



Evaluación del impacto de la consanguinidad sobre indicadores productivos en cuyes (*Cavia porcellus*)

Evaluation of the impact of inbreeding on productive indicators in guinea pigs (*Cavia porcellus*)

Ana Cristina Ramos More ¹ • Rufino Paucar-Chanca ¹

Recibido: 25 de febrero del 2026 / **Aceptado:** 12 de marzo del 2026

RESUMEN

La consanguinidad constituye un factor crítico en programas de mejoramiento animal debido a su potencial efecto negativo sobre el desempeño productivo. En sistemas de crianza intensiva de cuyes (*Cavia porcellus*), comprender su impacto resulta fundamental para optimizar la eficiencia productiva y la sostenibilidad genética. El presente estudio tuvo como objetivo evaluar el efecto de tres niveles de coeficiente de consanguinidad ($F=0,000$; $F=0,125$ y $F=0,250$) sobre indicadores productivos en cuyes de la raza Perú. Se utilizaron 36 animales destetados (18 machos y 18 hembras), distribuidos en un diseño completamente al azar con tres tratamientos y doce repeticiones por grupo. Durante el periodo experimental se registraron variables de crecimiento y eficiencia alimenticia. El análisis estadístico se realizó mediante ANOVA y la prueba de Tukey para la comparación de medias. Los resultados mostraron un mejor desempeño productivo en los animales sin consanguinidad, quienes alcanzaron mayores pesos al destete y durante los tres primeros meses de edad, con diferencias altamente significativas ($p<0,001$) respecto a los grupos con consanguinidad moderada y alta. Asimismo, la ganancia de peso total y la eficiencia alimenticia fueron superiores en el grupo $F=0,000$. En conclusión, el incremento del coeficiente de consanguinidad se asocia con una reducción significativa del rendimiento productivo.

Palabras claves: consanguinidad, productividad, crecimiento, conversión alimenticia, cuyes.

ABSTRACT

Inbreeding is a critical factor in animal breeding programs due to its potential negative effect on productive performance. In intensive guinea pig (*Cavia porcellus*) production systems, understanding its impact is essential to optimize productive efficiency and genetic sustainability. The objective of this study was to evaluate the effect of three levels of inbreeding coefficient ($F = 0.000$; $F = 0.125$; and $F = 0.250$) on productive indicators in Peru breed guinea pigs. A total of 36 weaned animals (18 males and 18 females) were used, distributed in a completely randomized design with three treatments and twelve replicates per group. During the experimental period, growth and feed efficiency variables were recorded. Statistical analysis was performed using ANOVA and Tukey's test for mean comparisons. The results showed better productive performance in non-inbred animals, which reached higher weaning weights and greater body weights during the first three months of age, with highly significant differences ($p < 0.001$) compared to the groups with moderate and high inbreeding. Likewise, total weight gain and feed efficiency were higher in the $F = 0.000$ group. In conclusion, an increase in the inbreeding coefficient is associated with a significant reduction in productive performance.

Keywords: inbreeding, productivity, growth, feed conversion, guinea pigs.

1. INTRODUCCIÓN

La crianza de cuyes (*Cavia porcellus*) constituye una actividad pecuaria de gran importancia socioeconómica en los países andinos, particularmente en Perú, donde

representa una fuente significativa de proteína animal de alta calidad y un componente esencial de la seguridad alimentaria de las poblaciones rurales (Chauca, 1997; FAO, 1997). Esta especie doméstica, originaria de la región andina, se caracteriza por su alta

prolificidad, corto ciclo reproductivo, eficiente conversión alimenticia y adaptabilidad a diversos sistemas de producción, desde la crianza familiar tradicional hasta sistemas comerciales intensivos (Chauca, 2005, 2010).

✉ Ana Cristina Ramos More
2018111015@unh.edu.pe.

¹ Universidad Nacional de Huancavelica,
Huancavelica, Perú.

El mejoramiento genético de cuyes en Perú ha experimentado avances significativos en las últimas décadas, con el desarrollo de razas especializadas que han permitido incrementar sustancialmente los parámetros productivos de la especie. El Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA) ha desarrollado razas como Perú, Inti y Andina, caracterizadas por su precocidad, alta tasa de crecimiento y mejor conformación cárnica (Chauca, 1997). Sin embargo, el manejo reproductivo inadecuado en poblaciones cerradas o con tamaño efectivo reducido puede conducir a la acumulación de consanguinidad, fenómeno que representa uno de los principales desafíos en programas de mejoramiento genético animal (Falconer & Mackay, 1996; Lynch & Walsh, 1998).

