

# Depresión endogámica en vacunos lecheros y su efecto en la reproducción y producción de leche

## Inbreeding depression on dairy cattle for reproduction traits and milk production

Recibido: 31 de agosto de 2023 | Revisado: 25 de septiembre de 2023 | Aceptado: 10 de diciembre de 2025

Gladys Garay Livia<sup>1,2</sup>

Jorge Calderón Velásque<sup>3</sup>

1 Escuela Universitaria de Posgrado – Universidad Nacional Federico Villarreal. Lima, Perú

2 Universidad Nacional de Barranca. Lima, Perú

3 Universidad Nacional Agraria La Molina. Lima, Perú

Correo: [ggaray@unab.edu.pe](mailto:ggaray@unab.edu.pe)

<https://orcid.org/0000-0002-2370-222X>

[jcalderonv@lamolina.edu.pe](mailto:jcalderonv@lamolina.edu.pe)

<https://orcid.org/0000-0002-7545-3579>

<https://doi.org/10.62428/revp2025422079>

### Abstract

The aim was to evaluate the levels of inbreeding in dairy cows in a closed herd, and intensive system on Lima dairy region, and the endogamic depression on the reproductive traits of the number of services to pregnancy, number of calving per cow, length gestation, age at calving (first and two or more calving), calving intervals, open days and on milk production (305 days, 3 milking). 38, 666 pedigree records were evaluated to determine the inbreeding coefficients of the cows and 5,356 production records to evaluate inbreeding depression. Linear models were used considering age as a covariate, as well as regression models to assess inbreeding depression. The average inbreeding coefficient increased per year of birth was +0.13%, the highest value of inbreeding was observed in animals born in 2021 (9.39%). Six groups were formed: non-consanguineous and consanguineous cows with an interval of 3.125% inbreeding. No inbreeding depression was observed on the reproductive characters of number of services per pregnancy, age at first calving and successive calving's, open days and for milk production, while for the number of calving's per cow it was determined that there is a reduction of 0.04 fewer calving per cow, gestation length affected by -0.16 days, calving interval an increase of 0.028 days for each 1% increase of inbreeding. Monitoring of inbreeding is necessary to avoid an increase of inbreeding, implement a system mating of minimum inbreeding.

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

### Resumen

El objetivo fue evaluar los niveles de consanguinidad en vacas lecheras Holstein en un rebaño cerrado bajo un sistema intensivo en la cuenca de Lima, Perú periodo 2008-2021 y la depresión endogámica sobre los caracteres reproductivos del número de servicios a la preñez, número de partos por vaca, longitud de gestación, edad al parto, intervalo entre partos, días vacíos y sobre la producción de leche (305 días, 3 ordeños). Se utilizaron 38,666 registros de genealogía para estimar los coeficientes de consanguinidad y 5,356 registros de producción para evaluar la depresión endogámica. Se empleó modelos lineales considerando la edad como covariable, y modelos de regresión para determinar la depresión endogámica. El incremento de la consanguinidad fue de +0.13% por año de nacimiento, observándose el mayor valor (9.39%) en los animales nacidos en 2021. Se formó seis grupos: vacas no consanguíneas y consanguíneas con un intervalo de 3.125% de consanguinidad. No se observó una depresión endogámica sobre los caracteres reproductivos de número de servicios por preñez, edad al primer parto y partos sucesivos, días vacíos y para la producción de leche, mientras que para el número de partos por vaca se determinó que existe una reducción de 0.04 partos por vaca, la longitud de gestación en -0.16 días, el intervalo entre partos presenta un incremento de 0.028 días, por cada 1% de incremento de la consanguinidad. Es necesario el monitoreo de la consanguinidad para evitar el incremento de la homocigocidad, con sistemas de apareamiento de mínima consanguinidad.

**Palabras clave:** Depresión endogámica, duración de la gestación, endogamia, producción de leche, días abiertos, índice reproductivo.



Este artículo es de acceso abierto distribuido bajo los términos y condiciones de la licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International

## Introducción

Los sistemas de producción de animales de granja constantemente están implementando programas de mejoramiento mediante el uso de nuevas técnicas reproductivas que permitan lograr un progreso genético en aquellas características de importancia económica y en aquellas relacionadas con la eficiencia de la producción (Huanca, 2001; Dekkers et al., 2012; Menwissen et al., 2016; Fleming et al., 2017; Mrode et al., 2019; Cole et al., 2020).

Este avance en el mejoramiento genético, en las evaluaciones genómicas, han permitido identificar a una edad temprana a los reproductores machos padres de las vacas con un potencial genético mejorador, pero que ha contribuido a su vez en el incremento de la consanguinidad en la población, que han sido reportados por diferentes autores y en diferentes países (Parland et al., 2007; Ferenčaković et al., 2017; Andere et al., 2017; Gamboa, 2019; Council on Dairy Cattle Breeding [CDCB], 2023).

Asimismo, la depresión endogámica ha sido estudiada en todas las especies animal con la finalidad de poder establecer límites en su uso como una herramienta del mejoramiento animal, debido a que conlleva a la presencia o prevalencia de genes recesivos no deseados como la deficiencia leucocitaria bovina (BLAD), deficiencia de la sintetasa monofosfato uridin (DUMPS) reportados en los trabajos de consanguinidad de Bjelland et al. (2013), y efectos no positivos en la producción de leche (Maltecca et al., 2020).

La depresión endogámica sobre los caracteres reproductivos de número de servicios por preñez ha sido reportada por Baes et al. (2019), Gutiérrez-Reinoso et al. (2022), sobre el número de partos por Pryce et al. (2014), longitud de gestación por Leroy (2014), la edad al primer parto por Gutiérrez-Reinoso et al. (2020) y Remmik et al. (2020), sobre el intervalo entre parto reportó Baes et al. (2019), Doekes et al. (2020), Martínez-Castillero et al. (2021), para los días vacíos reportaron el efecto de la depresión endogámica Remmik et al. (2020) y Martínez-Castillero et al. (2021).

