



UNIVERSIDAD DE GUANAJUATO

DIVISIÓN DE CIENCIAS DE LA VIDA

MAESTRÍA INTERINSTITUCIONAL EN PRODUCCIÓN PECUARIA

Estimación de parámetros genéticos para características de reproducción y del puntaje de células somáticas en cabras lecheras de Estados Unidos de América

TESIS

PRESENTADA COMO REQUISITO PARA OBTENER EL GRADO
DE:

MAESTRO EN CIENCIAS PECUARIAS

Presenta:

Estefania Aguirre Arroyo

Director:

Mauricio Valencia Posadas

Asesores:

Daniel Andrés Fabián Villagómez Zavala

Francisco Javier Padilla Ramírez

Irapuato, Guanajuato, México, 28 de agosto del 2020.

UNIVERSIDAD DE
GUANAJUATO



"En la Universidad de Guanajuato, todas y todos, nos comprometemos a garantizar el derecho de las mujeres a vivir libres de violencia."

DIVISION DE CIENCIAS DE LA VIDA

DIRECCION.

Oficio: DICIVA/0203/2020.

Asunto: Autorización de Modalidad de Titulación.

C.
ING. ESTEFANIA AGUIRRE ARROYO,
MAESTRIA EN CIENCIAS PECUARIAS
PRESENTE.

Por medio de la presente y una vez revisado que ha cumplido íntegramente el plan de estudios del Programa Académico y, con base en el Artículo 79 del Reglamento Académico de la Normatividad de la Universidad de Guanajuato Vigente, me permito indicarle que doy mi autorización para que se titule por la *modalidad de Trabajo de Tesis*.

Sin otro asunto y enviándole un cordial saludo, se despide.

ATENTAMENTE
"LA VERDAD OS HARA LIBRES"
Irapuato, Gto., 20 de Julio de 2020.
EL DIRECTOR DE LA DIVISION DE CIENCIAS DE LA VIDA
CAMPUS IRAPUATO-SALAMANCA

DR. JOSÉ MARIO WENDOZA CARRILLO.



Universidad de Guanajuato
Campus Salamanca-Salamanca
División de Ciencias de la Vida
Autorización de Titulación de Maestría
-JMW/C.C. 1006-

C.c.p. Consecutivo.

CAMPUS IRAPUATO-SALAMANCA
DIVISION DE CIENCIAS DE LA VIDA

En Hacienda El Copal, Km. 9 Carretera Irapuato-Sal.
C.P. 36100, A.P. 305, Irapuato, Gto., México.
Tel. y Fax: 01 474 714 10 00

www.irapuato.salamanca.ugto.mx

"En la Universidad de Guanajuato, todos y todas, nos comprometemos a garantizar el derecho de las mujeres a vivir libres de violencia."

DIVISIÓN DE CIENCIAS DE LA VIDA

DIRECCIÓN

Oficio: DICVA/0165/2020.

Asunto: REVISIÓN DE TESIS.

Irapuato, Gto., 22 de junio de 2020.

C.
DR. JOSÉ NARIO MENDOZA CARRILLO,
DIRECTOR DE LA DIVISIÓN DE CIENCIAS DE LA VIDA
CAMPUS IRAPUATO - SALAMANCA,
P R E S E N T E.

Habiendo revisado la Tesis de la Pasante C. Estefanía Aguirre Arroyo,
Titulada:

"Estimación de parámetros genéticos para características de reproducción y del
puntaje de células somáticas en cabras lecheras de Estados Unidos de América"

Damos nuestra aprobación para la impresión de la misma.

DIRECTOR

DR. MAURICIO VALENCIA POSADAS

SINODAL

DR. FRANCISCO JAVIER PADILLA RAMÍREZ

SINODAL

DR. DAMIAN ANDRÉS FARIÁN VILLACÓRTEZ ZAVALA

CAMPUS IRAPUATO-SALAMANCA
DIVISIÓN DE CIENCIAS DE LA VIDA

En Hacienda El Oso, s/n. y Carretera Irapuato-San
Cristóbal, s/n. Irapuato, Gto. México
Tel. y Fax: 01 476 224 28 82

www.irapuato.salamanca.uqg.mx

Escaneado con CamScanner

Agradecimientos

Un agradecimiento especial y sincero al Dr. Mauricio Valencia Posadas por haberme brindado la oportunidad de recurrir a su capacidad y conocimiento científico, así como también haberme tenido toda la confianza y paciencia para guiarme durante mi desarrollo de tesis.

Agradezco a mis asesores de tesis el Dr. Daniel Andrés Fabián Villagómez Zavala y el Dr. Francisco Javier Padilla Ramírez, por su dedicación y guía en la realización y revisión de esta tesis y a la Dra. Vielka Jeanethe Castañeda Bustos por su apoyo moral y profesional de forma incondicional, su ejemplo ha aportado un alto porcentaje a mis ganas de seguir en mi formación profesional.

Debo destacar, por encima de todo, la disponibilidad y paciencia de estas tres personalidades que hicieron que nuestras siempre acaloradas discusiones redundaran benéficamente tanto a nivel científico como personal, su participación enriqueció el trabajo realizado. Las ideas propias, siempre enmarcadas en su orientación y rigurosidad, han sido la clave del buen trabajo que hemos realizado juntos, el cual no se puede concebir sin su siempre oportuna participación.

“El hombre selecciona para su bien, la naturaleza lo hace para el bien común”.

Charles Darwin

Índice

1. Introducción.....	13
2. Revisión de literatura	15
2.1 Estimación de parámetros genéticos	15
2.2 Tendencias genéticas y fenotípicas	21
2.3 Características de reproducción.....	22
2.3.1 Edad al primer parto.....	22
2.3.2 Intervalo entre partos.....	24
2.4 Puntaje de células somáticas.....	26
3. Objetivo genera.....	30
3.1 Objetivos específicos	30
4. Hipótesis	30
5. Materiales y métodos	31
5.1 Datos.....	31
5.2 Edición de datos.....	31
5.3 Modelo estadístico	40
6. Resultados y discusión.....	52
6.1 Estadísticos descriptivos.....	52
6.2 Niveles de significancia.....	54
6.3 Varianzas genéticas, fenotípicas y residuales	56
6.4 Covarianzas genéticas, fenotípicas y residuales	59
6.5 Heredabilidades	61
6.6 Correlaciones genéticas, fenotípicas y residuales	64
6.7 Tendencias genéticas y fenotípicas	68
7. Conclusiones.....	80
8. Literatura citada	81
9. Cronograma de actividades	88

Índice de cuadros

Cuadro 1. Promedio de la edad al primer parto (días) de cabras de Estados Unidos de América.	22
Cuadro 2. Heredabilidades (h^2) y errores estándar (EE) de la edad al primer parto (días) en siete razas de cabras lecheras de Estados Unidos de América (n= 27636).	23
Cuadro 3. Promedio (\bar{x}) del intervalo entre el primer y segundo parto (días) de cabras de Estados Unidos de América.	24
Cuadro 4. Heredabilidades (h^2) y errores estándar (EE) del intervalo entre parto (días) en cabras lecheras de Estados Unidos de América.	25
Cuadro 5. Correlaciones genéticas (C_g) y fenotípicas (C_f) entre la producción leche de la primera lactancia y el intervalo entre el primer y segundo parto, con los errores estándar estimados en cabras lecheras de Estados Unidos de América por raza.	26
Cuadro 6. Promedio del conteo de células somáticas y partículas citoplasmáticas en leche de ganado caprino sin infecciones intramamarias después del parto.	27
Cuadro 7. Porcentaje del conteo de células somáticas y partículas citoplasmáticas en leche de ganado caprino con infección intramamaria después del parto.	27
Cuadro 8. Conteo de células somáticas (\log_{10} células/mL) en muestras de leche de cabras antes, durante y después de la presencia de estro, en comparación con cabras sin estro.	28
Cuadro 9. Correlaciones genéticas entre rasgos de producción y el puntaje de células somáticas para la raza Saanen y Alpina.	29
Cuadro 10. Estadísticos descriptivos de los intervalos entre partos a través de lactancia.	36
Cuadro 11. Escala lineal del puntaje de células somáticas y su interpretación en relación con el conteo de células somáticas.	38
Cuadro 12. Estadísticos descriptivos de días reales a la lactancia a través de raza y dentro de raza.	38
Cuadro 13. Modelos probados para la edad al primer parto a través de raza (n= 6066).	41
Cuadro 14. Modelos probados para el intervalo entre partos a través de raza (n= 2768).	41
Cuadro 15. Modelos probados para el puntaje de células somáticas a través de raza (n= 13791).	42
Cuadro 16. Modelos probados para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas de la raza Alpina.	44
Cuadro 17. Modelos probados para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas de la raza Saanen.	45
Cuadro 18. Modelos probados para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas de la raza LaMancha.	46
Cuadro 19. Modelos probados para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas de la raza Enana Nigeriana.	47
Cuadro 20. Modelos probados para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas de la raza Nubia.	48
Cuadro 21. Modelos probados para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas de la raza Oberhasli.	49
Cuadro 22. Modelos probados para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas por lactancia de la raza Toggenburg.	50
Cuadro 23. Estadísticos descriptivos para la edad al primer parto (días) dentro de raza y a través de raza.	53
Cuadro 24. Estadísticos descriptivos para el intervalo entre partos (días) dentro de raza y a través de raza.	53

Cuadro 25. Estadísticos descriptivos para el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.	54
Cuadro 26. Niveles de significancia de los factores fijos usados para el análisis de la edad al primer parto (días) dentro de raza.	55
Cuadro 27. Niveles de significancia de los factores fijos usados para el análisis de el intervalo entre parto (días) dentro de raza.	55
Cuadro 28. Niveles de significancia de los factores fijos usados para el análisis del puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza.	56
Cuadro 29. Niveles de significancia de los factores fijos usados para el análisis de la edad al primer parto (días), el intervalo entre partos (días) y el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) a través de raza.	56
Cuadro 30. Varianzas genéticas aditivas (σa^2), fenotípicas (σf^2) y residuales (σr^2) para la edad al primer parto (días) dentro de raza y a través de raza.	57
Cuadro 31. Varianzas genéticas aditivas (σa^2), fenotípicas (σf^2) y residuales (σr^2) para el intervalo entre parto (días) dentro de raza y a través de raza.	58
Cuadro 32. Varianzas genéticas aditivas (σa^2), fenotípicas (σf^2) y residuales (σr^2) para el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.	58
Cuadro 33. Covarianzas genéticas ($covg$) para la edad al primer parto (días), el intervalo entre parto (días) y el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.	59
Cuadro 34. Covarianzas fenotípicas ($covf$) para la edad al primer parto (días), el intervalo entre parto (días) y el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.	60
Cuadro 35. Covarianzas residuales ($covr$) para la edad al primer parto (días), el intervalo entre parto (días) y el puntaje de células somáticas (0 a 9 días) dentro de raza y a través de raza.	61
Cuadro 36. Heredabilidades h^2 y errores estándar EE para la edad al primer parto (días), el intervalo entre parto (días) y el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.	63
Cuadro 37. Correlaciones genéticas (rg) e intervalos de confianza (IC) entre la edad al primer parto (días), el intervalo entre partos (días) y el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.	65
Cuadro 38. Correlaciones fenotípicas (rf) e intervalos de confianza (IC) entre la edad al primer parto (días), el intervalo entre partos (días) y el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.	66
Cuadro 39. Correlaciones residuales (rr) e intervalos de confianza (IC) entre la edad al primer parto (días), el intervalo entre partos (días) y el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.	67
Cuadro 40. Promedios para la edad al primer parto (días) por año de nacimiento dentro de raza y través de raza.	68
Cuadro 41. Promedios de los valores genéticos predichos para la edad al primer parto (días) por año de nacimiento dentro de raza y través de raza.	69
Cuadro 42. Tendencias genéticas, fenotípicas y nivel de significancia para la edad al primer parto (días) dentro de raza y a través de raza.	69
Cuadro 43. Promedios para el intervalo entre partos (días) por año de nacimiento dentro de raza y a través de raza.	72
Cuadro 44. Promedios de los valores genéticos predichos para intervalo entre partos (días) por año de nacimiento dentro de raza y a través de raza.	72
Cuadro 45. Tendencias genéticas, fenotípicas y nivel de significancia para intervalo entre partos (días) dentro de raza y a través de raza.	73

Cuadro 46. Promedios para el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) por año de nacimiento dentro de raza y a través de raza.....	75
Cuadro 47. Promedios de los valores genéticos predichos para el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) por año de nacimiento dentro de raza y a través de raza.....	75
Cuadro 48. Tendencias genéticas, fenotípicas y nivel de significancia para el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.....	76

Índice de figuras

Figura 1. Promedio de edad al primer parto por periodos a través del tiempo de ganado caprino (García-Peniche <i>et al.</i> , 2012).....	23
Figura 2. Promedio del intervalo entre el primer y segundo parto a través del tiempo en ganado caprino (García-Peniche <i>et al.</i> , 2012).....	24
Figura 3. Distribución del número de registros por raza (n= 13791).....	32
Figura 4. Distribución del número de registros por época de nacimiento (n= 13791).....	33
Figura 5. Distribución del número registros por año de nacimiento (n= 13791).	33
Figura 6. Distribución del número de registros por época de parto (n= 13791).....	34
Figura 7. Distribución del número de registros por año de parto (n= 13791).	34
Figura 8. Distribución del número de registros por número de lactancia (n= 13791).	35
Figura 9. Distribución del número de registros para la agrupación por número de lactancia (n= 13791).	35
Figura 10. Distribución del número de registros de acuerdo con el número de determinaciones mensuales por lactancia (n= 13791).....	39
Figura 11. Tendencias fenotípicas para la edad al primer parto (días) dentro de raza y a través de raza.	70
Figura 12. Tendencias genéticas para la edad al primer parto (días) dentro de raza y a través de raza.	70
Figura 13. Tendencias fenotípicas para el intervalo entre partos (días) dentro de raza y a través de raza.	73
Figura 14. Tendencias genéticas para el intervalo entre partos (días) dentro de raza y a través de raza.	74
Figura 15. Tendencias fenotípicas para el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.	76
Figura 16. Tendencias genéticas para el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.	77

Glosario de Abreviaturas

Español		Ingles	
Abreviatura	Significado	Abreviatura	Significado
EUA	Estados Unidos de América	USA	United States of America
		ADGA	American Dairy Goat Association
EPP	Edad al Primer Parto		
CCS	Conteo de Células Somáticas		
PCS	Puntaje de Células Somáticas	SCS	Somatic Cell Score
IEP	Intervalo Entre Partos		
h^2	Heredabilidad		
r	Repetibilidad		
r_g	Correlación genética		
r_f	Correlación fenotípica		
r_r	Correlación residual		
VGP	Valor Genético Predicho	EBV	Estimate Breeding Value
		REML	Restricted Maximun Likelihood
		BLUP	Best Linear Unbiased Prediction
		BLUE	Best Linear Unbiased Estimator
EMM	Ecuaciones del Modelo Mixto	MME	Mixed Model Equations
		MBLUP	Multivariate Best Linear Unbiased Predictor
ADN	Ácido Desoxirribonucleico	DNA	Deoxyribonucleic Acid
N%	Porcentaje de Neutrófilos		
L%	Porcentaje de Linfocitos		
M%	Porcentaje de Macrófagos		
PC	Partículas Citoplásmicas		
CCST	Conteo de Células Somáticas Total		
\log_{10}	Logaritmo base 10		
mL	Mililitro		
PL	Producción de Leche		
CG	Contenido de Grasa		
CP	Contenido de Proteína		

		AIPL	Animal Improvement Programs Laboratory
		ARS	Agricultural Research Service
		USDA	United States Department of Agriculture
DLD	Días en Lactancia a la Determinación mensual	DIM	Days in Milk
n	Número de observaciones		
DE	Desviación Estándar		
Log	Logaritmo		
DRL	Días Reales por Lactancia		
NDL	Número de Determinaciones por Lactancia		
CIA	Criterio de Información Akaike	AIC	Akaike Information Criterion
CIB	Criterio de Información Bayesiano	BIC	Bayesian Information Criterion
σ_a^2	Varianza genética aditiva		
σ_f^2	Varianza fenotípica		
σ_r^2	Varianza residual o medio ambiental		
IC	Intervalo de Confianza		
CV	Coefficiente de Variación		
%	Porcentaje.		
<i>cov g</i>	Covarianza genética		
<i>cov f</i>	Covarianza fenotípica		
<i>cov r</i>	Covarianza residual		
\bar{x}	Promedio o media aritmética		

Resumen

El objetivo del presente estudio fue estimar parámetros genéticos para características de reproducción y del puntaje de células somáticas de cabras lecheras de Estados Unidos de América a través de raza y dentro de raza. En este estudio se utilizó un archivo que contenía 13791 registros individuales con información de múltiples lactancias, de las razas Nubia, Alpina, LaMancha, Saanen, Toggenburg, Enana Nigeriana y Oberhasli, correspondientes al periodo de 1992 a 2015, provenientes de la Asociación Americana de Cabras Lecheras y procesados por la USDA, el cual fue sometido previamente a un proceso de depuración y recodificación de los datos. Se utilizó un modelo animal mixto para la estimación de los componentes de varianzas y covarianzas, las heredabilidades, los valores genéticos predichos y las correlaciones para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas, se utilizaron como factores fijos grupos para época de nacimiento (4 niveles), época de parto (3 niveles), año de nacimiento (13 niveles), año de parto (11 niveles), rebaño (333 niveles), año de nacimiento-raza (91 niveles), año de parto-raza (76 niveles), número de lactancia (5 niveles), rebaño-año de parto-raza (2037 niveles) y un polinomio de Legendre que considera el número de determinaciones mensuales por lactancia (9 niveles) por el número de la lactancia correspondiente y los días reales a la lactancia en forma lineal y cuadrática, como efectos aleatorios se consideró el efecto genético del animal y el error. Se seleccionó el mejor modelo para cada variable, utilizando el Criterio de Información de Akaike y el Criterio de Información Bayesiano. Las varianzas genéticas aditivas, fenotípicas y residuales estimadas en el presente estudio para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas mostraron variación dentro de raza y a través de raza, se estimaron heredabilidades medias para la edad al primer parto de 0.37 ± 0.04 , 0.33 ± 0.05 , 0.18 ± 0.05 , 0.15 ± 0.06 , 0.17 ± 0.07 , 0.32 ± 0.10 , 0.20 ± 0.13 y 0.28 ± 0.02 , y para el puntaje de células somática de 0.19 ± 0.01 , 0.24 ± 0.02 , 0.26 ± 0.03 , 0.23 ± 0.03 , 0.11 ± 0.03 , 0.26 ± 0.04 , 0.19 ± 0.05 y 0.22 ± 0.01 para las razas Nubia, Alpina, LaMancha, Saanen, Toggenburg, Enana Nigeriana, Oberhasli y el conjunto todas razas, respectivamente. Se estimaron heredabilidades bajas para el intervalo entre partos de 0.13 ± 0.16 a 0.04 ± 0.02 para las razas Oberhasli y el conjunto Todas razas, respectivamente. La tendencia genética del puntaje de células somáticas para las razas Nubia, Alpina y Enana Nigeriana fue negativa (-0.01 puntos) y la tendencia genética del intervalo entre partos para la raza Saanen fue positiva (0.47 días). Se encontraron asociaciones genéticas positivas entre la edad al primer parto y el puntaje de células somáticas, para la raza Nubia (0.21) y el conjunto todas razas (0.12), es decir, el incremento de la edad al primer parto ocasiona el incremento del puntaje de células somáticas a través de lactancias. La correlación genética entre la edad al primer parto, el intervalo entre parto y el puntaje de células somáticas para la raza Alpina fue positiva, lo que indica que estas tres características se incrementan (antagónicas) afectando de forma simultánea la fertilidad y la salud de la ubre. La edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas deberían ser analizadas de forma separada por raza al incluirlas en las evaluaciones genéticas para evitar la subestimación o sobrestimación de los valores genéticos predichos y de las heredabilidades. La edad al primer parto y el puntaje de células somáticas pueden ser mejoradas a través de selección. De forma anual se disminuyó el puntaje de células somáticas en leche de la raza Nubia, Alpina y Enana Nigeriana, lo cual es beneficioso para los productores. Para la raza Saanen anualmente se incrementó intervalo entre dos partos consecutivos lo cual perjudica la fertilidad de esta raza.

Palabras clave: Edad al primer parto, intervalo entre partos, heredabilidad, valores genéticos predichos, tendencia y correlaciones genéticas y fenotípicas.

1. Introducción

Para los ganaderos es indispensable seleccionar cabras con altos rendimientos lecheros, produciendo leche de buena calidad. Para lograr este objetivo, en la selección se utilizan las evaluaciones genéticas con el objeto de identificar a los mejores animales de una población, para posteriormente utilizarlos como reproductores (Shepard, 2009; VanRaden, 2004).

Una de las principales asociaciones encargadas de las evaluaciones genéticas de cabras desde 1986 en Estados Unidos de América (EUA o USA, del inglés United States of America), es la Asociación Americana de Cabras Lecheras (ADGA, del inglés American Dairy Goat Association), la cual abrió sus libros de registro en 1904 (Wiggans y Hubbard, 2001; ADGA, 2019).

Esta organización proporciona a los ganaderos pruebas de rendimiento productivo, calificaciones lineales de las características de conformación, evaluaciones genéticas, evaluaciones por índices de selección para varias características que identifican individuos genéticamente superiores, un programa de desarrollo de machos jóvenes y pruebas para determinar la presencia del gen de la caseína, entre otros (Shepard, 2009).

En ganado caprino, el nivel de producción lechero, el tiempo de permanencia en el rebaño, algunas características de reproducción y también de conformación, se pueden mejorar a través de programas de selección, mediante la evaluación genética de múltiples rasgos y al igual que en otras especies, la productividad de las cabras lecheras está determinada no solo por su eficiencia en la producción de leche, sino también por su capacidad de permanencia en el rebaño productivo y de reproducción (Moawed y Shalaby, 2018).

La edad al primer parto (EPP) en ganado caprino es una característica de reproducción, la cual influye significativamente sobre otros factores, por ejemplo, en la duración de la lactancia, la producción de leche, grasa y proteína durante la primera lactancia, la longevidad de los animales en el rebaño productivo y la producción acumulada en la vida del animal (Mulc *et al.*, 2014). La edad al primer parto también afectó significativamente de forma negativa el conteo de células somáticas (CCS), y junto con la etapa de lactancia y la temporada de parto, explicaron 16.87% de la variación del CCS (Bouraoui *et al.*, 2013; Mulc *et al.*, 2014). En ganado lechero bovino se ha demostrado que existen diferencias en el conteo de células somáticas por efecto de la edad al parto y estas diferencias generan pérdidas económicas por unidad de aumento (Gonçalves *et al.*, 2018).

El conteo de células somáticas se utiliza para determinar el estado de salud de la glándula mamaria (Poutrel *et al.*, 1997). Usualmente, el conteo de células somáticas es transformado y analizado como puntaje de células somáticas (PCS) (Reents *et al.*, 1995; Format 4, 2006). En ganado bovino lechero, las células somáticas están conformadas en su mayoría por células blancas (neutrófilos, linfocitos y macrófagos) y en menor proporción de células epiteliales (partículas citoplásmicas) (Dulin *et al.*, 1983).

Conteos altos de células somáticas han sido asociadas a la presencia de mastitis subclínica en caprinos y a la reducción en la producción de leche y grasa (Poutrel *et al.*, 1997; Barrón-Bravo *et al.*, 2013). En bovinos existe una correlación genética alta entre la incidencia de mastitis y el intervalo entre partos (IEP), lo que implica que las vacas con una fertilidad más pobre también tienen peor salud (Pryce *et al.*, 1998).

Pryce *et al.* (1998) mencionan que en ganado bovino lechero las correlaciones genéticas entre la producción de leche y los rasgos de salud y fertilidad son antagónicas; es decir, la selección por altos rendimientos de leche conduce al deterioro de la salud y la fertilidad.

Es necesario generar estrategias para la selección de animales considerando un equilibrio en el mejoramiento de rasgos productivos y reproductivos, conociendo la relación que puede existir entre diferentes características y obtener fundamentos para saber que rasgos pueden usarse en la selección indirecta en cabras lecheras (Castañeda-Bustos *et al.*, 2014).

En ganado caprino lechero no existe información disponible sobre la estimación heredabilidades para el puntaje de células somáticas para las razas Nubia, LaMancha, Toggenburg, Enana Nigeriana y Oberhasli; así como de las correlaciones genéticas y fenotípicas entre la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas dentro de raza y a través de raza, tampoco se conocen las tendencias genéticas y fenotípicas de estas características, por lo que es necesario realizar estas estimaciones, lo que permitirá conocer el tipo y grado de asociación entre estas características, reorientar los esquemas de selección y poder así establecer programas eficientes de mejoramiento genético en cabras lecheras, evitando el deterioro de la aptitud funcional de los animales. El objetivo del presente estudio fue estimar parámetros genéticos para características de reproducción y del puntaje de células somáticas de cabras lecheras de Estados Unidos de América a través de raza y dentro de raza.

2. Revisión de literatura

2.1 Estimación de parámetros genéticos

Los parámetros genéticos estimados en distintas poblaciones animales para diferentes características son heredabilidad (h^2), repetibilidad (r) y correlaciones genéticas (r_g); adicionalmente se estiman también correlaciones fenotípicas (r_f). Estos parámetros son representados en una escala de 0 a 1 (Falconer, 1990) y son usados para predecir la respuesta a la selección, obtener el valor genético predicho (VGP o EBV, del inglés Estimate Breeding Value), desarrollar índices de selección y optimizar esquemas de mejoramiento genético (Mrode, 2005).

La heredabilidad de un carácter métrico expresa la proporción de la varianza total que es atribuible a los efectos medios de los genes y esto nos permite establecer el parecido entre parientes; determina la importancia relativa del genotipo y el medio ambiente para una característica (Falconer, 1990). La h^2 se define como el cociente de la varianza genética aditiva sobre la varianza fenotípica (Wright, 1922).

Las correlaciones, se refieren a que muchas de las características de los animales no son independientes, es decir se encuentran correlacionadas positiva y negativamente. Los caracteres correlacionados son de interés por la conexión con los cambios producidos por la selección y es importante conocer como el mejoramiento de un carácter causa cambios simultáneos en otros caracteres. Las correlaciones genéticas proporcionan información sobre las relaciones entre genes en común que influyen a una o más características, es decir, expresan el grado al cual dos mediciones reflejan lo que es genéticamente el mismo carácter, descansan en el parecido entre parientes, y es causada en su mayoría por efectos de pleiotropía; la pleiotropía es la propiedad de un gen por la cual afecta dos o más caracteres, de manera que si el gen esta segregado causa variación simultánea en los caracteres que afecta (Falconer, 1990).

La repetibilidad detecta el grado de las diferencias entre individuos para una característica que puede permanecer lo largo de toda la vida de un individuo, indicando la superioridad de un animal con base a un registro, siendo aplicable para características que tienen medidas subsecuentes para un mismo animal (Falconer, 1990).

Para realizar la estimación de los parámetros genéticos es necesario realizar previamente la estimación de las varianzas, por lo cual en poblaciones animales se utiliza un modelo animal mixto para características con una sola medición de la forma:

$$y = X_b + Z_a + e$$

Donde: y = es un vector $n \times 1$ de observaciones de la característica que se desea evaluar, X = es una matriz de incidencia conocida $n \times p$ de efectos fijos, b = es un vector de efectos fijos desconocido $p \times 1$, Z = es una matriz de incidencia de efectos aleatorios que incluye al animal $n \times q$, a = es un vector de soluciones de los efectos aleatorios de animal $q \times 1$, y e = es un vector aleatorio $n \times 1$ (residual, error o medio ambiente).

El modelo lineal mixto o modelo de efectos lineales mixtos, es asumido como:

$$\begin{bmatrix} u \\ e \end{bmatrix} \sim N \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \theta \begin{bmatrix} G(\gamma) & 0 \\ 0 & R(\phi) \end{bmatrix} \right)$$

Donde: las matrices G y R son funciones de parámetros γ y ϕ , respectivamente, el parámetro ϕ es un parámetro de varianza al que usualmente se le refiere como el parámetro de escala. Las estructuras de las varianzas para el residual y el efecto aleatorio del animal son:

$$\begin{aligned} R &= \bigoplus_{j=1}^s R_j \\ R_j &= R_j(\phi_j) \\ R_j &= \sigma_j^2 \left(\Sigma_j(p_j) \right) \end{aligned}$$

Y:

$$\begin{aligned} G &= \bigoplus_{i=1}^b G_i \\ G_i &= G_{i1} \oplus G_{i2} \oplus G_{i3} \end{aligned}$$

En los modelos mixtos con más de una varianza residual, que surgen, por ejemplo, en el análisis de datos con más de una variable, el parámetro ϕ se fija a uno. En los modelos de efectos mixtos con una sola varianza residual, entonces θ es igual a la varianza residual. En este caso, R debe ser una matriz de correlación.

La estimación de varianzas se realiza utilizando la metodología de máxima verosimilitud restringida (REML, de sus siglas en inglés Restricted Maximun Likelihood) y usando la metodología del mejor predictor lineal insesgado (BLUP, del inglés Best Linear Unbiased Prediction) (Henderson, 1950; Henderson *et al.*, 1959; Patterson y Thompson, 1971; Mrode, 2005).

