



Parámetros genéticos de crecimiento en un hato caprino lechero bajo manejo semi-intensivo en ambiente tropical*

Genetic parameters of growth in a dairy goat herd under semi-intensive management in tropical environment

Jorge A. Campos-Alfaro¹, Bernardo Vargas-Leitón², Andrés H. Alpízar-Naranjo¹

* Recepción: 23 de septiembre, 2025. Aceptación: 20 de febrero, 2026. Este trabajo formó parte de un proyecto respaldado por el Programa de Producción Sostenible de Rumiantes Menores de la Universidad Nacional, Heredia, Costa Rica.

¹ Universidad Nacional. Escuela de Ciencias Agrarias. Heredia, Costa Rica. jorge.campos.alfaro@una.cr (autor para correspondencia; <https://orcid.org/0009-0004-7316-760X>); andres.alpizar.naranjo@una.cr (<https://orcid.org/0000-0002-9612-4918>).

² Universidad Nacional. Escuela de Medicina Veterinaria. Heredia, Costa Rica. bernardo.vargas.leiton@una.cr (<https://orcid.org/0000-0002-1778-9672>).

Resumen

Introducción. La estimación de parámetros genéticos de crecimiento en caprinos permite identificar la contribución de efectos aditivos directos y maternos en distintas etapas del desarrollo, fundamental para diseñar estrategias de selección más eficientes. **Objetivo.** Estimar parámetros genéticos de crecimiento mediante modelos de regresión aleatoria en un hato caprino lechero. **Materiales y métodos.** El estudio se realizó en el hato experimental de la Universidad Nacional, Heredia, Costa Rica. Se analizaron 6127 registros de peso corporal desde el nacimiento hasta los 30 meses de edad de 388 hembras y 108 machos caprinos de razas Saanen y Saanen×Toggenburg, recolectados entre los años 2008 y 2024. Se ajustó un modelo mixto de regresión aleatoria, con efectos fijos de grupo contemporáneo, tipo racial, sexo, paridad, tipo de parto y edad; efectos aleatorios: genético aditivo directo (h^2d), materno (h^2m), y no genético de ambiente permanente directo (ap), ajustados mediante polinomios Legendre. **Resultados.** El valor de h^2d osciló entre 0,01 (mes 2, EE 0,01) y 0,17 (mes 11, EE 0,08), la h^2m varió entre 0,02 (mes 2, EE 0,01) y 0,25 (mes 1, EE 0,07), y el valor de ap se incrementó progresivamente desde 0,03 (mes 1, EE 0,20) hasta 0,67 (mes 30, EE 0,08). Las correlaciones genéticas (directas o maternas) y de ambiente permanente fueron en su mayoría positivas y de magnitud moderada ($>0,60$), con valores más altos ($>0,80$) para pesos en edades adyacentes. Los valores de cría (directos) para peso corporal oscilaron entre $-2,33$ y $1,80$ kg (mes 6) y entre $-3,90$ y $3,20$ kg (mes 12). **Conclusiones.** El uso de modelos de regresión aleatoria permitió estimar parámetros genéticos de crecimiento considerando la influencia del animal y el efecto materno en distintas etapas, lo que facilita seleccionar reemplazos con mayor precisión y orientar las estrategias de mejora para obtener animales más productivos y eficientes.

Palabras clave: peso corporal, heredabilidad, regresión aleatoria, valor de cría.

Abstract

Introduction. The estimation of genetic parameters for growth in goats makes it possible to identify the contribution of additive direct and maternal effects at different stages of development, which is essential for designing



more efficient selection strategies. **Objective.** To estimate growth genetic parameters in a dairy goat herd using random regression models. **Materials and methods.** The study was conducted at the experimental herd of the Universidad Nacional, Heredia, Costa Rica. A total of 6 127 body weight records from birth to 30 months of age were analyzed, these were collected between 2008 and 2024, from 388 females and 108 males of Saanen and Saanen×Toggenburg breeds. A mixed random regression model was fitted, including fixed effects: contemporary group, breed type, sex, parity, type of birth, and age; and random effects: direct additive genetic (h^2d), maternal genetic (h^2m), and permanent environmental (ap) effects, modeled using Legendre polynomials. **Results.** The value of h^2d ranged from 0,01 (month 2, SE 0,01) to 0,17 (month 11, SE 0,08), the h^2m ranged from 0,02 (month 2, SE 0,01) to 0,25 (month 1, SE 0,07), and the pe value increased progressively from 0,03 (month 1, SE 0,20) to 0,67 (month 30, SE 0,08). Genetic correlations (direct and maternal) and permanent environmental correlations were mostly positive and of moderate magnitude (>0.60), with higher values (>0.80) between adjacent ages. Direct breeding values for body weight ranged from $-2,33$ and $1,80$ kg (month 3) and from $-3,90$ to $3,20$ kg (month 12). **Conclusions.** The use of random regression models allowed the estimation of genetic parameters for growth while accounting for both animal and maternal effects at different stages. This approach facilitates more accurate selection of replacements and guides breeding strategies to obtain more productive and efficient animals.