La consanguinidad, definida como el apareamiento entre individuos emparentados, resulta en un incremento de la homocigosis y una reducción concomitante de la heterocigosis en la descendencia (Wright, 1922). Este fenómeno genético tiene consecuencias directas sobre el desempeño productivo y reproductivo de los animales, manifestándose como depresión endogámica, que se caracteriza por la reducción del valor fenotípico medio de caracteres relacionados con la eficiencia biológica (Falconer & Mackay, 1996). La magnitud de la depresión endogámica varía entre especies, poblaciones y caracteres, siendo generalmente más pronunciada en rasgos relacionados con la aptitud reproductiva y la viabilidad que en características de crecimiento o conformación (Lynch & Walsh, 1998).

La literatura científica documenta ampliamente los efectos deletéreos de la consanguinidad en diversas especies de mamíferos domésticos. En cerdos, estudios han demostrado reducciones significativas en el número de lechones nacidos totales, nacidos vivos y destetados, así como disminuciones en el peso al nacimiento y la ganancia de peso (Köck et al., 2009; Saura et al., 2015; Zhang et al., 2022). En bovinos lecheros, la consanguinidad se ha asociado con

reducciones en la producción de leche, fertilidad y longevidad productiva (Makanjuola et al., 2020; Sumreddee et al., 2019). En conejos, especie filogenéticamente más cercana a los cuyes, investigaciones han reportado efectos negativos de la consanguinidad sobre el crecimiento, la prolificidad y la supervivencia (Casellas et al., 2011; Piles et al., 2022; Solarte et al., 2010).

A pesar de la importancia económica de la crianza de cuyes en la región andina y los avances en su mejoramiento genético, existe una notable escasez de investigaciones que evalúen sistemáticamente los efectos de la consanguinidad sobre los parámetros productivos de esta especie. La mayoría de los estudios disponibles se centran en aspectos nutricionales, sanitarios o de manejo general, mientras que los aspectos genéticos, particularmente aquellos relacionados con la estructura poblacional y los efectos de la consanguinidad, han recibido limitada atención científica. Esta brecha de conocimiento es particularmente relevante considerando que muchos programas de mejoramiento genético de cuyes operan con poblaciones de tamaño reducido y sin estrategias formales de control de consanguinidad, lo que podría estar comprometiendo el progreso genético y la sostenibilidad de estos programas.

El coeficiente de consanguinidad (F), desarrollado por Wright (1922), cuantifica la probabilidad de que dos alelos en un locus dado sean idénticos por descendencia. En programas de mejoramiento animal, el manejo de la consanguinidad requiere un equilibrio cuidadoso entre la maximización del progreso genético mediante la selección de los mejores reproductores y la minimización de la pérdida de diversidad genética (Falconer & Mackay, 1996). Niveles moderados de consanguinidad ($F=0,125$ a $F=0,250$) son comunes en programas de mejoramiento que utilizan apareamientos dirigidos, pero sus efectos específicos sobre el desempeño productivo deben ser cuantificados para cada especie y población particular.

En el contexto del Programa de Mejoramiento Genético de Cuyes de la Universidad Nacional de Huancavelica, que mantiene una población núcleo de la línea Perú, se ha observado la necesidad de implementar estrategias de apareamiento que permitan mantener el progreso genético mientras se controla la acumulación de consanguinidad. Sin embargo, la ausencia de información cuantitativa sobre

los efectos específicos de diferentes niveles de consanguinidad en esta población limita la capacidad de tomar decisiones informadas sobre las estrategias de apareamiento más apropiadas.

Por lo tanto, el presente estudio se planteó con el objetivo de evaluar la influencia de tres niveles de consanguinidad ($F=0,000$; $F=0,125$ y $F=0,250$) sobre los principales parámetros productivos de cuyes de la línea Perú, incluyendo peso al nacimiento, peso al destete, pesos mensuales hasta los tres meses de edad, ganancia de peso y conversión alimenticia. Los resultados de esta investigación proporcionan información fundamental para el diseño de estrategias de apareamiento que optimicen el balance entre progreso genético y mantenimiento de la diversidad genética en programas de mejoramiento de cuyes, contribuyendo así a la sostenibilidad y eficiencia de los sistemas de producción de esta importante especie en la región andina.

2. MATERIAL Y MÉTODOS

La investigación se desarrolló en el Programa de Mejoramiento Genético de Cuyes de la Universidad Nacional de Huancavelica, ubicado en la Ciudad Universitaria de Paturpampa, distrito, provincia y región de Huancavelica. El área de estudio se encuentra a una altitud de 3 772 m s. n. m., con coordenadas geográficas $12^{\circ} 46' 29''$ de latitud sur y $74^{\circ} 57' 40''$ de longitud oeste. La zona presenta una humedad relativa promedio de 28 % y una temperatura media anual de $12,5^{\circ}\text{C}$.

Se utilizó un diseño completamente al azar (DCA) con tres tratamientos definidos por el coeficiente de consanguinidad:

T1: $F = 0,000$ (no consanguíneos)

T2: $F = 0,125$ (apareamiento entre medio hermanos)

T3: $F = 0,250$ (apareamiento entre hermanos completos)

Cada tratamiento incluyó 12 unidades experimentales, considerando cada animal como unidad experimental, con un total de 36 cuyes (18 machos y 18 hembras). Los animales fueron asignados aleatoriamente a los tratamientos y manejados bajo condiciones homogéneas de ambiente, alimentación y sanidad.