Las matrices X y Z son denominadas matrices de incidencia. Esto se asume por la explicación (E) de que las variables son:

$$E(Y) = Xb; E(a) = E(e) = 0$$

Y se asume que los efectos residuales, los cuales incluyen efectos genéticos aleatorios ambientales y no genéticos aditivos, tienen una distribución de varianza (σ_e^2) independiente, por lo tanto, $\text{var}(e) = I\sigma_e^2 = R$; $\text{var}(a) = A\sigma_a^2 = G$ y $\text{cov}(a, e) = \text{cov}(e, a) = 0$, donde A es el numerador de la matriz de relaciones genéticas. Entonces:

$$\begin{aligned}\text{var}(y) = V &= \text{var}(Za + e) \\ &= Z \text{var}(a) Z' + \text{var}(e) + \text{cov}(Za, e) + \text{cov}(e, Za) \\ &= ZGZ' + R + Z\text{cov}(a, e) + \text{cov}(e, a)Z'\end{aligned}$$

Ya que $\text{cov}(a, e) = \text{cov}(e, a) = 0$, entonces:

$$\begin{aligned}V &= ZGZ' + R \\ \text{cov}(y, a) &= \text{cov}(Za + e, a) \\ &= \text{cov}(Za, a) + \text{cov}(e, a) \\ &= Z\text{cov}(a, a) \\ &= ZG\end{aligned}$$

Y:

$$\begin{aligned}\text{cov}(y, e) &= \text{cov}(Za + e, e) \\ &= \text{cov}(Za, e) + \text{cov}(e, e) \\ &= Z\text{cov}(a, e) + \text{cov}(e, e) \\ &= R\end{aligned}$$

El problema general con respecto a esto es predecir una función lineal de b y a , esto es $K'b + a$, usando una fusión lineal de y , sabiendo $L'y$ (*predictor*), dado que $K'b$ es estimable. El predictor $L'y$ se elige de manera tal que sea imparcial y varianza del error predicha se minimice. Esta minimización conduce al mejor predictor lineal insesgado de a , como:

$$\hat{a} = BLUP(a) = GZ'V^{-1}(y - X\hat{b})$$

Y:

$$L'y = k'\hat{b} + GZ'V^{-1}(y - X\hat{b})$$

Donde: $\hat{b} = (X'V^{-1}X)X'V^{-1}y$, la solución generalizada de mínimos cuadrados para b , y $k'b$ es el mejor estimador lineal insesgado (BLUE, del inglés Best Linear Unbiased Estimator) de $k'b$, dado que $k'b$ es estimable.

Para estimar a y b en la anterior ecuación (\hat{a}) se requiere de V^{-1} . Los vectores de soluciones para a y b se estiman a través de la solución de las ecuaciones del modelo mixto (EMM o MME, del inglés Mixed Model Equations), de la siguiente forma:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}Y \\ ZR^{-1}Y \end{bmatrix}$$

Asumiendo que R y G no son matrices singulares. Conociendo que R^{-1} es una matriz de identidad definida anteriormente como R , la cual se puede factorizar para ambos lados de la ecuación, para dar:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

(Henderson *et al.*, 1959; Henderson, 1984; Mrode, 2005).

Cuando se desea analizar dos o más características de forma simultánea la estimación de varianzas y covarianzas se realiza con la metodología de máxima verosimilitud restringida y usando la metodología multivariada del mejor predictor lineal insesgado (MBLUP, del inglés Multivariate Best Linear Unbiased Predictor); los vectores de soluciones para a y b se estiman a través de la solución de las ecuaciones del modelo mixto (Patterson y Thompson, 1971; Mrode, 2005). Por ejemplo, para un modelo bivariado de una característica de una sola medición el modelo usado es:

Para la primera característica:

$$y_1 = X_1b_1 + Z_1a_1 + e_1$$

Para la segunda característica:

$$y_2 = X_2b_2 + Z_2a_2 + e_2$$

Con los animales ordenados por los rasgos, el modelo para el análisis bivariado de los dos rasgos será el siguiente:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_1 & 0 \\ 0 & x_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} z_1 & 0 \\ 0 & z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Donde y_i es el vector de observaciones para la i -ésima característica, b_i es el vector de efectos fijos para la i -ésima característica, a_i es el vector del efecto aleatorio del animal para la i -ésima característica, y x_i y z_i son matrices de incidencia de los registros relacionados de la i -ésima característica de efectos fijos y el efecto aleatorio del animal, respectivamente.

Esto es asumiendo que:

$$\text{var} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}A & g_{12}A & 0 & 0 \\ g_{21}A & g_{22}A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & r_{11} & r_{12} \\ 0 & 0 & r_{21} & r_{22} \end{bmatrix}$$

Donde: G es la varianza genética aditiva y la matriz de covarianza para el efecto del animal, donde cada elemento se definió como: g_{11} = varianza genética aditiva para los efectos directos de la característica 1; $g_{12}=g_{21}$ = covarianza genética aditiva entre ambas características; g_{22} = varianza genética aditiva para los efectos directos para la característica 2; A es la matriz de relaciones entre animales; y, R es la matriz de varianza y covarianza del efecto del residual.

Las ecuaciones del modelo mixto son las siguientes:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z' \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + A^{-1} \otimes G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

Donde:

$$X = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix}, \quad Z = \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix}, \quad \hat{b} = \begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \end{bmatrix}, \quad \hat{a} = \begin{bmatrix} \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \end{bmatrix}, \quad y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix}$$

A continuación, se muestran ecuaciones del modelo mixto para cada rasgo en el modelo por separado, las EMM se convierte en:

$$\begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \\ \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'_1 R^{11} X_1 & X'_1 R^{12} X_2 & X'_1 R^{11} Z_1 & X'_1 R^{12} Z_2 \\ X'_2 R^{12} X_1 & X'_2 R^{22} X_2 & X'_2 R^{21} Z_1 & X'_2 R^{22} Z_2 \\ X'_1 R^{11} X_1 & Z'_1 R^{12} X_2 & Z'_1 R^{11} Z_1 + A^{-1} g^{11} & Z'_1 R^{12} Z_2 + A^{-1} g^{12} \\ X'_2 R^{21} X_1 & Z'_2 R^{22} X_2 & Z'_2 R^{21} Z_1 + A^{-1} g^{21} & Z'_2 R^{22} Z_2 + A^{-1} g^{22} \end{bmatrix}^{-1}$$

$$\begin{bmatrix} X'_1 R^{11} Y_1 + X'_2 R^{12} Y_2 \\ X'_2 R^{21} Y_1 + X'_2 R^{22} Y_2 \\ Z'_1 R^{11} Y_1 + Z'_1 R^{12} Y_2 \\ Z'_2 R^{21} Y_1 + Z'_2 R^{22} Y_2 \end{bmatrix}$$

Donde g^{ij} = son elementos de G^{-1} . Cabe señalar que en R^{12} , R^{21} , g^{12} y g^{21} se colocaron ceros, las matrices en las ecuaciones anteriores se reducen a las habituales calculadas cuando se realizan dos análisis de rasgos únicos, ya que los dos rasgos no están correlacionados y hay un flujo de información de un rasgo a otro (Henderson *et al.*, 1959; Henderson, 1984; Mrode, 2005).

Los modelos univariados o multivariados permiten corregir diferencias debidas a efectos ambientales como hato y año y corregir el sesgo de selección a partir del uso de un pedigrí (Henderson *et al.*, 1959; Henderson, 1950). La metodología REML tiene las propiedades de obtener estimadores dentro del espacio paramétrico con varianza mínima (Patterson y Thompson, 1971).

La metodología BLUP se combina entonces con la metodología REML, la cual es utilizada para estimar componentes de varianza, covarianza y valores genéticos predichos; y es usada para distintas características de diferentes especies animales (Patterson y Thompson, 1971; Thompson *et al.*, 1994; Neumaier y Groeneveld, 1998). Ambas metodologías se encuentran implementadas en el programa ASReml el cual permite realizar la estimación de parámetros genéticos, entre otros programas (Gilmour *et al.*, 2009; Torres-Vásquez *et al.*, 2009; Montaldo *et al.*, 2010; García-Peniche *et al.*, 2012; Castañeda-Bustos *et al.*, 2014). Los componentes de varianza y covarianza son obtenidos de las soluciones de las ecuaciones del modelo mixto; también se puede realzar la estimación de las covarianzas genéticas aditivas, fenotípicas y residuales mediante las siguientes formulas, respectivamente:

$$\text{cov}(a_x, a_y) = r_{axy} \cdot \sigma_{ax}^2 \cdot \sigma_{ay}^2$$

Donde: r_{axy} = es la correlación genética aditiva entre las características X y Y.

$$\text{cov}(f_x, f_y) = r_{fxy} \cdot \sigma_{fx}^2 \cdot \sigma_{fy}^2$$

Donde: r_{fxy} = es la correlación fenotípica entre las características X y Y.

$$\text{cov}(r_x, r_y) = r_{rxy} \cdot \sigma_{rx}^2 \cdot \sigma_{ry}^2$$

Donde: r_{rxy} = es la correlación residual, o ambiental, entre las características X y Y.

2.2 Tendencias genéticas y fenotípicas

Las evaluaciones genéticas son una herramienta para producir animales mejorados genéticamente y aumentar la cría de ganado rentable. Para cumplir esos objetivos a futuro, la información genética del pasado debe examinarse y se deben determinar las tendencias (Fuerst y Gredler, 2009). Las tendencias fenotípicas y genéticas se obtienen a través del análisis de las características evaluadas en los animales, para una generación o en los individuos nacidos dentro de un período de tiempo determinado y tiene como finalidad demostrar la eficacia de los programas de selección y mejoramiento genético en los animales (Meyer *et al.*, 2018).

Estas tendencias permiten medir el progreso genético y ayudan a establecer la dirección genética futura mediante la definición de objetivos específicos. En ganado bovino la tendencia genética se ha definido como un cambio en el rendimiento productivo por unidad de tiempo debido al cambios en el valor medio reproductivo, esto derivado de la comparación de promedios de las poblaciones de vacas para cada año de nacimiento (Fuerst y Gredler, 2009).

La importancia de estimar las tendencias genéticas es porque permiten además informar a los criadores de las decisiones de selección tomadas, lo que proporciona orientación para hacer los ajustes necesarios para optimizar el progreso genético a través de la selección fenotípica de cada población estudiada (Torrez-Vázquez *et al.*, 2009).

Esto permite incrementar la ganancia genética y aumentar la rentabilidad de las explotaciones. La estimación de tendencias permite evaluar los cambios producidos por el proceso de selección (Barbosa *et al.*, 2001; Fuerst y Gredler, 2009).

Para ello, es necesario la predicción precisa del valor genético predicho de los animales, debido a que es una de las mejores herramientas disponibles para maximizar la respuesta a los programas de selección; el éxito de un programa genético puede evaluarse examinando el cambio real en el valor genético expresado en relación con la proporción del cambio teórico esperado de la media del valor de mejoramiento para el rasgo bajo selección (Jurado *et al.*, 1994). La ganancia genética se puede lograr para prácticamente cualquier rasgo siempre que sea heredable (Rutkoski, 2019).

Se han estudiado tendencias genéticas, ambientales y fenotípicas en ganado caprino para algunas características de reproducción y se ha concluido que el aporte genético es muy bajo, por lo tanto, en aquellas características en las que el aporte genético es muy bajo se necesitan

estrategias precisas para la reproducción y el manejo, la mejora de factores ambientales como la nutrición y el manejo sanitario serían métodos eficientes para mejorar los rasgos de la capacidad de reproducción (Abdoli *et al.*, 2019).

En cabras se han realizado estudios en donde se presentan los cambios en los promedios de la edad al primer parto e intervalo entre partos por año (García-Peniche *et al.*, 2012), sin embargo, este tipo de información no refleja el cambio genético ya que solo es una descripción fenotípica y es incorrecto usar el término ganancia genética para describir una tendencia en el fenotipo a lo largo del tiempo que no fue el resultado de ciclos de selección dentro de una población (Rutkoski, 2019).

2.3 Características de reproducción

2.3.1 Edad al primer parto

La pubertad se puede definir como la primera ovulación y/o primer comportamiento representativo de estro en hembras, la cual es presentada de los 153 a 180 días de edad (Foster y Hileman, 2015). Posterior a la fecundación se lleva a cabo la gestación, la cual tiene una duración promedio de 150 días (Mellado *et al.*, 2000). La suma de estos dos periodos corresponde la edad al primer parto en ganado caprino.

En un estudio realizado en los Estados Unidos de América, la edad mínima estimada para el primer parto de una cabra fue de 305 días (Iloeje *et al.*, 1981), pero otros autores han considerado 271 días (Castañeda-Bustos *et al.*, 2014), 10.03 meses (Torrez-Vázquez *et al.*, 2009) y 300 días (García-Peniche *et al.*, 2012).

El promedio para todas las razas caprinas fue de 507.97 días incluidas las razas Alpina, La Mancha, Nubia, Toggenburg y Saanen (n= 31451) (Castañeda-Bustos *et al.*, 2014), aunque también se han evaluado los promedios de edad al primer parto de forma específica por raza (Cuadro 1) (García-Peniche *et al.*, 2012).

Cuadro 1. Promedio de la edad al primer parto (días) de cabras de Estados Unidos de América.

Raza	Promedios
Alpina	517
LaMancha	495
Nubia	534
Oberhasli	470
Saanen	472
Toggenburg	494
Todas razas	507

(García-Peniche *et al.*, 2012).

Es conocido que los rasgos reproductivos tienen importancia en la producción de leche y esto radica en la fuerte correlación con el rendimiento de la leche, por lo que se han desarrollado diferentes enfoques en la selección de estos rasgos en todo el mundo (Kasap *et al.*, 2013). García-Peniche *et al.* (2012) determinaron que los promedios de la EPP parto en ganado caprino se han incrementado a través del tiempo como se muestra en la Figura 1.

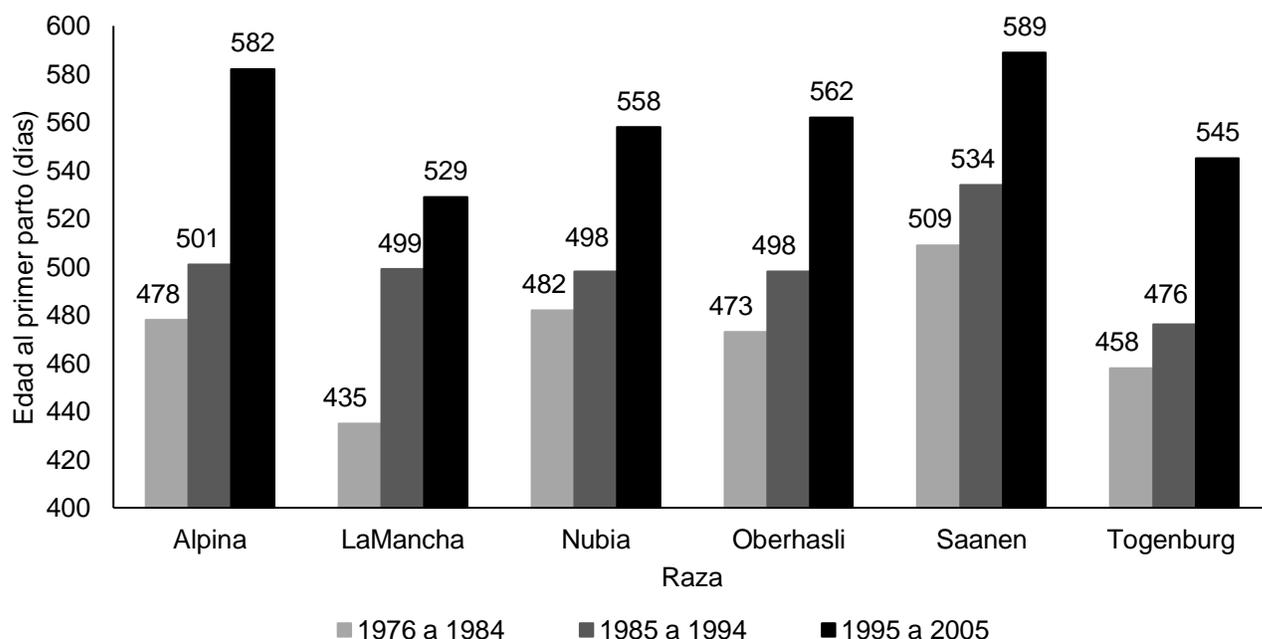


Figura 1. Promedio de edad al primer parto por periodos a través del tiempo de ganado caprino (García-Peniche *et al.*, 2012).

La heredabilidad para la EPP para un conjunto de cabras Alpina, LaMancha, Nubia, Oberhasli, Saanen y Toggenburg de Estados Unidos de América fue media (0.23 ± 0.015) y de forma similar e individualmente por raza (Cuadro 2) (García-Peniche *et al.*, 2012).

Cuadro 2. Heredabilidades (h^2) y errores estándar (EE) de la edad al primer parto (días) en siete razas de cabras lecheras de Estados Unidos de América ($n = 27636$).

Raza	$h^2 \pm EE$
Alpina	0.22 ± 0.02
LaMancha	0.28 ± 0.05
Nubia	0.32 ± 0.04
Oberhasli	0.61 ± 0.14
Saanen	0.16 ± 0.04
Toggenburg	0.32 ± 0.05

(García-Peniche *et al.*, 2012).

Castañeda-Bustos *et al.* (2014) estimaron la heredabilidad para esta misma característica obteniendo un valor de 0.16 ± 0.01 para las razas caprinas Alpina, La Mancha, Nubia, Toggenburg y Saanen ($n = 31451$).

2.3.2 Intervalo entre partos

El intervalo entre partos es el tiempo que transcurre entre dos partos, en ganado caprino se ha utilizado como intervalo entre parto mínimo 168 días (Castañeda-Bustos *et al.*, 2014) y 170 días (García-Peniche *et al.*, 2012).

Se han estimado los promedios del intervalo entre el primer y segundo parto dentro de raza y a través de raza en cabras de Estados Unidos de América (Cuadro 3) (Montaldo *et al.*, 2010) y a través del tiempo (Figura 2) (García-Peniche *et al.*, 2012).

Cuadro 3. Promedio (\bar{x}) del intervalo entre el primer y segundo parto (días) de cabras de Estados Unidos de América.

Raza	\bar{x} del IEP	\bar{x} del IEP
Alpina	384	381
LaMancha	376	374
Nubia	379	373
Oberhasli	369	--
Saanen	388	384
Toggenburg	382	382
Todas razas	382	379

Promedio del intervalo entre el primer y segundo parto (días) reportado por García-Peniche *et al.* (2012) (n= 36368) en la segunda columna, y el promedio del intervalo entre el primer y segundo parto (días) reportado por Montaldo *et al.* (2010) (n= 43612) en la tercera columna.

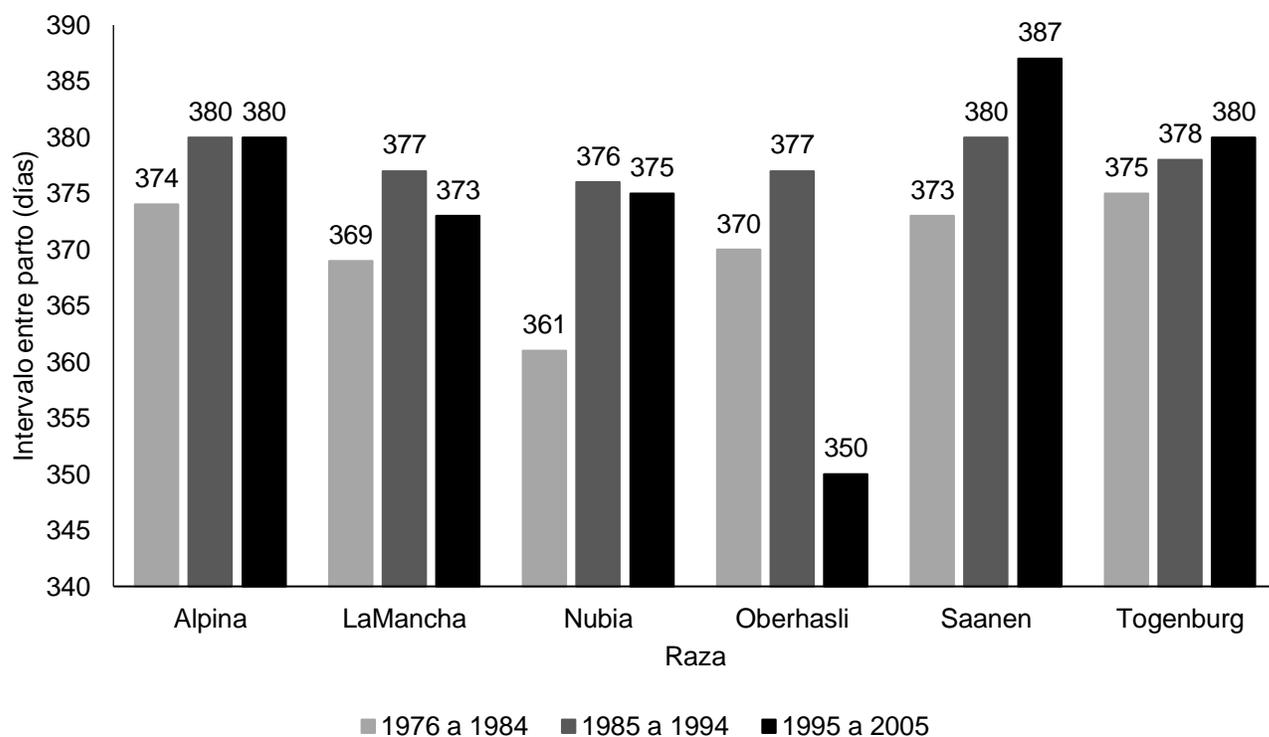


Figura 2. Promedio del intervalo entre el primer y segundo parto a través del tiempo en ganado caprino (García-Peniche *et al.*, 2012).

Castañeda-Bustos *et al.* (2014) estimaron un promedio 387.36 días para el intervalo entre el primer y segundo parto de las razas caprinas Alpina, LaMancha, Nubia, Toggenburg y Saanen (n= 19528).

Las diferencias entre los promedios para el intervalo entre partos dentro de raza en ganado caprino pueden ser explicado en parte por la estacionalidad reproductiva de las diferentes razas, las regiones y aspectos administrativos dentro de las unidades de producción (Montaldo *et al.*, 2010).

En ganado bovino el IEP es afectado por la estación de parto, en el caso de aquellas vacas que paren en primavera y posteriormente se inseminan, quedando gestantes en verano, esto propicia que estén expuestas a falta de vegetación como alimento y a un alto aumento en la temperatura ambiental, estos factores repercuten negativamente sobre la actividad ovárica y resultan en intervalos entre partos más largos (Bouraoui *et al.*, 2013).

Castañeda-Bustos *et al.* (2014) estimaron una heredabilidad de 0.09 ± 0.02 para el intervalo entre el primer y segundo parto de las razas Alpina, La Mancha, Nubia, Toggenburg y Saanen (n= 19528).

Montaldo *et al.* (2010) estimaron heredabilidades para el Intervalo entre el primer y segundo parto para cinco razas caprinas y un grupo todas razas (Cuadro 4) donde mencionan que la estimación de heredabilidad de 0.00 para la raza Nubia puede ser el resultado de un error de muestreo.

Cuadro 4. Heredabilidades (h^2) y errores estándar (EE) del intervalo entre parto (días) en cabras lecheras de Estados Unidos de América.

Raza	$h^2 \pm EE$	$h^2 \pm EE$
Alpina	0.06 ± 0.01	0.06 ± 0.02
LaMancha	0.04 ± 0.02	0.15 ± 0.06
Nubia	0.02 ± 0.01	0.00
Oberhasli	0.02 ± 0.10	--
Saanen	0.06 ± 0.02	0.07 ± 0.05
Toggenburg	0.08 ± 0.02	0.02 ± 0.04
Todas razas	0.05 ± 0.006	0.05 ± 0.01

En la segunda columna las estimadas por García-Peniche *et al.* (2012) (n= 36368) y en la tercera columna las estimadas por Montaldo *et al.* (2010) (n= 43612).

Montaldo *et al.* (2010) estimaron correlaciones genéticas y fenotípicas para la producción de leche de la primera lactancia y el intervalo entre el primer y segundo parto de cabras lecheras por raza; donde estimaron correlaciones genéticas medias entre estas dos características para la raza Toggenburg y el conjunto todas razas (Cuadro 5).

Cuadro 5. Correlaciones genéticas (C_g) y fenotípicas (C_f) entre la producción leche de la primera lactancia y el intervalo entre el primer y segundo parto, con los errores estándar estimados en cabras lecheras de Estados Unidos de América por raza.

Raza	$C_g \pm EE$	$C_f \pm EE$
Alpina	0.31±0.12	0.21±0.01
LaMancha	0.36±0.17	0.22±0.02
Nubia	--	0.21±0.02
Saanen	0.26±0.21	0.17±0.02
Toggenburg	0.38±0.40	0.23±0.02
Todas las razas	0.35±0.09	2.20±0.01

--= Correlación genética inestimable (Montaldo *et al.*, 2010).

Pryce *et al.* (1998) estimaron en ganado bovino lechero que el Intervalo entre partos en días fue más largo en los animales de primera lactancia en comparación con los animales de lactaciones posteriores, con 387, 379 y 380 días para la 1^a, 2^a y 3^a lactancia, respectivamente. Este incremento en el IEP puede ser debido a que en algunas granjas pueden parir novillas más temprano esto por efecto de la temporada, alargando el intervalo entre el parto y el próximo servicio.

En ganado bovino se ha estimado para el IEP a través de lactancias una heredabilidad baja de 0.017±0.002; sin embargo, al analizar la heredabilidad para el intervalo de parto para la 1^a lactancia (0.072±0.03) 2^a lactancia (0.016±0.01) 3^a lactancia (0.054±0.04), se obtuvo una heredabilidad más baja en los animales de la segunda lactancia (Pryce *et al.*, 1998).

2.4 Puntaje de células somáticas

El conteo de células somáticas en leche es utilizado como un parámetro de calidad, debido a que un incremento puede causar cambios físicos, químicos y microbiológicos; las pruebas para realizar el conteo directo de células somáticas en leche son el recuento de células somáticas por microscopia directa y el recuento electrónico de células somáticas (PMO, 2017).

Este último se realiza mediante diferentes técnicas, por ejemplo el método fluoro-opto-electrónico (Paape *et al.*, 2001) el cual es un procedimiento colorimétrico basado en la reacción con el ácido desoxirribonucleico (ADN o DNA, del inglés Deoxyribonucleic Acid) de las células, utilizado para determinar el contenido de ADN que está relacionado directamente con el número de células presentes en la muestra (Foss, 2018) y otros métodos relacionados con la citometría y la cantidad total de células dentro de la muestra de leche (ChemoMetec, 2020).

Un método rápido, preciso y económico para el recuento individual y en muestras de leche de células somáticas a gran escala se realizan principalmente con equipos como Foss y Bentley.

Descartando los contadores ópticos Coulter y Technicon que requieren de la dispersión de grasa en la leche y de gran espacio para su instalación (Paape *et al.*, 2007).

Los valores normales del CCS en leche de ganado caprino es más alto que en bovinos lecheros y ovinos (Paape *et al.*, 2001) derivado de esto, se estableció en Estados Unidos de América y la Unión Europea, un límite legal del CCS en leche de cabra de 1500000 células/mL y <1500000, respectivamente. En ganado bovino el límite legal es de 750000 células/mL y <400000 en Estados Unidos de América y en la Unión Europea, respectivamente (PMO, 2017; NMC, 2005; Directive 92/46ECC Council, 1992).

Las células somáticas están constituidas por una asociación de células pertenecientes al sistema inmune y células epiteliales (Cuadro 6), por lo cual, el CCS se incrementa con la presencia de infecciones intramamarias, donde la mayor cantidad de células del sistema inmune predominantes son los neutrófilos (Cuadro 7) (Dulin *et al.*, 1983).

Cuadro 6. Promedio del conteo de células somáticas y partículas citoplasmáticas en leche de ganado caprino sin infecciones intramamarias después del parto.

Periodo post parto	CCS	N%	L%	M%	PC	CCST
2 a 3 semanas	.056	45	20	35	.159	.215
6 a 8 semanas	.057	48	19	33	.071	.128
10 a 12 semanas	.101	52	16	32	.092	.193
14 a 16 semanas	.267	50	14	35	.148	.415
5 meses	.209	47	17	35	.119	.328
6 meses	.323	54	12	32	.275	.598
7 meses	.162	46	12	41	.117	.279
8 meses	.267	56	18	25	.276	.534
>9 meses	.414	74	9	15	.306	.720

CCS= Conteo de células somáticas (10^6 /mL), N%= Porcentaje de neutrófilos, L%= Porcentaje de linfocitos, M%= Porcentaje de macrófagos, PC= Partículas citoplasmáticas (10^6 /mL) y CCST= Conteo de células somáticas total (10^6 /mL) (Dulin *et al.*, 1983).

