *
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - P$	-3,4534	-6,0250	-0,8817 *
$C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-4,2358	-8,3973	-0,0743 *
$C - P$	-3,7653	-6,2973	-1,2333 *
$C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	-2,0205	-3,9780	-0,0630 *
$C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-2,0029	-3,8366	-0,1691 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-4,2792	-8,4212	-0,1372 *

\* Las comparaciones importantes del nivel 0,05.

Anexo F. (Continuación).

Contraste	Diferencia entre medias	Simultáneos 95% Límites de confianza	
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - P$	-3,8087	-6,3085	-1,3090 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	-2,7483	-5,4845	-0,0120 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	-2,0639	-3,9796	-0,1483 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-2,0463	-3,8352	-0,2573 *

\* Las comparaciones importantes del nivel 0,05.

Anexo G. Procedimiento GLM para peso al destete, variable dependiente  $VG_t$ .

Fuente	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
Modelo	8	71109,5148	8888,6894	37,2	<,0001
Error	1388	331666,897	238,9531		
Total corregido	1396	402776,4118			

Anexo H. Prueba HSD para peso al destete, variable dependiente  $VG_t$ .

Contraste	Diferencia entre medias	Simultáneos 95% Límites de confianza	
$P - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	3,1217	-8,4808	14,7242
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - P$	-3,1217	-14,7242	8,4808
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	18,1868	-0,2643	36,6378
$C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	2,4284	-1,9974	6,8542
$C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	3,1898	-12,4817	18,8614
$C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	4,2248	-1,6938	10,1433
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - C$	-2,4284	-6,8542	1,9974
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	0,7614	-14,5759	16,0988
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	1,7964	-3,1702	6,7629
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	2,9971	-0,5476	6,5418
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-18,1868	-36,6378	0,2643
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - C$	-3,1898	-18,8614	12,4817
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-0,7614	-16,0988	14,5759
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	1,0349	-14,7978	16,8677
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	2,2357	-13,2101	17,6816
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{1}{8}P\frac{1}{8}C$	7,6054	-8,4802	23,6910
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	10,2746	-5,4764	26,0256
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - C$	-4,2248	-10,1433	1,6938
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-1,7964	-6,7629	3,1702

\* Las comparaciones importantes del nivel 0,05.

Anexo H. (Continuación.)

Contraste	Diferencia entre medias	Simultáneos 95% Límites de confianza	
$\frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C - \frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C$	-1,0349	-16,8677	14,7978
$\frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C - \frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C$	1,2008	-4,0913	6,4929
$\frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C - \frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C$	6,5704	-0,3707	13,5115
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - \frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C$	-2,9971	-6,5418	0,5476
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - \frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C$	-2,2357	-17,6816	13,2101
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - \frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C$	-1,2008	-6,4929	4,0913
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - \frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C$	5,3697	-0,6368	11,3761
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - \frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C$	-7,6054	-23,6910	8,4802
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - \frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C$	-6,5704	-13,5115	0,3707
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - \frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C$	-5,3697	-11,3761	0,6368
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - \frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C$	2,6693	-4,0832	9,4217
$\frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C - \frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C$	-10,2746	-26,0256	5,4764
$\frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C - \frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C$	-2,6693	-9,4217	4,0832
P - C	18,1186	11,8120	24,4253 *
P - $\frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C$	20,5470	15,1239	25,9702 *
P - $\frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C$	21,3085	5,3266	37,2903 *
P - $\frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C$	22,3434	15,6462	29,0406 *
P - $\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C$	23,5442	17,8214	29,2670 *
P - $\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C$	28,9138	21,6390	36,1886 *
P - $\frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C$	31,5831	25,0816	38,0846 *
$\frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C - C$	14,9970	3,8258	26,1681 *
$\frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C - \frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C$	17,4254	6,7281	28,1227 *
$\frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C - \frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C$	19,2217	7,8255	30,6179 *
$\frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C - \frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C$	9,2397	3,1139	15,3655 *
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - \frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C$	8,0389	2,9967	13,0811 *
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - P$	-23,5442	-29,2670	-17,8214 *
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - \frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C$	-20,4225	-31,2748	-9,5702 *
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - C$	-5,4255	-10,2139	-0,6372 *
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - P$	-28,9138	-36,1886	-21,6390 *
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - \frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C$	-25,7921	-37,5371	-14,0472 *
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - C$	-10,7952	-17,3603	-4,2301 *
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - \frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C$	-8,3668	-14,0884	-2,6452 *
$\frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C - P$	-31,5831	-38,0846	-25,0816 *
$\frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C - \frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C$	-28,4614	-39,7437	-17,1791 *
$\frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C - C$	-13,4644	-19,1607	-7,7682 *
$\frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C - \frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C$	-11,0360	-15,7354	-6,3367 *
$\frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C - \frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C$	-9,2397	-15,3655	-3,1139 *
$\frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C - \frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C$	-8,0389	-13,0811	-2,9967 *

\* Las comparaciones importantes del nivel 0,05.