El modelo estadístico utilizado fue:

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \epsilon_{ij}$$

donde Y_{ij} representa la observación de la variable respuesta, μ la media general, τ_i el

efecto del nivel de consanguinidad y ϵ_{ij} el error experimental.

El coeficiente de consanguinidad (F) de cada individuo fue estimado mediante el método de Wright, utilizando registros genealógicos. La estimación se realizó mediante la siguiente expresión:

$$F_x = \Sigma[(1/2)^{(n+n'+1)} (1 + F_a)]$$

donde n y n' representan las generaciones desde los progenitores hasta el ancestro común y F_a corresponde al coeficiente de consanguinidad del ancestro común.

El alimento base fue formulado mediante programación lineal utilizando la herramienta Solver de Microsoft Excel, bajo el criterio de mínimo costo. La dieta presentó aproximadamente la siguiente composición nutricional: materia seca 89,66 %, energía digestible 2,97 Mcal/kg, proteína cruda 18,50 %, fibra 7,88 %, grasa 4,03 %, calcio 0,81 % y fósforo 0,64 %. Durante el periodo experimental, los animales fueron manejados bajo condiciones sanitarias adecuadas, que incluyeron limpieza periódica de las instalaciones, monitoreo del estado de salud y aplicación de prácticas preventivas básicas para garantizar el bienestar animal y evitar la presencia de enfermedades que pudieran afectar los resultados del estudio.

Las variables productivas evaluadas fueron:

Peso corporal (g), registrado al nacimiento, destete (18 días), 30, 60 y 90 días de edad.

Conversión alimenticia, estimada como la relación entre el consumo total de alimento y la ganancia de peso durante el periodo experimental.

Todas las variables evaluadas fueron sometidas a un análisis de estadística descriptiva, obteniéndose valores de media aritmética, desviación estándar, error estándar, intervalos de confianza al 95%, así como los valores mínimo y máximo.

La influencia del nivel de consanguinidad sobre los parámetros productivos (peso al nacimiento, al destete, al mes, a los dos meses, a los tres meses y conversión alimenticia) se analizó mediante el Análisis de Varianza de un Diseño Completamente al Azar, utilizando la función `lm` (linear model) del software estadístico R (The R Project for Statistical Computing). Previamente, se verificaron los supuestos de normalidad de los residuos y homogeneidad de varianzas mediante las pruebas de Shapiro-Wilk y Levene,

respectivamente. En el caso de las variables (peso al mes, a los dos meses y conversión alimenticia) que no cumplieron dichos supuestos se utilizó la prueba no paramétrica de Kruskal Wallis.

3. RESULTADOS

Influencia del coeficiente de consanguinidad sobre el peso de los cuyes

En la Tabla 1 se presentan los valores del peso al nacimiento de los cuyes en función del coeficiente de consanguinidad. Se observa que los animales sin consanguinidad ($F = 0$) alcanzaron un peso promedio de $162,92 \pm 7,22$ g, con valores mínimos y máximos que oscilaron entre 155 g y 180 g, lo cual refleja una mayor uniformidad y un rango de variación más estrecho. En contraste, los cuyes con un coeficiente de consanguinidad de 0,125 presentaron un peso promedio significativamente menor ($142,50 \pm 7,54$ g), con un rango entre 130 g y 150 g, lo que evidencia un efecto negativo de la endogamia moderada sobre el peso al nacimiento. Finalmente, los animales con consanguinidad alta ($F = 0,250$) mostraron el menor

desempeño, alcanzando apenas $96,67 \pm 9,13$ g, con valores que oscilaron entre 85 g y 110 g, lo que representa una reducción de más del 40% en comparación con los animales sin consanguinidad. Estas diferencias fueron estadísticamente significativas ($p < 0,05$), lo cual confirma que la consanguinidad tiene un efecto directo y negativo en el peso al nacimiento de los cuyes.

El comportamiento descrito se mantuvo en el peso al destete (Tabla 2). Los animales sin consanguinidad ($F = 0$) alcanzaron un promedio de $324,58 \pm 26,67$ g, con un rango entre 290 g y 380 g. Este valor fue significativamente superior ($p < 0,05$) al registrado por los cuyes con consanguinidad moderada ($250,83 \pm 18,69$ g), cuyo rango se situó entre 220 g y 275 g. Por otro lado, los animales con consanguinidad alta ($168,33 \pm 37,13$ g) presentaron el peor rendimiento, con valores mínimos de 105 g y máximos de apenas 215 g. La diferencia entre los grupos extremos ($F = 0$ vs. $F = 0,250$) superó los 150 g, lo que refleja de manera contundente la reducción del crecimiento temprano como consecuencia del incremento del coeficiente de consanguinidad.