Cuadro 7. Porcentaje del conteo de células somáticas y partículas citoplasmáticas en leche de ganado caprino con infección intramamaria después del parto.

Periodo post parto	CCS	N%	L%	M%	PC	CCST
2 a 3 semanas	.151	53	15	34	.163	.314
6 a 8 semanas	.086	53	18	30	.170	.256
10 a 12 semanas	.323	55	16	30	.108	.431
14 a 16 semanas	.376	63	14	20	.121	.497
5 meses	.315	70	9	22	.233	.548
6 meses	.304	66	11	23	.098	.402
7 meses	.443	72	8	23	.136	.579
8 meses	.627	79	4	17	.175	.802
>9 meses	.899	75	5	19	.171	1.070

CCS= Conteo de células somáticas (10^6 /mL), N%= Porcentaje de neutrófilos, L%= Porcentaje de linfocitos, M%= Porcentaje de macrófagos, PC= Partículas citoplasmáticas (10^6 /mL) y CCST= Conteo de células somáticas total (10^6 /mL) (Dulin *et al.*, 1983).

Es conocido que factores ambientales distintos de la infección intramamaria, como las prácticas de manejo, el estadio de la lactancia, el parto y la infección por el virus de la artritis y encefalitis caprina contribuyen a la elevación del conteo de células somáticas por lactancia en ganado caprino (Paape *et al.*, 2007).

Por ejemplo, en ganado caprino en las dos primeras semanas posteriores al parto, puede haber una elevación natural del CCS en la leche (WCDHIS, 2018), también, la presencia de estro en las hembras (Cuadro 8) incrementa el CCS en leche de ganado caprino (Mehdid *et al.*, 2013), ambos son criterios importantes para considerar en la interpretación correcta del CCS.

Cuadro 8. Conteo de células somáticas (\log_{10} células/mL) en muestras de leche de cabras antes, durante y después de la presencia de estro, en comparación con cabras sin estro.

Día	Primer año		Segundo año	
	En estro	Sin estro	En estro	Sin estro
-4	5.39	5.5	5.51	5.52
-3	5.59	5.75	5.55	5.46
-2	5.44	5.66	5.61	5.57
-1	5.85	5.83	5.56	5.51
0	5.94	5.52*	5.64	5.51
1	6.08	5.57**	5.93	5.49*
2	6.04	5.62*	6.05	5.61**
3	5.62	5.59	5.93	5.56**
4	5.81	5.73	5.73	5.54
5	5.87	5.73	5.77	5.6
6	6.19	6.10	5.78	5.69
7	6.05	6.17	5.8	5.71
8	5.81	5.85	5.73	5.77

(Mehdid *et al.*, 2013).

Otros factores no infecciosos involucrados en la variación del CCS, son la época de parto y la producción de leche, los cuales están asociados con un incremento del CCS (Paape *et al.*, 2001). Moroni *et al.* (2005) determinaron que el CCS fue más bajo para animales de primera lactancia, pero su conteo se incrementó en relación con el aumento del número de lactancias; y de forma similar se presentó un aumento en los promedios del PCS en relación con el aumento o transcurso de los días en lactancia (Rupp *et al.*, 2000).

Se determinó que, por unidad de aumento en los PCS para segundas o posteriores lactancias, equivale a una pérdida de 200 kg de leche por lactancia, lo que es equivalente a 0.66 kilogramos de leche por día (WCDHIS, 2018).

Dulin *et al.* (1983) determinaron que existe una diferencia significativa ($P < 0.01$) entre los promedios del CCS de primeras lactancias (0.15×10^6 /mL) y los promedios para cabras con más de tres lactancias (0.229×10^6 /mL) en cabras sin mastitis, con relación a los promedios del CCS de cabras con mastitis entre la primera (0.568×10^6 /mL) y segunda lactancia (1.140×10^6 /mL).

Rupp *et al.* (2000) determinaron que el promedio del PCS en ganado bovino francés de primera lactancia de las razas Holstein, Montbéliarde y Normande del año 1997 fue variada según la región de crianza y la raza. También, se determinó que la época de parto es un factor que influye en el incremento del CCS en cabras lecheras (Amin, 2017).

En cabras de Francia se estimó una heredabilidad para el PCS en cabras de primer parto de la raza Alpina de 0.24 ± 0.01 ($n= 67882$) y para la raza Saanen de 0.20 ± 0.01 ($n= 49709$) (Rupp *et al.*, 2011). En ganado bovino Holstein de primera lactancia se estimó una heredabilidad moderada de 0.17 ± 0.02 y una correlación genética alta de 0.72 ± 0.06 con mastitis clínica (Rupp y Boichard, 1999).

En ganado bovino de se ha estimado una heredabilidad de 0.15 ± 0.01 para el PCS y se estimó que aumento con relación al aumento del número de parto en ganado bovino, así como con el número de lactancia. La heredabilidad en las tres primeras lactancias del puntaje de células somáticas en ganado bovino lechero fue de 0.25 ± 0.07 ($n= 1317$), 0.25 ± 0.08 ($n= 1158$) y 0.47 ± 0.10 ($n= 885$), respectivamente (Pryce *et al.*, 1998).

Una buena conformación de las características de ubre y pezones está asociada genéticamente y de forma favorable con la disminución del CCS, ya que algunas de las características de esta categoría tienen correlaciones negativas, en específico para las cabras con pezones cilíndricos, los cueles son cortos y delgados, posiblemente las cabras tendrán bajos CCS. En las razas Saanen y Alpina, esto se puede lograr mediante la selección, debido a que tiene adecuada variabilidad genética (Rupp *et al.*, 2011).

Otras correlaciones genéticas estimadas en ganado caprino para el PCS son presentadas en el Cuadro 9 (Maroteau *et al.*, 2014).

Cuadro 9. Correlaciones genéticas entre rasgos de producción y el puntaje de células somáticas para la raza Saanen y Alpina.

	PL	CG	CP	PCS
PL				0.09 ^{NS}
CG	-0.35		0.36	-0.27
CP	-0.36	0.57		0.06 ^{NS}
PCS	0.07 ^{NS}	-0.11 ^{NS}	-0.20 ^{NS}	

Correlaciones genéticas de la raza Saanen por debajo de la diagonal, correlaciones genéticas de la raza Alpina sobre la diagonal, PL= Producción de leche, CG= Contenido de grasa, CP= Contenido de proteína, PCS= Puntaje de células somáticas (Maroteau *et al.*, 2014).

3. Objetivo general

Estimar parámetros genéticos para características de reproducción y del puntaje de células somáticas de cabras lecheras de Estados Unidos de América a través de raza y dentro de raza.

3.1 Objetivos específicos

Estimar varianzas genéticas, fenotípicas y residuales para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas dentro de raza y a través de raza.

Estimar heredabilidades para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas dentro de raza y a través de raza.

Estimar covarianzas genéticas, fenotípicas y residuales entre la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas dentro de raza y a través de raza.

Estimar correlaciones genéticas, fenotípicas y residuales, y los intervalos de confianza entre la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas dentro de raza y a través de raza.

Estimar valores genéticos predichos y confiabilidades para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas dentro de raza y a través de raza.

Estimar tendencias genéticas y fenotípicas para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas dentro de raza y a través de raza.

4. Hipótesis

Los parámetros genéticos de las características de reproducción y del puntaje de células somáticas en cabras lecheras de Estados Unidos de América son diferentes dentro de raza y a través de raza.

5. Materiales y métodos

5.1 Datos

En este estudio se utilizó un archivo que contenía inicialmente 28292 registros individuales e información de múltiples lactancias, correspondientes al periodo de 1981 a 2016, los cuales contenían información de producción de leche y pedigrí de cabras lecheras.

Los archivos pertenecían a la Asociación Americana de Cabras Lecheras de los Estados Unidos de América, los cuales fueron previamente procesados en los centros regionales del Laboratorio de Programas de Mejoramiento Animal (AIPL, del inglés Animal Improvement Programs Laboratory) del Servicio de Investigación Agrícola (ARS, del inglés Agricultural Research Service) que pertenece al Departamento de Agricultura de los Estados Unidos de América (USDA, del inglés United States Department of Agriculture) el cual certifica los registros de producción de leche y las evaluaciones genéticas.

Dentro de la amplia cantidad de información y variables del archivo de producción, las variables de interés para este estudio fueron: raza, identificación del animal, del padre y de la madre, fecha de nacimiento, rebaño, fecha de parto, número de lactancia, adicionalmente se contó con la información de las determinaciones mensuales de producción, la cual incluyó hasta 20 determinaciones mensuales por registro productivo, con información de producción de leche real, porcentaje de leche, porcentaje de grasa, porcentaje de proteína, el puntaje de células somáticas (PCS o SCS, del inglés Somatic Cell Score) y los días en lactancia a la determinación mensual (DLD o DIM, del inglés Days in milk).

5.2 Edición de datos

Se utilizó el programa Statistical Analysis System JMP® versión 6.0.0. (JMP, 2005) para realizar la edición del archivo, con la finalidad de obtener estimadores precisos. Esta edición incluyó los procesos de depuración y recodificación de los datos con el cual se obtuvo un archivo final de 13791 registros de animales en producción, correspondientes al periodo de 1992 a 2015; dichos procedimientos se describen a continuación.

Se eliminaron los registros de animales que carecían de información o que era errónea la asignación de la raza, la identificación del animal, la fecha de nacimiento y/o parto y registros duplicados (Castañeda-Bustos *et al.*, 2014).

A partir del archivo editado se obtuvo el número de registros para cada una de las siete razas: Nubia, Alpina, LaMancha, Toggenburg, Saanen, Oberhasli y Enana nigeriana, las cuales se recodificaron generando siete niveles para el factor raza (Figura 3); se eliminaron los registros existentes de cabras denominadas experimentales (n= 1651) debido a que eran cruces en distintos grados de diferentes grupos raciales y los de la raza Sable por tener un reducido número de registros (n= 316).

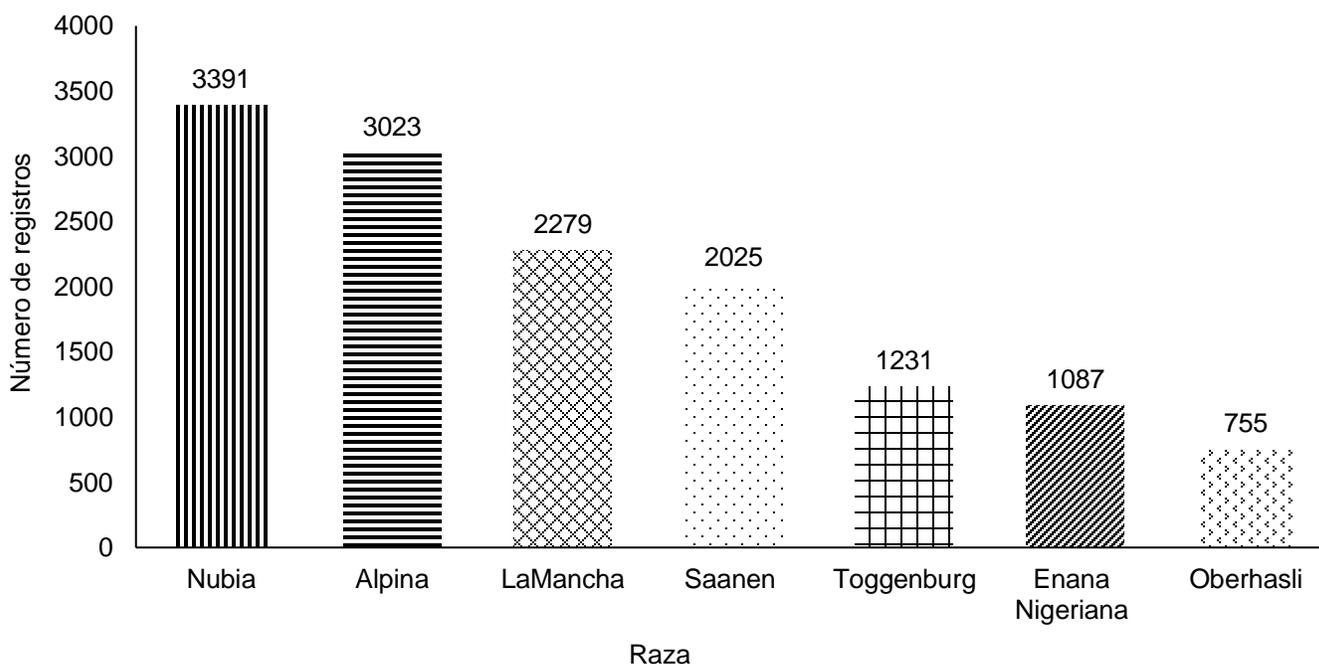


Figura 3. Distribución del número de registros por raza (n= 13791).

De acuerdo con la metodología usada por Castañeda-Bustos *et al.* (2014) y debido a la estacionalidad reproductiva de la especie caprina se generaron niveles para la época de nacimiento, el año de nacimiento, la época de parto y el año de parto, tratando de mantener un número adecuado de observaciones por nivel, como se explica a continuación.

A partir de la fecha de nacimiento se obtuvo el mes de nacimiento de los animales, con los cuales se generó la época de nacimiento. Los meses de nacimiento se agruparon en 4 niveles/épocas de nacimiento: nivel 1: cabras que nacieron en el mes de marzo (n= 4884), nivel 2: cabras que nacieron en el mes de abril (n= 2958), nivel 3: cabras que nacieron en los meses de mayo a julio (n= 1767) y nivel 4: cabras que nacieron en los meses de agosto a febrero (n= 4182) (Figura 4).

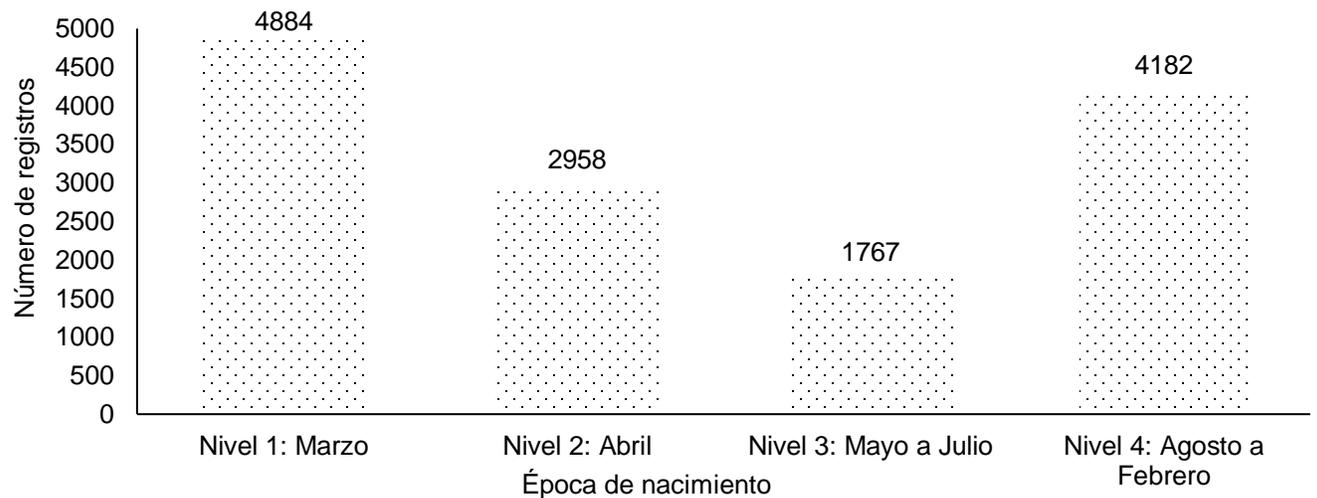


Figura 4. Distribución del número de registros por época de nacimiento (n= 13791).

Se obtuvo también el año de nacimiento de los animales, a partir de la fecha de nacimiento. Con el año de nacimiento se realizó una agrupación, y debido a la poca cantidad de registros en algunos años, estos fueron para los años 1992 a 2000 (n= 1072) y otro grupo para los años 2012 a 2014 (n= 1048); se generaron 13 niveles como se muestra en la Figura 5.

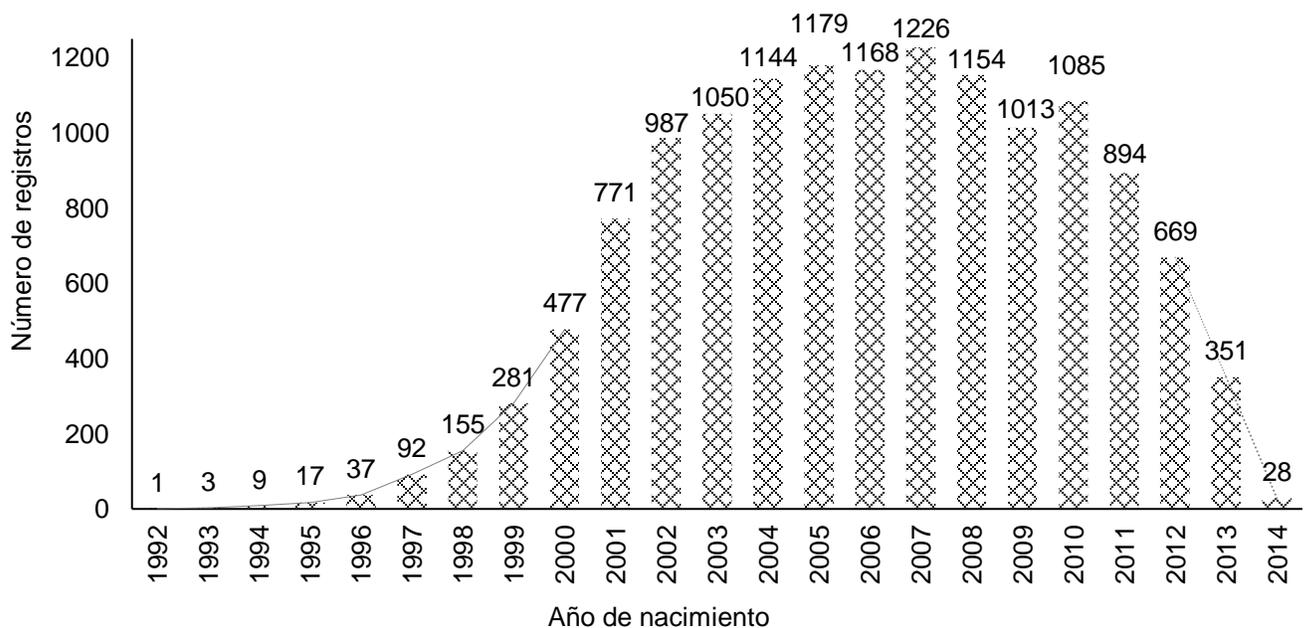


Figura 5. Distribución del número registros por año de nacimiento (n= 13791).

De la fecha de parto de los animales se obtuvo el mes de parto, con el cual posteriormente se generaron tres niveles para establecer las épocas de parto; nivel 1: cabras que parieron en el mes de marzo (n= 4840); nivel 2: cabras que parieron en el mes de abril y mayo (n= 4754) y nivel 3: cabras que parieron en los meses de junio a febrero (n= 4197) (Figura 6) (Castañeda-Bustos *et al.*, 2014).

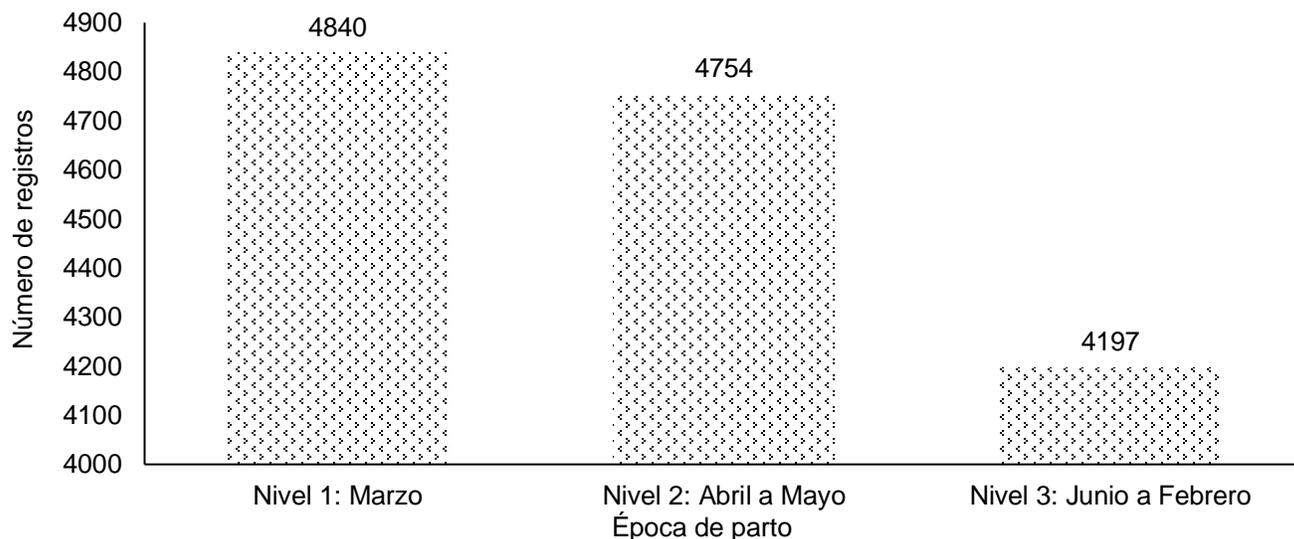


Figura 6. Distribución del número de registros por época de parto (n= 13791).

A partir de la fecha de parto de los animales se definió el año de parto de las cabras y se reagruparon los años de 2000 a 2004 (n= 1812) y 2014 a 2015 (n= 1548) debido a que contenían pocos registros; correspondiendo a un total de 11 niveles por año de parto (Figura 7).

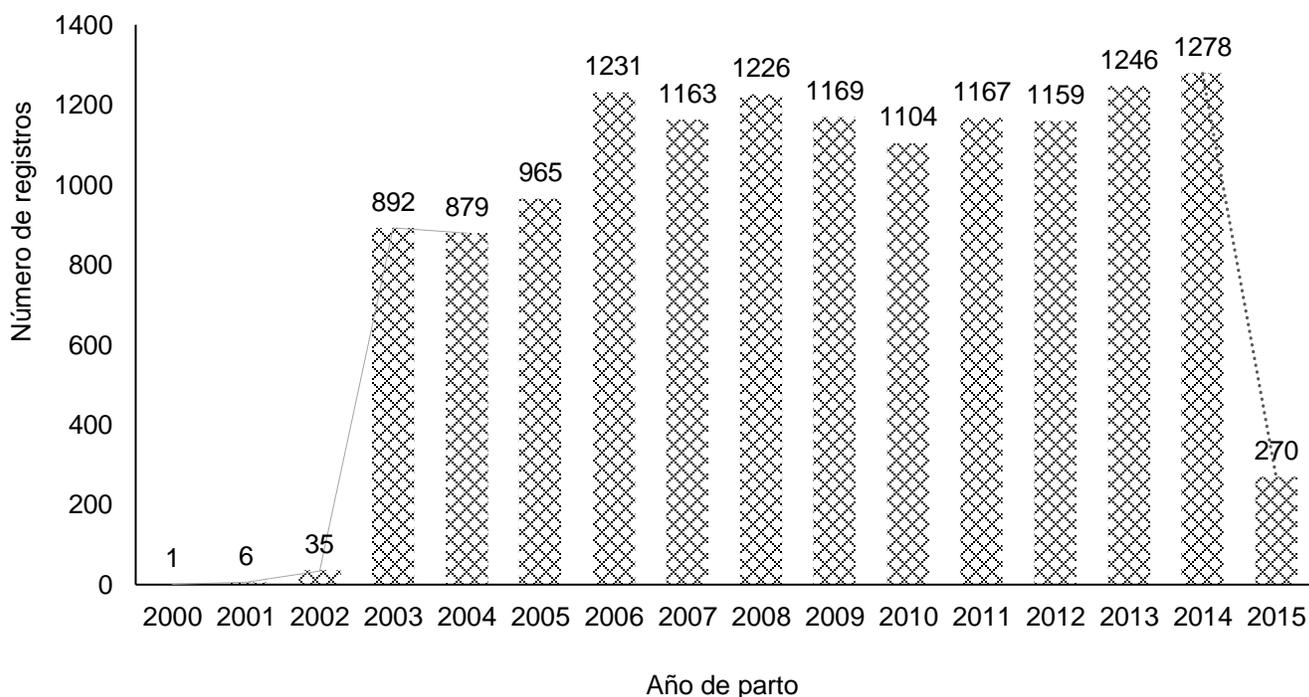


Figura 7. Distribución del número de registros por año de parto (n= 13791).

Los registros contenían el número de lactancia de las cabras; a partir de esa información se obtuvo el número de registros por número de lactancia (Figura 8).

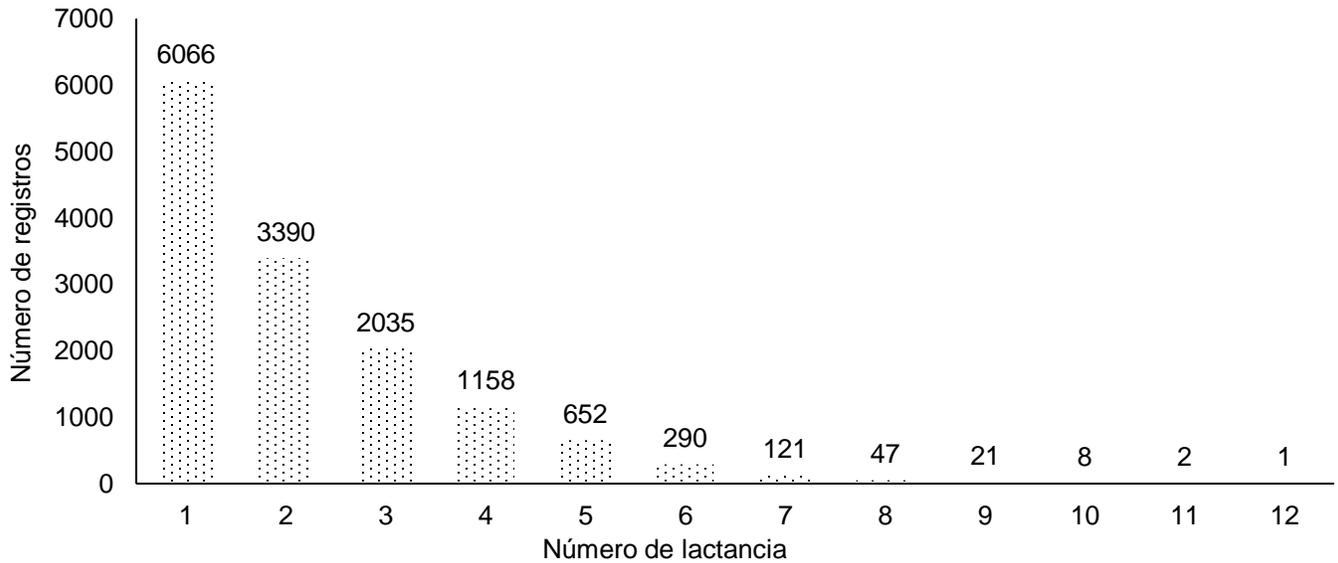


Figura 8. Distribución del número de registros por número de lactancia (n= 13791).

A partir de la información de número de lactancia se realizó una agrupación en cinco niveles; nivel 1: registros de primera lactancia (n= 6066), nivel 2: registros de segunda lactancia (n= 3390), nivel 3: registros de tercera lactancia (n= 2035), nivel 4: registros de cuarta lactancia (n= 1158) y nivel 5: registros de \geq quinta lactancia (n= 1142), tratando de mantener un número adecuado de observaciones por nivel, como se representa en la Figura 9 (Torres-Vázquez *et al.*, 2009). Usualmente solo se considera la información de las primeras seis lactancias en las evaluaciones genéticas debido a que los registros de más de seis lactancias aportan poca información adicional, pero se decidió conservar los para tener una mayor cantidad de registros (Wiggans *et al.*, 2020).