Keywords: body weight, heritability, random regression, breeding value.

Introducción

En Costa Rica, la producción caprina es una importante actividad pecuaria que ha mantenido un crecimiento constante en los últimos años. En el 2022 esta actividad registró un aumento del 9,5 % en comparación con el 2021 (Secretaría Ejecutiva de Planificación Sectorial Agropecuaria [SEPSA], 2024). La mayoría de los sistemas caprinos a nivel local son de pequeña escala (Barboza Mora et al., 2020).

Según último censo, la población nacional asciende a 12 852 caprinos distribuidos en 2348 explotaciones (Instituto Nacional de Estadística y Censos [INEC], 2015), en consecuencia, el tamaño promedio de hato es relativamente bajo. Varios estudios han reportado un limitado uso de registros y tecnologías reproductivas (Chacón-Villalobos & Mora-Valverde, 2017; Soto-Barrientos & Vargas-Leitón, 2024). Esta situación complica el manejo diario del hato y limita la investigación a nivel poblacional, especialmente en áreas como la genética (Sánchez-Hernández et al., 2020).

Los sistemas caprinos locales se caracterizan por un uso frecuente de cruzamientos, con una minoría de animales de razas puras como la Saanen y Toggenburg (Chacón-Villalobos & Mora-Valverde, 2017; Soto-Barrientos & Vargas-Leitón, 2024). El uso de cruces puede permitir un mejor aprovechamiento de la heterosis (Getahun et al., 2019); sin embargo, esto requiere de una adecuada planificación basada en el conocimiento de las razas involucradas. Se ha evidenciado además una baja disponibilidad de machos reproductores (Chacón-Villalobos & Mora-Valverde, 2017; Soto-Barrientos & Vargas-Leitón, 2024), lo que puede contribuir a disminuir la variabilidad genética dentro de la población, afectando su potencial de mejora (Bangar et al., 2022).

La estimación de parámetros genéticos es esencial en los programas de mejoramiento genético, ya que permite la estimación de valores genéticos predichos y optimizar la respuesta a la selección mediante la elección de animales con las mejores características para ser utilizados como progenitores (Shirzeyli et al., 2023). El potencial de selección depende en gran medida de la heredabilidad del rasgo evaluado y de su correlación genética con otros caracteres (Dige et al., 2021). En poblaciones pequeñas es común que machos y hembras estén emparentados, lo que conduce a una reducción de la diversidad genética y un incremento en la endogamia (Jonkus et al., 2023). Esto

puede causar afectación en rasgos clave, como la edad al primer servicio y la edad al primer parto (Sahoo et al., 2023), características relacionadas con el crecimiento.

Los modelos de regresión aleatoria basados en polinomios Legendre se han utilizado para estimar curvas de crecimiento a nivel individual, lo que permite estimar valores genéticos a distintas edades, ajustar las trayectorias de crecimiento medio y modelar los efectos ambientales aditivos y permanentes (Mendonça Vaz et al., 2024). En estudios previos sobre crecimiento en caprinos se han reportado efectos fijos significativos de año de nacimiento, sexo, tipo de nacimiento, edad o peso de la madre al parto, grupo contemporáneo y hato (Castro et al., 2020; Dige et al., 2021; Erdoğan Ataç et al., 2023; Shirzeyli et al., 2023). De ahí la importancia de considerar estos factores al modelar trayectorias de crecimiento o al estimar parámetros genéticos para programas de selección.

Los estimados de heredabilidad directa para rasgos de crecimiento en caprinos presentan variabilidad en función de la raza, la edad de los animales y el modelo estadístico empleado. En general, oscilan desde 0,13 al nacimiento, con un peso corporal entre 2,5 y 4,1 kg, hasta 0,55 en animales de aproximadamente un año, cuyos pesos fluctúan entre 23 y 31,8 kg (Barazandeh et al., 2012; Castro et al., 2020; Latifi et al., 2021). La heredabilidad materna fluctúa desde 0,25, para el peso al nacimiento, hasta menos de 0,05, para el peso a edades avanzadas (Dige et al., 2021; Latifi et al., 2021). Esto refleja mayor influencia materna en etapas tempranas y predominio del componente genético directo en etapas posteriores (Dige et al., 2021; Rashidi et al., 2015).

A nivel local no se dispone de estimaciones de parámetros genéticos para rasgos de crecimiento en cabras; tampoco se han realizado evaluaciones genéticas en esta especie. Esta información es importante para el diseño y optimización de programas de selección en la población local. Por ello, el objetivo de este estudio fue estimar parámetros genéticos de crecimiento mediante modelos de regresión aleatoria en un hato caprino lechero.