Tabla 1.

Influencia del coeficiente de consanguinidad sobre el peso al nacimiento de cuyes.

Consanguinidad	N	Media	EE	Intervalo de Confianza al 95%		DE	Mínimo	Máximo
				Inferior	Superior			
0	12	162,92 ^a	2,08	158,33	167,50	7,22	155,0	180,0
0,125	12	142,50 ^b	2,18	137,71	147,29	7,54	130,0	150,0
0,250	12	96,67 ^c	2,64	90,87	102,47	9,13	85,0	110,0

a, b y c letras diferentes en la misma columna indican que existe diferencias estadísticamente significativas ($p < 0,05$, Prueba de F)

DE = Desviación estándar y EE = Error estándar

Tabla 2.

Influencia del coeficiente de consanguinidad sobre el peso al destete de cuyes.

Consanguinidad	N	Media	EE	Intervalo de Confianza al 95%		DE	Mínimo	Máximo
				Inferior	Superior			
0	12	324,58 ^a	7,70	307,64	341,53	26,67	290,0	380,0
0,125	12	250,83 ^b	5,39	238,96	262,71	18,69	220,0	275,0
0,250	12	168,33 ^c	10,72	144,74	191,93	37,13	105,0	215,0

a, b y c letras diferentes en la misma columna indican que existe diferencias estadísticamente significativas ($p < 0,05$, Prueba de F)
DE = Desviación estándar y EE = Error estándar

En cuanto al peso al mes de edad (Tabla 3), los cuyes sin consanguinidad alcanzaron un promedio de $462,92 \pm 62,94$ g, con un rango entre 410 g y 590 g. Los animales con consanguinidad moderada registraron un promedio inferior de $395,83 \pm 5,57$ g, situándose en un rango más estrecho entre 385 g y 405 g. Finalmente, los cuyes con

consanguinidad alta presentaron un promedio de $347,50 \pm 17,90$ g, con valores que variaron entre 315 g y 370 g. Las diferencias observadas fueron estadísticamente significativas ($p < 0,05$), confirmando que el impacto negativo de la consanguinidad se manifiesta de manera sostenida a lo largo del crecimiento.

Tabla 3.

Influencia del coeficiente de consanguinidad sobre el peso al mes de cuyes.

Consanguinidad	N	Media	EE	Intervalo de Confianza al 95%		DE	Mínimo	Máximo
				Inferior	Superior			
0	12	462,92 ^a	18,17	422,93	502,91	62,94	410,0	590,0
0,125	12	395,83 ^b	1,61	392,29	399,37	5,57	385,0	405,0
0,250	12	347,50 ^c	5,17	336,13	358,87	17,90	315,0	370,0

a, b y c letras diferentes en la misma columna indican que existe diferencias estadísticamente significativas ($p < 0,05$, Prueba de Kruskal Wallis)
DE = Desviación estándar y EE = Error estándar

De manera consistente, los resultados obtenidos a los dos meses de edad (Tabla 4) evidencian la misma tendencia. Los cuyes sin consanguinidad ($F = 0$) alcanzaron un peso promedio de $630,00 \pm 76,96$ g, con valores que fluctuaron entre 525 g y 790 g, lo que muestra una elevada capacidad de crecimiento en condiciones de baja endogamia. Los animales con consanguinidad moderada registraron $482,50 \pm 16,72$ g, en un rango entre 460 g y 520 g, mientras que los cuyes altamente consanguíneos apenas lograron $404,17 \pm 34,17$ g, con valores entre 350 g y 450 g. La diferencia de más de 200 g entre los cuyes sin consanguinidad y los altamente consanguíneos refleja un efecto acumulativo de la endogamia sobre el crecimiento.

Finalmente, al evaluar el peso a los tres meses de edad (Tabla 5), se reafirma la marcada influencia de la consanguinidad en el desarrollo de los animales. Los cuyes sin consanguinidad alcanzaron un peso promedio de $1162,08 \pm 52,63$ g, con un rango entre 1060 g y 1225 g, mostrando así el mayor potencial de crecimiento. Los animales con consanguinidad moderada lograron un peso promedio de $992,50 \pm 38,88$ g, con valores mínimos y máximos entre 925 g y 1045 g, lo que representa una reducción de aproximadamente 170 g respecto al grupo sin consanguinidad. Por su parte, los cuyes altamente consanguíneos registraron el menor peso, con un promedio de $803,33 \pm 85,95$ g y un rango entre 625 g y 925 g.

Tabla 4.

Influencia del coeficiente de consanguinidad sobre el peso a los dos meses en cuyes.