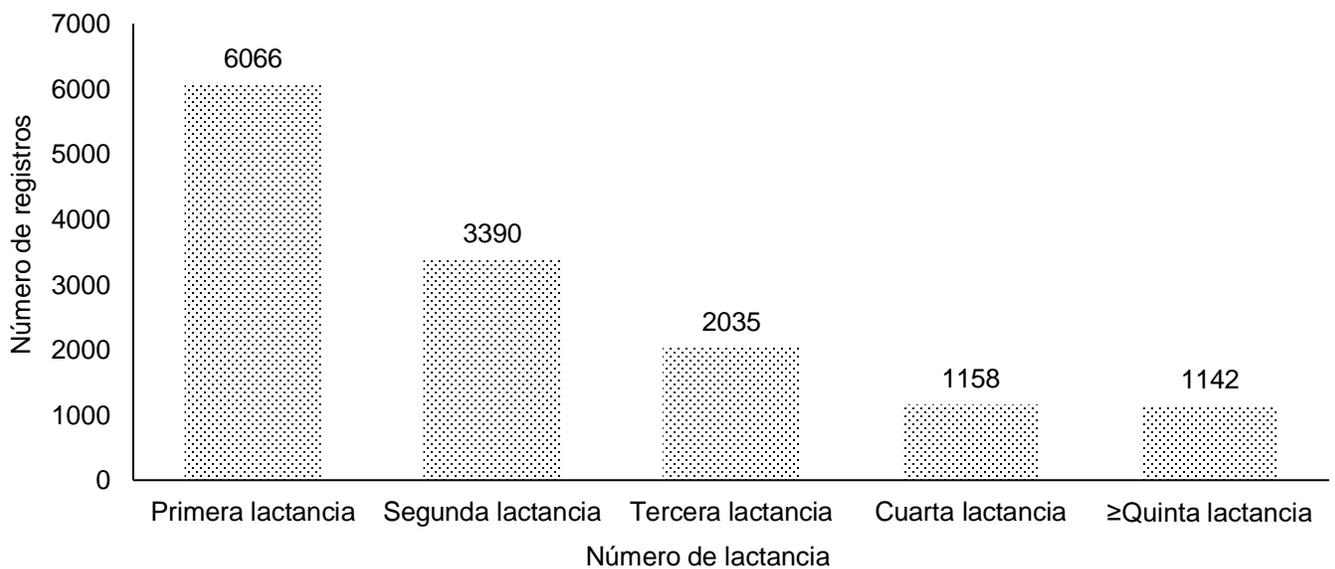


Figura 9. Distribución del número de registros para la agrupación por número de lactancia (n= 13791).

A partir de las fechas de nacimiento y parto se eliminaron registros de hembras con fechas de parto erróneas, como aquellas cuya fecha de parto fuera antecesora a la fecha de nacimiento del animal, o que la fecha del segundo parto fuera antecesora a la fecha de primer parto (Castañeda-Bustos *et al.*, 2014).

Se calculó la edad al primer parto (EPP) de los animales en días; esto se realizó restando la fecha del parto a la fecha de nacimiento de cada registro. Para la variable EPP se consideró como límite mínimo, por aspectos biológicos, ≤ 271 días de edad al primer parto (Castañeda-Bustos *et al.*, 2014) y con base en la estimación del promedio ± 3 desviaciones estándar como límite máximo ≥ 1140 . Los datos que se encontraban fuera de ese rango se asignaron como valores perdidos (Castañeda-Bustos *et al.*, 2014; Torres-Vázquez *et al.*, 2009).

Se calculó también el intervalo entre partos (IEP) en días solo para aquellos registros que fueron consecutivos, se consideró como referencia el límite biológico del intervalo entre el primer y segundo parto ≤ 6 meses o ≤ 183 días (Wiggans *et al.*, 2020) y ≥ 885 utilizado por Castañeda-Bustos *et al.* (2014) con la finalidad de delimitar los días mínimos y máximos.

Por lo tanto, en todos los IEP estimados se utilizó un límite mínimo de ≤ 183 días y con base en la estimación del promedio ± 3 desviaciones estándar, se estableció un límite máximo de 864 días entre el 1^{er} y 2^{do} parto, más de 842 días entre el 2^{do} y 3^{er} parto, más de 785 días entre el 3^{er} y 4^{to} parto y más de 881 días entre el 4^{to} y 5^{to} parto (Cuadro 10). Los IEP subsecuentes estaban dentro de los límites biológicos; los datos que superaban el límite máximo y mínimo se asignaron como valores perdidos en los registros (García-Peniche *et al.*, 2012; Castañeda-Bustos *et al.*, 2014). Esta variable se analizó en conjunto, como intervalo entre partos (n= 2768).

Cuadro 10. Estadísticos descriptivos de los intervalos entre partos a través de lactancia.

Intervalos entre partos	n	Mínimo	Máximo	Media	DE
Intervalo entre el 1 ^{er} y 2 ^{do} parto	1383	243	806	423.27	130.13
Intervalo entre el 2 ^{do} y 3 ^{er} parto	728	246	842	417.62	122.97
Intervalo entre el 3 ^{er} y 4 ^{to} parto	362	245	785	410.23	120.13
Intervalo entre el 4 ^{to} y 5 ^{to} parto	179	275	821	419.87	123.02
Intervalo entre el 5 ^{to} y 6 ^{to} parto	70	290	738	396.25	99.83
Intervalo entre el 6 ^{to} y 7 ^{mo} parto	22	333	740	405.86	102.90
Intervalo entre el 7 ^{mo} y 8 ^{vo} parto	11	312	679	400.18	98.42
Intervalo entre el 8 ^{vo} y 9 ^{no} parto	7	281	456	368.14	60.37
Intervalo entre el 9 ^{no} y 10 ^{mo} parto	4	272	722	427.25	200.60
Intervalo entre el 10 ^{mo} y 11 ^{vo} parto	2	340	370	355.00	21.21
Intervalo entre partos	2768	243	842	418.76	125.49

n= Número de observaciones utilizadas para estimar los intervalos entre partos y DE= Desviación estándar de la media.

Es importante mencionar que en algunos casos los registros de algunas cabras no tuvieron dos fechas consecutivas de parto, debido a que probablemente las cabras se vendieron, sacrificaron, o cambiaron de rebaño; esto propicia un cierto sesgo ya que los propietarios de los animales solo mantuvieron cabras saludables y fértiles, de forma similar a lo reportado por Pryce *et al.* (1998) en ganado bovino lechero.

Con la información del rebaño se generaron grupos para animales que procedían del mismo rebaño (333 niveles), de los cuales previamente fueron eliminados registros de rebaños que contenían menos de 5 registros.

De la información que contenían las determinaciones mensuales de producción solo se conservaron los puntajes de células somáticas y los días en lactancia a la determinación mensual; se eliminaron aquellos registros que tuvieran menos de cuatro determinaciones mensuales y solo se conservó la información de las primeras 12 determinaciones mensuales ya que una lactancia en promedio tiene una duración de 305 días (Wiggans *et al.*, 2020), y los 12 segmentos en promedio generan en 335 días. Para los días en lactancia a la determinación mensual, se eliminaron aquellos registros que tenían más 100 días en lactancia a la primera determinación y más de 65 días entre las posteriores determinaciones mensuales.

Los puntajes de células somáticas de las determinaciones mensuales están definidos en una escala lineal de 0 a 9 que explica biológicamente que a partir de la determinación en miles de células/mL se efectúa una transformación logarítmica para lograr una distribución normal y lograr homogeneidad de varianzas (Ali y Shook, 1980; Shook, 1982; Wiggans y Shook, 1987; USDA, 2009), mediante la fórmula:

$$\text{Puntaje de células somáticas (PCS)} = \log \text{base } 2 \left(\frac{\text{Conteo de Celulas Somaticas (CCS)}}{100,000} \right) + 3$$

(Reents *et al.*, 1995; Format 4, 2006).

El puntaje de células somáticas es una representación logarítmica del conteo de células somáticas por mililitro de leche en una escala de puntaje lineal, debido a la relación lineal que tiene con la producción de leche (Cuadro 11) (ADGA, 2020a; Wiggans y Shook, 1987).

Los polinomios de Legendre estandarizados a los días en lactancia se calcularon como en Brotherstone *et al.* (2000).

Cuadro 11. Escala lineal del puntaje de células somáticas y su interpretación en relación con el conteo de células somáticas.

Puntaje de células somáticas	Rango del conteo de células somáticas expresado en miles y millones de células por mililitro de leche	
	Mínimo	Máximo
0	0	18000
1	19000	35000
2	36000	71000
3	72000	141000
4	142000	283000
5	284000	565000
6	566000	1130000
7	1131000	2262000
8	2263000	4523000
9	4524000	9045000

(ADGA, 2020b).

Los puntajes de células somáticas se promediaron en relación con el número de determinaciones mensuales con el que contaba el registro del animal obteniendo el promedio del puntaje de células somáticas por lactancia (Scholtens *et al.*, 2019; Rupp *et al.*, 2011). También se estimaron los días reales por lactancia (DRL) (Cuadro12) a partir de la información de los días en lactancia a la determinación mensual y el número de determinaciones por lactancia (NDL) esto para lactancias ajustadas a 305 días (Figura 10).

Cuadro 12. Estadísticos descriptivos de días reales a la lactancia a través de raza y dentro de raza.

Raza	n	Mínimo	Máximo	Media	DE	Varianza	CV (%)
Nubia	3391	90	455	238.41	53.65	2879.30	22.50
Alpina	3023	92	477	257.00	55.33	3061.56	21.50
LaMancha	2279	89	475	245.61	49.77	2477.59	20.26
Saanen	2025	98	482	261.11	55.02	3027.32	21.08
Toggenburg	1231	144	429	252.62	49.24	2425.00	19.49
Enana Nigeriana	1087	100	406	236.25	51.74	2677.18	21.90
Oberhasli	755	93	417	237.43	46.46	2159.41	19.57
Todas las razas	13791	89	482	248.09	53.51	2863.57	21.56

n= Número de observaciones, DE= Desviación estándar y CV (%)= Coeficiente de variación expresado en porcentaje.

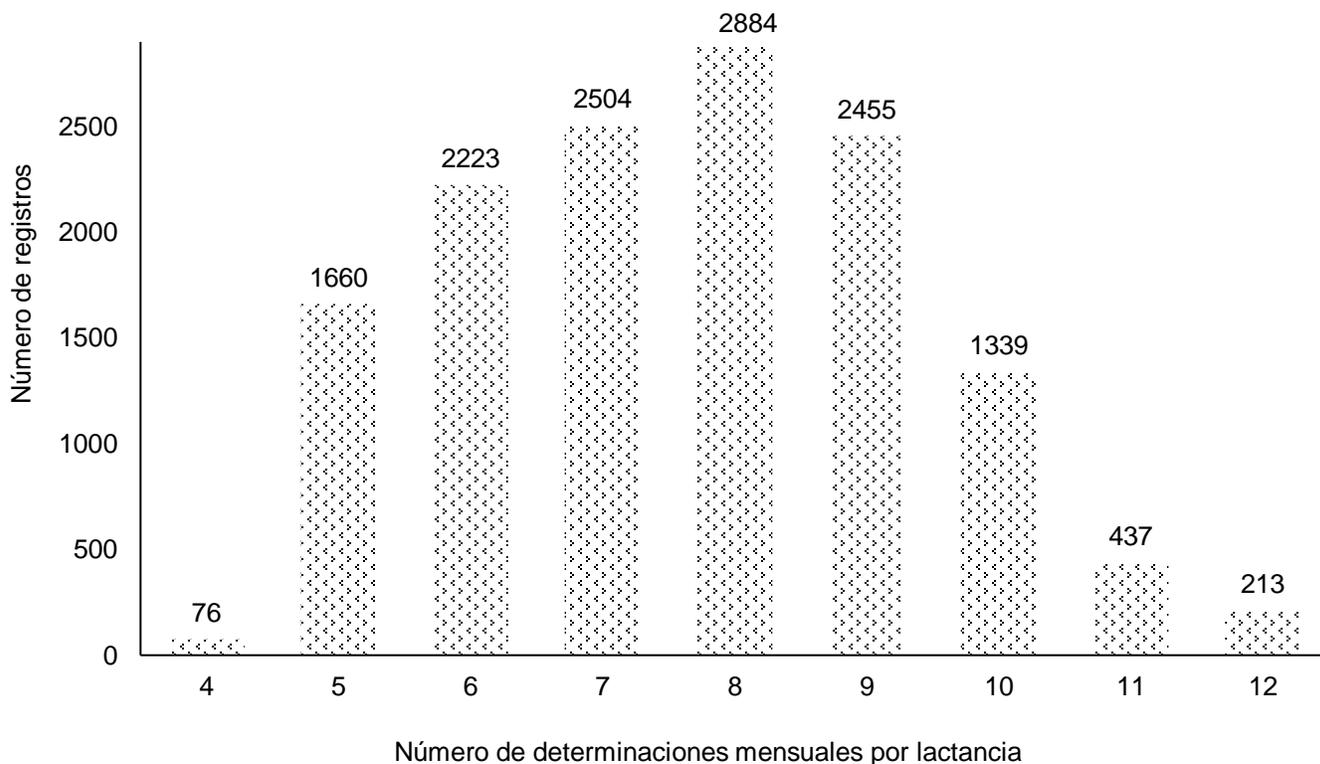


Figura 10. Distribución del número de registros de acuerdo con el número de determinaciones mensuales por lactancia (n= 13791).

La información de genealogía se editó eliminando los registros del pedigrí de cabras con la misma identificación del padre o la madre (ADGA, 2017) y registros de animales con errores en la fecha de nacimiento; solo se conservaron los registros de animales con identificación de padre (Pryce *et al.*, 1998; Wiggans *et al.*, 2020). Posteriormente fueron recodificadas las identificaciones de los animales cronológicamente utilizando el programa Pedigree Viewer versión 6.5f (Kinghorn y Kinghorn, 2015).

Con el archivo de pedigrí se determinó el número total de individuos (n= 18719), el número de hembras con registros de producción (n= 9678), el número de hembras sin registros de producción (n= 4627), el número total de sementales (n= 4,414), el número total de hembras que fueron madres (n= 7202), el número máximo de crías de las que fue padre un semental (n= 31), el número máximo de crías de las que fue madre una hembra (n= 8), el número máximo de crías de un mismo semental con una misma hembra (n= 6), el número de hembras hijas de sementales (n= 1661), el número de hembras hijas de hembras (n= 2157), el número máximo de hembras apareadas con un semental (n= 26), el número máximo de sementales apareados con una hembra (n= 5) y el número de generaciones (n= 6).

5.3 Modelo estadístico

Se probaron diferentes modelos animales mixtos para la estimación de los componentes de varianzas y covarianzas, las heredabilidades y las correlaciones para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas, y los valores genéticos predichos con la finalidad de estimar las tendencias genéticas, iniciando con una serie de análisis univariados.

Los modelos incluyeron fuentes de variación como factores principales y combinando factores fijos. Para las características edad al primer parto, intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas a través de raza y dentro de raza, se utilizó un modelo univariado mixto:

$$y = X_b + Z_a + e$$

Donde: y es el vector de observaciones para las características edad al primer parto, intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas a través de raza y dentro de raza, según sea el caso. X es la matriz de incidencia de efectos fijos, estos se definieron dependiendo la variable dependiente evaluada, lo cual se presenta en los cuadros posteriores. b es el vector de soluciones para los efectos fijos; Z es la matriz de incidencia de efectos aleatorios donde se consideró el efecto genético del animal, para todos los modelos; a es el vector de soluciones de la matriz de efectos aleatorios y e corresponde a un vector de efecto residual aleatorio.

Se seleccionó el mejor modelo para cada variable, utilizando el Criterio de Información de Akaike (CIA o AIC, del inglés Akaike Information Criterion) y el Criterio de Información Bayesiano (CIB o BIC, del inglés Bayesian Information Criterion). Estos fueron estimados manualmente mediante las siguientes formulas:

$$AIC = -2\mathcal{L}_{R_i} + 2ti$$

$$BIC = -2\mathcal{L}_{R_i} + t_i \log v$$

Donde: \mathcal{L}_{R_i} es el logaritmo estimado para el modelo, ti es el número de parámetros de varianza estimados en el modelo, v es $n - p$ (n es el número de observaciones de la variable dependiente y p es el número de parámetros de varianza estimados) y \log es logaritmo natural o base e, donde e es la constante igual a aproximadamente 2.71 (Gilmour *et al.*, 2009).

El modelo univariado seleccionado para la estimación de las varianzas genéticas aditivas, residuales y fenotípicas, así como de las heredabilidades y los valores genéticos predichos a través de raza para la edad al primer parto fue el modelo 3 del Cuadro 13, para el intervalo entre

partos a través de raza el modelo 3 del Cuadro 14 y para el puntaje de células somáticas a través de raza se seleccionó el modelo 4 del Cuadro 15, esto debido a que fueron los modelos que mejor ajustaron con los datos y tuvieron el menor valor para los criterios de información de Akaike y Bayesiano, además de contener las fuentes de variación que mejor explican a las variables. Todos los análisis fueron realizados con el programa ASReml versión 3.0 (Gilmour *et al.*, 2009).

Se realizó la prueba de modelos en los que se incluían algunos de los factores fijos evaluados, pero como factores aleatorios, así como el efecto de rebaño-semental y el efecto de repetibilidad para el IEP y PCS, esto nos permitió conocer si sus componentes de varianza eran estimables, por lo tanto, debido a que las estimaciones de las varianzas eran relativamente pequeñas se decidió no presentar los resultados de dichos modelos probados.

Cuadro 13. Modelos probados para la edad al primer parto a través de raza (n= 6066).

Número de modelo	Factores fijos	Factores aleatorios	Log	AIC	BIC
1	Época de nacimiento (4 niveles)	Animal	-4347.71	68699.43	68712.85
	Rebaño-Año de nacimiento-Raza (3261 niveles)	Residual			
2	Época de nacimiento-Raza (28 niveles)	Animal	-4348.64	68701.29	68714.71
	Rebaño-Año de nacimiento-Raza (3261)	Residual			
3	Época de nacimiento (4 niveles)	Animal	-4310.35	68624.71	68638.13
	Rebaño (333 niveles)	Residual			
	Año de nacimiento-Raza (91 niveles)				

Log= Logaritmo, AIC= Criterio de información Akaike y BIC= Criterio de información Bayesiano.

Cuadro 14. Modelos probados para el intervalo entre partos a través de raza (n= 2768).

Número de modelo	Factores fijos	Factores aleatorios	Log	AIC	BIC
1	Época de parto-Raza (21 niveles)	Animal	-4757.96	29519.91	29531.76
	Rebaño-Año de parto-Raza (2037 niveles)	Residual			
2	Época de parto-Raza (21 niveles)	Animal	-4754.29	29512.57	29524.42
	Número de lactancia (5 niveles)	Residual			
	Rebaño-Año de parto-Raza (2037 niveles)				
3	Época de parto (3 niveles)	Animal	-4752.05	29508.10	29519.95
	Número de lactancia (5 niveles)	Residual			
	Rebaño-Año de parto-Raza (2037 niveles)				
4	Época de parto (3 niveles)	Animal	-4757.65	29519.30	29531.15
	Rebaño (333 niveles)	Residual			
	Año de parto-Raza (76 niveles)				
5	Época de parto (3 niveles)	Animal	-4754.42	29512.85	29524.70
	Rebaño (333 niveles)	Residual			
	Año de parto-Raza (76 niveles)				
	Número de lactancia (5 niveles)				

Log= Logaritmo, AIC= Criterio de información Akaike y BIC= Criterio de información Bayesiano.

Cuadro 15. Modelos probados para el puntaje de células somáticas a través de raza (n= 13791).

Número de modelo	Factores fijos	Factores aleatorios	Log	AIC	BIC
1	Polinomio de Legendre Raza (7 niveles) • Rebaño-Año de parto-Época de parto (3086 niveles)	Animal Residual	-7295.58	34595.15	34610.22
2	Polinomio de Legendre Época de parto (3 niveles) Rebaño-Año de parto-Raza (2037 niveles)	Animal Residual	-7342.04	34688.07	34703.13
3	Polinomio de Legendre Época de parto-Raza (21 niveles) Rebaño-Año de parto-Raza (2037 niveles)	Animal Residual	-7348.81	34701.61	34716.67
4	Polinomio de Legendre Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles) Año de parto-Raza (76 niveles)	Animal Residual	-7288.36	34580.72	34595.78

Log= Logaritmo, AIC= Criterio de información Akaike, BIC= Criterio de información Bayesiano, Polinomio de Legendre= Número de lactancia (5 niveles) • número de determinaciones mensuales (9 niveles), días reales a la lactancia, días reales a la lactancia • días reales a la lactancia y • = Multiplicación.

Las heredabilidades se estimaron mediante la siguiente formula:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_f^2}$$

Donde: σ_a^2 = es la varianza genética aditiva y σ_f^2 = es la varianza fenotípica, a su vez:

$$\sigma_f^2 = \sigma_a^2 + \sigma_r^2$$

Donde: σ_r^2 = es la varianza residual o medio ambiental (Wright, 1922; Mrode, 2005; Rupp *et al.*, 2011; Castañeda-Bustos *et al.*, 2014; Castañeda-Bustos *et al.*, 2017).

Obtenidos los valores genéticos predichos se realizó la estimación de las tendencias genéticas para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas, se realizó una regresión lineal simple, considerando como variables dependientes los promedios de los valores genéticos predichos por año de nacimiento de los animales para las tres características, y como variable independiente, el año de nacimiento de las cabras. Así mismo, se estimó la confiabilidad del valor genético predicho en porcentaje, mediante la siguiente formula:

$$\text{Confiabilidad del VGP} = 1 - \frac{EE VGP^2}{\sigma_a^2}$$

Donde: VGP = es el valor genético predicho, $EE VGP$ = es el error estándar del valor genético predicho, σ_a^2 = varianza genética aditiva (Groeneveld, 1990). El cual para ser expresado en porcentaje se multiplica por 100. Cabe mencionar que para obtener altas confiabilidades es necesario tener un registro de datos más o menos completo y un mayor número de hijas (Fuerst *et al.*, 2011).

Para la estimación de las tendencias fenotípicas se realizó una regresión lineal simple donde se consideró como variable dependiente los promedios por año de nacimiento de la edad al primer parto, el intervalo entre parto y el puntaje de células somáticas y como variable independiente el año de nacimiento.

Las tendencias genéticas y fenotípicas se estimaron a partir de los coeficientes de regresión lineal (Jurado *et al.*, 1994; Torrez-Vázquez *et al.*, 2009; Konkruka *et al.*, 2017). Los análisis estadísticos fueron realizados usando el programa Statistical Analysis System JMP® versión 6.0.0 (JMP, 2005).

Posteriormente se estimaron los componentes de covarianzas genéticas aditivas, fenotípicas y residuales, así como las correlaciones genéticas aditivas, fenotípicas y residuales entre las características edad al primer parto, intervalo entre parto y el puntaje de células somáticas dentro de raza y a través de raza mediante modelos animales bivariados para las razas LaMancha, Enana Nigeriana y Toggenburg, y se utilizaron modelos trivariados para las razas Alpina, Saanen, Nubia, y Oberhasli; todos los análisis fueron realizados con el programa ASReml versión 3.0 (Gilmour *et al.*, 2009).

Para la estimación de las covarianzas y correlaciones dentro de raza para la edad al primer parto se seleccionó el modelo 1 (Cuadros 16 a 22) para la característica intervalo entre partos se seleccionó el modelo 4 (Cuadros 16 a 22) y para el puntaje de células somáticas se seleccionó el modelo 7 (Cuadros 16 a 22), esto debido a que en su mayoría fueron los modelos que mejor ajustaron, con menor valor en la estimación de los criterios de información de Akaike y Bayesiano, además de incluir las fuentes de variación que explican mejor a la variable de respuesta.

Cuadro 16. Modelos probados para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas de la raza Alpina.

Número de modelo	Factores fijos	Factores aleatorios	Log	AIC	BIC
Edad al primer parto					
1	Año de nacimiento (13 niveles) Época de nacimiento (4 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-7547.95	15099.89	15110.30
2	Rebaño-Época de nacimiento-Año de nacimiento (4433 niveles)	Animal Residual	-7563.52	15131.04	15141.46
Intervalo entre partos					
3	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-3197.38	6398.76	6407.56
4	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-3194.60	6393.20	6402.00
5	Número de lactancia (5 niveles) Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles)	Animal Residual	-3202.36	6408.71	6417.52
6	Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles) Número de lactancia (5 niveles)	Animal Residual	-3199.39	6402.77	6411.57
Puntaje de células somáticas					
7	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles) Polinomio de Legendre	Animal Residual	-3087.44	6178.88	6190.90
8	Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles) Polinomio de Legendre	Animal Residual	-3088.24	6180.48	6192.50

Log= Logaritmo, AIC= Criterio de información Akaike, BIC= Criterio de información Bayesiano, Polinomio de Legendre = Número de lactancia (5 niveles) • número de determinaciones mensuales (9 niveles), días reales a la lactancia, días reales a la lactancia • días reales a la lactancia y • = Multiplicación.

Cuadro 17. Modelos probados para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas de la raza Saanen.

Número de modelo	Factores fijos	Factores aleatorios	Log	AIC	BIC
Edad al primer parto					
1	Año de nacimiento (13 niveles) Época de nacimiento (4 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-5231.30	10466.60	10476.26
2	Rebaño-Época de nacimiento-Año de nacimiento (4433 niveles)	Animal Residual	-5254.77	10513.54	10523.20
Intervalo entre partos					
3	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-2242.96	4489.92	4497.96
4	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-2241.08	4486.17	4494.20
5	Número de lactancia (5 niveles) Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles)	Animal Residual	-2247.74	4499.47	4507.53
6	Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles) Número de lactancia (5 niveles)	Animal Residual	-2245.82	4495.63	4503.68
Puntaje de células somáticas					
7	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles) Polinomio de Legendre	Animal Residual	-2275.67	4555.34	4566.56
8	Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles) Polinomio de Legendre	Animal Residual	-2276.26	4556.52	4567.74

Log= Logaritmo, AIC= Criterio de información Akaike, BIC= Criterio de información Bayesiano, Polinomio de Legendre= Número de lactancia (5 niveles) • número de determinaciones mensuales (9 niveles), días reales a la lactancia, días reales a la lactancia • días reales a la lactancia y • = Multiplicación.

Cuadro 18. Modelos probados para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas de la raza LaMancha.

Número de modelo	Factores fijos	Factores aleatorios	Log	AIC	BIC
Edad al primer parto					
1	Año de nacimiento (13 niveles) Época de nacimiento (4 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-5663.01	11330.01	11339.83
2	Rebaño-Época de nacimiento-Año de nacimiento (4433 niveles)	Animal Residual	-5678.17	11360.33	11370.15
Intervalo entre partos					
3	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-2688.81	5381.62	5390.02
4	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-2687.02	5378.05	5386.45
5	Número de lactancia (5 niveles) Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles)	Animal Residual	-2697.00	5398.00	5406.41
6	Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles) Número de lactancia (5 niveles)	Animal Residual	-2695.11	5394.22	5402.63
Puntaje de células somáticas					
7	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles) Polinomio de Legendre	Animal Residual	-3310.68	6625.36	6636.82
8	Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles) Polinomio de Legendre	Animal Residual	-3307.33	6618.66	6630.12

Log= Logaritmo, AIC= Criterio de información Akaike, BIC= Criterio de información Bayesiano, Polinomio de Legendre= Número de lactancia (5 niveles) • número de determinaciones mensuales (9 niveles), días reales a la lactancia, días reales a la lactancia • días reales a la lactancia y • = Multiplicación.

Cuadro 19. Modelos probados para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas de la raza Enana Nigeriana.

Número de modelo	Factores fijos	Factores aleatorios	Log	AIC	BIC
Edad al primer parto					
1	Año de nacimiento (13 niveles) Época de nacimiento (4 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-2695.42	5394.83	5403.16
2	Rebaño-Época de nacimiento-Año de nacimiento (4433 niveles)	Animal Residual	-2706.27	5416.53	5424.87
Intervalo entre partos					
3	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-805.08	1614.17	1620.26
4	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-802.45	1608.92	1614.99
5	Número de lactancia (5 niveles) Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles)	Animal Residual	-816.45	1636.90	1643.01
6	Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles) Número de lactancia (5 niveles)	Animal Residual	-814.06	1632.12	1638.22
Puntaje de células somáticas					
7	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles) Polinomio de Legendre	Animal Residual	-736.77	1477.54	1487.52
8	Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles) Polinomio de Legendre	Animal Residual	-733.51	1471.03	1481.01

Log= Logaritmo, AIC= Criterio de información Akaike, BIC= Criterio de información Bayesiano, Polinomio de Legendre= Número de lactancia (5 niveles) • número de determinaciones mensuales (9 niveles), días reales a la lactancia, días reales a la lactancia • días reales a la lactancia y • = Multiplicación.

Cuadro 20. Modelos probados para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas de la raza Nubia.

Número de modelo	Factores fijos	Factores aleatorios	Log	AIC	BIC
Edad al primer parto					
1	Año de nacimiento (13 niveles) Época de nacimiento (4 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-7923.24	15850.48	15860.96
2	Rebaño-Época de nacimiento-Año de nacimiento (4433 niveles)	Animal Residual	-7938.95	15881.90	15892.38
Intervalo entre partos					
3	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-3640.47	7284.94	7294.00
4	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-3638.93	7281.86	7290.92
5	Número de lactancia (5 niveles) Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles)	Animal Residual	-3645.79	7295.57	7304.63
6	Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles) Número de lactancia (5 niveles)	Animal Residual	-3644.25	7292.51	7301.57
Puntaje de células somáticas					
7	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles) Polinomio de Legendre	Animal Residual	-5026.81	10057.63	10069.88
8	Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles) Polinomio de Legendre	Animal Residual	-5014.99	10033.98	10046.23

Log= Logaritmo, AIC= Criterio de información Akaike, BIC= Criterio de información Bayesiano, Polinomio de Legendre= Número de lactancia (5 niveles) • número de determinaciones mensuales (9 niveles), días reales a la lactancia, días reales a la lactancia • días reales a la lactancia y • = Multiplicación.

Cuadro 21. Modelos probados para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas de la raza Oberhasli.