Materiales y métodos

Fuente de información

Los datos analizados fueron recolectados del hato caprino de la Finca Experimental Santa Lucía, perteneciente a la Universidad Nacional (UNA), en el periodo comprendido entre los años 2008 y 2024. Esta explotación se encuentra situada en Santa Lucía de Barva, Heredia, Costa Rica, en las coordenadas 10°1' 20" de latitud norte y 84°06'45" de longitud oeste, a una altitud de 1250 m s. n. m. El sitio presenta un clima tropical caracterizado por dos estaciones, una seca entre diciembre y abril, y una lluviosa de mayo a noviembre. La precipitación anual promedio es de 2371 mm, con una humedad relativa de 78 %, y una temperatura media anual de 21,5 °C, con máximas de 29,9 °C y mínimas de 9,4 °C (Instituto Meteorológico Nacional [IMN], 2017).

Manejo de la explotación

El hato investigado presenta un sistema de explotación de tipo semi-intensivo con un enfoque principal en producción de leche, complementado con crianza de machos reproductores. Todas las crías permanecieron con sus madres durante los primeros cinco días y luego pasaron a crianza artificial con sustituto de leche hasta la edad de destete, aproximadamente a los tres meses de edad.

Los machos destetados se mantuvieron en confinamiento desde el destete hasta su descarte o venta como reproductores. Las hembras destetadas permanecieron en confinamiento con acceso a concentrado, agua, minerales y forraje picado en canoa. El primer servicio se realizó bajo los criterios de un peso mínimo de 35 kg y una edad de al menos ocho meses. El promedio de edad a primer parto durante el periodo evaluado fue de aproximadamente 22 meses.

Una vez paridas, las hembras ingresaron a un sistema semi-intensivo con pastoreo matutino en estrella africana (*Cynodon nlemfuensis*) y confinamiento el resto del día. La dieta varió entre king grass (*Pennisetum purpureum*), botón de oro (*Tithonia diversifolia*) y morera (*Morus alba*), además de paca de Transvala (*Digitaria decumbens*), ensilaje de sorgo (*Sorghum almum*) o maíz (*Zea mays*), y melaza en época seca. Se ofreció alimento concentrado según la etapa productiva, con libre acceso a agua y minerales.

El control de parásitos se basó en análisis mensuales de carga parasitaria; se desparasitaron los animales con más de 800 huevos por gramo de heces. Se implementaron controles sanitarios periódicos para garantizar el estatus libre de brucelosis y tuberculosis, y desde el 2016 el hato se mantuvo libre del virus de artritis encefalitis caprina (VAEC). Para el manejo de las eventualidades sanitarias, se contó con la atención de médico veterinario.

Datos de pesaje

La información analizada se obtuvo de la base de datos generada por el Programa de Producción Sostenible de Rumiantes Menores de la UNA. Los registros fueron gestionados mediante el *software* Ovinca versión 10 (Unidad Sistemática de Asistencia Técnica Integral Agropecuaria [USATI], 2021). Se incluyeron los pesos al nacimiento y al destete, el cual se realizó aproximadamente a los 90 días de edad. Posteriormente, los animales fueron pesados mensualmente utilizando una balanza electrónica portátil con una exactitud de ± 1 %.

Los registros de pesos se clasificaron por edad mediante redondeo simple al mes próximo superior. En caso de registros múltiples para un mismo animal en un mismo mes, se utilizó el promedio de las mediciones disponibles. Se emplearon solo datos de pesaje realizados entre el nacimiento y los 30 meses de edad, y se incluyeron solo animales con al menos tres registros de peso en tres distintas edades. Para descartar posibles valores extremos, se eliminaron pesos que excedieron las tres desviaciones estándar con respecto al promedio de peso dentro de cada sexo y mes de edad. Se eliminaron 35,7 % de los registros por el criterio de edad, 0,34 % por pesos extremos y 12,6 % por pesos insuficientes a nivel individual.

La base de datos analizada contó con 6127 registros de peso provenientes de 496 animales (388 hembras y 108 machos). El número promedio de pesajes por animal fue de 12,4, con mediana de 11, mínimo de 3 y máximo de 26. Los animales fueron clasificados en dos grupos raciales: Saanen y Saanen \times Toggenburg (Cuadro 1). La mayoría de los pesajes correspondieron a hembras de la raza Saanen, hijas de madres multíparas y provenientes de partos múltiples. Los registros de peso se agruparon en 33 grupos contemporáneos con base en el año y época de medición. Los grupos con poca representación fueron adjuntados a la época más próxima del siguiente año.

Estructura de la genealogía

Se conformó un archivo de genealogía con base en la información extraída del *software* Ovinca (USATI, 2021) (Cuadro 2). Se realizó una revisión exhaustiva de la consistencia de la genealogía con base en los siguientes criterios: congruencia en la secuencia de eventos, edades mínimas y máximas de reproducción, y consistencia de la identificación. El pedigrí resultante se extendió hasta un máximo de 11 generaciones. Con base en la información genealógica se estimaron coeficientes de consanguinidad (F) para todos los individuos dentro de la población.

Cuadro 1. Cantidad de registros, promedios y desviación estándar (DE) de peso (kg) y edad (mes), globales y por cada categoría de efectos fijos. Hato caprino, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Periodo 2008-2024.