Consanguinidad	N	Media	EE	Intervalo de Confianza al 95%		DE	Mínimo	Máximo
				Inferior	Superior			
							525,0	
0	12	630,00 ^a	22,22	581,10	678,90	76,96		790,0
							460,0	
0,125	12	482,50 ^b	4,83	471,88	493,12	16,72		520,0
0,250	12	404,17 ^c	9,86	382,46	425,88	34,17	350,0	450,0

a, b y c letras diferentes en la misma columna indican que existe diferencias estadísticamente significativas ($p < 0,05$, Prueba de Kruskal Wallis)
DE = Desviación estándar y EE = Error estándar

Tabla 5.

Influencia del coeficiente de consanguinidad sobre el peso a los tres meses en cuyes.

Consanguinidad	N	Media	EE	Intervalo de Confianza al 95%		DE	Mínimo	Máximo
				Inferior	Superior			
0	12	1162,08 ^a	15,19	1128,64	1195,52	52,63	1060,0	1225,0
0,125	12	992,50 ^b	11,22	967,80	1017,20	38,88	925,0	1045,0
0,250	12	803,33 ^c	24,81	748,72	857,95	85,95	625,0	925,0

a, b y c letras diferentes en la misma columna indican que existe diferencias estadísticamente significativas ($p < 0,05$, Prueba de F)
DE = Desviación estándar y EE = Error estándar

En conjunto, los resultados obtenidos en las diferentes tablas (1 al 5) confirman de manera consistente que el incremento del coeficiente de consanguinidad genera una reducción progresiva y significativa en el peso vivo de los cuyes desde el nacimiento hasta los tres meses de edad.

Efecto del nivel de consanguinidad en el índice de conversión alimenticia de los cuyes

La Tabla 6 muestra el efecto de la consanguinidad en el índice de conversión alimenticia (ICA) de los cuyes. Los resultados revelan diferencias significativas ($p < 0,05$) entre los niveles de consanguinidad. Los animales sin consanguinidad ($F = 0$) alcanzaron un ICA promedio de $2,76 \pm 0,18$, con valores que oscilaron entre 2,48 y 3,08. Este resultado refleja una alta eficiencia en la utilización del alimento, ya que los cuyes requirieron aproximadamente 2,8 g de alimento para producir 1 g de ganancia de peso.

Tabla 6.

Efecto del nivel de consanguinidad sobre el índice de conversión alimenticia de los cuyes.

Consanguinidad	N	Media	EE	Intervalo de Confianza al 95%		DE	Mínimo	Máximo
				Inferior	Superior			
0	12	2,76 ^b	0,05	2,65	2,88	0,18	2,48	3,08
0,125	12	2,91 ^b	0,06	2,77	3,04	0,21	2,65	3,40
0,250	12	3,78 ^a	0,17	3,40	4,16	0,60	3,28	5,44

a y b letras diferentes en la misma columna indican que existe diferencias estadísticamente significativas ($p < 0,05$, Prueba de Kruskal Wallis)

DE = Desviación estándar y EE = Error estándar

Los animales con consanguinidad moderada ($F = 0,125$) presentaron un ICA de $2,91 \pm 0,21$, con un rango entre 2,65 y 3,40, valor ligeramente superior al del grupo sin consanguinidad, pero sin diferencias estadísticas significativas ($p > 0,05$). Esto indica que la consanguinidad moderada no generó un deterioro marcado en la eficiencia alimenticia.

Por el contrario, los cuyes con consanguinidad alta ($F = 0,250$) mostraron un ICA de $3,78 \pm 0,60$, con valores que variaron entre 3,28 y 5,44. Este resultado fue significativamente superior ($p < 0,05$) al de los otros grupos, lo que

evidencia una pérdida importante en la eficiencia alimenticia. En términos prácticos, los animales altamente consanguíneos necesitaron casi 1 g adicional de alimento para lograr la misma ganancia de peso que los animales no consanguíneos.

Estos resultados indican que la consanguinidad ejerce un efecto negativo sobre la conversión alimenticia, siendo evidente principalmente en niveles altos de endogamia. Mientras que los niveles bajos y moderados no mostraron diferencias significativas, la consanguinidad elevada comprometió de manera notable la eficiencia biológica de los cuyes.

4. DISCUSIÓN

El presente estudio permitió demostrar que la consanguinidad influye de manera significativa y negativa en los parámetros productivos de los cuyes (*Cavia porcellus*). Los resultados obtenidos revelan que a medida que aumenta el coeficiente de consanguinidad, se observa una disminución progresiva en el peso corporal desde el nacimiento hasta los tres meses de edad, así como un deterioro en la eficiencia alimenticia, expresado en un mayor índice de conversión alimenticia (ICA).