Anexo I. Procedimiento GLM para peso cuarta semana, variable dependiente  $VG_t$ .

Fuente	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
Modelo	8	51547,3524	6443,419	20,25	<,0001
Error	1290	410392,9561	318,1341		
Total corregido	1298	461940,3084			

Anexo J. Prueba HSD para peso cuarta semana, variable dependiente  $VG_t$ .

Contraste	Diferencia entre medias	Simultáneos 95% Límites de confianza	
$\frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C - P$	6,904	-9,639	23,448
$\frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C - \frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C$	6,957	-9,587	23,501
$\frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C - \frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C$	8,251	-7,493	23,995
$\frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C - \frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C$	9,785	-5,791	25,361
$\frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C - \frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C$	20,530	-2,780	43,840
$P - \frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C$	-6,904	-23,448	9,639
$P - \frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C$	0,053	-8,602	8,707
$P - \frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C$	1,347	-5,659	8,353
$P - \frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C$	2,881	-3,739	9,501
$P - \frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C$	13,626	-4,937	32,188
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - \frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C$	-6,957	-23,501	9,587
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - P$	-0,053	-8,707	8,602
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - \frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C$	1,294	-5,712	8,300
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - \frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C$	2,828	-3,792	9,448
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - \frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C$	13,573	-4,990	32,135
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - \frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C$	-8,251	-23,995	7,493
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - P$	-1,347	-8,353	5,659
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - \frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C$	-1,294	-8,300	5,712
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - \frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C$	1,534	-2,709	5,777
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - \frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C$	12,279	-5,575	30,132
$\frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C - \frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C$	-9,785	-25,361	5,791
$\frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C - P$	-2,881	-9,501	3,739
$\frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C - \frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C$	-2,828	-9,448	3,792
$\frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C - \frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C$	-1,534	-5,777	2,709
$\frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C - \frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C$	10,745	-6,961	28,450
$C - \frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C$	4,234	-13,869	22,338
$C - \frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C$	4,372	-2,689	11,433
$\frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C - \frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C$	-20,530	-43,840	2,780
$\frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C - P$	-13,626	-32,188	4,937

\* Las comparaciones importantes del nivel 0,05.

Anexo J. (Continuación).

Contraste	Diferencia entre medias	Simultáneos 95% Límites de confianza	
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	-13,573	-32,135	4,990
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	-12,279	-30,132	5,575
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-10,745	-28,450	6,961
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - C$	-4,234	-22,338	13,869
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	0,138	-18,203	18,478
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	7,317	-10,974	25,607
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - C$	-4,372	-11,433	2,689
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	-0,138	-18,478	18,203
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	7,179	-0,349	14,707
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	-7,317	-25,607	10,974
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	-7,179	-14,707	0,349
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - C$	16,296	0,269	32,322 *
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	20,668	4,374	36,962 *
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	27,847	11,609	44,084 *
P - C	9,391	1,771	17,011 *
P - $\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	13,763	5,596	21,930 *
P - $\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	20,942	12,888	28,997 *
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - C$	9,339	1,719	16,959 *
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	13,711	5,543	21,878 *
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	20,890	12,835	28,944 *
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - C$	8,044	2,366	13,723 *
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	12,416	6,022	18,810 *
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	19,595	13,346	25,845 *
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - C$	6,510	1,316	11,705 *
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	10,882	4,914	16,851 *
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	18,061	12,248	23,874 *
C - $\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	11,551	4,620	18,482 *
C - $\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-16,296	-32,322	-0,269 *
C - P	-9,391	-17,011	-1,771 *
C - $\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	-9,339	-16,959	-1,719 *
C - $\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	-8,044	-13,723	-2,366 *
C - $\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-6,510	-11,705	-1,316 *
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-20,668	-36,962	-4,374 *
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - P$	-13,763	-21,930	-5,596 *
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	-13,711	-21,878	-5,543 *
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	-12,416	-18,810	-6,022 *
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-10,882	-16,851	-4,914 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-27,847	-44,084	-11,609 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - P$	-20,942	-28,997	-12,888 *

\* Las comparaciones importantes del nivel 0,05.

Anexo J. (Continuación).

Contraste	Diferencia entre medias	Simultáneos 95% Límites de confianza	
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	-20,890	-28,944	-12,835 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	-19,595	-25,845	-13,346 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-18,061	-23,874	-12,248 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - C$	-11,551	-18,482	-4,620 *

\* Las comparaciones importantes del nivel 0,05.

Anexo K. Procedimiento GLM para peso octava semana, variable dependiente  $VG_t$ .