Table 1. Number of records, averages and standard deviation (SD) for weight (kg) and age (month), overall and by fixed-effects category. Goat herd, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Period 2008–2024.

Categoría	Registros de peso	Peso (\pm DE, kg)	Edad (\pm DE, meses)
Global	6127	31,9 \pm 15,4	13,4 \pm 8,4
Sexo			
Machos	832	31,1 \pm 19,3	10,0 \pm 7,8
Hembras*	5295	32,0 \pm 14,7	13,9 \pm 8,4
Raza			
Saanen	4046	32,1 \pm 15,9	13,5 \pm 8,5
Saanen \times Toggenburg	2081	31,4 \pm 14,5	13,2 \pm 8,3
Paridad (de la madre)			
Primer parto	1833	31,9 \pm 14,8	13,7 \pm 8,5
Segundo parto	1650	31,5 \pm 15,4	13,3 \pm 8,4
Tercer parto	1048	30,5 \pm 15,2	13,1 \pm 8,5
Cuarto parto	788	33,8 \pm 16,2	13,6 \pm 8,3
Cinco o más partos	808	32,6 \pm 16,1	13,3 \pm 8,3
Tipo de parto (de la madre)			
Parto simple	1755	32,3 \pm 15,2	13,0 \pm 8,3
Parto múltiple	4372	31,7 \pm 15,5	13,6 \pm 8,5

* El peso promedio de hembras fue mayor porque su edad promedio fue más alta. / *The average weight of females was higher because their average age was higher.

Estimación de parámetros genéticos

Para la estimación de parámetros genéticos se ajustó un modelo de regresión aleatoria basado en polinomios Legendre, según se describe en la ecuación 1.

$$Y_{ij} = F_{ij} + \sum_{m=1}^3 b_m \varphi_m(t_i) + \sum_{m=1}^3 s_m^{(S)} \varphi_m(t_i) + \sum_{m=0}^2 \alpha_{jm} \varphi_m(t_i) + \sum_{m=0}^2 \gamma_{jm} \varphi_m(t_i) + \sum_{m=0}^2 \delta_{jm} \varphi_m(t_i) + \varepsilon_{ij} \quad (1)$$

Donde:

Y_{ij} = Peso corporal (kg) observado en el tiempo t_i para el animal j .

F_{ij} = Efectos fijos con potencial efecto sobre el peso corporal. Se consideraron efectos fijos de grupo contemporáneo (133 grupos contemporáneos conformados por combinación de año [2008-2024] y época del pesaje [lluviosa, seca]), sexo (macho, hembra), grupo racial (Saanen, Saanen \times Toggenburg), número de parto de la madre (1,2,3, 4, \geq 5) y tipo de parto de la madre (simple, múltiple).

Cuadro 2. Estructura de la genealogía asociada a la población caprina analizada. Hato caprino, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Periodo 2008-2024.

Table 2. Genealogy structure associated with the analyzed goat population. Goat herd, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Period 2008–2024.

Parámetro	Valor
Animales en pedigrí inicial	1213
Animales con solo padre desconocido	58
Animales con solo madre desconocida	2
Animales con ambos padres desconocidos	70
Animales con registros de peso	496
Animales sin registros de peso	717
Número de padres	49
Padres con registros de peso en progenie	33
Padres con registros de peso propios y en progenie	14
Número de madres	270
Madres con registros de peso en progenie	201
Madres con registros de peso propios y en progenie	170
Número de animales con abuelos paternos conocidos	660
Número de animales con abuelas paternas conocidas	706
Número de animales con abuelos maternos conocidos	848
Número de animales con abuelas maternas conocidas	890

$\Phi_m(t_{ij})$ = Función base del polinomio Legendre ortogonal, evaluado en la edad estandarizada $t_i \in [-1 \leq t \leq 1]$.
 b_m = Coeficientes fijos del polinomio Legendre, que describen la trayectoria general de peso según edad estandarizada $t_i \in [-1 \leq t \leq 1]$, con $m = 1$ lineal, $m = 2$ cuadrático, $m = 3$ cúbico.

$s_m^{(S)}$ = Coeficientes fijos del polinomio Legendre, que describen la trayectoria del peso según edad estandarizada para cada sexo S .

α_{jm} = Efecto aleatorio genético aditivo del animal j , asociado al término m del polinomio, con coeficientes $m = 0$ intercepto, $m = 1$ lineal, $m = 2$ cuadrático.

γ_{jm} = Efecto aleatorio de ambiente permanente del animal j , asociado al término m del polinomio.

δ_{jm} = Efecto aleatorio genético aditivo materno correspondiente al animal j , asociado al término m del polinomio.

ε_{ij} = Error aleatorio asociado con peso i del animal j .

El modelo descrito fue seleccionado después de explorar distintos modelos alternos en los que se utilizaron polinomios de mayor orden. También se exploró la adición de un efecto de ambiente permanente materno. El modelo final se seleccionó con base en criterios de ajuste estadístico, parsimonia e interpretabilidad biológica.