El objetivo de la investigación fue evaluar los niveles de consanguinidad en vacas lecheras en un rebaño cerrado, en un sistema intensivo de leche en vacas de la raza Holstein de un rebaño comercial cerrado en la cuenca de Lima, en el periodo 2008-2021 y la depresión endogámica sobre los caracteres reproductivos del número de servicios a la preñez, número de partos por vaca, longitud de gestación, edad al parto (primer y demás partos), intervalo entre parto, días vacíos y sobre la producción de leche (305 días, 3 ordeños).

## Materiales y métodos

Se evaluaron 38,014 registros de genealogía para determinar los coeficientes de consanguinidad de los animales, correspondiendo a 6,665 vacas perteneciente al mismo rebaño. Para la construcción de los registros de genealogía se utilizó los certificados de pedigrí de los animales y la base de datos de la Asociación Holstein de los Estados Unidos de Norteamérica (Holstein Foundation, 2021-2022).

Se aplicó el software Pedigraph (Garbe y Da, 2008), que utiliza el algoritmo desarrollado por Meuwissen y Luo (1992) y permite determinar coeficientes de consanguinidad de una gran cantidad de registros de genealogía, utilizando una microcomputadora i7 (12th generación) de 32 Mb de RAM.

En base a los valores de consanguinidad se formaron grupos de vacas en función a la consanguinidad, los animales no consanguíneos y los grupos consanguíneos con un rango de variación de 0.03125 de consanguinidad, siendo los grupos siguientes (Tabla 1).

**Tabla 1**

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

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

*Nota.* Muestra el rango de variación de los grupos consanguíneos.

Para el análisis de los registros de producción y reproducción se utilizó el programa estadístico SAS® OnDemand for Academics (Statistical Analysis System [SAS], 2022), utilizando los módulos y procedimientos PROC MEANS, PROC FREQ, PROC UNIVARIATE, PROC GLM, PROC REG, PROC CORR.

Los modelos lineales empleados fueron:

$$Y_{ij} = \mu + NP_i + AP_j * EP_k + \beta_1(Edad) + Fx_m + e_{ijklmn}$$

Número de servicios por preñez

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

Número de partos

$$Y_{ij} = \mu + NP_i + AP_j * EP_k + \beta_1(Edad) + SC_m + Fx_n + e_{ijklmno}$$

Longitud de gestación

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

Edad al parto

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

Intervalo entre partos

$$Y_{ij} = \mu + NP_i + AP_j * EP_k + \beta_1(Edad) + Fx_m + e_{ijklmn}$$

Días vacíos

$$Y_{ij} = \mu + NP_i + AP_j * EP_k + \beta_1(Edad) + Fx_m + e_{ijklmn}$$

Producción de leche

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

El modelo de regresión para determinar la depresión endogámica fue:

Donde:

$Y_{ij}$  = Número de servicio por preñez, Número de parto, Longitud de gestación,

Edad al primer parto y partos sucesivos, Intervalo entre partos, Días vacíos y Producción de leche.

$\mu$  = Media poblacional

$NP$  = Número de parto de la vaca ( $n = 1 \dots 5$ )

$AP$  = Año de parto de la vaca ( $n = 1 \dots 14$ )

$EP$  = Época de parto de la vaca ( $n = 1 \dots 2$ )

$\beta_1$  = Coeficiente de regresión lineal sobre la edad al parto (covariante)

$SC_m$  = Sexo de la cría ( $n = 1 \dots 2$ )

$Fx_m$  = Grupo de consanguinidad al que pertenece la vaca ( $n = 1 \dots 6$ )

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

## Aspectos éticos

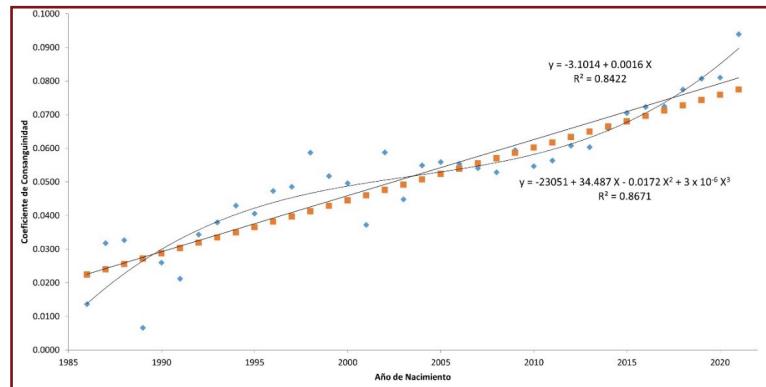
El presente trabajo no presenta conflicto de intereses, la información obtenida de los registros de los animales no ha puesto en riesgo el bienestar de los animales, el sistema de producción se realiza considerando el bienestar animal y respetando los protocolos tanto de manejo, reproductivo y sanitario, asimismo amigable con el medio ambiente.

## Resultados

De la estimación de los valores de consanguinidad de las vacas del rebaño, se ha resumido por año de nacimiento, observándose que, desde su fundación, cuyo valor de consanguinidad fue de 1.36%, es decir que ya existía un nivel de consanguinidad, a medida que se incrementaba el tamaño de la población la consanguinidad promedio se incrementó hasta 6.27%, dicha variación a través de los años de nacimiento se observa en la Figura 1.