Fuente	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
Modelo	8	53263,8783	6657,9848	11,11	<,0001
Error	1239	742202,6232	599,0336		
Total corregido	1247	795466,5015			

Anexo L. Prueba HSD para peso octava semana, variable dependiente  $VG_t$ .

Contraste	Diferencia entre medias	Simultáneos 95% Límites de confianza	
$P - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	2,240	-6,952	11,432
$P - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	3,510	-6,250	13,269
$P - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	3,555	-24,646	31,755
$P - C$	3,745	-6,834	14,324
$P - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	5,139	-6,812	17,090
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	1,270	-4,659	7,199
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	1,315	-25,799	28,428
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - C$	1,505	-5,693	8,703
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	2,899	-6,197	11,995
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	0,045	-27,266	27,356
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - C$	0,236	-7,674	8,145
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	1,629	-8,039	11,298
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - C$	0,191	-27,424	27,805
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	1,584	-26,585	29,753
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	9,852	-18,071	37,774
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	20,218	-7,791	48,227
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	27,552	-8,522	63,625
$C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	1,394	-9,101	11,889
$C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	9,661	-0,153	19,475

\* Las comparaciones importantes del nivel 0,05.

Anexo L. (Continuación).

Contraste	Diferencia entre medias	Simultáneos 95% Límites de confianza	
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - P$	-2,240	-11,432	6,952
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - P$	-3,510	-13,269	6,250
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	8,267	-3,013	19,547
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-1,270	-7,199	4,659
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - P$	-3,555	-31,755	24,646
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-1,315	-28,428	25,799
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	-0,045	-27,356	27,266
C - P	-3,745	-14,324	6,834
C - $\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-1,505	-8,703	5,693
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	10,366	-0,507	21,240
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	17,700	-7,501	42,900
C - $\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	-0,236	-8,145	7,674
C - $\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-0,191	-27,805	27,424
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - P$	-5,139	-17,090	6,812
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-2,899	-11,995	6,197
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	-1,629	-11,298	8,039
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-1,584	-29,753	26,585
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - C$	-1,394	-11,889	9,101
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	7,334	-17,962	32,630
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-9,852	-37,774	18,071
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - C$	-9,661	-19,475	0,153
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	-8,267	-19,547	3,013
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-20,218	-48,227	7,791
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	-10,366	-21,240	0,507
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-27,552	-63,625	8,522
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	-17,700	-42,900	7,501
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	-7,334	-32,630	17,962
P - $\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	13,406	2,049	24,764 *
P - $\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	23,772	12,204	35,341 *
P - $\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	31,106	5,598	56,614 *
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	11,166	2,865	19,467 *
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	21,532	12,946	30,119 *
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	28,866	4,564	53,168 *
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	9,897	0,972	18,822 *
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	20,263	11,072	29,454 *
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	27,597	3,075	52,118 *
C - $\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	20,027	9,970	30,084 *
C - $\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	27,361	2,502	52,220 *
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - \frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	18,633	7,142	30,125 *

\* Las comparaciones importantes del nivel 0,05.

Anexo L. (Continuación).

Contraste	Diferencia entre medias	Simultáneos 95% Límites de confianza	
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C - \frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	25,967	0,494	51,441 *
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - P$	-13,406	-24,764	-2,049 *
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-11,166	-19,467	-2,865 *
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	-9,897	-18,822	-0,972 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - P$	-23,772	-35,341	-12,204 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-21,532	-30,119	-12,946 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	-20,263	-29,454	-11,072 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - C$	-20,027	-30,084	-9,970 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	-18,633	-30,125	-7,142 *
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - P$	-31,106	-56,614	-5,598 *
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-28,866	-53,168	-4,564 *
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	-27,597	-52,118	-3,075 *
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - C$	-27,361	-52,220	-2,502 *
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	-25,967	-51,441	-0,494 *

\* Las comparaciones importantes del nivel 0,05.

Anexo M. Procedimiento GLM para peso doceava semana, variable dependiente  $VG_t$ .

Fuente	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
Modelo	8	38188,0439	4773,5055	8	<,0001
Error	1178	702710,0864	596,5281		
Total corregido	1186	740898,1303			

Anexo N. Prueba HSD para peso a la doceava semana, variable dependiente  $VG_t$ .

Contraste	Diferencia entre medias	Simultáneos 95% Límites de confianza	
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - C$	7,729	-18,344	33,802
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	8,560	-18,160	35,279
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - P$	9,838	-16,881	36,557
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	11,132	-15,281	37,546
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	13,321	-12,230	38,872
$\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C - \frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	18,542	-7,237	44,322
$C - \frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-7,729	-33,802	18,344
$C - \frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	0,830	-9,827	11,488

\* Las comparaciones importantes del nivel 0,05.

Anexo N. (Continuación).