Los componentes de varianza y parámetros genéticos para peso corporal se estimaron mediante el algoritmo de máxima verosimilitud restringida implementado en el *software* WOMBAT (Meyer, 2007). Se modelaron varianzas heterogéneas para los residuales del peso mediante una función escalonada en seis intervalos de edad. Se asumieron como valores iniciales 0,5 kg² (meses 1), 1 kg² (meses 2), 4 kg² (meses 3 a 6), 6 kg² (meses 7 a 11), 10 kg² (meses 12 a 19) y 20 kg² (meses 20 a 30).

El mismo modelo se utilizó para obtener estimados de valores de cría por el método BLUP para peso corporal a edades específicas de todos los animales incluidos en el pedigrí. Las soluciones suministradas por WOMBAT, correspondientes a desviaciones aleatorias de los coeficientes de regresión para cada animal, fueron convertidas a valores de cría (VC). Estos valores se calcularon para pesos a edades (t) de 6 y 12 meses, mediante la ecuación 2:

$$VC_{i,t} = \sum_{k=0}^2 \Phi_k a'_i \quad (2)$$

Donde a corresponde al vector de soluciones por animal (efecto aditivo directo), que involucra el intercepto o nivel genético medio, y dos coeficientes de regresión aleatoria (lineal y cuadrático), mientras que Φ está constituido por los coeficientes del polinomio Legendre correspondientes a las edades (t) seleccionadas (6 y 12 meses). Mediante el mismo procedimiento se calcularon los VC para el componente aditivo materno, utilizando el vector de coeficientes correspondiente a cada animal para dicho componente.

Con base en los valores de cría obtenidos se estimaron tendencias genéticas para los efectos genéticos aditivos directo y materno. Se calcularon los promedios de valor de cría para peso a edades de 6 y 12 meses, según el año de nacimiento de los animales. Los resultados se exploraron gráficamente para evaluar posibles tendencias.

Resultados

Tendencias generales

Se analizaron 6127 registros de peso corporal correspondientes a cabras de las razas Saanen y Saanen × Toggenburg con edades desde el nacimiento hasta los 30 meses. Se contó con una mayor disponibilidad de registros ($n = 496$) para la primera categoría de edad, los cuales en su gran mayoría correspondieron a pesos al nacimiento. La cantidad de registros se redujo en el segundo mes ($n = 47$), y luego se incrementó nuevamente, manteniéndose en el rango entre 123 y 340 registros desde el destete (tercer mes) hasta el mes 30. Se evidenció un peso mayor de los machos principalmente a partir del tercer mes, con diferencias que tendieron a ampliarse conforme avanzó la edad (Figura 1).

Los promedios globales (\pm DE, desviación estándar) para peso corporal y edad fueron de $31,9 \pm 15,4$ kg y $13,4 \pm 8,4$ meses, respectivamente (Cuadro 1). Los promedios de peso por edad oscilaron entre 3,2 kg al nacimiento y 50,7 kg a los 30 meses (Figura 1). Los promedios generales de peso por edad indicaron una trayectoria no lineal de crecimiento, con aumentos de peso crecientes hasta aproximadamente los 15-16 meses, seguidos por incrementos decrecientes hasta aproximadamente los 26 meses, después de lo cual el peso se estabilizó alrededor de los 50 kg.

Consanguinidad

El promedio global de consanguinidad (F) fue de $1,71 \pm 4,2$ %, y aumentó a 4,81 % cuando se incluyeron solo animales endogámicos ($F > 0$) (Cuadro 3). Los valores individuales de F oscilaron desde un mínimo de 0 hasta un máximo de 31,6 %. Más de la tercera parte de los animales de la población mostraron algún grado de consanguinidad ($F > 0$). Cerca del 10 % de los animales exhibió niveles de consanguinidad superiores al 5 %, y aproximadamente un 5 % presentó $F > 10$ %. Al analizar los promedios de F según año de nacimiento, se alcanzó un F máximo de 5,4 % para animales nacidos en el año 2012; posteriormente, se redujo, manteniéndose estable en el rango entre 1,5 y 2 % para animales nacidos después del 2018.