**Figura 1**

*Incremento de la consanguinidad por año de nacimiento de las vacas*

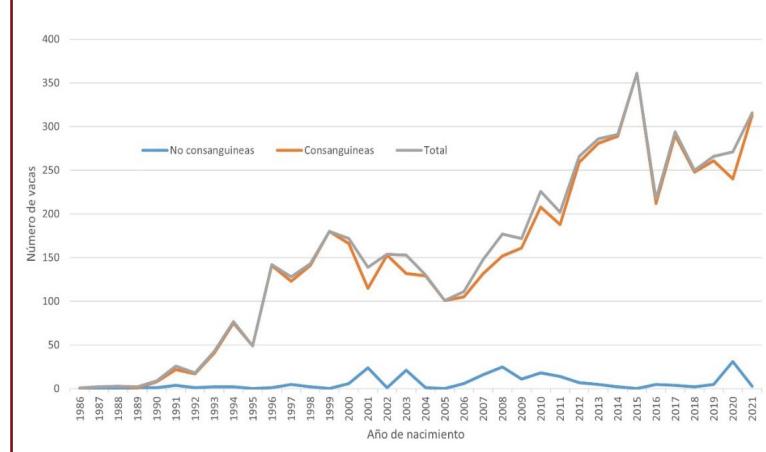


Nota. Muestra los valores de consanguinidad promedio de las vacas por año de nacimiento y la tendencia del incremento de la consanguinidad, considerando un modelo de regresión lineal y regresión cúbica.

El incremento anual estimado mediante un modelo de regresión fue de 0.0016 (0.16%) por año de nacimiento, observándose una tendencia lineal, siendo el parámetro altamente significativo ( $p < 0.00001$ ).

**Figura 2**

*Número de vacas total, vacas consanguíneas y no consanguíneas*



Nota. Distribución del número de vacas consanguíneas y no consanguíneas.

Asimismo, en la Figura 2 se puede observar cómo han ido incrementando los animales consanguíneos a través de los años de nacimiento, del total de vacas nacidas un porcentaje muy considerado son consanguíneas, teniendo en promedio un 96% de vacas consanguíneas, porcentaje muy considerado para una población de vacas lecheras.

Los valores promedios obtenidos por cada variable, considerando el número de parto están establecidos en la Tabla 2, los mayores números de registros corresponden a los partos uno y dos, disminuyendo los registros de producción para los partos siguientes, dicha variación es debido a que las vacas son sometidas a procesos de selección lo cual hay una tasa de saca (salida de las vacas fuera del rebaño), sumado por aspectos reproductivos.

**Tabla 2**  
*Promedios por cada variable estudiada*

Parto	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E.	E.E.	CV (%)
<b>Número de servicios por preñez</b>							
1	2,166	2.70	1	15	2.10	0.05	77.90
2	1,464	4.36	1	20	3.39	0.09	77.73
3	784	4.12	1	19	2.86	0.10	69.48
4	380	4.05	1	18	2.79	0.14	68.79
5	141	4.06	1	14	2.83	0.24	69.83
<b>Longitud de gestación, días</b>							
1	2,098	275.62	260	299	0.11	5.06	1.84
2	1,362	276.35	258	299	0.15	5.65	2.04
3	719	276.83	258	299	0.22	5.96	2.15
4	345	276.49	259	297	0.31	5.85	2.12
5	131	277.11	262	297	0.63	7.26	2.62
<b>Edad al parto, meses</b>							
1	2,423	25.15	20	47	3.11	0.06	12.35
2	1,558	41.45	30	70	5.57	0.14	13.44
3	838	56.86	43	83	6.88	0.24	12.10
4	390	72.00	58	100	7.56	0.38	10.50
5	150	86.83	71	113	9.12	0.74	10.50
<b>Intervalo entre partos, meses</b>							
2	1,543	16.12	10	36	4.34	0.11	26.94
3	832	15.77	10	35	3.99	0.14	25.34
4	388	15.54	10	34	3.79	0.19	24.38
5	200	15.61	10	32	4.13	0.29	26.47
<b>Días vacíos</b>							
2	1,025	143.95	55	270	60.04	1.88	41.71
3	587	146.54	55	268	55.33	2.28	37.76
4	291	149.82	56	268	57.55	3.37	38.41
5	140	142.76	59	269	56.40	4.77	39.50
<b>Producción de leche, kg</b>							
1	1,894	7,613.52	3,032	14,866	1,295.02	29.76	17.01
2	1,205	8,425.62	3,030	12,618	1,391.27	40.08	16.51
3	612	8,801.51	3,659	13,698	1,381.51	55.84	15.70
4	267	8,676.25	3,866	11,615	1,363.67	83.46	15.72
5	112	8,551.09	4,886	11,439	1,217.67	115.06	14.24

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

**Tabla 3**  
*Promedios de las variables por grupo de consanguinidad*

Grupo Fx	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E.	E.E.	CV (%)
<b>Número de servicios por preñez</b>							
1	177	3.43	1	15	2.67	0.20	77.75
2	59	3.58	1	10	2.56	0.33	71.61
3	1,766	3.72	1	20	2.93	0.07	78.68
4	2,668	3.52	1	19	2.81	0.05	79.92
5	245	3.04	1	15	2.63	0.17	86.58
6	20	2.90	1	10	2.59	0.58	89.43
<b>Longitud de gestación, días</b>							
1	168	276.84	261	291	0.37	4.74	1.71
2	52	277.15	260	299	0.80	5.78	2.08
3	1,663	276.38	258	299	0.13	5.43	1.96
4	2,514	276.03	258	299	0.11	5.66	2.05
5	238	274.71	261	297	0.34	5.17	1.88
6	20	274.80	267	281	0.99	4.43	1.61
<b>Intervalo entre partos, meses</b>							
1	100	15.20	10	25	3.40	0.34	22.36
2	33	15.30	11	23	3.58	0.62	23.42
3	1,110	16.02	10	35	4.25	0.13	26.50
4	1,604	15.92	10	36	4.21	0.11	26.42
5	105	15.50	11	31	3.63	0.35	23.41
6	11	17.00	12	22	3.32	1.00	19.51
<b>Días vacíos</b>							
1	75	147.55	57	268	63.21	7.30	42.84
2	24	136.75	63	259	50.50	10.31	36.93
3	757	146.60	55	270	58.20	2.12	39.70
4	1,102	144.61	55	270	58.33	1.76	40.34
5	80	146.99	64	264	53.50	5.98	36.40
6	5	140.80	79	182	37.64	16.83	26.73
<b>Producción de leche, kg</b>							
1	141	7,653.36	3,158	11,615	1,504.83	126.73	19.66
2	49	8,115.71	5,365	11,287	1,286.30	183.76	15.85
3	1,524	8,118.18	3,162	14,866	1,472.55	37.72	18.14
4	2,203	8,157.68	3,030	12,216	1,404.45	29.92	17.22
5	159	8,141.18	4,116	10,546	1,198.48	95.05	14.72
6	14	8,498.21	6,873	10,968	940.31	251.31	11.06