Número de modelo	Factores fijos	Factores aleatorios	Log	AIC	BIC
Edad al primer parto					
1	Año de nacimiento (13 niveles) Época de nacimiento (4 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-1986.03	3976.07	3983.74
2	Rebaño-Época de nacimiento-Año de nacimiento (4433 niveles)	Animal Residual	-1997.78	3999.57	4007.25
Intervalo entre partos					
3	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-691.28	1386.56	1392.23
4	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles)	Animal Residual	-687.75	1379.52	1385.17
5	Número de lactancia (5 niveles) Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles)	Animal Residual	-697.44	1398.88	1404.58
6	Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles) Número de lactancia (5 niveles)	Animal Residual	-693.90	1391.82	1397.51
Puntaje de células somáticas					
7	Año de parto (11 niveles) Época de parto (3 niveles) Rebaño (333 niveles) Polinomio de Legendre	Animal Residual	-689.45	1382.91	1392.15
8	Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles) Polinomio de Legendre	Animal Residual	-690.21	1384.42	1393.67

Log= Logaritmo, AIC= Criterio de información Akaike, BIC= Criterio de información Bayesiano, Polinomio de Legendre= Número de lactancia (5 niveles) • número de determinaciones mensuales (9 niveles), días reales a la lactancia, días reales a la lactancia • días reales a la lactancia y • = Multiplicación.

Cuadro 22. Modelos probados para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas por lactancia de la raza Toggenburg.

Número de modelo	Factores fijos	Factores aleatorios	Log	AIC	BIC
Edad al primer parto					
1	Año de nacimiento (13 niveles)	Animal	-3167.84	6339.67	6348.30
	Época de nacimiento (4 niveles)	Residual			
2	Rebaño (333 niveles)		-3176.11	6356.23	6364.87
	Rebaño-Época de nacimiento-Año de nacimiento (4433 niveles)	Animal Residual			
Intervalo entre partos					
3	Año de parto (11 niveles)	Animal	-1429.62	2863.24	2870.42
	Época de parto (3 niveles)	Residual			
4	Rebaño (333 niveles)		-1427.78	2859.56	2866.73
	Año de parto (11 niveles)	Animal			
5	Época de parto (3 niveles)	Residual	-1437.32	2878.63	2885.83
	Rebaño (333 niveles)				
6	Número de lactancia (5 niveles)		-1435.35	2874.70	2881.89
	Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles)	Animal Residual			
Puntaje de células somáticas					
7	Año de parto (11 niveles)	Animal	-1852.12	3708.24	3718.46
	Época de parto (3 niveles)	Residual			
8	Rebaño (333 niveles)		-1857.36	3718.72	3728.94
	Polinomio de Legendre				
	Rebaño-Época de parto-Año de parto (3086 niveles)	Animal Residual			
	Polinomio de Legendre				

Log= Logaritmo, AIC= Criterio de información Akaike, BIC= Criterio de información Bayesiano, Polinomio de Legendre= Número de lactancia (5 niveles) • número de determinaciones mensuales (9 niveles), días reales a la lactancia, días reales a la lactancia • días reales a la lactancia y •= Multiplicación.

Las correlaciones genéticas (r_{axy}) fueron estimadas mediante la siguiente formula:

$$r_{axy} = \frac{\text{cov}(a_x, a_y)}{\sigma_{ax}^2 \cdot \sigma_{ay}^2}$$

Donde: $\text{cov}(a_x, a_y)$ = es la covarianza genética aditiva entre las características X y Y, σ_{ax}^2 = es la varianza genética aditiva de la característica X y σ_{ay}^2 = es la varianza genética aditiva de la característica Y.

Las correlaciones fenotípicas (r_{fxy}) fueron estimadas mediante la siguiente formula:

$$r_{fxy} = \frac{\text{cov}(f_x, f_y)}{\sigma_{fx}^2 \cdot \sigma_{fy}^2}$$

Donde: $\text{cov}(f_x, f_y)$ = es la covarianza fenotípica entre las características X y Y, σ_{fx}^2 = es la varianza fenotípica de la característica X y σ_{fy}^2 = es la varianza fenotípica de la característica Y.

Las correlaciones residuales (r_{rxy}) fueron estimadas mediante la siguiente formula:

$$r_{rxy} = \frac{\text{cov}(r_x, r_y)}{\sigma_{r_x}^2 \cdot \sigma_{r_y}^2}$$

Donde: $\text{cov}(r_x, r_y)$ = es la covarianza residual entre las características X y Y, $\sigma_{r_x}^2$ = es la varianza residual de la característica X y $\sigma_{r_y}^2$ = es la varianza residual de la característica Y (Falconer, 1990; Mrode, 2005).

Los intervalos de confianza de las correlaciones genéticas, residuales y fenotípicas fueron estimados con el paquete psychometric para el programa R versión 3.5.3 con la función de intervalo de confianza para el coeficiente de correlación (IC_r), mediante la instrucción:

$$IC_r = (r, n, level = 0.95)$$

Donde: r = es el coeficiente de correlación, n = es el número de observaciones utilizadas para estimar el coeficiente de correlación y $level$ = es el nivel de significancia para la estimación del intervalo de confianza 0.95 o 0.99, según sea el caso (Fletcher, 2015; Dudek, 1979).

6. Resultados y discusión

6.1 Estadísticos descriptivos

En los Cuadros 23, 24 y 25 se muestran los estadísticos descriptivos de las tres variables analizadas en el presente estudio a través de raza y dentro de raza. En el Cuadro 23 se puede observar que la raza Saanen tuvo el menor promedio para la edad al primer parto (536.50 días), mientras que la raza Enana Nigeriana tuvo el mayor promedio (596.89 días) para esta misma característica con respecto al resto de las razas; la raza con mayor desviación estándar y coeficiente de variación fue la raza Oberhasli (191.68 y 33.51%), respectivamente; la raza con menor media y desviación estándar con respecto al resto de las razas fue la raza Alpina con 168.38 días y 28.67% de variación, respectivamente.

Para la edad al primer parto, las medias, desviaciones estándar y coeficientes de variación para todas las razas y para el conjunto todas razas (Cuadro 23) fueron ligeramente más altas que las estimadas por García-Peniche *et al.* (2012); también ligeramente más altas que las reportadas por Torres-Vázquez *et al.* (2009) en cabras Saanen. La media y desviación estándar para la edad al primer parto reportada por Bagnicka *et al.* (2007) para una población de cabras de Polonia (416.80±115.30, respectivamente) y de una población de cabras de Noruega (409.00±108.80, respectivamente) fueron menores a las estimadas en el presente estudio (Cuadro 23).

Para la característica edad al primer parto en el conjunto todas razas se observó una media, desviación estándar (573.65±178.47, respectivamente) y coeficiente de variación (31.11%) (Cuadro 23) ligeramente más elevados a los obtenidos por Castañeda-Bustos *et al.* (2014) de 507.97±153.50 y 30.22%, respectivamente, pero los mínimos y máximos se encontraron dentro de los mismos rangos.

Los mínimos y máximos para la edad al primer parto a través de raza y dentro de raza (Cuadro 23) se encontraron muy cercanos a los reportados por otros autores, debido a que en el proceso de depuración y edición se tenían considerados los límites biológicos para esta variable, tomando como referencia lo realizado por otros autores como Castañeda-Bustos *et al.* (2014), Torres-Vázquez *et al.* (2009), García-Peniche *et al.* (2012), Bagnicka *et al.* (2007), Iloeje *et al.* (1981) y Wiggans *et al.* (2020).

Cuadro 23. Estadísticos descriptivos para la edad al primer parto (días) dentro de raza y a través de raza.

Raza	n	Mínimo	Máximo	Media	DE	CV (%)
Nubia	1397	312	1129	589.87	184.15	31.21
Alpina	1351	305	1136	587.26	168.38	28.67
LaMancha	1004	307	1116	571.58	175.88	30.77
Saanen	930	304	1131	536.50	173.29	32.30
Toggenburg	558	315	1120	546.81	182.47	33.37
Enana Nigeriana	479	332	1136	596.89	176.04	29.49
Oberhasli	347	306	1136	571.98	191.68	33.51
Todas razas	6066	304	1136	573.65	178.47	31.11

n= Número de observaciones dentro de raza y a través de raza, DE= Desviación estándar y CV (%)= Coeficiente de variación en porcentaje.

Para el intervalo entre partos en días se observó que la raza Enana Nigeriana obtuvo el menor promedio (401.98), desviación estándar con respecto a la media (102.85) y coeficiente de variación (25.58%) con respecto al resto de las razas; la Raza Saanen obtuvo el mayor promedio de días de intervalo entre partos con 433.14, pero la mayor desviación estándar y coeficiente de variación lo obtuvo la raza LaMancha con 135.87 y 31.53, respectivamente (Cuadro 24).

Para el intervalo entre parto (Cuadro 24) la media, desviación estándar y coeficiente de variación fueron ligeramente más elevadas que las estimadas por Castañeda bustos *et al.* (2014) para el intervalo entre el primer y segundo parto en un conjunto todas razas y que las estimadas por García-Peniche *et al.* (2012) para el intervalo entre el primer y segundo parto dentro de raza y a través de raza, y los presentados por Montaldo *et al.* (2010) para el intervalo entre el primer y segundo parto dentro de raza y a través de raza.

Bagnicka *et al.* (2007) reportaron valores menores para la media y desviación estándar para el intervalo entre el primer y segundo parto, en días, para una población de cabras de Polonia (359.00±66.10) y de una población de cabras de Noruega (375.80±86.80), con respecto a las estimadas en el presente estudio (Cuadro 24).

Cuadro 24. Estadísticos descriptivos para el intervalo entre partos (días) dentro de raza y a través de raza.

Raza	n	Mínimo	Máximo	Media	DE	CV (%)
Nubia	688	243	806	413.03	121.17	29.33
Alpina	605	246	842	415.59	120.77	29.06
LaMancha	498	277	804	430.91	135.87	31.53
Saanen	416	257	802	433.14	135.45	31.27
Toggenburg	272	272	784	408.91	118.81	29.05
Enana Nigeriana	159	264	760	401.98	102.85	25.58
Oberhasli	130	283	821	412.46	128.38	31.12
Todas razas	2768	243	842	418.76	125.49	29.96

n= Número de observaciones dentro de raza y a través de raza, DE= Desviación estándar y CV (%)= Coeficiente de variación en porcentaje.

Los estadísticos descriptivos del puntaje de células somáticas dentro de raza y a través de raza se presentan en el Cuadro 25; la raza Enana Nigeriana obtuvo los valores menores para el mínimo (0.10), máximo (7.31) y media (2.94, que corresponde de 36000 a 71000 mil células por mililitro de leche) con respecto al resto de las razas; sin embargo, esta raza obtuvo el mayor coeficiente de variación (100%) en comparación con las otras razas.

El promedio más alto para el puntaje de células somáticas se estimó para la raza Toggenburg (4.92, que corresponde a aproximadamente de 142000 a 283000 células por mililitro de leche) esto con respecto a las otras razas. La raza con la menor desviación estándar con respecto a la media y coeficiente de variación fue la raza Alpina con 1.73 y 35.45, respectivamente (Cuadro 25).

Para el puntaje de células somáticas, la media y desviación estándar del presente estudio fueron ligeramente menores a las reportadas por Rupp *et al.* (2011) en cabras de primer parto, con 5.09 ± 1.36 para la raza alpina y 5.32 ± 1.19 para la raza Saanen (Cuadro 25).

Maroteau *et al.* (2014) estimaron en cabras Alpinas una media y desviación estándar de 5.27 ± 1.66 y en cabras Saanen de 5.58 ± 1.66 para el puntaje de células somáticas, lo cual fue inferior a lo estimado en el presente estudio, pero los coeficientes de variación (%) estimados por este mismo autor fueron menores a los del presente estudio, con 38% de coeficiente de variación en cabras Alpinas y en cabras Saanen 30% de coeficiente de variación.

Cuadro 25. Estadísticos descriptivos para el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.

Raza	n	Mínimo	Máximo	Media	DE	CV (%)
Nubia	3391	0.60	8.95	4.88	2.80	57.42
Alpina	3023	0.81	8.70	4.88	1.73	35.45
LaMancha	2279	0.70	8.76	4.87	2.62	53.86
Saanen	2025	0.96	8.91	4.89	2.41	49.38
Toggenburg	1231	1.45	8.07	4.92	2.70	54.91
Enana Nigeriana	1087	0.10	7.31	2.94	3.21	100.00
Oberhasli	755	0.32	8.74	4.46	3.80	85.03
Todas razas	13791	0.10	8.95	4.67	2.23	47.76

n= Número de observaciones dentro de raza y a través de raza, DE= Desviación estándar y CV (%)= Coeficiente de variación en porcentaje.

6.2 Niveles de significancia

En el Cuadro 26 se presentan las fuentes de variación fijas consideradas en el análisis de la edad al primer parto dentro de raza, donde se puede observar que el año de nacimiento es el factor principal que afectó significativamente ($P < 0.01$) a esta variable, seguida de época de

nacimiento para la mayoría de las razas y el rebaño para las razas Alpina, Enana Nigeriana ($P < 0.01$) y Toggenburg ($P < 0.05$).

Cuadro 26. Niveles de significancia de los factores fijos usados para el análisis de la edad al primer parto (días) dentro de raza.

Raza	Año de nacimiento	Época de nacimiento	Rebaño
Nubia	0.001**	0.001**	0.213 ^{NS}
Alpina	0.001**	0.011**	0.008**
LaMancha	0.001**	0.001**	0.055 ^{NS}
Saanen	0.001**	0.002**	0.861 ^{NS}
Toggenburg	0.001**	0.024*	0.038*
Enana Nigeriana	0.002**	0.415 ^{NS}	0.002**
Oberhasli	0.001**	0.796 ^{NS}	0.829 ^{NS}

NS= No significativo ($P > 0.05$), *= Significativo ($P < 0.05$) y **= Altamente significativo ($P < 0.01$).

El intervalo entre parto en días fue afectado significativamente por las fuentes de variación año de parto ($P < 0.05$) y rebaño ($P < 0.05$ y $P < 0.01$) en las razas LaMancha y Enana Nigeriana, y Saanen y Enana Nigeriana, respectivamente (Cuadro 27).

La época de parto y el número de lactancia fueron considerados en el análisis dentro de raza de el intervalo entre parto (días) ya que al realizar la prueba de modelos (Cuadros 16 a 22) se observó que los modelos tenían un mejor ajuste incluyendo estas variables con base en los criterios de información Bayesiano y Akaike, a pesar de que estas no tuvieran un efecto significativo sobre el intervalo entre partos ($P > 0.05$) (Cuadro 27).

Cuadro 27. Niveles de significancia de los factores fijos usados para el análisis de el intervalo entre parto (días) dentro de raza.

Raza	Año de parto	Época de parto	Rebaño	Número de lactancia
Nubia	0.859 ^{NS}	0.601 ^{NS}	0.087 ^{NS}	0.749 ^{NS}
Alpina	0.565 ^{NS}	0.074 ^{NS}	0.294 ^{NS}	0.128 ^{NS}
LaMancha	0.010*	0.768 ^{NS}	0.526 ^{NS}	0.810 ^{NS}
Saanen	0.785 ^{NS}	0.876 ^{NS}	0.021*	0.658 ^{NS}
Toggenburg	0.213 ^{NS}	0.679 ^{NS}	0.084 ^{NS}	0.523 ^{NS}
Enana Nigeriana	0.018*	0.939 ^{NS}	0.001**	0.231 ^{NS}
Oberhasli	0.926 ^{NS}	0.815 ^{NS}	0.978 ^{NS}	0.109 ^{NS}

NS= No significativo ($P > 0.05$), *= Significativo ($P < 0.05$) y **= Altamente significativo ($P < 0.01$).

Las fuentes de variación fijas que afectaron significativamente ($P < 0.05$; $P < 0.01$) el puntaje de células somáticas para la mayoría de las razas fueron el año de parto, el rebaño, la época de parto y el número de lactancia con el número de determinaciones mensuales; estos últimos dos factores son parte del polinomio de Legendre. Aunque la forma lineal y cuadrática de los días reales a la lactancia no afectaron significativamente al puntaje de células somáticas, estas fuentes de variación forman parte del ajuste realizado con el polinomio de Legendre, el cual es indispensable para el análisis de esta variable (Cuadro 28).

Cuadro 28. Niveles de significancia de los factores fijos usados para el análisis del puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza.

Raza	Año de parto	Época de parto	Rebaño	Polinomio de Legendre		
				NL • NDM	DRL	DRL • DRL
Nubia	0.002**	0.134 ^{NS}	0.051 ^{NS}	0.001**	0.816 ^{NS}	0.355 ^{NS}
Alpina	0.001**	0.391 ^{NS}	0.100 ^{NS}	0.001**	0.513 ^{NS}	0.297 ^{NS}
LaMancha	0.022*	0.038*	0.017*	0.001**	0.472 ^{NS}	0.907 ^{NS}
Saanen	0.002**	0.646 ^{NS}	0.002**	0.001**	0.917 ^{NS}	0.658 ^{NS}
Toggenburg	0.042*	0.040*	0.001**	0.256 ^{NS}	0.878 ^{NS}	0.204 ^{NS}
Enana Nigeriana	0.224 ^{NS}	0.013*	0.001**	0.038*	0.149 ^{NS}	0.667 ^{NS}
Oberhasli	0.051 ^{NS}	0.622 ^{NS}	0.028*	0.054 ^{NS}	0.909 ^{NS}	0.250 ^{NS}

NL • NDM= Número de lactancia • número de determinaciones mensuales, DRL = Días reales a la lactancia, DRL • DRL= Días reales a la lactancia • días reales a la lactancia, • = Multiplicación, NS= No significativo (P>0.05), * = Significativo (P<0.05) y ** = Altamente significativo (P<0.01).

En los análisis realizados a través de raza para la edad al primer parto en días se observó que este rasgo fue afectado significativamente (P<0.01) por la época de nacimiento y la combinación del año de nacimiento con la raza.

El intervalo entre parto (días) del conjunto de todas las razas fue afectado significativamente por el número de lactancia (P<0.05) y el grupo contemporáneo formado por el rebaño, el año de parto y la raza (P<0.01).

La época de parto, el rebaño, el año de parto con la raza y el número de lactancia con el número de determinaciones mensuales afectaron significativamente (P<0.01) el puntaje de células somáticas en el conjunto todas razas (Cuadro 29).

Cuadro 29. Niveles de significancia de los factores fijos usados para el análisis de la edad al primer parto (días), el intervalo entre partos (días) y el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) a través de raza.

Edad al primer parto					
Época de nacimiento	Rebaño	Año de nacimiento-Raza			
0.001**	0.559 ^{NS}	0.001**			
Intervalo entre partos					
Época de parto	Número de lactancia	Rebaño-Año de parto-Raza			
0.116 ^{NS}	0.017*	0.002**			
Puntaje de células somáticas					
Época de parto	Rebaño	Año de parto-Raza	Polinomio de Legendre		
			NL • NDM	DRL	DRL • DRL
0.001**	0.003**	0.001**	0.001**	0.805 ^{NS}	0.565 ^{NS}

NL • NDM= Número de lactancia • número de determinaciones mensuales, DRL = Días reales a la lactancia, DRL • DRL= Días reales a la lactancia • días reales a la lactancia, • = Multiplicación, NS= No significativo (P>0.05), * = Significativo (P<0.05) y ** = Altamente significativo (P<0.01).

6.3 Varianzas genéticas, fenotípicas y residuales

En los Cuadros 30, 31 y 32 se encuentran las varianzas genéticas aditivas, fenotípicas y residuales con sus respectivos errores estándar. Esta información es importante debido a que

fue utilizada en la estimación de las heredabilidades y correlaciones genéticas, residuales y fenotípicas (Cuadros 35 a 38).

En el Cuadro 30 se presentan las varianzas genéticas aditivas, fenotípicas y residuales estimadas en el presente estudio para la edad al primer parto en días, las cuales fueron mayores a las estimadas por Castañeda-Bustos *et al.* (2014) con una varianza genética aditiva y error estándar de 2447.90 ± 250.30 , respectivamente y una varianza fenotípica y error estándar de 14851.00 ± 148.00 , respectivamente para un grupo de cabras todas razas ($n= 31451$) e inferiores a las estimadas por Torres-Vásquez *et al.* (2009), en ganado caprino, con una varianza genética aditiva de 3.62, varianza residual de 8.00 y una varianza fenotípica de 11.62 ($n= 773$).

Cuadro 30. Varianzas genéticas aditivas (σ_a^2), fenotípicas (σ_f^2) y residuales (σ_r^2) para la edad al primer parto (días) dentro de raza y a través de raza.

Raza	n	Varianza genética aditiva ($\sigma_a^2 \pm EE$)	Varianza fenotípica ($\sigma_f^2 \pm EE$)	Varianza residual ($\sigma_r^2 \pm EE$)
Nubia	1397	11957.00±1739.60	32143.00±1242.50	20185.30±1625.10
Alpina	1351	8987.90±1535.70	26965.00±1058.70	17977.10±1466.90
LaMancha	1004	5445.50±1771.60	29648.00±1338.20	24202.80±1910.10
Saanen	930	4534.10±1849.80	28676.00±1341.80	24141.90±2021.80
Toggenburg	558	5480.10±2634.80	32162.00±1948.90	26682.10±2854.00
Enana Nigeriana	479	9463.30±3187.00	29570.00±1948.20	20106.20±3079.60
Oberhasli	347	7259.40±4758.60	35773.00±2748.70	28513.90±4927.90
Todas razas	6066	8705.50±797.05	30662.00±565.05	21956.40±793.35

n= Número de observaciones utilizadas para estimar la varianza dentro de raza y a través de raza, EE= Error estándar y Varianza fenotípica = Varianza genética aditiva + varianza residual ($\sigma_a^2 + \sigma_r^2$).

Las varianzas genéticas aditivas, residuales y fenotípicas para el intervalo entre partos a través de raza y dentro de raza se encuentran en el Cuadro 31. Las varianzas genéticas aditivas del intervalo entre partos (días) de las razas LaMancha, Toggenburg y Enana Nigeriana (0.003, 0.001 y 0.002, respectivamente) fueron relativamente bajas, esto ocasionado principalmente por la poca cantidad de datos para estas razas. En general las varianzas genéticas aditivas estimadas para el intervalo entre partos fueron menores a las varianzas residuales lo que indica que en para esta característica el efecto medio ambiental es mucho mayor al efecto genético (Cuadro 31).

Castañeda-Bustos *et al.* (2014) reportaron una varianza genética aditiva y error estándar de 790.06 ± 147.60 (respectivamente) y una varianza fenotípica y error estándar de 8179.70 ± 93.37 (respectivamente) para el intervalo entre partos en un conjunto todas razas de cabras de Estados Unidos de América ($n= 19528$), las cuales fueron ligeramente superiores a las estimadas en el presente estudio (Cuadro 31).

Cuadro 31. Varianzas genéticas aditivas (σ_a^2), fenotípicas (σ_f^2) y residuales (σ_r^2) para el intervalo entre parto (días) dentro de raza y a través de raza.

Raza	n	Varianza genética aditiva ($\sigma_a^2 \pm EE$)	Varianza residual ($\sigma_r^2 \pm EE$)	Varianza fenotípica ($\sigma_f^2 \pm EE$)
Nubia	688	1084.90±897.42	13610.60±1103.90	14696.00±798.59
Alpina	605	1566.60±1001.60	12954.00±1171.20	14521.00±843.85
LaMancha	498	0.003±0.0002	18312.70±1166.40	18313.00±1166.40
Saanen	416	1735.80±1261.50	16527.90±1591.90	18264.00±1283.80
Toggenburg	272	0.001±0.00008	14020.00±1213.40	14020.00±1213.40
Enana Nigeriana	159	0.002±0.0002	9829.90±1120.20	9829.00±1120.20
Oberhasli	130	2312.50±2926.10	14530.30±3129.50	16843.00±2163.80
Todas razas	2768	691.75±407.01	14979.90±557.58	15672.00±422.09

n= Número de observaciones utilizadas para estimar las varianzas dentro de raza y a través de raza, EE= Error estándar y Varianza fenotípica = Varianza genética aditiva + varianza residual ($\sigma_a^2 + \sigma_r^2$).

Las varianzas genéticas aditivas, residuales y fenotípicas estimadas para el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza se encuentran en el Cuadro 32. Las varianzas genéticas aditivas estimadas dentro de raza y en el conjunto todas razas fueron de los 0.36 a 1.85, lo cual corresponde a un coteo de células somáticas por mililitro de leche de 0 a 35000.

Únicamente en cabras de Nueva Zelanda se ha reportado la varianza genética aditiva (0.32±0.02) y la varianza residual (0.79±0.01) para el puntaje de células somáticas por lactancia (Scholtens *et al.*, 2019), las cuales son inferiores a las estimadas en el presente estudio, sin embargo, los ajustes realizados en ambos estudios fueron diferentes (Cuadro 32).

En el presente estudio para cabras Alpinas y Saanen se estimó una varianza fenotípica y error estándar para el puntaje de células somáticas de 2.87±0.07 y 3.49±0.11, lo cual es menor a lo estimado por Maroteau *et al.* (2014) de 3.26 (Alpinas) y 2.40 (Saanen) en cabras de Francia.

Cuadro 32. Varianzas genéticas aditivas (σ_a^2), fenotípicas (σ_f^2) y residuales (σ_r^2) para el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.

Raza	n	Varianza genética aditiva ($\sigma_a^2 \pm EE$)	Varianza fenotípica ($\sigma_f^2 \pm EE$)	Varianza residual ($\sigma_r^2 \pm EE$)
Nubia	3391	1.36±0.15	7.16±0.17	5.79±0.17
Alpina	3023	0.70±0.08	2.87±0.07	2.16±0.08
LaMancha	2279	1.85±0.26	6.87±0.22	5.01±0.23
Saanen	2025	0.83±0.14	3.49±0.11	2.65±0.13
Toggenburg	1231	0.84±0.29	7.14±0.29	6.29±0.34
Enana Nigeriana	1087	0.36±0.07	1.37±0.06	1.00±0.07
Oberhasli	755	0.41±0.12	2.12±0.11	1.70±0.13
Todas razas	13791	1.02±0.05	4.63±0.05	3.61±0.05

n= Número de observaciones utilizadas para estimar las varianzas dentro de raza y a través de raza, EE= Error estándar y Varianza fenotípica = Varianza genética aditiva + varianza residual ($\sigma_a^2 + \sigma_r^2$).

6.4 Covarianzas genéticas, fenotípicas y residuales

En los Cuadros 33, 34 y 35 se presentan las covarianzas genéticas aditivas, fenotípicas y residuales de la edad al primer parto, el Intervalo entre partos y del puntaje de células somáticas dentro de raza y a través de raza; la estimación de las covarianzas y su precisión es importante debido a que estas son utilizadas en la estimación de las correlaciones genéticas, fenotípicas y ambientales.

Las covarianzas genéticas estimadas entre intervalo entre parto y puntaje de células somáticas fueron en general bajas, esto en su mayoría debido a la escala de medición utilizada para el análisis del puntaje (0 a 9 puntos) de células somáticas (Cuadro 33).

Cuadro 33. Covarianzas genéticas (*cov g*) para la edad al primer parto (días), el intervalo entre parto (días) y el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.

		PCS	IEP			PCS	IEP
Nubia	EPP	28.43	-168.23	Toggenburg	EPP	-7.02	--
	EE	12.30	1083.10		EE	20.63	
	n	1397	339		n	558	
	IEP	-7.07			IEP	--	
	EE	7.99			EE		
	n	688			n		
Alpina	EPP	18.27	852.99	Enana Nigeriana	EPP	3.7677	--
	EE	8.25	1050.70		EE	11.915	
	n	1351	312		n	479	
	IEP	15.78			IEP	--	
	EE	6.22			EE		
	n	605			n		
LaMancha	EPP	-14.45	--	Oberhasli	EPP	-11.58	-1397.60
	EE	14.16			EE	17.05	3248.60
	n	1004			n	347	64
	IEP	--			IEP	-10.28	
	EE				EE	12.60	
	n				n	130	
Saanen	EPP	3.10	70.77	Todas las razas	EPP	12.62	227.11
	EE	11.78	1319.90		EE	4.91	505.60
	n	930	217		n	6066	1383
	IEP	-11.75			IEP	4.19	
	EE	10.07			EE	3.43	
	n	416			n	2768	

EPP= Edad al primer parto, IEP= Intervalo entre partos, PCS= Puntaje de células somáticas, EE= Error estándar, n= Número de observaciones utilizadas para estimar la covarianza genética dentro de raza y a través de raza y -- = Covarianzas genéticas inestimables.

Cuadro 34. Covarianzas fenotípicas (*cov f*) para la edad al primer parto (días), el intervalo entre parto (días) y el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.

