

# Selección por uniformidad en escenarios de poca información: el caso del peso al nacimiento en cuyes

Yhan Carlos Rojas de la Cruz<sup>1\*</sup>, Nora Formoso-Rafferty<sup>2</sup>, Isabel Cervantes<sup>3</sup>, Renato Ribeiro de Lima<sup>1</sup>, Juan Pablo Gutiérrez<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Estatística e Experimentação Agropecuária (DES-UFLA), Campus Universitário, Lavras/MG, Brasil

<sup>2</sup> Departamento de Producción Agrícola, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria, y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Campus Ciudad Universitaria, Avda. Puerta de Hierro, nº 2-4, 28040 Madrid, España

<sup>3</sup> Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Avda. Puerta de Hierro s/n, 28040 Madrid, España

\* Corresponding author: yhan29rdlc@gmail.com

## Resumen

La selección por uniformidad del peso al nacimiento (PN) es un objetivo relevante de los programas de mejora genética animal en la actualidad, debido a que está asociada con el bienestar y la robustez. Sin embargo, en cuyes, especie de importancia económica y nutricional especialmente en la región Andina de América del sur, este objetivo se ve limitado por su reducido tamaño de camada, lo que restringe el número de registros disponibles por camada y dificulta la medición de la variabilidad del PN intra-camada. Para abordar este problema, se llevaron a cabo dos estudios basados en simulación.

El primer estudio tuvo como objetivo evaluar el impacto de diferentes estructuras de datos sobre el rendimiento de modelos heterocedásticos (HE), en función del tamaño de camada medio (TC de 2 a 7), el número de animales reproductores (NAR de 25♂-100♀ a 100♂-400♀), el número de camadas por madre (NC de 2 a 6) y las generaciones de registros, de 2 a 6. Los datos simulados fueron analizados bajo enfoques frecuentista y Bayesiano. Los resultados mostraron que TC reducidos generan sesgos importantes en la estimación de la varianza de camada que afecta a la varianza residual especialmente bajo el enfoque frecuentista. No obstante, la precisión de los valores genéticos para uniformidad del PN fue idéntica entre enfoques y mejoró con un mayor TC (desde 0.55 en TC=2 hasta 0.79 en TC=6) y un mayor NC (desde 0.57 en NC=2 hasta 0.75 en NC=6).

El segundo estudio utilizó datos simulados a partir de estructuras reales de tres poblaciones de cuyes, manteniendo la estructura de su información y de apareamientos. Se evaluaron modelos completos (con efectos sistemáticos, efecto genético aditivo y efecto de camada) e incompletos (con efectos sistemáticos, efecto genético aditivo y sin efecto de camada) bajo enfoque frecuentista y Bayesiano. Los resultados confirmaron que los modelos HE proporcionan estimaciones y predicciones razonables, especialmente en poblaciones con mayor profundidad de pedigrí y mayor número de registros. Asimismo, ignorar el efecto de camada no afectó significativamente la precisión de los valores genéticos para la uniformidad del PN. Tras cinco generaciones de selección se espera una reducción de la variabilidad fenotípica del PN hasta quedar entre un 66% y un 90% de la inicial.

Se evidenció que la selección por uniformidad es potencialmente viable incluso bajo condiciones de información limitada. Sin embargo, su eficiencia está condicionada por la información disponible, especialmente por la densidad del pedigrí y por la cantidad de registros.

*Keywords: uniformidad en cuyes, datos limitados, estructura de datos, simulación, métodos de estimación*

**Agradecimientos:** Los autores agradecen a la Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Brasil. El estudio se realizó en el marco de un proyecto del Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades de España (PID2023-149012OB-I00).