Nota. Grupo Fx = Grupo de consanguinidad. D.E. = Desviación estándar. E.E. = Error estándar.

La mayor distribución de los registros se encuentra en los grupos de consanguinidad 3 y 4, grupos con rango de consanguinidad de [0.03125 – 0.0625) y [0.0625 – 0.09375), siendo muy poco representativo el grupo extremo de consanguinidad >12.5%.

**Tabla 4**  
*Promedios por edad al parto de acuerdo con el grupo de consanguinidad*

Parto	Grupo Fx	N	Promedio	Mínimo	Máximo	D.E.	E.E.	CV (%)
1	1	86	25.58	20	46	4.22	0.46	16.51
	2	30	25.17	21	34	3.36	0.61	13.37
	3	828	25.11	20	47	3.11	0.11	12.39
	4	1,310	25.22	20	43	3.02	0.08	11.99
	5	155	24.59	20	40	3.03	0.24	12.30
	6	14	23.64	20	27	1.82	0.49	7.71
2	1	51	41.29	34	57	5.59	0.78	13.54
	2	22	42.27	32	59	6.33	1.35	14.96
	3	559	41.47	30	70	5.57	0.24	13.42
	4	855	41.53	30	60	5.58	0.19	13.43
	5	63	39.94	32	59	5.39	0.68	13.49
	6	8	41.50	37	47	3.66	1.30	8.83
3	1	31	55.90	47	66	5.27	0.95	9.44
	2	8	53.88	45	64	6.85	2.42	12.72
	3	317	57.10	43	83	6.97	0.39	12.20
	4	453	56.91	45	80	6.99	0.33	12.29
	5	27	54.96	46	64	5.45	1.05	9.91
	6	2	60.00	59	61	1.41	1.00	2.36
4	1	15	71.27	63	83	6.11	1.58	8.58
	2	3	69.00	64	76	6.25	3.61	9.05
	3	160	71.74	58	95	7.09	0.56	9.88
	4	201	72.42	58	100	8.05	0.57	11.11
	5	10	68.50	62	79	5.95	1.88	8.68
	6	1	84.00	84	84			
5	1	3	84.00	76	98	12.17	7.02	14.48
	3	63	88.33	72	113	9.23	1.16	10.45
	4	79	85.94	71	112	9.00	1.01	10.48
	5	5	83.60	75	95	7.27	3.25	8.69

Nota. Grupo Fx = Grupo de consanguinidad. D.E. = desviación estándar. E.E. = Error estándar.

Los promedios de la edad al parto se determinaron de acuerdo con el grupo de consanguinidad dentro del número de parto, para poder establecer las posibles diferencias debido a la consanguinidad de las vacas.

Para determinar la depresión endogámica, determinado mediante el nivel de consanguinidad de las vacas o al grupo de consanguinidad, se determinó mediante un modelo de regresión cuyos valores se presentan en la Tabla 5.

La estimación de la depresión endogámica considerando la edad al parto fue estimado dentro de cada parto para determinar si la variación presentada dentro de cada parto es debido a la consanguinidad del animal (Tabla 6).

**Tabla 5**  
*Valores de los coeficientes de regresión como medida de la depresión endogámica*

Condición	N	a	E.E.	Pr >  t	b	E.E.	Pr >  t
<b>Número de servicios</b>							
Fx	4,935	3.92	0.13	<.0001	-5.55	1.89	0.00
Grupo Fx	4,935	4.00	0.19	<.0001	-0.12	0.05	0.02
<b>Número de parto</b>							
Fx	2,394	2.44	0.07	<.0001	-4.22	1.04	<.0001
Grupo Fx	2,394	2.57	0.11	<.0001	-0.11	0.03	0.00
<b>Longitud de gestación, días</b>							
Fx	4,655	277.14	0.26	<.0001	-15.58	3.77	<.0001
Grupo Fx	4,655	277.73	0.38	<.0001	-0.45	0.10	<.0001
<b>Intervalo entre partos, meses</b>							
Fx	2,963	15.73	0.25	<.0001	2.83	3.78	0.45
Grupo Fx	2,963	15.66	0.37	<.0001	0.07	0.10	0.49
<b>Días vacíos</b>							
Fx	2,043	146.40	4.12	<.0001	-14.85	61.25	0.81
Grupo Fx	2,043	147.97	6.09	<.0001	-0.71	1.68	0.67
<b>Producción de leche, kg</b>							
Fx	4,090	7,908.93	73.70	<.0001	3,380.03	1,096.03	0.00
Grupo Fx	4,090	7,787.63	106.33	<.0001	95.32	29.32	0.00

Nota. Fx = Coeficiente de consanguinidad, Grupo Fx = Grupo de consanguinidad.

E.E. = Error estándar.