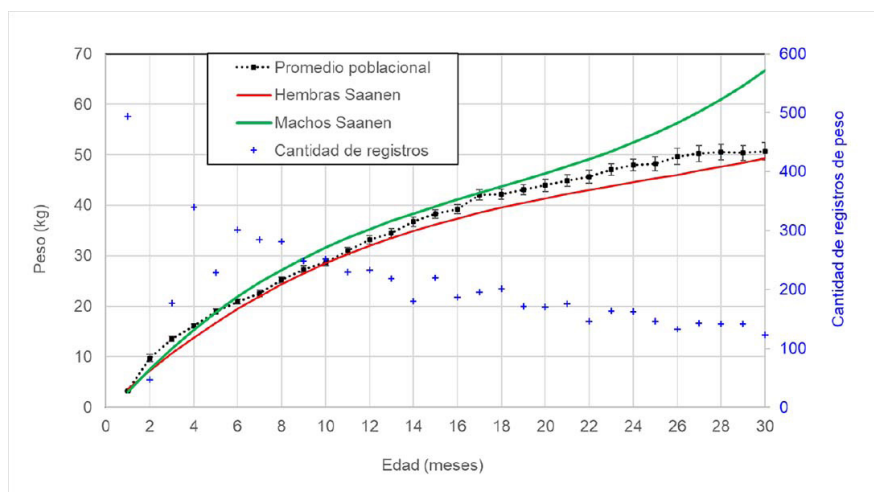


Figura 1. Promedios poblacionales de peso corporal (■, kg \bar{x} e IC 95 %) según edad (meses), cantidad de registros (+), y curvas de crecimiento estimadas mediante polinomios ortogonales Legendre para hembras y machos de raza Saanen. Hato caprino, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Periodo 2008-2024.

Figure 1. Population averages of body weight (■, kg \bar{x} and 95 % CI) according to age (months), number of records (+), and growth curves estimated using orthogonal Legendre polynomials for Saanen breed females and males. Goat herd, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Period 2008-2024.

Cuadro 3. Promedio poblacional de consanguinidad (F , %) y distribución de animales según grado de consanguinidad. Hato caprino, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Periodo 2008-2024.

Table 3. Average inbreeding coefficient (F , %) and distribution of animals according to inbreeding level. Goat herd, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Period 2008–2024.

Parámetro	Valor	Porcentaje
Promedio F (total de animales)	1,71	
Promedio F (solo animales consanguíneos, $F > 0$)	4,81	
Animales con $F = 0$ %	782	64,5
Animales con $F > 0$ %	431	35,5
Animales con $F > 5$ %	131	10,8
Animales con $F > 10$ %	60	4,9

Ajuste del modelo genético

El modelo descrito en la ecuación 1 convergió de manera satisfactoria después de doce iteraciones. El valor de LogL osciló desde -12418 hasta -10460 , con un cambio en LogL $< 0,001$ en la última iteración. Los valores de los criterios de ajuste AIC y BIC también fueron favorables, con tendencias progresivas a la reducción. Los resultados del modelo indicaron efectos altamente significativos ($p < 0,0001$) para todos los efectos fijos (grupo contemporáneo, sexo, raza, número de parto y tipo de parto).

Se observó que, para el componente genético aditivo directo, la varianza atribuida al intercepto acaparó mayor importancia, con más del 90 % de la varianza explicada (Cuadro 4). Esto denota la relevancia de los factores

genéticos sobre el peso promedio de los animales, y en menor grado sobre la ganancia de peso (coeficiente lineal) y la inflexión de la trayectoria de crecimiento (coeficiente cuadrático), que presentaron porcentajes de varianza atribuida de 8,9 y <0,07 %, respectivamente. La correlación entre el intercepto y el coeficiente lineal fue >60 %, lo que sugiere que animales con mayores pesos tienden a mayores ganancias de peso.

Cuadro 4. Matrices de varianza/covarianza, errores estándar y correlaciones para coeficientes de regresión estimados para efectos aleatorios genéticos aditivos directo y materno, y de ambiente permanente directo. Hato caprino, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Periodo 2008-2024.

Table 4. Variance/covariance matrices, standard errors, and correlations for estimated regression coefficients for additive direct and maternal genetic random effects, and direct permanent environment effects. Goat herd, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Period 2008–2024.

Componente	Covarianzas			Errores estándar			Correlaciones			λ	% λ^*
	I	L	C	I	L	C	I	L	C		
Aditivo directo											
Intercepto (I)	8,33			4,80			1,00			9,5	91,10
Lineal (L)	1,92	1,07		2,27	1,43		0,64	1,00		0,9	8,83
Cuadrático (C)	-2,37	-0,12	0,97	1,29	0,63	0,56	-0,83	-0,12	1,00	0,01	0,07
Aditivo materno											
Intercepto	8,27			3,59			1,00			9,5	99,04
Lineal	3,00	1,18		1,76	1,10		0,96	1,00		0,1	0,94
Cuadrático	-1,08	-0,37	0,15	0,82	0,44	0,32	-0,97	-0,89	1,00	0,0	0,02
Ambiente permanente											
Intercepto	30,98			4,10			1,00			36,4	76,63
Lineal	11,33	11,52		2,26	1,65		0,60	1,00		11,1	23,37
Cuadrático	-4,72	3,91	5,02	1,14	0,81	0,62	-0,38	0,51	1,00	0,0	0,00

* Varianza (%) explicada por el regresor respectivo. / * Variance (%) explained by the respective regressor.

Para el componente genético aditivo materno la varianza atribuida al intercepto acaparó más del 99 % de la varianza explicada (Cuadro 4). Esto denota que los factores genéticos aportados por la madre ejercieron también una influencia importante, principalmente sobre el peso promedio de los animales, con efecto mínimo sobre ganancia de peso (coeficiente lineal) e inflexión de la curva (coeficiente cuadrático), cuyo porcentaje conjunto de varianza explicada fue menor al 1 %. La correlación entre el componente de intercepto y lineal fue >90 %, indicando una relación estrecha con peso y ganancia de peso de los animales.