		PCS	IEP			PCS	IEP
Nubia	EPP	89.29	-8299.80	Toggenburg	EPP	-5.14	--
	EE	13.01	1126.90		EE	17.04	
	n	1397	339		n	558	
	IEP	-106.47			IEP	--	
	EE	15.53			EE		
	n	688			n		
Alpina	EPP	30.21	-4626.10	Enana Nigeriana	EPP	1.83	--
	EE	7.03	1067.40		EE	9.74	
	n	1351	312		n	479	
	IEP	-0.74			IEP	--	
	EE	8.37			EE		
	n	605			n		
LaMancha	EPP	26.34	--	Oberhasli	EPP	24.17	-11194.00
	EE	12.30			EE	15.59	2634.20
	n	1004			n	347	64
	IEP	--			IEP	25.96	
	EE				EE	16.34	
	n				n	130	
Saanen	EPP	56.62	-9435.70	Todas las razas	EPP	37.44	-7553.50
	EE	11.68	1423.50		EE	4.88	543.36
	n	930	217		n	6066	1383
	IEP	-20.29			IEP	-8.39	
	EE	13.17			EE	5.47	
	n	416			n	2768	

EPP= Edad al primer parto, IEP= Intervalo entre partos, PCS= Puntaje de células somáticas, EE= Error estándar, n= Número de observaciones utilizadas para estimar la covarianza fenotípica dentro de raza y a través de raza y - = Covarianzas fenotípicas inestimables.

Cuadro 35. Covarianzas residuales (*cov r*) para la edad al primer parto (días), el intervalo entre parto (días) y el puntaje de células somáticas (0 a 9 días) dentro de raza y a través de raza.

		PCS	IEP			PCS	IEP
Nubia	EPP	60.86	-8131.58	Toggenburg	EPP	1.87	--
	EE	14.08	1334.60		EE	22.80	
	n	1397	339		n	558	
	IEP	-99.39			IEP	--	
	EE	15.00			EE		
	n	688			n		
Alpina	EPP	11.94	-5479.10	Enana Nigeriana	EPP	5.60	--
	EE	8.18	1300.30		EE	12.57	
	n	1351	312		n	479	
	IEP	-16.52			IEP	--	
	EE	8.36			EE		
	n	605			n		
LaMancha	EPP	40.80	--	Oberhasli	EPP	35.75	-9796.80
	EE	14.22			EE	20.51	3531.90
	n	1004			n	347	64
	IEP	--			IEP	36.24	
	EE				EE	16.82	
	n				n	130	
Saanen	EPP	53.51	-9506.52	Todas las razas	EPP	24.82	-7780.64
	EE	13.60	1821.30		EE	5.53	669.21
	n	930	217		n	6066	1383
	IEP	-8.54			IEP	-12.59	
	EE	12.29			EE	5.35	
	n	416			n	2768	

EPP= Edad al primer parto, IEP= Intervalo entre partos, PCS= Puntaje de células somáticas, EE= Error estándar, n= Número de observaciones utilizadas para estimar la covarianza residual dentro de raza y a través de raza y -- = Covarianzas residuales inestimables.

6.5 Heredabilidades

Las heredabilidades para la edad al primer parto, el intervalo entre parto y el puntaje de células somáticas dentro de raza y a través de raza son presentadas en el Cuadro 36.

Las heredabilidades de la edad al primer parto dentro de raza y a través de raza fueron de bajas a moderadas, obteniendo una h^2 media de 0.37 la raza Nubia, y baja de 0.15 para la raza Saanen. Se estimó una heredabilidad moderada (0.32 ± 0.10) para la edad al primer parto de la raza Enana Nigeriana, lo que sugiere que la selección para mejorar este rasgo será posible (Cuadro 36).

La heredabilidad y error estándar estimados en el presente estudio para el conjunto todas razas de la edad al primer parto fueron de 0.28 ± 0.02 , el cual fue mayor al estimado por Castañeda-Bustos *et al.* (2014) de 0.16 ± 0.010 , pero menor a la h^2 y error estándar estimados por Torrez-Vázquez *et al.* (2009) de 0.31 ± 0.09 . Las heredabilidades para la edad al primer parto estimadas

en el presente estudio para las razas Nubia, Alpina y del conjunto todas razas fueron mayores a las estimadas por García-Peniche *et al.* (2012), y las heredabilidades estimadas (Cuadro 36) para las razas LaMancha, Saanen, Toggenburg y Oberhasli fueron menores a las estimadas por este mismo autor.

Para las razas LaMancha, Toggenburg y Enana Nigeriana, las heredabilidades del intervalo entre partos (Cuadro 36) fueron inestimables debido a que las varianzas genéticas aditivas fueron bajas (0.001 a 0.003, Cuadro 31) esto debido en parte a la poca cantidad de datos para estas razas, para el resto de las razas las h^2 fueron bajas, lo que indica que este rasgo está influido en su mayoría por el efecto medio ambiental (Falconer, 1990).

En el Cuadro 36 se presenta la h^2 estimada para el intervalo entre partos para un conjunto todas razas (0.04 ± 0.02), la cual fue menor a la estimada por Castañeda-Bustos *et al.*, 2014 (0.09 ± 0.02) y a la estimada por García-Peniche *et al.* (2012) de (0.05 ± 0.006). En el presente estudio se estimaron heredabilidades mayores a las estimadas por García-Peniche *et al.* (2012) en las razas Nubia, Alpina, Saanen y Oberhasli, esta última siendo la que obtuvo la mayor heredabilidad, 0.13 ± 0.16 pero siendo baja.

Maroteau *et al.* (2014) estimaron heredabilidades para el puntaje de células somáticas de 0.09 y 0.15 para cabras primaras Alpinas y Saanen de Francia, respectivamente, las cuales fueron menores a las estimadas en el presente estudio (Cuadro 36).

Morris *et al.* (2011) estimaron una heredabilidad y error estándar para el puntaje de células somáticas de 0.20 ± 0.02 , respectivamente para ganado caprino de la raza Saanen de Nueva Zelanda y de 0.21 ± 0.06 en un conjunto de cabras de diferentes razas originarias de Polonia, las cuales fueron menores a la h^2 estimada en el presente estudio para cabras de la raza Saanen de Estados Unidos de América de 0.23 ± 0.03 y en el conjunto todas razas de 0.22 ± 0.01 (Cuadro 36).

Rupp *et al.* (2011) estimaron heredabilidades y errores estándar de 0.24 ± 0.01 y 0.20 ± 0.01 para cabras de las razas Saanen y Alpina de Francia, respectivamente, similares a las estimadas en el presente estudio para la raza Saanen (0.23 ± 0.03) y para la raza Alpina (0.24 ± 0.02) (Cuadro 36) de Francia.

En un conjunto de cabras de las razas Saanen, Nubia, Toggenburg, cabras británicas, cabras de cruza en diferentes grados de diferentes razas y de razas no estandarizadas de primera a tercera lactancia, se estimaron heredabilidades para el puntaje de células somáticas a través

de la lactancia las cuales fluctuaron de 0.12 a 0.25 al comienzo y termino de la lactancia, respectivamente (Apodaca-Sarabia *et al.*, 2009), valores cercanos a los estimados en el presente estudio para el conjunto todas razas de 0.22 a través de lactancias (Cuadro 36). Bagnicka *et al.* (2016) estimaron una heredabilidad para el puntaje de células somáticas de 0.21 ± 0.06 y una repetibilidad de 0.31 ± 0.03 .

En forma general, las heredabilidades dentro de raza y a través de raza estimadas en el presente estudio para el intervalo entre partos fueron bajas (Cuadro 36). Las heredabilidades estimadas para la edad al primer parto y el puntaje de células somáticas en el presente estudio fueron moderadas y pueden ser utilizadas para optimizar los programas de selección y para ayudar al diseño de futuros esquemas de mejoramiento genético, por ejemplo, puede ser posible reducir la incidencia de mastitis a través de la selección indirecta para el puntaje de células somáticas como lo sugieren Pryce *et al.* (1998) en ganado bovino lechero, sin embargo, la selección indirecta no puede sea mayor a la a la directa a menos que el carácter secundario tenga una heredabilidad sustancialmente más alta que el carácter deseado y que la correlación genética entre ambas características sea alta (Falconer, 1990).

La selección y uso de razas especializadas para algunos rasgos de forma específica puede generar más ganancias que la selección de una sola raza para muchos rasgos. Los programas de selección de producción lechera ahora son globales, los criadores pueden beneficiarse al seleccionar diferentes razas o diferentes animales dentro de las razas, dependiendo de sus necesidades, precios locales, ambientes y el propósito de producción (VanRaden, 2004).

Cuadro 36. Heredabilidades (h^2) y errores estándar (EE) para la edad al primer parto (días), el intervalo entre parto (días) y el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.

Raza	n	$h^2 \pm EE$ de la EPP	n	$h^2 \pm EE$ del IEP	n	$h^2 \pm EE$ del PCS
Nubia	1397	0.37 ± 0.04	688	0.07 ± 0.06	3391	0.19 ± 0.01
Alpina	1351	0.33 ± 0.05	605	0.10 ± 0.06	3023	0.24 ± 0.02
LaMancha	1004	0.18 ± 0.05	498	--	2279	0.26 ± 0.03
Saanen	930	0.15 ± 0.06	416	0.09 ± 0.06	2025	0.23 ± 0.03
Toggenburg	558	0.17 ± 0.07	272	--	1231	0.11 ± 0.03
Enana Nigeriana	479	0.32 ± 0.10	159	--	1087	0.26 ± 0.04
Oberhasli	347	0.20 ± 0.13	130	0.13 ± 0.16	755	0.19 ± 0.05
Todas razas	6066	0.28 ± 0.02	2768	0.04 ± 0.02	13791	0.22 ± 0.01

EPP= Edad al primer parto, IEP= Intervalo entre partos y PCS= Puntaje de células somáticas.

6.6 Correlaciones genéticas, fenotípicas y residuales

Las correlaciones genéticas, fenotípicas y residuales, así como sus intervalos de confianza y sus niveles de significancia estimados se presentan en los cuadros 37, 38 y 39. No se encontró literatura científica sobre el estudio de las relaciones genéticas, fenotípicas y ambientales entre EPP, IEP y PCS en cabras lecheras.

Las correlaciones genéticas estimadas en el presente estudio entre la edad al primer parto y el puntaje de células somáticas fueron muy variables. Algunos genes pueden incrementar a ambos caracteres (correlación genética positiva), mientras que otros incrementan uno y reducen otro (correlación genética negativa) (Falconer, 1990).

Las correlaciones genéticas para la raza Nubia y el conjunto todas razas fueron positivas (0.21 ± 0.09 y 0.12 ± 0.04 , respectivamente), con errores estándar bajos y altamente significativas ($P < 0.01$), lo que indica que a mayor edad al primer parto (días), mayores serán los puntajes de células somáticas en la primera lactancia y en las lactancias posteriores (Cuadro 37).

Sin embargo, para las razas LaMancha, Oberhasli y Toggenburg se estimaron correlaciones genéticas negativas entre la edad al primer parto y el puntaje de células somáticas ($-0.14\pm 0.14^{**}$, $-0.21\pm 0.31^{**}$ y $-0.10\pm 0.30^*$, respectivamente). El número de datos usados para estimar estas correlaciones, probablemente tuvieron un efecto directo sobre el error estándar ya que fueron altos (Cuadro 37).

La correlación genética entre los rasgos reproductivos (usados como indicativos de alta o baja fertilidad) y el PCS fueron antagónicas para la raza Alpina; la correlación entre la edad al primer parto y el puntaje de células somáticas en la raza Alpina (0.22 ± 0.09), entre el intervalo entre parto y el puntaje de células somáticas (0.44 ± 0.20) y entre la edad al primer parto y el intervalo entre parto (0.20 ± 0.25) muestran que con forme se incrementa la edad al primer parto y el intervalo entre partos (disminución de la fertilidad), se incrementa el puntaje de células somáticas (disminución de la salud de la glándula mamaria) a través de las lactancias (Cuadro 37); lo estimado para la raza Alpina entre el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas es similar a lo estimado en ganado bovino lechero (Pryce *et al.*, 1998) sin embargo, la correlación genética (0.44 ± 0.20) estimada en el presente estudio fue mayor a la estimada por Pryce *et al.* (1998) a través de lactancia en ganado bovino (0.28 ± 0.09).

Como se mencionó previamente, los altos errores estándar obtenidos en algunas correlaciones genéticas estimadas en este estudio podrían ser explicados porque los conjuntos de datos eran

relativamente pequeños y quizás también porque las conexiones genéticas eran débiles, similar a lo ocurrido con los errores estándar estimados por Pryce *et al.* (1998) para algunos rasgos de salud y fertilidad en las primeras tres lactancias de ganado bovino.

Cuadro 37. Correlaciones genéticas (r_g) e intervalos de confianza (IC) entre la edad al primer parto (días), el intervalo entre partos (días) y el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.

		PCS	IEP			PCS	IEP
Nubia	EPP	0.21±0.09**	-0.03±0.23 ^{NS}	Toggenburg	EPP	-0.10±0.30*	--
	<i>IC</i>	(0.15 a 0.28)	(-0.14 a 0.06)		<i>IC</i>	(-0.18 a -0.02)	
	n	1397	339		n	558	
	IEP	-0.15±0.16**			IEP	--	
	<i>IC</i>	(-0.24 a -0.05)			<i>IC</i>		
	n	688			n		
Alpina	EPP	0.22±0.09**	0.20±0.25**	Enana Nigeriana	EPP	-0.06±0.20 ^{NS}	--
	<i>IC</i>	(0.15 a 0.28)	(0.05 a 0.33)		<i>IC</i>	(-0.15 a 0.02)	
	n	1351	312		n	479	
	IEP	0.44±0.20**			IEP	--	
	<i>IC</i>	(0.35 a 0.52)			<i>IC</i>		
	n	605			n		
LaMancha	EPP	-0.14±0.14**	--	Oberhasli	EPP	-0.21±0.31**	-0.26±0.58*
	<i>IC</i>	(-0.21 a -0.05)			<i>IC</i>	(-0.33 a -0.07)	(-0.48 a -0.02)
	n	1004			n	347	64
	IEP	--			IEP	-0.25±0.32**	
	<i>IC</i>				<i>IC</i>	(-0.45 a -0.03)	
	n				n	130	
Saanen	EPP	0.04±0.17 ^{NS}	0.02±0.49 ^{NS}	Todas las razas	EPP	0.12±0.04**	0.07±0.16**
	<i>IC</i>	(-0.01 a 0.1)	(-0.1 a 0.15)		<i>IC</i>	(0.09 a 0.16)	(0.003 a 0.14)
	n	930	217		n	6066	1383
	IEP	-0.35±0.32**			IEP	0.12±0.10**	
	<i>IC</i>	(-0.46 a -0.24)			<i>IC</i>	(0.08 a 0.17)	
	n	416			n	2768	

EPP= Edad al primer parto, IEP= Intervalo entre partos, PCS= Puntaje de células somáticas, n= Número de observaciones usadas para estimar la correlación genética, --= Correlación genética inestimable, NS= No significativo ($P>0.05$), *= Significativo ($P<0.05$) y **= Altamente significativo ($P<0.01$).

La correlación fenotípica es la asociación entre dos caracteres que pueden ser observados directamente y está determinada por el número de observaciones de los valores fenotípicos de ambas características. La correlación fenotípica es resultado de la combinación de las correlaciones genéticas y ambientales (Falconer, 1990).

Las correlaciones fenotípicas entre la edad al primer parto y el puntaje de células somáticas de las razas Nubia, Alpina y Saanen fueron positivas, es decir, el incremento de la edad al primer parto incrementara el puntaje de células somáticas a través de las lactancias, aunque es importante considerar que en la correlación fenotípica se incluye el efecto residual o medio

ambiental que corresponde a factores medio ambientales y de manejo dentro de los rebaños (Cuadro 38).

Cuando los rasgos incluidos en los análisis tienen heredabilidades bajas, como para el intervalo entre parto el presente estudio, entonces la correlación fenotípica para dicha característica está determinada principalmente por la correlación ambiental (Falconer, 1990).

Cuadro 38. Correlaciones fenotípicas (r_f) e intervalos de confianza (IC) entre la edad al primer parto (días), el intervalo entre partos (días) y el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.

		PCS	IEP			PCS	IEP
Nubia	EPP	0.18±0.02**	-0.36±0.04**	Toggenburg	EPP	-0.01±0.03 ^{NS}	--
	<i>IC</i>	(0.11 a 0.25)	(-0.47 a -0.23)		<i>IC</i>	(-0.09 a 0.07)	
	n	1397	339		n	558	
	IEP	-0.31±0.04**			IEP	--	
	<i>IC</i>	(-0.39 a -0.22)			<i>IC</i>		
	n	688			n		
Alpina	EPP	0.10±0.02**	-0.23±0.05**	Enana Nigeriana	EPP	0.009±0.04 ^{NS}	--
	<i>IC</i>	(0.03 a 0.17)	(-0.36 a -0.09)		<i>IC</i>	(-0.08 a 0.09)	
	n	1351	312		n	479	
	IEP	-0.003±0.04 ^{NS}			IEP	--	
	<i>IC</i>	(-0.08 a 0.07)			<i>IC</i>		
	n	605			n		
LaMancha	EPP	0.05±0.02 ^{NS}	--	Oberhasli	EPP	0.08±0.05 ^{NS}	-0.45±0.09**
	<i>IC</i>	(-0.003 a 0.11)			<i>IC</i>	(-0.01 a 0.19)	(-0.67 a -0.15)
	n	1004			n	347	64
	IEP	--			IEP	0.13±0.08 ^{NS}	
	<i>IC</i>				<i>IC</i>	(-0.03 a 0.3)	
	n				n	130	
Saanen	EPP	0.17±0.03**	-0.40±0.05**	Todas las razas	EPP	0.09±0.01**	-0.34±0.02**
	<i>IC</i>	(0.09 a 0.25)	(-0.54 a -0.24)		<i>IC</i>	(0.06 a 0.13)	(-0.4 a -0.27)
	n	930	217		n	6066	1383
	IEP	-0.08±0.05 ^{NS}			IEP	-0.03±0.02 ^{NS}	
	<i>IC</i>	(-0.17 a 0.01)			<i>IC</i>	(-0.06 a 0.006)	
	n	416			n	2768	

EPP= Edad al primer parto, IEP= Intervalo entre partos, PCS= Puntaje de células somáticas, n= Número de observaciones usadas para estimar la correlación fenotípica, --= Correlación fenotípica inestimable, NS= No significativo (P>0.05), *= Significativo (P<0.05) y **= Altamente significativo (P<0.01).

En el Cuadro 39 se presentan las correlaciones residuales o medio ambientales dentro de raza y a través de raza para la edad al primer parto, el intervalo entre parto y el puntaje de células somáticas.

Para la raza Oberhasli se encontró una gran diferencia, particularmente una diferencia de signo entre la correlación genética (-0.21±0.31**, Cuadro 37) y la correlación del residual (0.16±0.09**, Cuadro 39) entre edad al primer parto y el puntaje de células somáticas, esto

puede ser explicado porque las fuentes genéticas y ambientales de variación que afectan a estos caracteres tienen mecanismos fisiológicos diferentes para esta raza en particular (Falconer, 1990).

Las correlaciones ambientales o residuales se dan cuando dos características están influidas por las mismas diferencias de condiciones ambientales. La correlación resultante de causas ambientales es el efecto conjunto de todos los factores ambientales que varían y pueden ser negativas y positivas (Falconer, 1990).

Cuadro 39. Correlaciones residuales (r_r) e intervalos de confianza (IC) entre la edad al primer parto (días), el intervalo entre partos (días) y el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.

		PCS	IEP			PCS	IEP
Nubia	EPP	0.17±0.04**	-0.47±0.07**	Toggenburg	EPP	0.004±0.05 ^{NS}	--
	IC	(0.11 a 0.24)	(-0.58 a -0.36)		IC	(-0.07 a 0.08)	
	n	1397	339		n	558	
	IEP	-0.34±0.04**			IEP	--	
	IC	(-0.42 a -0.25)			IC		
	n	688			n		
Alpina	EPP	0.06±0.04*	-0.36±0.08**	Enana Nigeriana	EPP	0.03±0.08 ^{NS}	--
	IC	(0.008 a 0.11)	(-0.48 a -0.23)		IC	(-0.05 a 0.12)	
	n	1351	312		n	479	
	IEP	-0.09±0.04*			IEP	--	
	IC	(-0.17 a -0.01)			IC		
	n	605			n		
LaMancha	EPP	0.11±0.04**	--	Oberhasli	EPP	0.16±0.09**	-0.50±0.16**
	IC	(0.03 a 0.19)			IC	(0.02 a 0.29)	(-0.70 a -0.21)
	n	1004			n	347	64
	IEP	--			IEP	0.24±0.10**	
	IC				IC	(0.01 a 0.44)	
	n				n	130	
Saanen	EPP	0.21±0.05**	-0.47±0.08**	Todas las razas	EPP	0.08±0.01**	-0.43±0.03**
	IC	(0.13 a 0.29)	(-0.59 a -0.32)		IC	(0.05 a 0.12)	(-0.49 a -0.38)
	n	930	217		n	6066	1383
	IEP	-0.04±0.05 ^{NS}			IEP	-0.05±0.02**	
	IC	(-0.13 a 0.05)			IC	(-0.10 a -0.005)	
	n	416			n	2768	

EPP= Edad al primer parto, IEP= Intervalo entre partos, PCS= Puntaje de células somáticas, n= Número de observaciones usadas para estimar la correlación residual, --= Correlación residual inestimable, NS= No significativo (P>0.05), *= Significativo (P<0.05) y **= Altamente significativo (P<0.01).

6.7 Tendencias genéticas y fenotípicas

Las tendencias genéticas para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas se presentan en los Cuadros 42, 45 y 48.

En los Cuadros 40 y 41 se presentan los promedios por año de nacimiento de la edad al primer parto y los promedios de los VGP's, respectivamente, por año de nacimiento. Se observó una disminución del promedio de la edad al primer parto a través de los años en todas las razas y en el conjunto todas razas, lo que es deseable (Cuadro 40).

Para la raza Enana Nigeriana existió un incremento para el promedio de la edad al primer parto de 527.57 a 541.56 días (Cuadro 40). Los promedios de los VGP's de la edad al primer parto para la raza Enana Nigeriana fueron de entre -35.41 a los -17.06 días (Cuadro 41). El promedio de la edad al primer parto por año de nacimiento de la raza Oberhasli fue el que más disminuyó (de 1093.5 a 517.07 días), y los promedios de los VGP's por año de nacimiento mostraron un cambio de 2.55 días a -0.009 días (Cuadros 40 y 41, respectivamente).

En cuanto a las tendencias fenotípicas que resultaron significativas para la EPP en días (Cuadro 42), la raza Oberhasli tuvo una disminución anual de 24 días ($P<0.05$) y la raza LaMancha una disminución de 19 días ($P<0.05$) de edad al primer parto por año de nacimiento, lo que es deseable.

Cuadro 40. Promedios para la edad al primer parto (días) por año de nacimiento dentro de raza y través de raza.

Raza	1992 a 2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012 a 2014
Nubia	902.88	693.16	541.68	644.28	624.26	554.31	569.07	613.68	581.43	551.89	562.12	586.30	582.07
n	9	49	77	96	120	115	117	156	132	112	125	91	198
Alpina	806.71	706.66	580.05	577.15	608.27	604.38	551.53	541.27	579.89	573.97	606.28	618.88	526.74
n	7	84	145	126	136	114	135	103	103	84	97	94	123
LaMancha	944	729.29	623.24	556.69	602.39	553.62	622.74	548.78	573.12	550.52	591.17	596.77	499.30
n	2	17	66	73	81	95	83	93	79	68	90	97	160
Saanen	--	703.44	588.37	525.58	567.64	538.47	562.40	564.67	551.78	546.38	509.04	548.19	470.60
n	--	25	48	68	42	53	52	84	107	76	120	86	169
Toggenburg	876.50	691.10	544.50	552.44	607.23	537.01	539.18	473.83	498.97	509.91	539.91	616.06	506.65
n	4	29	48	43	52	66	70	62	41	34	34	31	44
Enana Nigeriana	--	--	--	--	527.57	582.84	605.42	651.51	645.80	652.96	639.16	623.43	541.56
n	--	--	--	--	7	19	33	45	26	31	62	80	176
Oberhasli	1093.50	719.15	588.44	530.95	611.31	534.8	604.12	442.76	660.65	510.38	599.95	532.04	517.07
n	2	20	29	23	48	30	39	34	26	26	20	22	28
Todas las razas	889.75	704.16	577.22	575.56	606.75	561.66	573.26	561.01	574.36	556.46	571.80	593.28	525.10
n	24	224	413	429	486	492	529	577	514	431	548	501	898

n= Número de observaciones por año de nacimiento.

Cuadro 41. Promedios de los valores genéticos predichos para la edad al primer parto (días) por año de nacimiento dentro de raza y través de raza.

Raza	1992 a 2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012 a 2014
Nubia	-3.02	6.47	-22.10	-4.89	-0.60	-22.33	-23.53	-10.51	-14.08	-18.31	-12.10	-4.582	-4.20
n	227	169	208	258	315	324	278	342	306	273	278	179	234
Alpina	3.74	13.79	-5.01	-5.13	6.86	2.73	-11.27	-3.15	-2.41	2.70	15.13	11.94	-9.82
n	315	256	292	250	286	244	288	209	221	181	183	159	139
LaMancha	-2.09	4.53	-1.52	-13.45	-5.23	-7.98	1.81	-11.35	4.37	-9.70	6.45	3.99	-5.51
n	181	103	181	170	196	198	175	204	172	154	179	175	191
Saanen	-1.17	7.24	-0.88	-9.83	-2.43	-6.91	3.18	2.41	2.83	-1.92	-3.90	0.51	-7.00
n	121	78	130	159	120	134	151	186	131	176	216	142	181
Toggenburg	0.39	4.89	-10.03	-3.50	-0.70	-12.83	-7.50	-16.51	-10.58	-5.94	-3.56	9.66	1.06
n	165	78	103	110	119	126	113	120	78	60	57	44	58
Enana Nigeriana	-35.41	4.28	-2.03	-1.71	-13.70	-14.86	-12.52	3.68	1.47	8.99	4.51	1.38	-17.06
n	7	8	10	32	32	82	96	104	96	125	131	151	213
Oberhasli	2.55	-1.89	-8.15	-13.21	-0.98	-10.98	4.67	-19.61	9.43	-8.68	14.63	-1.77	-0.009
n	56	79	63	71	76	71	67	61	50	44	41	44	32
Todas las razas	-1.43	7.53	-9.14	-9.84	-0.52	-11.58	-7.37	-9.33	-3.77	-7.05	-0.35	2.3	-9.06
n	1072	771	987	1050	1144	1179	1168	1226	1154	1013	1085	894	1048

n= Número de observaciones por año de nacimiento.

Cuadro 42. Tendencias genéticas, fenotípicas y nivel de significancia para la edad al primer parto (días) dentro de raza y a través de raza.

Raza	n	Tendencia genética	\bar{x} de la confiabilidad (%)	n	Tendencia fenotípica
Nubia	3391	-0.42 ^{NS}	30.20	1397	-14.73*
Alpina	3023	-0.03 ^{NS}	28.45	1351	-11.77*
LaMancha	2279	0.19 ^{NS}	18.99	1004	-19.45*
Saanen	2025	-0.20 ^{NS}	15.98	930	-10.84**
Toggenburg	1231	0.12 ^{NS}	17.55	558	-16.59*
Enana Nigeriana	1087	1.11 ^{NS}	22.94	479	4.11 ^{NS}
Oberhasli	755	0.56 ^{NS}	16.53	347	-24.19*
Todas las razas	13791	-0.17 ^{NS}	25.24	6066	-15.86*

n= Número de observaciones, \bar{x} = Promedio, %= Porcentaje, NS= No significativo (P>0.05), *= Significativo (P<0.05) y **= Altamente significativo (P<0.01).

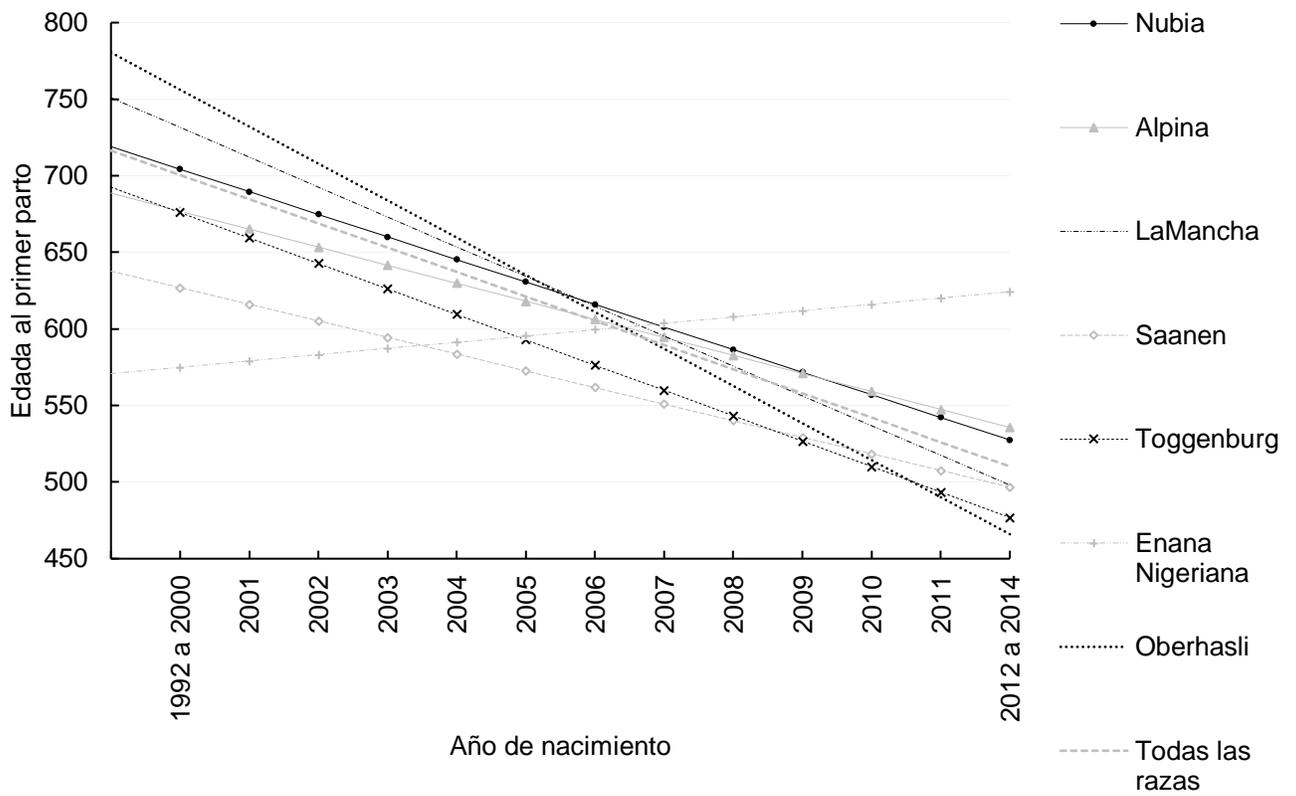


Figura 11. Tendencias fenotípicas para la edad al primer parto (días) dentro de raza y a través de raza.