**Tabla 6**  
*Coeficiente de regresión como medida de depresión endogámica de la edad por partos*

Parto	N	a	E.E.	Pr >  t	b	E.E.	Pr >  t
<b>Consanguinidad de las vacas</b>							
1	2,423	25.57	0.20	<.0001	-6.36	2.80	0.02
2	1,558	41.74	0.45	<.0001	-4.53	6.60	0.49
3	838	56.92	0.82	<.0001	-0.89	12.38	0.94
4	390	71.58	1.31	<.0001	6.82	20.06	0.73
5	150	89.32	2.90	<.0001	-39.27	44.18	0.38
<b>Grupo de consanguinidad</b>							
1	2,423	25.64	0.29	<.0001	-0.14	0.08	0.08
2	1,558	41.92	0.67	<.0001	-0.13	0.19	0.47
3	838	56.69	1.14	<.0001	0.05	0.32	0.88
4	390	70.71	1.82	<.0001	0.37	0.51	0.47
5	150	91.50	4.08	<.0001	-1.32	1.13	0.25

*Nota.* E.E. = Error estándar.

## Discusión

Los valores promedios del número de servicios por preñez, como se puede observar, en el primer parto los valores son significativamente bajos, debido a que los animales jóvenes presentan un mejor performance dado su condición de ser animales primerizos, lo cual el performance reproductivo es mejor, pero son mayores a lo reportado por Zambrano et al. (2014) y Medrano (2018), mientras que para los partos posteriores el número de servicios se van incrementando, reportando un valor similar para los demás partos, pero siendo mayores a los reportados por García et al. (2020) quienes determinaron de 3.6 a 3.9 servicios por preñez.

Los promedios de longitud de gestación fueron similares en todos los partos, lo cual se concluye que el número de partos no ha influenciado en la longitud de la gestación, pero dicho valor fue menor al reportado por Sequeira (2013) y Hernández (2017), quienes reportaron un valor promedio de 283 días.

La edad al parto, considerando la edad al primer parto, el valor hallado en el estudio fue similar al reportado por Hernández (2017) y Marini y Di Masso (2019) mientras que Restrepo et al. (2013) reportó valores más altos (1082 días) equivalentes a 35.57 meses, Reyes et al. (2020) edad promedio de  $957 \pm 4$  días a  $979 \pm 6$  días (31.46 a 32.19 meses) y Salazar-Carranza et al. (2013) de 30.7 meses. La edad al segundo parto fue menor a lo reportado por Restrepo et al. (2013) cuyo valor fue de 1496 días (49.22 meses).

El intervalo entre parto, determinado en meses, es la diferencia de la edad al parto con respecto al parto previo, es una medida que engloba varios parámetros de manejo, como es el número de servicios a la preñez, el tiempo voluntario de espera, es decir los días vacíos que va a tener la vaca, que representa los días desde el parto hasta que las vacas queden preñadas, el mayor intervalo se observó al segundo parto, mientras que para los demás partos el intervalo fue similar entre sí (15.70 meses en promedio), si consideramos que los valores deseables deberían estar cercanamente a los 13 meses de intervalo, esos mayores valores incide en la performance de por vida de las vacas, teniendo un menor valor de producción durante su vida productiva de las vacas, mientras que Restrepo et al. (2013) reportaron los valores más bajos de 13.71 meses, y Gonzales y WingChing-Jones (2018) reportaron valores de 434.49 días (14.28 meses), Zambrano et al. (2014), un valor de 410 días (13.48 meses).

Los días vacíos es otra condición que debe de observarse, es el periodo o el intervalo entre el parto y el momento que la vaca queda nuevamente preñada, el tiempo promedio de espera voluntaria recomendada es de 60 días, y que debe de considerarse un ciclo estral adicional, es decir de 80 a 90 días, pero como el número de servicios a partir del segundo parto es en promedio 4 servicios, representa 80 días aproximadamente, lo cual representa los 146 días vacíos en promedio, mientras que Marini y Di Masso (2019) reportaron valores mayores de  $179 \pm 19.9$  a  $182.8 \pm 18.47$  días y más altos fueron reportados por Reyes et al. (2020) de  $262 \pm 13$  a  $271 \pm 17$  días.

En cuanto a los valores promedios de la producción de leche, se observa que las vacas en su primer parto sus valores de producción son menores en comparación a los demás partos, está determinado que los animales jóvenes producen menor cantidad de leche por campaña (305 días), es decir que se encuentra influenciada por la edad del animal al momento del parto, los valores encontrados fueron mayores a los reportados por García et al. (2020).

Determinando los valores promedios considerando los grupos de consanguinidad, con la finalidad de poder establecer el posible efecto de la consanguinidad, en cuanto al número de servicios a la preñez, tanto las vacas no consanguíneas como las vacas consanguíneas presentaron valores muy similares entre sí, con la excepción de que el grupo de mayor valor de consanguinidad presentó un menor valor, siendo el promedio de 2.90 servicios, en este caso deberíamos haber observado un número mayor, ya que se estima que los valores altos de consanguinidad afecta la performance reproductivo, los efectos causado por la consanguinidad es reportado por Baes et al. (2019).

Analizado la longitud de gestación en función al grupo de consanguinidad de las vacas, se pudo observar que el grupo no consanguíneo y los dos grupos de mayor consanguinidad fueron los que encontraron una menor longitud de gestación, lo cual no es conveniente ya que puede estar influenciando en la sobrevivencia de las crías, dichos valores son menores a los que reporta la raza Holstein que es de  $279 \pm 9$  días, el menor valor encontrado afecta al desarrollo del feto (Sequeira, 2013; Hernández, 2017).