El estimado de varianza obtenido para el componente de ambiente permanente fue de mayor magnitud comparado con los anteriores (Cuadro 4). Según se denota en los porcentajes de varianza explicada por cada coeficiente, este componente ejerció su mayor influencia sobre el peso promedio de los animales (intercepto), pero también sobre la ganancia de peso (coeficiente lineal). Se observó también una correlación moderada/alta entre el intercepto y el coeficiente lineal, lo que sugiere que efectos positivos del ambiente sobre el peso promedio de los animales conllevan también a mayores ganancias de peso.

Los errores estándar asociados a los estimados de varianza/covarianza fueron altos, sobre todo los relacionados con los componentes aditivos directo y materno (Cuadro 4). Esto puede relacionarse con el número relativamente bajo de individuos analizados. Asimismo, refleja una alta variabilidad en la población bajo estudio.

De manera exploratoria se evaluaron modelos alternos de mayor complejidad. Al evaluar el ajuste de polinomios Legendre de mayor orden para los efectos aditivo directo, materno y de ambiente permanente directo, se logró en algunos casos reducciones adicionales de baja magnitud en los valores de LogL; sin embargo, los estimadores de los parámetros genéticos, sobre todo las correlaciones genéticas, fueron menos estables y consistentes. Se observó también mayor dificultad para lograr la convergencia en el proceso iterativo, fallando en numerosas ocasiones. En los casos donde se alcanzó convergencia, los autovalores de los componentes de varianza de mayor orden presentaron valores muy cercanos a cero, lo que indicó una contribución mínima a la varianza explicada por el modelo.

Se evaluó también la inclusión del componente de ambiente permanente materno en el modelo, pero los valores de varianza para este componente fueron cercanos a cero para todas las edades, por lo que no se justificó su adición. De manera similar, se exploró la inclusión del efecto de covarianza entre los efectos genéticos directo y materno, pero el modelo no convergió de manera satisfactoria. En consecuencia, se consideró que el modelo descrito en ecuación 1 fue el que logró un mejor equilibrio entre ajuste estadístico adecuado, parsimonia e interpretabilidad biológica.

En la ecuación 1, la varianza fenotípica para peso corporal mostró un aumento progresivo entre el nacimiento y los 30 meses de edad (Figura 2). El valor para el primer mes fue muy bajo, debido a que se obtuvo casi exclusivamente a partir de pesos al nacimiento. En los meses iniciales (1 hasta 4) se observó un predominio de la varianza residual, que tendió a estabilizarse en niveles más moderados conforme avanzó la edad. La varianza residual mostró un patrón escalonado en relación con la edad, posiblemente ligado a las varianzas heterogéneas preasumidas por el modelo propuesto. Los valores finales de varianzas residuales y sus errores estándar fueron $0,26 \pm 0,09$ (mes 1), $8,59 \pm 1,81$ (mes 2), $9,47 \pm 0,46$ (meses 3 a 6), $5,20 \pm 0,25$ (meses 7 a 11), $10,19 \pm 0,41$ (meses 12 a 19) y $20,29 \pm 0,79 \text{ kg}^2$ (meses 20 a 30).

La varianza atribuida al componente de ambiente permanente se incrementó de manera sostenida a partir del tercer mes y con mayor celeridad después del vigésimo. La magnitud de las varianzas aditivas directa y materna iniciaron en valores bajos, luego se observó un incremento moderado, y se mantuvieron relativamente constantes a partir del doceavo mes. La varianza residual mostró aumentos más marcados conforme la edad, lo que refleja mayor influencia de factores no genéticos en las etapas finales (Figura 2).

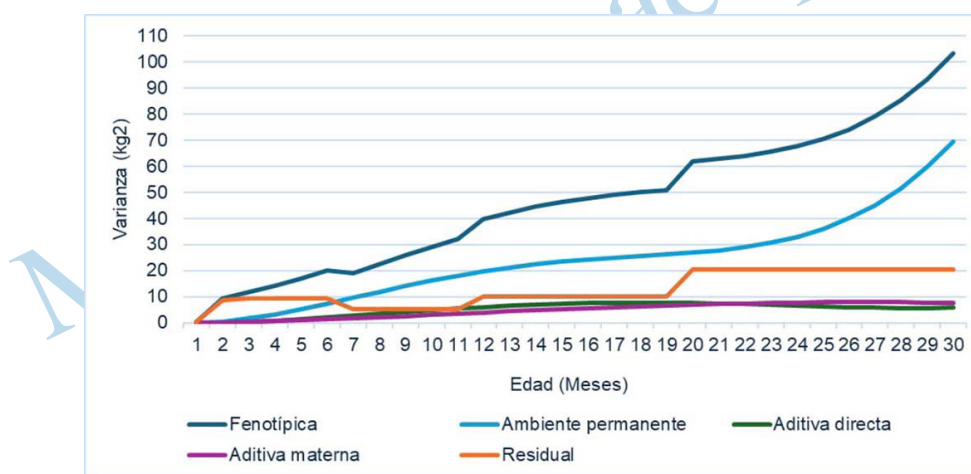


Figura 2. Tendencias en varianza fenotípica, aditiva directa y materna, ambiente permanente y residual, para el peso corporal en cabras desde 1 a 30 meses de edad. Hato caprino, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Periodo 2008-2024.