En el Tabla 1, los cuyes sin consanguinidad ($F = 0$) alcanzaron el mayor peso al nacimiento (162,92 g), seguidos por los animales con consanguinidad media ($F = 0,125$; 142,50 g) y alta ($F = 0,250$; 96,67 g), con diferencias altamente significativas ($p < 0,05$). Esta tendencia se mantuvo en todas las etapas del crecimiento (Tablas 2–5), donde los animales no consanguíneos mostraron ventajas consistentes en el peso al destete, al mes, a los dos meses y a los tres meses de edad. El peso final a los tres meses fue 1162,08 g en el grupo $F = 0$, frente a 992,50 g y 803,33 g en los grupos

con consanguinidad media y alta, respectivamente. Estas diferencias confirman un patrón claro de depresión endogámica en el crecimiento corporal, en concordancia con los efectos esperados por el incremento de homocigosidad (Falconer y Mackay, 1996; Waller y Keller, 2019).

Los resultados coinciden con los hallazgos de Cruz et al. (2022) y Cedeño-Castro et al. (2021), quienes reportaron que el incremento de consanguinidad en poblaciones de cuyes reduce los valores fenotípicos de peso al nacimiento y al destete, debido al aumento de la varianza entre camadas y a la menor expresión de heterosis. Asimismo, Genzer et al. (2023) observaron en líneas endogámicas de cuyes de laboratorio (cepa 13/N) una marcada disminución en la supervivencia y tamaño de camada, atribuida a la pérdida de vigor por endogamia. En especies mayores, Pereira et al. (2016) y Forneris et al. (2021) demostraron reducciones similares en el crecimiento de bovinos Hereford y Brangus por cada incremento porcentual en el coeficiente de

consanguinidad. Estos antecedentes confirman que los efectos observados en cuyes siguen un patrón generalizado de depresión endogámica reportado en distintas especies domésticas.

El deterioro de la ganancia de peso en los cuyes altamente consanguíneos puede explicarse por la pérdida de heterocigosis y la expresión de alelos recesivos deletéreos, lo cual reduce la eficiencia metabólica y la capacidad de crecimiento (Kristensen y Sorensen, 2005; Doekes et al., 2021). De acuerdo con Baes et al. (2019), las regiones genómicas homocigotas prolongadas (ROH largas) se asocian con una mayor depresión del rendimiento, fenómeno que coincide con la disminución drástica del peso observada en los animales con $F = 0,250$ del presente estudio.

El análisis del índice de conversión alimenticia (Tabla 6) refuerza esta tendencia. Los cuyes sin consanguinidad ($F = 0$) y con consanguinidad moderada ($F = 0,125$) mostraron índices similares (2,76 y 2,91, respectivamente), mientras que los animales con consanguinidad alta ($F = 0,250$) registraron un valor significativamente superior (3,78; $p < 0,05$), lo que refleja una menor eficiencia alimentaria. Este resultado es coherente con lo descrito por Leroy (2014) y Doekes et al. (2021), quienes demostraron que la consanguinidad afecta en mayor grado los rasgos productivos (como el crecimiento y la conversión alimenticia) que los de conformación o resistencia, estimándose reducciones promedio de hasta 0.35% por cada 1% de incremento en F .

Asimismo, Vyas et al. (2025) reportaron en corderos Marwari una respuesta no lineal a la consanguinidad: incrementos bajos (<6%) no afectaron significativamente el crecimiento, pero niveles altos (>12%) generaron caídas pronunciadas en ganancia diaria de peso, similar a lo observado en este trabajo. Estos hallazgos sugieren que los efectos adversos se intensifican cuando la consanguinidad supera niveles moderados, lo cual coincide con la depresión marcada observada en los cuyes del grupo $F = 0,250$.

A nivel fisiológico, la literatura describe que la consanguinidad elevada puede generar alteraciones celulares y tisulares que comprometen la función metabólica. En cuyes, se ha documentado mayor apoptosis testicular y menor eficiencia gonadal en machos consanguíneos (Hingst y Blottner, 1995), lo que sugiere que la endogamia afecta la fisiología básica y la capacidad general de

crecimiento. Estos procesos están relacionados con la carga genética y la pérdida de vigor heterocigótico descrita por Waller y Keller (2019), quienes afirman que la acumulación de mutaciones deletéreas es una de las causas fundamentales de la depresión endogámica.

Comparativamente, estudios genómicos recientes en bovinos y ovinos (Scott et al., 2024; Abdrakhmanov et al., 2025; Wang et al., 2025) han demostrado que la consanguinidad afecta de manera diferencial regiones cromosómicas asociadas a crecimiento, metabolismo y fertilidad. Estos trabajos respaldan la hipótesis de que la depresión endogámica no solo depende del nivel global de consanguinidad, sino también de la localización genómica de los alelos homocigotos, lo cual podría explicar la variabilidad en la respuesta observada entre individuos de un mismo nivel de F .

Finalmente, los resultados obtenidos en este estudio confirman los principios teóricos planteados por Falconer y Mackay (1996) y Kristensen y Sorensen (2005) sobre los efectos de la endogamia en poblaciones pequeñas: a medida que aumenta la homocigosidad, se reduce el valor medio de los rasgos relacionados con la productividad. En poblaciones de cuyes, donde el tamaño efectivo suele ser reducido y la selección se realiza con pocos reproductores, el control de la consanguinidad es esencial para evitar pérdidas productivas y mantener la sostenibilidad genética.