Los promedios de intervalo entre partos considerando los grupos de consanguinidad, los grupos tres y seis son los que reportan un mayor valor promedio, que para el grupo de más de 12.50% un valor de intervalo de 17 meses, indicando indirectamente que la consanguinidad si pudiera estar afectando en la performance reproductiva de las vacas, siendo muy superior a los valores reportados en otras investigaciones (Zambrano et al., 2014; Gonzales y WingChing-Jones, 2018).

En cuanto a los días vacíos, las vacas no consanguíneas fueron las que reportaron un promedio mayor que las vacas consanguíneas, lo cual en este aspecto la consanguinidad no podría ser la causa/efecto para un mayor valor o efecto endogámico atribuido a la consanguinidad, sino que otros factores pueden estar afectando dicho valor, uno de los factores que se debería considerar es la repetición de celos o longitud de los ciclos estrales de las vacas, frecuencia de anestros, condición que no se incluyó en la presente investigación.

En cuanto al valor de producción de leche, considerando los grupos de consanguinidad se ha observado también que las vacas no consanguíneas es el grupo que menor valor de producción ha reportado (305 días, 3 ordeños), siendo el promedio de  $7,653 \pm 126.53$  kg de leche, mientras que las vacas de los grupos consanguíneos, hasta los niveles de menos de 12.50% de consanguinidad, mostraron un promedio de producción similar de 8,100 kg de leche, y el grupo de mayor consanguinidad ( $>12.50\%$ ) presentó el mayor valor promedio de producción, condición contraria a los efectos de la consanguinidad, los valores encontrados son inferiores a los reportados por Mussayeva et al. (2023).

La edad al parto (meses) presentado en la Tabla 4, ha sido estructurada considerando cada parto con la finalidad de poder observar y analizar el comportamiento dentro de cada parto, ya que de por sí, las edades serán diferentes entre ellas. Analizando el primer parto el grupo de vacas no consanguíneas mostró un mayor valor promedio de edad al parto que los grupos de vacas consanguíneas y con una tendencia de que a mayor consanguinidad la edad fue relativamente menor, dichos valores fueron menores a los reportados por Restrepo et al. (2013) y Reyes et al. (2020). El mayor efecto negativo de la consanguinidad en cuanto al promedio de la edad al parto se observó en los partos 3 y 4, siendo los grupos de vacas consanguíneas las que mayor edad al parto mostraron, mientras que en el parto 5 no se evidenció una diferencia entre los grupos no consanguíneos y consanguíneos, no teniendo mayor referencia solo lo reportado por Restrepo et al. (2013) que indican la edad al segundo parto en promedio de 1496 días, valor muy superior a lo determinado.

Analizado mediante modelos de regresión, los caracteres reproductivos, para establecer la posible depresión endogámica se ha presentado en la Tabla 5, la depresión endogámica fue determinada relacionando el coeficiente de consanguinidad de las vacas, así como el grupo de consanguinidad de las vacas (agrupadas de acuerdo con los niveles de consanguinidad establecidas en la Tabla 1).

En cuanto al número de servicios por preñez, la consanguinidad no ha evidenciado un efecto negativo, si bien es cierto que la significancia del coeficiente, para la consanguinidad de las vacas, fue altamente significativa, no indica un efecto en la práctica negativo, mientras que si consideramos el grupo de consanguinidad el efecto fue solamente significativo, pero el valor del coeficiente no afecta o no demuestra el efecto negativo esperado, dichos valores no coinciden con los reportados en la bibliografía, ya que Baes et al. (2019) indica que la eficiencia

reproductiva se afecta en 1.68% en promedio, y lo reportado por Gutiérrez-Reinoso et al. (2022) que observó un mayor número de servicios por preñez como efecto atribuible a la consanguinidad.

De la misma manera, considerando el número de parto logrado por vaca, la consanguinidad analizada como consanguinidad de las vacas o grupos de consanguinidad de las vacas, si se ha observado un efecto de la consanguinidad, concluyendo que si existe una depresión endogámica, siendo esta variación muy significativa en ambos métodos de estimación de la depresión ( $p=0.0001$ ), lo que nos indica que las vacas consanguíneas tendrán una tendencia a tener menos partos que las vacas no consanguíneas, dicha tendencia negativa es similar a la reportada por Pryce et al. (2014).

Para la característica de longitud de gestación, la consanguinidad si tiene un efecto en la reducción de la longitud de gestación, indicando que a mayor consanguinidad se reducirá la longitud de gestación, lo cual no es favorable para el desarrollo del feto, la depresión endogámica estimada en ambos métodos fue altamente significativos ( $p=0.0001$ ), los resultados encontrados son contrarios a lo reportado por Leroy (2014) quién indica que la consanguinidad no sería significativa su efecto.

Para los caracteres de intervalos entre parto, en meses, y días vacíos, la consanguinidad analizada en sus dos métodos, no han demostrado que su efecto sea significativo, lo cual no es concordante con lo que reporta las investigaciones al respecto, sustentado por los estudios de Baes et al. (2019), Remmik et al. (2020), Doeke et al. (2020) y Martínez-Castillero et al. (2021).

En cuanto a la producción de leche estandarizada a 305d, 3X, evaluando la depresión endogámica a través de los modelos de regresión, no ha presentado un efecto negativo, también explicado por los valores promedios de producción observada los animales no consanguíneos presentaron un menor valor de producción, por tanto, la depresión endogámica estimada no fue significativa en su valor, más no en la significancia del coeficiente de regresión, esta tendencia no negativa no es concordante con lo manifestado por las investigaciones reportados por Bjelland et al. (2013), Dezetter et al. (2015), Doeke et al. (2020) y Maltecca et al. (2020) quienes reportan un efecto negativo sobre la producción de leche.

En un análisis de la edad dentro de cada parto, se analizó el efecto a la edad al primer parto, y en los partos sucesivos, no se ha evidenciado que la consanguinidad haya afectado dicha característica, si bien es cierto se muestra una ligera variación, pero ninguna de ellas ha demostrado una significancia estadística, dicho resultado es similar a lo reportado por Gutiérrez-Reinoso et al. (2020) y Remmik et al. (2020).