Contraste	Diferencia entre medias	Simultáneos 95% Límites de confianza	
C - P	2,109	-8,548	12,767
C - $\frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C$	3,403	-6,463	13,269
C - $\frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C$	5,592	-1,654	12,838
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - \frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C$	-8,560	-35,279	18,160
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - C$	-0,830	-11,488	9,827
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - P$	1,279	13,432	10,875
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - \frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C$	2,573	-8,893	14,038
$\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C - \frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C$	4,761	-4,546	14,069
P - $\frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C$	-9,838	-36,557	16,881
P - C	-2,109	-12,767	8,548
P - $\frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C$	-1,279	-13,432	$\frac{17}{8}P^{\frac{1}{8}}C$
P - $\frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C$	1,294	-10,172	12,759
P - $\frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C$	3,483	-5,825	12,790
P - $\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C$	8,704	-1,214	18,622
$\frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C - \frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C$	-11,132	-37,546	15,281
$\frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C - C$	-3,403	-13,269	6,463
$\frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C - \frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C$	-2,573	-14,038	8,893
$\frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C - P$	-1,294	-12,759	10,172
$\frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C - \frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C$	2,189	-6,200	10,578
$\frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C - \frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C$	7,410	-1,652	16,472
$\frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C - \frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C$	-13,321	-38,872	12,230
$\frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C - C$	-5,592	-12,838	1,654
$\frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C - \frac{7}{8}P^{\frac{1}{8}}C$	-4,761	-14,069	4,546
$\frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C - P$	-3,483	-12,790	5,825
$\frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C - \frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C$	-2,189	-10,578	6,200
$\frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C - \frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C$	5,221	-0,885	11,327
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - \frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C$	-18,542	-44,322	7,237
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - P$	-8,704	-18,622	1,214
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - \frac{1}{4}P^{\frac{3}{4}}C$	-7,410	-16,472	1,652
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - \frac{1}{2}P^{\frac{1}{2}}C$	-5,221	-11,327	0,885
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - \frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C$	8,472	-1,307	18,251
$\frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C - \frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C$	22,781	-1,726	47,287
$\frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C - \frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C$	-8,472	-18,251	1,307
$\frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C - \frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C$	14,309	-11,131	39,748
$\frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C - \frac{3}{4}P^{\frac{1}{4}}C$	-22,781	-47,287	1,726
$\frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C - \frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C$	-14,309	-39,748	11,131
$\frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C - C$	26,013	0,291	52,591 *
$\frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C - \frac{3}{8}P^{\frac{5}{8}}C$	27,014	0,346	53,682 *
$\frac{5}{8}P^{\frac{3}{8}}C - \frac{1}{8}P^{\frac{7}{8}}C$	41,323	6,450	76,196 *

\* Las comparaciones importantes del nivel 0,05.

Anexo N. (Continuación).

Contraste	Diferencia entre medias	Simultáneos 95% Límites de confianza	
C - $\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	10,813	2,798	18,828 *
C - $\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	19,285	8,757	29,813 *
C - $\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	33,594	8,779	58,409 *
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$ - $\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$	9,983	0,065	19,901 *
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$ - $\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	18,454	6,414	30,495 *
$\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$ - $\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	32,763	7,270	58,256 *
P - $\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	17,176	5,135	29,216 *
P - $\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	31,484	5,991	56,978 *
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$ - $\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	15,882	4,536	27,227 *
$\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$ - $\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	30,190	5,018	55,363 *
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$ - $\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$	13,693	4,534	22,852 *
$\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$ - $\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$	28,002	3,736	52,268 *
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$ - C	-10,813	-18,828	-2,798 *
$\frac{3}{4}P\frac{1}{4}C$ - $\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	-9,983	-19,901	-0,065 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$ - $\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-27,014	-53,682	-0,346 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$ - C	-19,285	-29,813	-8,757 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$ - $\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	-18,454	-30,495	-6,414 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$ - P	-17,176	-29,216	-5,135 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$ - $\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	-15,882	-27,227	-4,536 *
$\frac{3}{8}P\frac{5}{8}C$ - $\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-13,693	-22,852	-4,534 *
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$ - $\frac{5}{8}P\frac{3}{8}C$	-41,323	-76,196	-6,450 *
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$ - C	-33,594	-58,409	-8,779 *
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$ - $\frac{7}{8}P\frac{1}{8}C$	-32,763	-58,256	-7,270 *
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$ - P	-31,484	-56,978	-5,991 *
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$ - $\frac{1}{4}P\frac{3}{4}C$	-30,190	-55,363	-5,018 *
$\frac{1}{8}P\frac{7}{8}C$ - $\frac{1}{2}P\frac{1}{2}C$	-28,002	-52,268	-3,736 *

\* Las comparaciones importantes del nivel 0,05.

Anexo O. Foto de un cuy pesado por medio del método de oscuridad.



Anexo P. Algunas modificaciones hechas en el galpón de pozas.