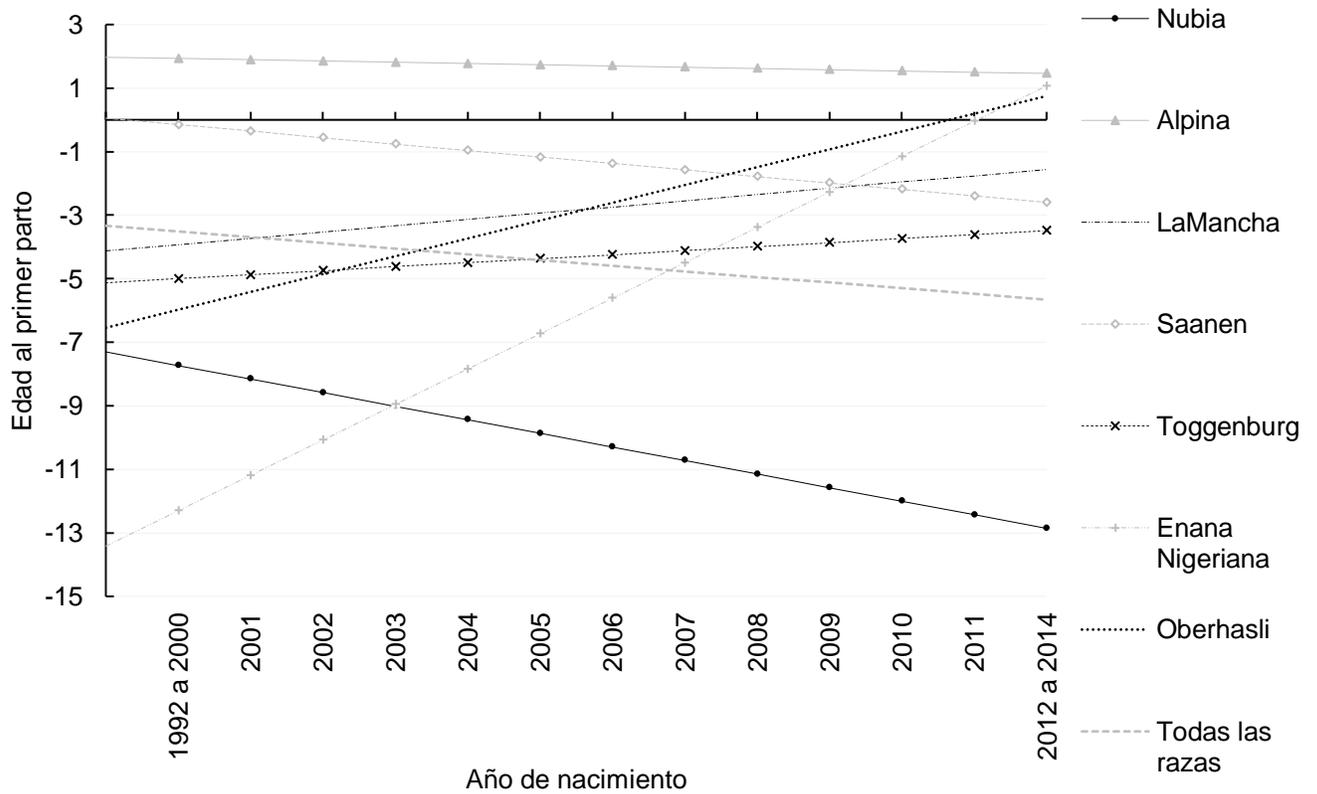


Figura 12. Tendencias genéticas para la edad al primer parto (días) dentro de raza y a través de raza.

Los promedios para el intervalo entre parto dentro de raza y a través de raza se encuentran en el Cuadro 43. En general para todas las razas y el conjunto todas razas no tuvieron un cambio marcado, es decir mantuvieron el promedio a través de los años. Por ejemplo, la raza Toggenburg comenzó (1992 a 2000) y terminó (2012 a 2014) en 394.26 y 394.72 días, respectivamente; las diferencias entre los promedios para el intervalo entre partos en caprinos pueden ser explicado en parte por la estacionalidad reproductiva de las diferentes razas, las regiones y aspectos administrativos dentro de las unidades de producción (Montaldo *et al.*, 2010).

Los promedios de los VGP's por año de nacimiento del rasgo intervalo entre partos de la raza Nubia fueron de 0.36 a -0.47 (de 1992 a 2014) lo que no evidencia un cambio muy marcado a través de los años, similar a lo sucedido con las razas Alpina, LaMancha, Toggenburg, Enana Nigeriana y el conjunto todas razas; esta situación fue opuesta a lo observado en la raza Oberhasli, en donde se estimó un promedio de VGP's de 2.95 días (de 1992 a 2000) y disminuyó a 0.10 (2012 a 2014) (Cuadro 44).

Las tendencias genéticas para el intervalo entre parto se presentan en el Cuadro 45. Se observaron tendencias genéticas significativas ($P < 0.05$) para el intervalo entre parto de las razas Saanen y Toggenburg (Cuadro 45), la tendencia genética de la raza Saanen alcanzó incremento por año de nacimiento de aproximadamente medio día (0.47*) por año de nacimiento lo que es perjudicial y el incremento por año de nacimiento en la raza Toggenburg fue casi nulo (0.00000031*).

La tendencia fenotípica para el intervalo entre partos de la raza Alpina fue significativa ($P < 0.05$) incrementándose de forma anual en 3 días (Cuadro 45) lo cual no es deseable ya que se ha comprobado que, en ganado bovino lechero el bajo rendimiento reproductivo resulta en costos adicionales de inseminación y costos para tratamientos veterinarios e intervalos prolongados de parto. Por lo tanto, una alta fertilidad es de gran importancia con respecto a la eficiencia económica de la cría de ganado (Gredler *et al.*, 2006).

Cuadro 43. Promedios para el intervalo entre partos (días) por año de nacimiento dentro de raza y a través de raza.

Raza	1992 a 2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012 a 2014
Nubia	410.65	409.43	387.86	420.71	389.18	408.74	429.89	410.26	419.31	408.00	448.58	428.77	352.30
n	26	23	36	59	76	86	59	73	77	66	58	36	13
Alpina	389.83	392.66	418.14	421.36	427.75	408.44	418.77	396.70	432.46	416.83	443.81	399.59	464.85
n	36	45	55	38	74	54	59	58	56	42	44	37	7
LaMancha	462.09	422.75	424.37	467.48	426.22	406.75	426.18	449.25	460.43	411.00	401.78	416.31	415
n	32	29	53	41	44	44	32	48	46	44	41	29	15
Saanen	431.33	411.41	413.92	444.24	427.29	413.65	429.25	423.41	430.34	454.08	434.95	478.57	374.40
n	12	24	28	29	31	20	32	46	66	49	46	28	5
Toggenburg	394.26	399.47	394.05	471.05	395.00	410.42	463.64	402.96	415.48	405.41	417.72	357.22	394.72
n	38	17	20	20	32	38	14	26	19	17	11	9	11
Enana Nigeriana	355.00	--	312.00	494.83	366.60	397.00	428.94	368.58	414.00	401.23	405.20	384.94	403.05
n	1	--	1	6	5	23	19	17	11	17	24	17	18
Oberhasli	399.54	382.18	392.20	415.88	343.85	491.16	413.66	442.53	427.10	471.71	370.00	390.12	292.00
n	11	16	15	18	7	12	6	13	10	7	6	8	1
Todas las razas	412.85	403.42	409.22	469.62	409.33	411.54	427.91	414.57	430.92	420.59	428.55	418.13	397.42
n	156	154	208	211	269	277	221	281	285	242	230	164	70

n= número de observaciones por año de nacimiento.

Cuadro 44. Promedios de los valores genéticos predichos para intervalo entre partos (días) por año de nacimiento dentro de raza y a través de raza.

Raza	1992 a 2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012 a 2014
Nubia	0.36	-0.45	-0.30	0.21	-2.19	-0.35	0.02	0.12	0.14	-0.58	1.45	1.54	-0.47
n	227	169	208	258	315	324	278	342	306	273	278	179	234
Alpina	0.25	0.11	-0.24	1.72	0.99	0.81	0.63	-2.41	2.28	0.10	2.12	-2.6	0.55
n	315	256	292	250	286	244	288	209	221	181	183	159	139
LaMancha	4.60 ^{e-6}	-5.8 ^{e-6}	-7.5 ^{e-6}	2.6 ^{e-7}	-1.1 ^{e-6}	-1.0 ^{e-6}	-2.0 ^{e-6}	9.5 ^{e-6}	4.6 ^{e-5}	-6.9 ^{e-6}	-3.4 ^{e-6}	-5.0 ^{e-8}	1.9 ^{e-7}
n	181	103	181	170	196	198	175	204	172	154	179	175	191
Saanen	-0.84	-7.24	-2.57	1.55	-0.86	0.71	2.32	1.10	0.95	4.42	1.91	1.98	0.63
n	121	78	130	159	120	134	151	186	131	176	216	142	181
Toggenburg	-4.6 ^{e-7}	-2.6 ^{e-7}	-1.4 ^{e-6}	1.6 ^{e-6}	1.9 ^{e-6}	1.3 ^{e-6}	4.4 ^{e-6}	2.7 ^{e-6}	2.6 ^{e-6}	3.7 ^{e-6}	4.1 ^{e-6}	1.4 ^{e-6}	2.3 ^{e-6}
n	165	78	103	110	119	126	113	120	78	60	57	44	58
Enana Nigeriana	2.8 ^{e-7}	4.4 ^{e-6}	-7.0 ^{e-6}	1.3 ^{e-5}	-7.7 ^{e-7}	-4.4 ^{e-6}	6.9 ^{e-6}	-1.9 ^{e-6}	2.1 ^{e-5}	-2.8 ^{e-6}	6.9 ^{e-7}	7.6 ^{e-7}	1.0 ^{e-6}
n	7	8	10	32	32	82	96	104	96	125	131	151	213
Oberhasli	2.95	-0.39	-2.72	4.20	-0.86	7.51	0.25	3.91	2.42	4.99	-2.32	-2.53	0.10
n	56	79	63	71	76	71	67	61	50	44	41	44	32
Todas las razas	0.13	-0.51	-0.56	0.85	-0.46	0.06	0.53	0.33	0.49	0.17	0.42	-0.04	-0.10
n	1072	771	987	1050	1144	1179	1168	1226	1154	1013	1085	894	1048

n= Número de observaciones por año de nacimiento.

Cuadro 45. Tendencias genéticas, fenotípicas y nivel de significancia para intervalo entre partos (días) dentro de raza y a través de raza.

Raza	n	Tendencia genética	\bar{x} de la confiabilidad (%)	n	Tendencia fenotípica
Nubia	3391	0.08 ^{NS}	5.62	688	0.07 ^{NS}
Alpina	3023	-0.04 ^{NS}	7.47	605	3.14*
LaMancha	2279	0.00000057 ^{NS}	0.37	498	-2.54 ^{NS}
Saenen	2025	0.47*	7.25	416	0.67 ^{NS}
Toggenburg	1231	0.00000031*	0.10	272	-1.52 ^{NS}
Enana Nigeriana	1087	0.000000094 ^{NS}	0.023	159	2.58 ^{NS}
Oberhasli	755	-0.11 ^{NS}	7.18	130	-2.24 ^{NS}
Todas las razas	13791	0.27 ^{NS}	3.66	2768	-0.23 ^{NS}

n= número de observaciones, \bar{x} = Promedio, %= Porcentaje, NS= No significativo (P>0.05), *= Significativo (P<0.05) y **= Altamente significativo (P<0.01).

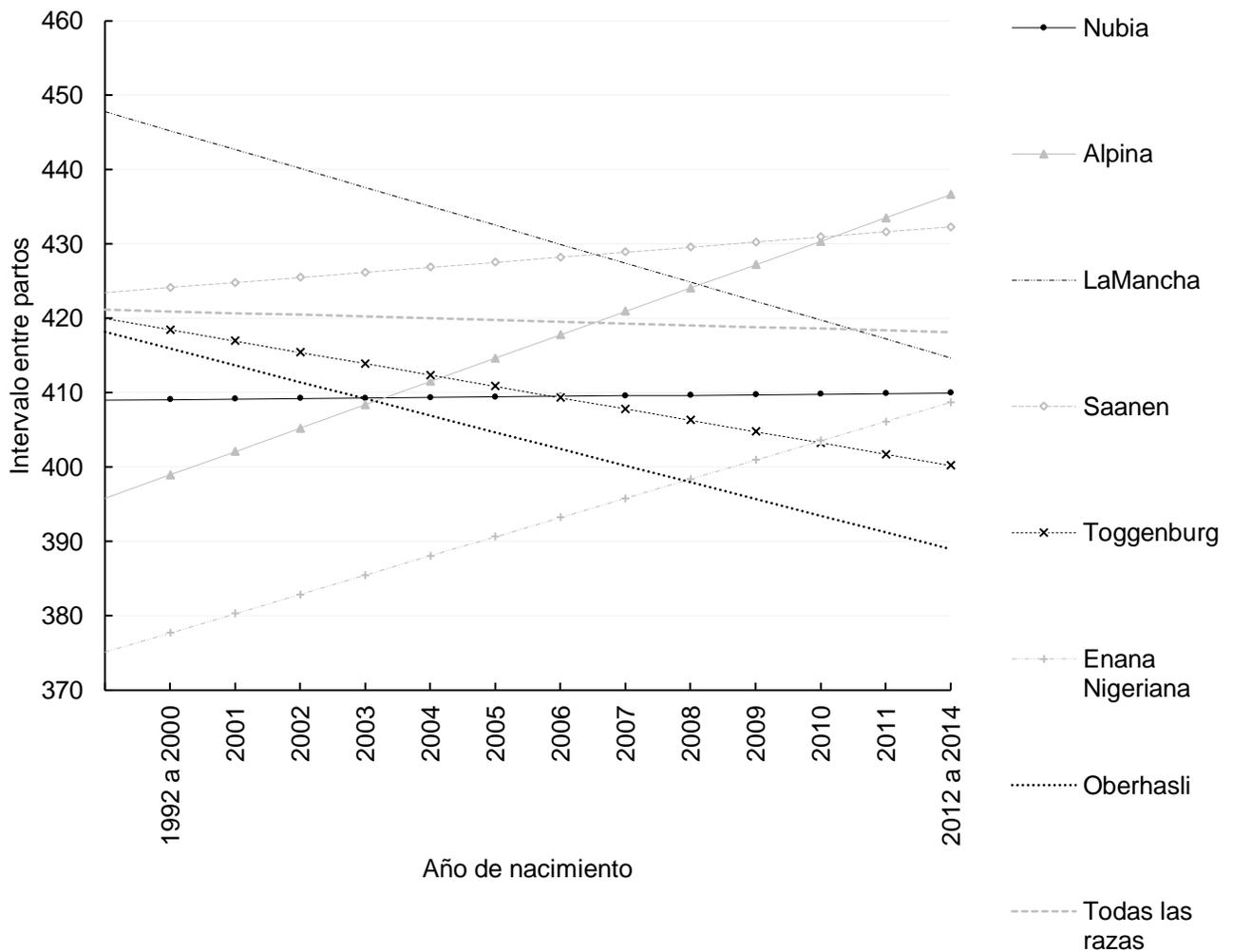


Figura 13. Tendencias fenotípicas para el intervalo entre partos (días) dentro de raza y a través de raza.

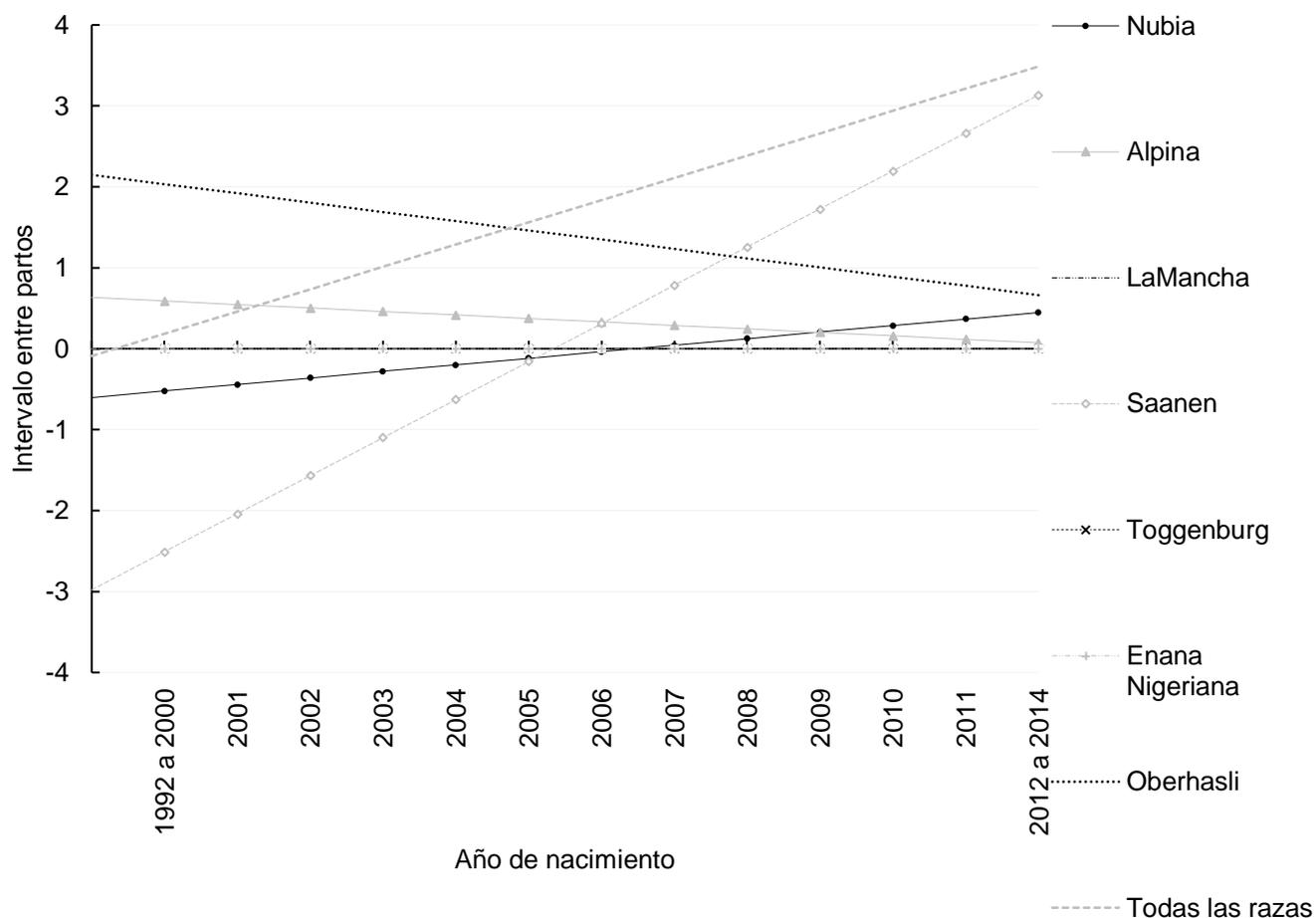


Figura 14. Tendencias genéticas para el intervalo entre partos (días) dentro de raza y a través de raza.

Los promedios del puntaje de células somáticas por año de nacimiento (Cuadro 46) disminuyeron para las razas Nubia, Alpina, LaMancha, Saanen, Toggenburg, Enana Nigeriana y en el conjunto todas razas. La disminución más marcada fue para la raza Nubia de 6.46 a 4.16 lo que corresponde en la escala lineal de 566000 a 1130000 y de 142000 a 283000, respectivamente.

Para el puntaje de células somáticas se presentaron tendencias genéticas significativas (Cuadro 47) por año de nacimiento para la raza Nubia, Enana Nigeriana ($P < 0.05$) y Alpina ($P < 0.01$) de -0.01 (Cuadro 48). Las tendencias fenotípicas ($P < 0.01$) del puntaje de células somáticas fueron de -0.07 a -0.12 lo que indica que de forma anual se observó una disminución de 0 a 18000 células por mililitro de leche (Cuadro 48).

Cuadro 46. Promedios para el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) por año de nacimiento dentro de raza y a través de raza.

Raza	1992 a 2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012 a 2014
Nubia	6.46	5.26	5.35	5.21	5.06	4.70	4.51	4.75	4.59	4.58	4.64	4.64	4.16
n	227	169	208	258	315	324	278	342	306	273	278	179	234
Alpina	5.39	5.26	5.07	4.93	4.79	4.87	4.96	4.84	4.70	4.54	4.37	4.49	4.54
n	315	256	292	250	286	244	288	209	221	181	183	159	139
LaMancha	5.32	4.75	4.73	4.64	4.97	4.85	4.50	4.65	5.14	4.90	4.83	5.12	4.87
n	181	103	181	170	196	198	175	204	172	154	179	175	191
Saanen	5.40	5.50	5.03	4.98	4.99	4.60	5.06	4.69	4.44	5.22	4.59	4.73	4.29
n	121	78	130	159	120	134	151	186	231	176	216	142	181
Toggenburg	5.31	5.04	5.08	4.66	4.80	5.11	4.89	5.24	5.25	4.26	4.37	4.35	4.20
n	165	78	103	110	119	126	113	120	78	60	57	44	58
Enana Nigeriana	3.41	3.24	3.31	3.26	2.61	3.15	3.02	2.72	2.84	3.47	2.59	2.79	2.94
n	7	8	10	32	32	82	96	104	96	125	131	151	213
Oberhasli	5.07	4.48	4.03	5.15	4.29	4.58	4.27	4.00	4.00	3.92	3.90	3.80	7.29
n	56	79	63	71	76	71	67	61	50	44	41	44	32
Todas las razas	5.56	5.09	4.98	4.90	4.87	4.79	4.59	4.48	4.48	4.48	4.33	4.36	3.92
n	1072	771	987	1050	1144	1179	1168	1226	1154	1013	1085	894	1048

n= Número de observaciones por año de nacimiento.

Cuadro 47. Promedios de los valores genéticos predichos para el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) por año de nacimiento dentro de raza y a través de raza.

Raza	1992 a 2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012 a 2014
Nubia	0.25	-0.04	-0.01	0.06	0.01	-0.16	-0.21	-0.10	-0.18	-0.15	-0.06	-0.03	-0.13
n	227	169	208	258	315	324	278	342	306	273	278	179	234
Alpina	0.05	0.10	0.08	0.04	-0.03	0.03	0.03	-0.07	-0.01	-0.03	-0.07	-0.12	-0.01
n	315	256	292	250	286	244	288	209	221	181	183	159	139
LaMancha	-0.05	-0.09	-0.10	-0.06	0.02	0.02	-0.17	-0.12	0.05	-0.02	-0.07	0.03	0.15
n	181	103	181	170	196	198	175	204	172	154	179	175	191
Saanen	-0.10	0.05	-0.05	-0.07	-0.09	0.21	0.01	-0.05	-0.16	-0.09	-0.07	-0.05	-0.04
n	121	78	130	159	120	134	151	186	131	176	216	142	181
Toggenburg	-0.02	-0.05	0.04	-0.07	-0.04	0.20	0.07	0.12	0.10	-0.10	-0.09	-0.19	-0.14
n	165	78	103	110	119	126	113	120	78	60	57	44	58
Enana Nigeriana	0.0004	0.20	0.04	0.08	-0.003	-0.007	-0.03	-0.09	-0.03	-0.009	-0.08	-0.03	-0.01
n	7	8	10	32	32	82	96	104	96	125	131	151	213
Oberhasli	0.07	-0.08	-0.17	0.01	0.01	0.07	0.001	-0.04	-0.09	-0.02	-0.01	-0.10	-0.15
n	56	79	63	71	76	71	67	61	50	44	41	44	32
Todas las razas	0.02	-0.0001	0.001	0.02	0.05	0.01	-0.03	-0.06	0.04	-0.01	-0.007	-0.0008	-0.05
n	1072	771	987	1050	1144	1179	1168	1226	1154	1013	1085	894	1048

n= número de observaciones por año de nacimiento.

Cuadro 48. Tendencias genéticas, fenotípicas y nivel de significancia para el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.

Raza	n	Tendencia genética	\bar{x} de la confiabilidad (%)	n	Tendencia fenotípica
Nubia	3391	-0.01*	35.01	3391	-0.12**
Alpina	3023	-0.01**	40.80	3023	-0.07**
LaMancha	2279	0.01 ^{NS}	45.39	2279	0.002 ^{NS}
Saanen	2025	-0.003 ^{NS}	40.80	2025	-0.06**
Toggenburg	1231	-0.01 ^{NS}	26.23	1231	-0.07**
Enana Nigeriana	1087	-0.01*	38.62	1087	-0.04 ^{NS}
Oberhasli	755	-0.007 ^{NS}	31.74	755	0.02 ^{NS}
Todas las razas	13791	-0.004 ^{NS}	38.52	13791	-0.10**

n= Número de observaciones, \bar{x} = Promedio, %= Porcentaje, NS= No significativo ($P>0.05$), *= Significativo ($P<0.05$) y **= Altamente significativo ($P<0.01$).

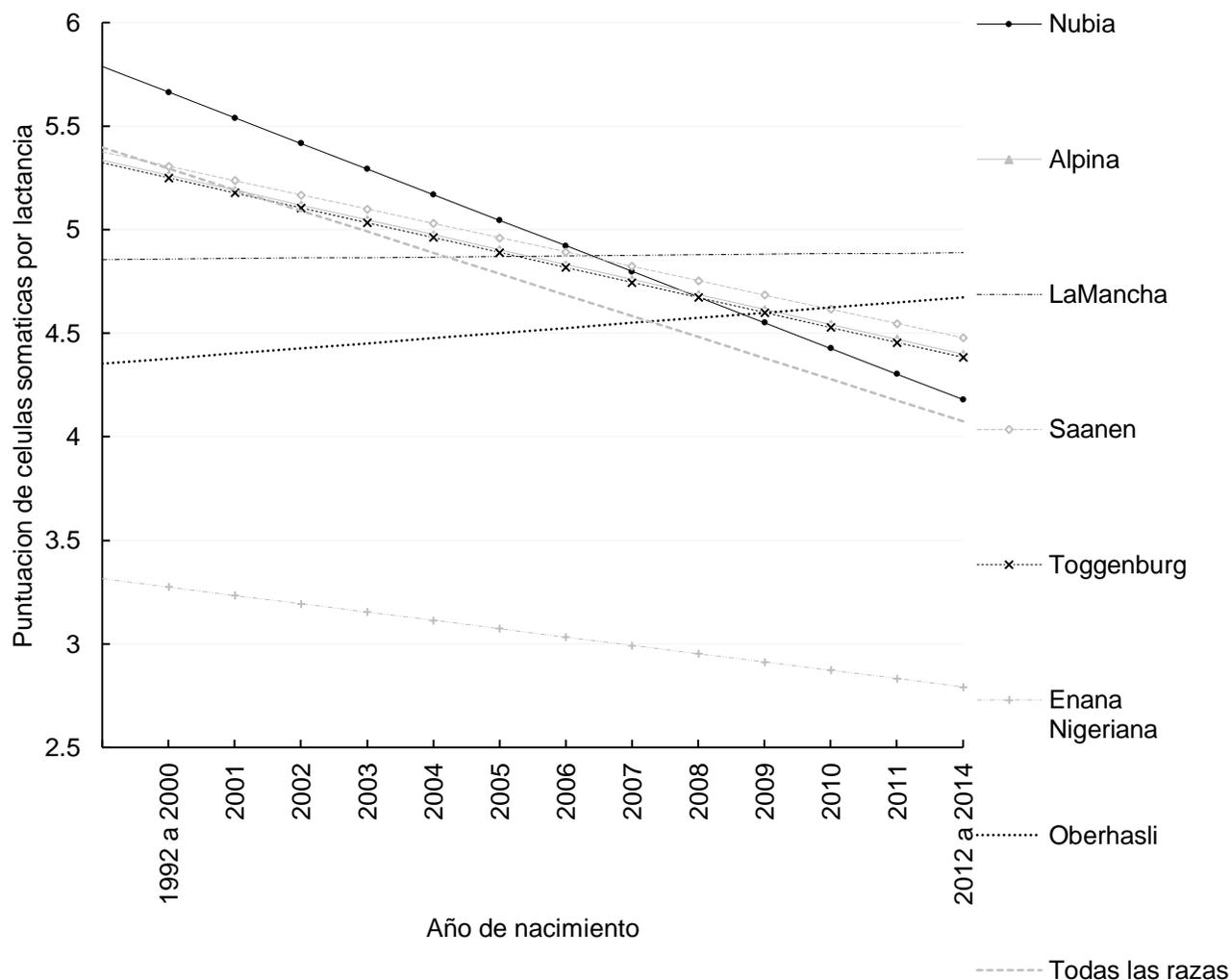


Figura 15. Tendencias fenotípicas para el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.