## Conclusiones

La consanguinidad evaluada en la población vacuna lechera muestra que existe una depresión endogámica sobre los caracteres de número de partos, longitud de gestación.

Los caracteres de número de servicios por preñez, intervalo entre partos (días), días vacíos, no fueron afectados significativamente por la consanguinidad, lo que permite establecer que no existe una depresión endogámica sobre dichos caracteres.

En cuanto el efecto de la consanguinidad sobre la edad al primer parto, y partos sucesivos, la consanguinidad no ha mostrado un efecto significativo.

## Referencias

- Andere, C., Rubio, N., Rodríguez, E., Aguilar, I., & Casanova, D. (2017). Análisis de la consanguinidad de la población de bovinos Holando inscritos en el sistema de Control Lechero Oficial de la República Argentina. *Revista de Investigaciones Agropecuarias (RIA)*, 43(1), 92-97. <https://www.redalyc.org/pdf/864/86451165013.pdf>
- Baes, C., Makanjuola, B., Miglior, F., Marras, G., Howard, J., Fleming, A., & Maltecca, C. (2019). Symposium review: The genomic architecture of inbreeding: How homozygosity affects health and performance. *Journal of Dairy Science*, 102(3), 2807-2817. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15520>

- Bjelland, D., Weigel, K., Vukasinovic, N., & Nkrumah, J. (2013). Evaluation of inbreeding depression in Holstein cattle using whole-genome SNP markers and alternative measures of genomic inbreeding. *Journal of Dairy Science*, 96(7), 4697-4706. <https://doi.org/10.3168/jds.2012-6435>
- Cole, J.B., Eaglen, S.A.E., Maltecca, C., Mulder, H.A., & Pryce, J.E. (2020). The future of phenomics in dairy cattle breeding. *Animal Frontiers*, 10(2), 37-44. <https://doi.org/10.1093/af/vfaa007>
- Council on Dairy Cattle Breeding [CDCB]. (2023). *Trend in inbreeding coefficients of Cows for Holstein or Red & White*. MD. USA. <https://queries.uscdcb.com/eval/summary/inbrd.cfm>.
- Dekkers, J. (2012). Application of genomics tools to animal breeding. *Current Genomics*, 13(3), 207-212. <https://doi.org/10.2174/138920212800543057>
- Dezetter, C., Leclerc, H., Mattalia, S., Barbat, A., Boichard, D., & Ducrocq, V. (2015). Inbreeding and crossbreeding parameters for production and fertility traits in Holstein, Montbéliarde, and Normande cows. *Journal of Dairy Science*, 98(7), 4904-4913. <https://doi.org/10.3168/jds.2014-8386>.
- Doekes, H., Bijma, P., Veerkamp, R., de Jong, G., Wientjes, Y., & Winding, J. (2020). Inbreeding depression across the genome of Dutch Holstein Friesian dairy cattle. *Genetics Selection Evolution*, 52(64). <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00583-1>
- Ferenčaković, M., Sölkner, J., Kapš, M., & Curik, I. (2017). Genome-wide mapping and estimation of inbreeding depression of semen quality traits in a cattle population. *Journal of Dairy Science*, 100(6), 4721-4730. <https://doi.org/10.3168/jds.2016-12164>
- Fleming, A., Abdalla, E., Maltecca, C., & Baes, C. (2017). Invited review: Reproductive and genomics technologies to optimize breeding strategies for genetics progress in dairy cattle. *Archived Animal Breeding*, 61, 43-57. <https://doi.org/10.5194/aab-61-43-2018>
- Gamboa, A. (2019). *Efectos de la consanguinidad en la producción y reproducción en vacunos lecheros del Establo Lechero Granados de la Cuenca Lechera de Lima* [Tesis de pregrado, Universidad Católica Sedes Sapientiae]. Repositorio Institucional UCSS. <https://repositorio.ucss.edu.pe/bitstream/handle/20.500.14095/648>
- Garbe, J., & Da, Y. (2008). *Pedigraph: A software tool for the graphing and analysis of large complex pedigree. User Manual version 2.4*. Department of Animal Science, University of Minnesota. <https://conservancy.umn.edu/server/api/core/bitstreams/d684e7ba-0b26-4d52-bea2-2fd6c3f36c4a/content>
- García, B.C., Aguilar, G.C., Falcón, N.P., & Delgado, C.A. (2020). Desempeño productivo y reproductivo de vacas Holstein sometidas a lacto-inducción. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*. 31(2), 17834. <http://dx.doi.org/10.15381/rivep.v31i2.17834>
- Gonzales, B.J.P., & WingChing-Jones, R. (2018). Producción y reproducción de vacas Holstein, Jersey y sus cruces en cinco localidades de Costa Rica. *UNED Research Journal*. 10(2), 422-427. <http://dx.doi.org/10.22458/urj.v10i2.2171>
- Gutiérrez-Reinoso, M., Aponte, P., Cabezas, J., Rodríguez-Álvarez, Ll., & García-Herreros, M. (2020). Genomic evaluation of primiparous High-Producing dairy cows: Inbreeding effects on genotypic and phenotypic production-reproduction traits. *Animal*, 10(9), 1704. <https://doi.org/10.3390/ani10091704>
- Gutiérrez-Reinoso, M., Aponte, P., & García-Herreros, M. (2022). A review of inbreeding depression in dairy cattle: current status, emerging control strategies, and future prospects. *Journal of Dairy Research*. 89(1), 3-12. <https://doi.org/10.1017/s0022029922000188>
- Hernández, C.J. (2017). *Fisiología clínica de la reproducción de bovinos lecheros*. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Nacional Autónoma de México. [https://www.fmvz.unam.mx/fmvz/publicaciones/archivos/Fisiologia\\_Clinica.pdf](https://www.fmvz.unam.mx/fmvz/publicaciones/archivos/Fisiologia_Clinica.pdf)
- Huanca, L.W. (2001). Inseminación artificial a tiempo fijo en vacas lecheras. *Revista De Investigaciones Veterinarias Del Perú*, 12(2), 161-163. <https://doi.org/10.15381/rivep.v12i2.1645>