En conjunto, la evidencia demuestra que la consanguinidad elevada ($F \geq 0,125$) afecta negativamente los parámetros productivos de los cuyes, reduciendo su crecimiento y eficiencia alimenticia. Estos resultados refuerzan la necesidad de implementar programas de manejo genético que limiten la endogamia mediante la rotación de reproductores, el registro genealógico y la introducción de líneas no emparentadas, garantizando así la viabilidad productiva y genética de la especie en sistemas de producción familiar y comercial.

5. CONCLUSIONES

La consanguinidad afectó negativamente la productividad de los cuyes (*Cavia porcellus*), evidenciándose que el incremento del coeficiente de consanguinidad se asoció con una reducción significativa del peso vivo en todas las etapas evaluadas (nacimiento, destete

y a los uno, dos y tres meses de edad) y con una menor eficiencia en la conversión alimenticia. Los animales no consanguíneos alcanzaron mayores pesos corporales, mientras que aquellos con niveles moderados y, especialmente, altos de consanguinidad mostraron disminuciones progresivas, lo que confirma un efecto acumulativo de la endogamia sobre el crecimiento. Aunque no se observaron diferencias estadísticas entre los grupos sin consanguinidad y con consanguinidad moderada en el índice de conversión alimenticia, los individuos con alta consanguinidad presentaron valores significativamente superiores, reflejando una menor capacidad para transformar el alimento en ganancia de peso y, en consecuencia, un impacto adverso sobre la eficiencia productiva.

6. AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a la Universidad Nacional de Huancavelica, al Programa de Mejoramiento Genético de Cuyes y al financiamiento del Fondo de Desarrollo Socioeconómico de Camisea por el apoyo brindado durante la ejecución del estudio.

7. REFERENCIA

- Abdrakhmanov, M., Kostyunina, O., Yermekova, N., Kapassuly, T., Yergali, K., Baimukanov, A., & Seitkozha, B. (2025). Genomic characterization of the Kazakh fat-tailed coarse wool sheep breed using ROH analysis. *Animals*, 15(18), 2714. <https://doi.org/10.3390/ani15182714>
- Baes, C. F., Mankanjuola, B., Miglior, F., Marras, G., Howard, J., Fleming, A., & Maltecca, C. (2019). Symposium review: The genetic architecture of inbreeding: How homozygosity affects health and performance. *Journal of Dairy Science*, 102(3), 2807-2817. <https://doi.org/10.3168/JDS.2018-15520>
- Casellas, J., Vidal-Roqueta, D., Flores, E., Casellas-Vidal, D., & Llach-Vila, M. (2011). Epistasis for founder-specific inbreeding depression in rabbits. *Journal of Heredity*, 102(6), 501-507. <https://doi.org/10.1093/jhered/esq117>
- Cedeño-Castro, D. M., Perea-Ganchou, F. D., & Burgos-Paz, W. (2021). Estimation of genetic parameters for productive traits in four Peruvian guinea pig lines. *Tropical Animal Health and Production*, 53(2), 1-8. <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02641-8>
- Chauca, L. (1997). Producción de cuyes (*Cavia porcellus*). Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura.
- Chauca, L. (2005). Mejoramiento genético en cuyes. En *Memorias del III Congreso Latinoamericano de Especialistas en Pequeños Rumiantes y Camélidos Sudamericanos* (pp. 45-52). Universidad Nacional Agraria La Molina.
- Chauca, L. (2010). Sistemas de producción de cuyes. En *Manual de crianza de cuyes* (pp. 23-35). Instituto Nacional de Innovación Agraria.
- Cruz, D., Passuni, J., Corredor, F., & Pascual, M. (2022). Parámetros genéticos de rasgos productivos de cuyes (*Cavia porcellus*) de las líneas Saños y Mantaro. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 33(3), e22902. <https://doi.org/10.15381/rivep.v33i3.22902>
- Doekes, H. P., Bijma, P., & Windig, J. J. (2021). How depressing is inbreeding? A meta-analysis of 30 years of research on livestock inbreeding effects. *Genes*, 12(6), 926. <https://doi.org/10.3390/genes12060926>
- Falconer, D. S., & Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to quantitative genetics* (4th ed.). Longman.
- FAO. (1997). *The guinea pig: An Andean asset*. Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- Forneris, N. S., Legarra, A., Vitezica, Z. G., Tsuruta, S., Aguilar, I., Misztal, I., & Cantet, R. J. C. (2021). Estimate of inbreeding depression for growth and reproductive traits using pedigree and genomic methods in Argentinean Brangus cattle. *Journal of Animal*