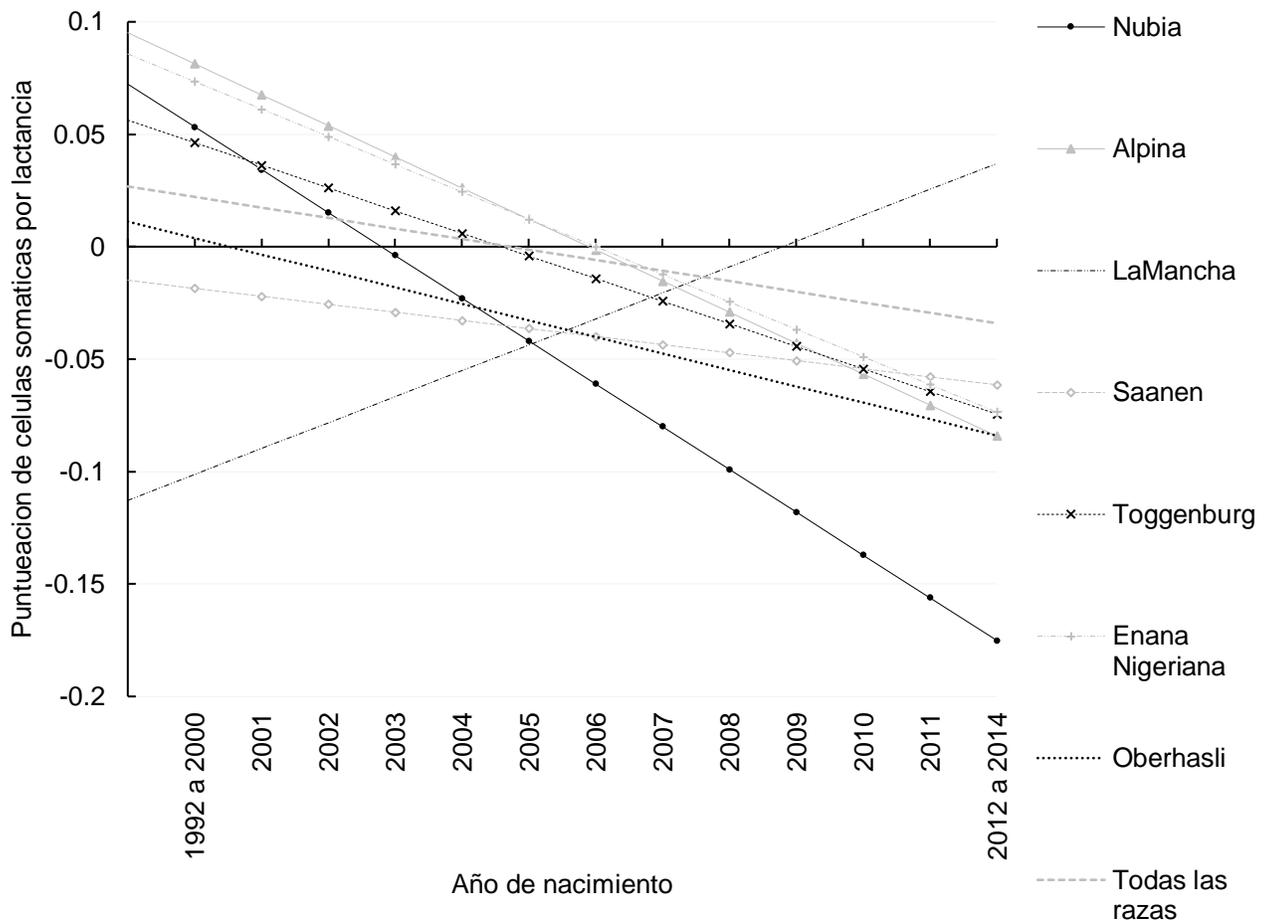


Figura 16. Tendencias genéticas para el puntaje de células somáticas (0 a 9 puntos) dentro de raza y a través de raza.

Las confiabilidades estimadas para los valores genéticos predichos fueron en general de bajas a medias. Los promedios de las confiabilidades de los VGP's de la edad a primer parto fueron de 15.98 a 30.20% (Cuadro 41); para el intervalo entre parto los promedios de las confiabilidades fueron más bajos (0.023 a 7.47%) (Cuadro 44) y para el puntaje de células somáticas fueron de 31.74 a 45.39% (Cuadro 47). Las bajas confiabilidades estimadas se pueden explicar en parte al reducido número de hijas que tuvieron los sementales, y a la distribución de estas en los rebaños ya que usualmente un semental solo tiene hijas en el rebaño al que pertenecen. En este sentido, se recomienda utilizar inseminación artificial o rotar los sementales a través de los rebaños, para incrementar la cantidad de hijas y registros, y favorecer la conexión genética entre rebaños a través de medias hermanas paternas de los machos (Fuerst *et al.*, 2011).

Las tendencias genéticas obtenidas de las tres características se pueden explicar en parte a que estas características no están bajo selección en esta población, por lo tanto, no puede

existir una ganancia genética marcada si no estuvo considerada dentro de un ciclo de selección (Rutkoski, 2019). Sin embargo, una revisión de la selección pasada es útil para determinar nuevas metas de selección. (VanRaden, 2004).

En Estados Unidos de América los criadores han decidido qué rasgos de los animales son más importantes económicamente, con la finalidad de que la selección de animales superiores para ciertos rasgos tenga un mercado rentable (VanRaden, 2004). Las evaluaciones genéticas en cabras lecheras al comienzo de 1980 incluían únicamente los rasgos de producción (rendimiento de leche y grasa), posteriormente se amplió para incluir la información de rendimiento de proteínas (1989), en 1989 se comenzaron a evaluar leche, grasas y proteínas para la raza Oberhasli y se agregaron razas experimentales (Wiggans, 1989), en 1986 se incluyó a las evaluaciones genéticas los puntos finales de la evaluación de tipo y posteriormente se incluyeron las características lineales de conformación (Luo *et al.*, 1997; Wiggans *et al.*, 2020) ya que se considera que las características de conformación lineal tienen importancia económica, debido al incremento de la longevidad de las cabras y la reducción de la tasa de sacrificios, lo que incrementa también la producción (ADGA, 2020b).

Actualmente las evaluaciones genéticas incluyen información de producción y de tipo, por lo tanto, la ADGA ha realizado dos índices de selección que incluyen características de producción y tipo, uno enfatiza la producción de leche dos veces más que el tipo (2:1) y el otro invierte el énfasis, dando más peso al tipo (1:2), representando el mérito económico de los rasgos evaluados para el animal (Wiggans y Hubbard, 2001; Wiggans *et al.*, 2020; ADGAb, 2020).

Debido a las correlaciones genéticas antagónicas que existen entre la producción de leche y el intervalo entre el primer y segundo parto (Montaldo *et al.*, 2010), entre el puntaje de células somáticas y las características de tipo de ubre (Rupp *et al.*, 2011), entre vida productiva (72 meses) y el intervalo entre el primer y segundo parto (Castañeda-Bustos *et al.*, 2014) y las correlaciones genéticas negativas entre rendimiento de leche, grasa y proteína y la edad al primer parto (Torres-Vázquez *et al.*, 2009), las correlaciones genéticas antagónicas del puntaje de célula somáticas con el rendimiento de leche, y la correlación negativa entre el porcentaje de grasa y lactosa (Bagnicka *et al.*, 2016), y a las correlaciones genéticas antagónicas estimadas en el presente estudio entre el puntaje de células somáticas y la edad al primer parto para las razas Nubia, Alpina y el conjunto todas razas, los programas de mejoramiento genético y los índices de selección deberían incluir estos de rasgos de salud (puntaje de células somáticas) y fertilidad (edad al primer parto).

En ganado bovino lechero el mejoramiento genético para producción puede ser afectado por otras características que usualmente no son consideradas dentro de los índices de selección, estas otras características podrían ser incluidas en los índices de selección (VanRaden, 2004), por ejemplo, en ganado bovino lechero suizo desde 1975 se ha realizado un índice de selección que incluye 12 características de producción, reproducción y salud, ya que estos últimos son de gran importancia económica para la producción lechera (Philipsson y Lindhe, 2003). La inclusión de más características a los índices de selección proporciona más información sobre las ganancias, pero es importante considerar que demasiados caracteres dentro del índice de selección podrían confundir a los criadores y distraer la atención de aquellos con el valor más alto. En ganado bovino lechero el puntaje de células somáticas ya es considerado dentro de los índices de selección de Australia, Canadá, Dinamarca, Francia, Alemania, Italia, Japón, Nueva Zelanda, España, Estados Unidos, Suecia y Reino Unido (VanRaden, 2004).

Con los resultados obtenidos en este estudio, será posible estimar índices de selección en los que se incluyan estas tres características estudiadas y optimizar los programas de mejoramiento genético de cabras lecheras, o hacer uso de la respuesta correlacionada a la selección de un carácter, la cual puede predecirse si se conoce la correlación genética y las heredabilidades de los caracteres.

7. Conclusiones

Las varianzas genéticas aditivas, fenotípicas y residuales estimadas en el presente estudio para la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas mostraron variación dentro de raza y a través de raza, lo que indica que estas características deberían ser analizadas de forma separada por raza al incluirlas en las evaluaciones genéticas para evitar la subestimación o sobrestimación de los valores genéticos predichos y de las heredabilidades. Las heredabilidades estimadas en este trabajo para la edad al primer parto y el puntaje de células somáticas mostraron que estas características pueden ser mejoradas a través de selección. Se estimaron por primera vez las heredabilidades del puntaje de células somáticas dentro de raza y a través de raza en cabras de Estados Unidos de América, las cuales tuvieron heredabilidad media. Se obtuvieron los primeros estimados de correlaciones genéticas, fenotípicas y ambientales entre la edad al primer parto, el intervalo entre partos y el puntaje de células somáticas en cabras lecheras de Estados Unidos de América dentro de raza y a través de raza, encontrando asociaciones genéticas positivas entre la edad al primer parto y el puntaje de células somáticas, para la raza Nubia y el conjunto todas razas, es decir, el incremento de la edad al primer parto ocasiona el incremento del puntaje de células somáticas a través de lactancias. La correlación genética entre la edad al primer parto, el intervalo entre parto y el puntaje de células somáticas para la raza Alpina fue positiva lo que indica que estas tres características se incrementan (antagónicas) afectando de forma simultánea la fertilidad y la salud de la ubre. Para la raza Saanen se encontró una tendencia genética positiva del intervalo entre parto, esto ocasiona un incremento anual del intervalo entre dos partos consecutivos lo cual perjudica la fertilidad de esta raza. La tendencia genética del puntaje de células somáticas para las razas Nubia, Alpina y Enana Nigeriana fue negativa, es decir, de forma anual se disminuye el puntaje de células somáticas en leche para estas razas lo cual es beneficioso para los productores. Sería importante considerar el puntaje de células somáticas y la edad al primer parto dentro de un índice de selección o de no ser posible considerar la respuesta a la selección y la respuesta correlacionada, con la finalidad de optimizar los programas de mejoramiento genético de cabras lecheras.

8. Literatura citada

Abdoli, R., Zamani, P., Ziaeddin, S.M., Hossein-Zadeh, N.G. y Almasi, M. 2019. Genetic parameters and trends for litter size in Markhoz goats. *Rev Colomb Cienc Pecu.* 32(1):58-63.

American Dairy Goat Association (ADGA). 2017. [online]. Seeing a dairy goat 'by the numbers'. Disponible en la web: <https://adga.org/seeing-a-dairy-goat-by-the-numbers/>

American Dairy Goat Association (ADGA). 2019. [online]. Production evaluations. ¿what records are used?. Disponible en la web: <https://adga.org/production-evaluations-what-records-are-used/>

American Dairy Goat Association (ADGA). 2020a. [online]. Recent Work on Milk Somatic Cell Counts in Goats. Disponible en la web: <https://adga.org/knowledgebase/somatic-cell-counts-goats/>

American Dairy Goat Association (ADGA). 2020b. [online]. Knowledgebase. Disponible en la web: <http://adga.org/knowledgebase/>

Amin, A.A. 2017. Genetic and phenotypic correlation between somatic cell count and milk yield in saudi dairy goats using random regression animal model. *The J Anim Plant Sci.* 27(5).

Ali, A.K.A. y Shook, G.E. 1980. An Optimum Transformation for Somatic Cell Concentration in Milk. *J Dairy Sci.* 63:487-490.

Apodaca-Sarabia, C.A., López-Villalobos, N., Blair, H.T. y Prosser, C.G. 2009. Genetic parameters for somatic cell score in dairy goats estimated by random regression. *Proc NZ Soc Anim Pinchar.* 69:206-209.

Bagnicka, E., Wallin, E., Lukaszewicz, M. y Adnøy, T. 2007. Heritability for reproduction traits in Polish and Norwegian populations of dairy goat. *Small Rumin Res.* 68:256-262.

Bagnicka, E., Łukaszewicz, M. y Ådnøy, T. 2016. Genetic parameters of somatic cell score and lactose content in goat's milk. *J Anim Feed Sci.* 25:210-215.

Barbosa, M.V.G.S., Ferreira, W.J., Cobuci, J.A., Paes, G.G. y Palma, P.R.O. 2001. Estimativas de Tendência Genética para Características Produtivas em um Rebanho do Ecótipo Mantiqueira. *Rev Bras zootec.* 30(5):1466-1475.

Barrón-Bravo, O.G., Gutiérrez-Chávez, A.J., Ángel-Sahagún, C.A., Montaldo, H.H., Shepard, L. y Valencia-Posadas, M. 2013. Losses in milk yield, fat and protein contents according to different levels according of somatic cell count in dairy goats. *Small Rumin Res.* 113:421-431.

Bourraoui, R., Jemmali, B., Riahi, I., Ben Salem, M., Chebbi, I. y Rekik, B. 2013. Somatic cell counts affect reproductive performances in Holstein cows in Tunisia. *Livest Res Rural Dev.* 25(11).

Brotherstone, S., White, I.M.S. y Meyer, K. 2000. Genetic modelling of daily milk yield using orthogonal polynomials and parametric curves. *Anim Sci.* 70:407-415.

Castañeda-Bustos, V.J., Montaldo, H.H., Torres-Hernández, G., Pérez-Elizalde, S., Valencia-Posadas, M., Hernández-Mendo, O. y Shepard, L. 2014. Estimation of genetic parameters for productive life, reproduction, and milk-production traits in US dairy goats. *J Dairy Sci.* 97(4):2462-2473.

Castañeda-Bustos, V.J., Montaldo, H.H., Valencia-Posadas, M., Shepard, L., Pérez-Elizalde, S., Hernández-Mendo, O. y Torres-Hernández, G. 2017. Linear and nonlinear genetic relationships between type traits and productive life in US dairy goats. *J Dairy Sci.* 100(2):1232-1245.

ChemoMetec. 2020. [online]. Somatic Cell Counter NucleoCounter® SCC-100™. Disponible en la web: <https://chemometec.com/cell-counters/somatic-cell-counter-scc-100-nucleocounter/>

Directive 92/46ECC Council. 1992. Diario Oficial de las Comunidades Europeas, Vol. L 268. European Council, Brussels, Belgium. 1-34.

Dudek, F.J. 1979. The continuing misinterpretation of the standard error of measurement. *Psychological Bulletin*, 86(2):335-337.

Dulin, A.M., Paape, M.J., Schultze, W.D. y Weinland, B.T. 1983. Effect of Parity, Stage of Lactation, and Intramammary Infection on Concentration of Somatic Cells and Cytoplasmic Particles in Goat Milk. *J Dairy Sci.* 66:2426-2433.

Falconer, D.S. 1990. Introduction to quantitative genetics. *Longman, London.* Ed. 4.

Fletcher, T.D. 2015. [online]. Psychometric: Applied Psychometric Theory. R package version 2.2. Disponible en la web: <http://CRAN.Rproject.org/package=psychometric>

Format 4. 2006. [online]. Listing of Format 4 Cow/Doe Lactation Data utilizing multiple test day segments. Disponible en la web: https://redmine.uscdcb.com/projects/cdcb-customer-service/wiki/Format_4

Foss. 2018. [online]. Manual Diffusion Test System. Disponible en la web: <https://scancotec.com/productos/fossomatic-7/>

Foster, D.L. y Hileman, S.M. 2015. Puberty in the Sheep. Knobil and Neill's Physiology of Reproduction. Ed. 4.

Fuerst, C. y Gredler, B. 2009 Genetic Evaluation for Fertility Traits in Austria and Germany. INTERBULL BULLETIN NO. 44. 3-9.

Fuerst, C., Koeck, A., Egger-Danner, C. y Fuerst-Waltl, B. 2011. Routine Genetic Evaluation for Direct Health Traits in Austria and Germany. INTERBULL BULLETIN NO. 44. Stavanger, Norway. 210-215.

García-Peniche, T.B., Montaldo, H.H., Valencia-Posadas, M., Wiggans, G.R., Hubbard, S.M., Torrez-Vázquez, J.A. y Shepard, L. 2012. Breed differences over time and heritability estimates for production and reproduction traits of dairy goats in the United States. *J Dairy Sci.* 95:2707-2717.

Gilmour, A.R., Gogel, B.J., Cullis, B.R. y Thompson, R. 2009. ASReml User Guide Release 3.0 VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP1 1ES, UK. www.vsnl.co.uk

Gonçalves, J.L., Cue, R.I., Botaro, B.G., Horst, J.A., Valloto, A.A. y Santos, M.V. 2018. Milk losses associated with somatic cell counts by parity and stage of lactation. *J Dairy Sci.* 101:4357-4366.

Gredler, B., Fuerst, C. y Sölkner, J. 2006. Development of Genetic Evaluations for Fertility Traits in Austrian and German Dairy Cattle. INTERBULL BULLETIN NO. 40. 38-41.

Groeneveld, E. 1990. PEST user's manual. Institute of Animal Behavior. Federal Agricultural Research Center, Germany. 1-8.

Henderson, C.R. 1950. Estimation of genetic parameters. *Annals of Mathematical Statistics.* 21:309-310.

- Henderson, C.R., Kempthorne, O., Searle, S.R. y Von Krosigk, C.M. 1959. The estimation of Environmental and Genetic Trends from Records Subject to Culling. *Biometrics*. 15(2):192-218.
- Henderson, C.R. 1984. Application of Linear Models in Animal Breeding. *University of Guelph*.
- Iloeje, M.U., Van Vleck, L.D. y Wiggans, G.R. 1981. Components of Variance for Milk and Fat Yields in Dairy Goats. *J Dairy Sci*. 64:2290-2293.
- JMP®, Version 6.0.0. 2005. SAS Institute Inc., Cary, NC.
- Jurado, J.J., Alonso, A. y Alenda, R. 1994. Selection response for growth in a Spanish Merino Flock. *J of Anim Sci*. 72:1433-1440.
- Kasap, A., Mioc, B., Skorput, D., Pavic', V., Antunovic', Z. 2013. Estimation of genetic parameters and genetic trends for reproductive traits in Saanen goats. *Acta Vet*. 63(2-3):269-277.
- Kinghorn, B. y Kinghorn, S. 2015. [online]. Pedigree Viewer 6.5f. Disponible en la web: <https://bkinghor.une.edu.au/pedigree.htm>
- Konkruea, T., Koonawootrittriron, S., Elzo, M.A. y Suwanasopee, T. 2017. Genetic parameters and trends for daughters of imported and Thai Holstein sires for age at first calving and milk yield. *J Agric Nat Resour*. 51:420-424.
- Luo, M.F., Wiggans, G.R. y Hubbard, S.M. 1997. Variance component estimation and multitrait genetic evaluation for type traits of dairy goats. *J Dairy Sci*. 80:594-600.
- National Mastitis Council (NMC). 2005. [online]. Human health risks associated with high somatic cell count milk. Disponible en la web: <http://www.nmconline.org/wp-content/uploads/2016/08/HUMAN-HEALTH-RISKS-ASSOCIATED-WITH-HIGH-SOMATIC-CELL-COUNT-MILK.pdf>
- Neumaier, A. y Groeneveld, E. 1998. Restricted maximum likelihood estimation of covariances in sparse linear models. *Genet Sel Evol*. 30:3-26.
- Maroteau, C., Palhière, I., Larroque, H., Clément, V., Ferrand, M., Tosser-Klopp, G. y Rupp, R. 2014. Genetic parameter estimation for major milk fatty acids in Alpine and Saanen primiparous goats. *J Dairy Sci*. 97(5):3142-3155.

- Mehdid, A., Díaz, J.R., Martí, A., Vidal, G. y Peris, C. 2013. Effect of estrus synchronization on daily somatic cell count variation in goats according to lactation number and udder health status. *J Dairy Sci.* 96:4368-4374.
- Mellado, M., Amaro, J. L., García, J. E. y Lara, L.M. 2000. Factors affecting gestation length in goats and the effect of gestation period on kid survival. *J Agric Sci.*135:85-89.
- Meyer, K., Tier, B. y Swan, A. 2018. Estimates of genetic trend for single-step genomic evaluations. *Genet Sel Evol.* 50(39):3-11.
- Moawed, S.A. y Shalaby, N.A. 2018. Statistical models for genetic evaluation of some first kidding and lifetime traits of the Egyptian Zaraibi goats. *Small Rumin Res.* 162:85-90.
- Montaldo, H.H., Valencia-Posadas, M., Wiggans, G.R., Shepard, L., y Torres-Vázquez, J.A. 2010. Short communication: Genetic and environmental relationships between milk yield and kidding interval in dairy goats. *J Dairy Sci.* 93:370-372.
- Morris, C.A., Wheeler, M. y Foote, B.J. 2011. Relationships between live weight and herd-test traits in a Saanen goat herd in New Zealand. *N. Z. J Agric Res.* 54(4): 315-320.
- Moroni, P., Pisoni, G., Ruffo, G. y Boettcher, P.J. 2005. Risk factors for intramammary infections and relationship with somatic-cell counts in Italian dairy goats. *Prev Vet Med.* 69:163-173.
- Mrode, R.A. 2005. Linear models for the prediction of animal breeding values. *CABI.* Ed. 2.
- Mulc, D., Špehar, M., Pocrnić, I., Mioč, B., Jurković, D. y Barać, Z. 2014. Effect of goats' age at first kidding on production of milk in the first lactation at Alpina breed. 49th croatian and 9th International Symposium of Agriculture.
- Paape, M.J., Poutrel, B., Contreras, A., Marco, J.C. y Capuco, A.V. 2001. Milk Somatic Cells and Lactation in Small Ruminants. *J Dairy Sci.* 84:E237-E244.
- Paape, M.J., Wiggans, G.R., Bannerman, D.D., Thomas, D.L., Sanders, A.H., Contreras, A., Moroni, P. y Miller, R.H. 2007. Monitoring goat and sheep milk somatic cell counts. *Small Rumin Res.* 68:114-125.
- Pasteurized Milk Ordinance (PMO). 2017. [online]. Grade "A" Pasteurized milk ordinance. Disponible en la web: <https://www.fda.gov/media/114169/download>

- Patterson, H.D. y Thompson, R. 1971. Recovery of Inter-block Information when block sizes are unequal. *Biometrika*. 58(3):545-554.
- Philipsson, J. y Lindhe, B. 2003. Experiences of including reproduction and health traits in Scandinavian dairy cattle breeding programmes. *Livest Prod Sci*. 83:99-112.
- Poutrel, B., de Crémoux, R., Ducelliez, M., y Verneau, D. 1997. Control of Intramammary Infections in Goats: Impact on Somatic Cell Counts. *J Anim Sci*. 75:566-570.
- Pryce, J.E., Esslemont, R.J., Thompson, R., Veerkamp, R.F., Kossaibati, M.A. y Simm, G. 1998. Estimation of genetic parameters using health, fertility and production data from a management recording system for dairy cattle. *Anim Sci*. 66: 577-584.
- Reents, R., Jamrozik, J., Schaeffer, L.R. y Dekkers, J.C.M. 1995. Estimation of genetic parameters for test day records of somatic cell score. *J Dairy Sci*. 78:2847-2857.
- Rupp, R. y Boichard, D. 1999. Genetic Parameters for Clinical Mastitis, Somatic Cell Score, Production, Udder Type Traits, and Milking Ease in First Lactation Holsteins. *J Dairy Sci*. 82:2198-2204.
- Rupp, R., Boichard, D., Bertrand C. y Bazin, S. 2000. Bilan national des numérations cellulaires dans le lait des différentes races bovines laitières françaises. *INRA Prod Anim*. 13(4):257-267.
- Rupp, R., Clément, V., Piacere, A., Robert-Granié, C. y Manfredi, E. 2011. Genetic parameters for milk somatic cell score and relationship with production and udder type traits in dairy Alpine and Saanen primiparous goats. *J Dairy Sci*. 94(7):3629-3634.
- Rutkoski, J.E. 2019. A practical guide to genetic gain. *ADV AGRON*. 157:217-249.
- Scholtens, M.R., Lopez-Villalobos, N., Garrick, D., Blair, H. Lehnert, K. y Snell, R. 2019. Genetic parameters for total lactation yields of milk, fat, protein, and somatic cell score in New Zealand dairy goats. *Anim Sci J*. 00:1-8.
- Shepard, L. 2009. Performance Programs-Your “Genetic Toolbox”. Proceedings of the 24th Annual Goat Field Day, Langston University. National Institute of Food and Agriculture (USDA). Washington, DC. 1-7.

- Shook, G.E. 1982. Approaches to summarizing somatic cell count which improve interpretability. Proceedings 21st Annual Meeting. National Mastitis Council. 150-166.
- Torres-Vázquez, J.A., Valencia-Posadas, M., Castillo-Juárez, H. y Montaldo, H.H. 2009. Genetic and phenotypic parameters of milk yield, milk composition and age at first kidding in Saanen goats from Mexico. *Livest Sci.* 126:147-153.
- Thompson, R., Wray, N.R. y Crump, R.E. 1994. Calculation of prediction error variances using sparse matrix methods. *J Anim Breed Genet.* 111:102-109.
- United States Department of Agriculture (USDA). 2009. [online]. Animal Improvement Programs Laboratory. Agricultural Research Service. Listing of format 4E. Disponible en la web: <http://aipl.arsusda.gov/formats>
- VanRaden, P.M. 2004. Invited Review: Selection on Net Merit to Improve Lifetime Profit. *J Dairy Sci.* 87:3125-3131.
- Western Canadian Dairy Herd Improvement Services (WCDHIS). 2018. [online]. Somatic Cell Counts. Disponible en la web: http://www.companylisting.ca/Western_Canadian_Dairy_Herd_Improvement_Services/default.aspx
- Wiggans, G.R., y Shook, G.E. 1987. A lactation measure of somatic cell count. *J Dairy Sci.* 70:2666-2672.
- Wiggans, G.R. 1989. Animal model evaluation of dairy goats for milk, fat, and protein yields with crossbred animals included. *J Dairy Sci.* 72:2411-2416.
- Wiggans, G.R. y Hubbard, S.M. 2001. Genetic Evaluation of yield and type traits of dairy goats in the unite states. *J Dairy Sci.* 88:E69-E73.
- Wiggans, G.R., Hubbard, S.M. y Wright, J.R. 2020. [online]. GENETIC EVALUATION OF DAIRY GOATS FOR YIELD AND TYPE. Disponible en la web: <https://aipl.arsusda.gov/reference/goat/goatsfs.html>
- Wright, S. 1922. Coefficients of inbreeding and relationship. *Am Nat.* 56:330-338.

9. Cronograma de actividades

Actividad	Semestre 1	Semestre 2	Semestre 3	Semestre 4
Revisión de literatura	✓			
Edición y ajuste de bases de datos		✓		
Depuración de base de datos y recodificación de fuentes de variación		✓		
Edición y depuración de pedigrí		✓		
Propuesta de modelos a analizar		✓		
Selección de un modelo animal			✓	
Estimación de parámetros genéticos				✓
Escritura de resultados y discusión				✓
Conclusión				✓