Holstein Foundation. (2021/2022). *Pedigree information. Family Tree Search*. Holstein Association USA. [www.holsteinusa.com](http://www.holsteinusa.com)

Leroy, G. (2014). Inbreeding depression in livestock species: review and meta-analysis. *Animal Genetics*, 45(5), 618-628. <https://doi.org/10.1111/age.12178>

Maltecca, C., Tiezzi, F., Cole, J. B., & Baes, C. (2020). Symposium review: Exploiting homozygosity in the era of genomics – Selection, Inbreeding, and mating programs. *Journal of Dairy Science*, 103(6), 5302-5313. <https://doi.org/10.3168/jds.2019-17846>

Marini, P.R., & Di Masso, R.J. (2019). Edad al primer parto e indicadores de eficiencia en vacas lecheras con diferente potencialidad productividad en sistemas de pastoreo. *La Granja*, 29(1), 84-99. <https://doi.org/10.17163/gr.n29.2019.07>

Martínez-Castillero, M., Verona, L., Pegolo, S., Rossoni, A., & Cecchinato, A. (2021). Bayesian inference of the inbreeding load variance for fertility traits in Brown Swiss cattle. *Journal of Dairy Science*, 104(9), 10040-10048. <https://doi.org/10.3168/jds.2020-20087>

Medrano, P.L.R. (2018). *Efecto de las instalaciones ganaderas sobre el rendimiento reproductivo de bovinos lecheros en pequeños productores del sector Irrigación San Felipe, en el distrito de Vegueta, provincia de Huaura, cuenca lechera de Lima* [Tesis de pregrado, Universidad Peruana Cayetano Heredia]. Repositorio institucional UPCH. [https://repositorio.upch.edu.pe/bitstream/handle/20.500.12866/6428/Efecto\\_MedranoRueda\\_Patricia.pdf?sequence=1&isAllowed=y](https://repositorio.upch.edu.pe/bitstream/handle/20.500.12866/6428/Efecto_MedranoRueda_Patricia.pdf?sequence=1&isAllowed=y)

Meuwissen, T., & Lou, Z. (1992). Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetics Selection Evolution*, 24, 305-313. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-24-4-305>

Mrode, R., Ojango, J.M.K., Okajo, A.M., & Mwacharo, J.M. (2019). Genomic selection and use of molecular tools in breeding programs for indigenous and crossbred cattle in developing countries: Current status and future prospects. *Frontiers in Genetics*, 9, 694. <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00694>

Mussayeva, G.K., Meldebekov, A.M., Meldebekova, N.A., Shaykamal, G.I., Buralkhiyev, B.A., Rametov, N.M., & Zhumanov, K. (2023). Dairy productivity of Holstein cows of different genetics line in the conditions of Kostanay region of Kazakhstan. *Pakistan Journal of Zoology*, 55(3), 1257-1265. <https://dx.doi.org/10.17582/journal.pjz/20210818080851>

Parland, S. Mc., Kearney, J.F., Rath, M., & Berry, D.P. (2007). Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *Journal of Animal Science*, 85(2), 322-331. <https://doi.org/10.2527/jas.2006-367>

Pryce, J. E.; Haile-Mariam, M., Goddard, M.E., & Hayes, B. (2014). Identification of genomic regions associated with inbreeding depression in Holstein and Jersey dairy cattle. *Genetics Selection Evolution*, 46(1), 71. <https://doi.org/10.1186/s12711-014-0071-7>

Remmik, A., Värnik, R., & Kask, K. (2020). Impact of calving interval on milk yield and longevity of primiparous Estonian Holstein cows. *Czech Journal of Animal Science*, 65(10), 365-372. <https://doi.org/10.17221/130/2020-CJAS>

Restrepo, P., Velasquez, J.C., & Calvache, I. (2013). Comparación de parámetros productivos y reproductivos en vacas primerizas Holstein y Holstein x Rojo Sueco en tres hatos de la sabana de Bogotá. *Revista Ciencia Animal*, (6), 67-75. <https://revistas.lasalle.edu.co/files-articles/ca/vol1/iss6/5/fulltext.pdf>

Reyes, S.F.D., Chávez, C.J., Condo, P.L.A., & Marini, P.R. (2020). Asociación entre producción de leche y parámetros reproductivos en biotipos Holstein con diferente potencial productivo. *Ciencia Digital*, 4(3), 6-23. <https://doi.org/10.33262/cienciadigital.v4i3.1273>

Salazar-Carranza, M., Castillo-Badilla, G., Murillo-Herrera, J., Hueckmann-Voss, F., & Romero-Zuñiga, J.J. (2013). Edad al primer parto en vacas Holstein en lechería especializada en Costa Rica. *Agronomía Mesoamericana*, 24(2), 233-243. [https://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1659-13212013000200001](https://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1659-13212013000200001)

Statistical Analysis System [SAS]. (2022). *SAS OnDemand for Academics*. SAS Institute Inc. <https://support.sas.com/en-software/ondemand-for-academics-support.html>

Zambrano, J., Rincón, J., & Echeverri, J. (2014). Parámetros genéticos para caracteres productivos y reproductivos en Holstein y Jersey Colombiano. *Archivos de Zootecnia*, 63(243), 495-506. <https://dx.doi.org/10.4321/S0004-05922014000300010>