- Science, 99(10), skab289.
<https://doi.org/10.1093/JAS/SKAB289>
- Genzer, S. C., Flietstra, T. D., Coleman-McCray, J. A. D., Dyer, C. A., & Kissling, G. E. (2023). Effect of parental age, parity, and breeding method on reproduction in strain 13/N guinea pigs (*Cavia porcellus*). *Animals*, 13(5), 895.
<https://doi.org/10.3390/ani13050895>
- Hingst, H., & Blottner, S. (1995). Quantification of apoptosis (programmed cell death) in mammalian testis by DNA-fragmentation ELISA. *Theriogenology*, 43(4), 709-711.
[https://doi.org/10.1016/0093-691X\(95\)00186-C](https://doi.org/10.1016/0093-691X(95)00186-C)
- Köck, A., Fürst-Waltl, B., & Baumung, R. (2009). Effects of inbreeding on number of piglets born total, born alive and weaned in Austrian Large White and Landrace pigs. *Archives Animal Breeding*, 52(1), 51-64.
<https://doi.org/10.5194/aab-52-51-2009>
- Kristensen, T. N., & Sørensen, A. C. (2005). Inbreeding: Lessons from animal breeding, evolutionary biology and conservation genetics. *Animal Science*, 81(2), 121-133.
<https://doi.org/10.1079/ASC41960121>
- Leroy, G. (2014). Inbreeding depression in livestock species: Review and meta-analysis. *Animal Genetics*, 45(5), 618-628.
<https://doi.org/10.1111/AGE.12178>
- Lynch, M., & Walsh, B. (1998). *Genetics and analysis of quantitative traits*. Sinauer Associates.
- Makanjuola, B., Maltecca, C., Miglior, F., Schenkel, F. S., & Baes, C. F. (2020). Effect of recent and ancient inbreeding on production and fertility traits in Canadian Holsteins. *BMC Genomics*, 21(1), 605.
<https://doi.org/10.1186/s12864-020-07031-w>
- Pereira, R. J., Ayres, D. R., El Faro, L., Vercesi Filho, A. E., Josahkian, L. A., & Albuquerque, L. G. (2016). Inbreeding depression in Zebu cattle traits. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 133(6), 523-533.
<https://doi.org/10.1111/JBG.12219>
- Piles, M., Sánchez, J., Pascual, M., & Rodríguez-Ramilo, S. T. (2022). Inbreeding depression on growth and prolificacy traits in two lines of rabbit. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 139(5), 549-561.
<https://doi.org/10.1111/jbg.12745>
- Saura, M., Fernández, A., Varona, L., Fernández, A. I., & Rodríguez de Cara, M. Á. (2015). Detecting inbreeding depression for reproductive traits in Iberian pigs using genome-wide data. *Genetics Selection Evolution*, 47(1), 1.
<https://doi.org/10.1186/s12711-014-0081-5>
- Scott, B. A., Haile-Mariam, M., Tiezzi, F., Maltecca, C., Cocks, B. G., & MacLeod, I. M. (2024). Optimizing genetic diversity in Australian Holstein and Jersey breeds: A comparative analysis of genome-wide and regional inbreeding depression effects. *Journal of Dairy Science*, 107(12), 11234-11247.
<https://doi.org/10.3168/jds.2024-25341>
- Solarte, C. E., Imuez, M. A., & García, M. L. (2010). Efectos de la consanguinidad sobre caracteres de crecimiento en conejos. *Archivos de Zootecnia*, 59(228), 479-488.
<https://doi.org/10.4321/S0004-05922010000400003>
- Sumreddee, P., Toghiani, S., El Hamidi Hay, E., Roberts, A. J., & Aggrey, S. E. (2019). Inbreeding depression in line 1 Hereford cattle population using pedigree and genomic information. *Journal of Animal Science*, 97(1), 1-18.
<https://doi.org/10.1093/jas/sky385>
- Vyas, J., Chopra, A., & Narula, H. K. (2025). Longitudinal study of effect of inbreeding on growth traits of Marwari lambs. *Archiv für Tierzucht*,

68(4), 541-548.
<https://doi.org/10.5194/aab-68-541-2025>

Waller, D. M., & Keller, L. F. (2019). Inbreeding and inbreeding depression. In *Oxford Research Encyclopedia of Environmental Science*. Oxford University Press.
<https://doi.org/10.1093/acrefore/9780199389414.013.7>

Wang, X., Liu, Y., Sun, Z., Bai, J., Pi, L., Ma, H., Zhao, L., & Yan, Q. (2025). Detection of candidate genes for economically important traits in Dorper sheep through whole-genome resequencing. *Veterinary Sciences*, 12(9), 887.
<https://doi.org/10.3390/vetsci12090887>

Zhang, Y. T., Zhu, Y., Ning, C., Zhou, L., & Liu, J. (2022). Estimate of inbreeding depression on growth and reproductive traits in a Large White pig population. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 12(7), jkac118.
<https://doi.org/10.1093/g3journal/jkac118>