Figure 2. Trends in phenotypic, direct and maternal additive variance, permanent and residual environment, for body weight in goats from 1 to 30 months of age. Goat herd, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Period 2008–2024.

La estimación de heredabilidad directa (h^2) fue más alta para la primera categoría de edad en comparación con las demás, aunque estuvo acompañada de un elevado error estándar (Cuadro 5). A partir del segundo mes, los valores estimados de h^2 directa aumentaron progresivamente, desde 0,02 hasta un máximo de 0,17 entre los 9 y 11 meses de edad. Posteriormente, se observó una tendencia decreciente hasta los 30 meses. La heredabilidad materna presentó un valor más alto al nacimiento (0,25) en comparación con la heredabilidad directa, seguida por un descenso marcado a los dos meses. Para edades posteriores, ambos parámetros siguieron un patrón similar, pero con valores inferiores para heredabilidad materna hasta el mes veinte. En edades subsecuentes ambos estimados fueron similares. Los errores estándar asociados a estas estimaciones fueron más elevados en el primer mes, se redujeron en edades intermedias, y tendieron a elevarse nuevamente en edades más altas (Cuadro 5).

Cuadro 5. Estimados de heredabilidad directa (h^2_d), heredabilidad materna (h^2_m) y ambiente permanente directo (AP_d) para peso corporal en cabras desde 1 a 30 meses de edad. Hato caprino, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Periodo 2008-2024.

Table 5. Estimates of direct heritability (h^2_d), maternal heritability (h^2_m), and direct permanent environment (AP_d) for body weight in goats from 1 to 30 months of age. Goat herd, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Period 2008–2024.

Edad (meses)	h^2_d	E.E	h^2_m	E.E	AP_d	E.E
1	0,12	0,09	0,25	0,07	0,03	0,20
2	0,01	0,01	0,02	0,01	0,06	0,02
3	0,03	0,02	0,03	0,01	0,14	0,02
4	0,06	0,03	0,05	0,02	0,23	0,03
5	0,08	0,04	0,06	0,03	0,31	0,03
6	0,10	0,05	0,06	0,03	0,37	0,04
7	0,14	0,06	0,09	0,04	0,50	0,06
8	0,15	0,07	0,09	0,05	0,53	0,06
9	0,16	0,07	0,10	0,05	0,54	0,06
10	0,16	0,07	0,10	0,05	0,56	0,07
11	0,17	0,08	0,11	0,05	0,56	0,07
12	0,15	0,07	0,10	0,05	0,50	0,06
13	0,15	0,07	0,10	0,05	0,50	0,06
14	0,16	0,07	0,11	0,05	0,51	0,06
15	0,16	0,07	0,11	0,05	0,51	0,06
16	0,16	0,07	0,12	0,05	0,51	0,06
17	0,16	0,08	0,12	0,05	0,51	0,06
18	0,16	0,08	0,13	0,05	0,51	0,07
19	0,15	0,08	0,13	0,06	0,52	0,07
20	0,12	0,07	0,11	0,05	0,44	0,06
21	0,12	0,07	0,12	0,05	0,44	0,06
22	0,11	0,07	0,12	0,05	0,45	0,06
23	0,11	0,07	0,12	0,05	0,47	0,06
24	0,10	0,07	0,12	0,06	0,49	0,06
25	0,09	0,07	0,11	0,06	0,51	0,07
26	0,08	0,08	0,11	0,06	0,54	0,07
27	0,07	0,08	0,10	0,06	0,57	0,07
28	0,07	0,08	0,09	0,06	0,60	0,07
29	0,06	0,08	0,08	0,06	0,64	0,07
30	0,06	0,08	0,07	0,06	0,67	0,08

El componente de ambiente permanente representó una proporción muy baja de la varianza en el primer mes (0,03), pero mostró un aumento sostenido, con valores cercanos a 0,50 alrededor de los 7 meses. A edades más avanzadas este efecto superó el valor 0,60. Los errores estándar asociados a edades mayores a 2 meses fueron moderados.

Las correlaciones genéticas aditivas directas para pesos registrados entre los 2 y 30 meses de edad fueron en su mayoría positivas y de magnitud moderada ($>0,60$) o alta ($>0,80$), con valores cercanos a la unidad para correlaciones entre pesos de edades adyacentes (Figura 3A). En contraste, el peso al nacimiento (edad 1) presentó correlaciones bajas ($<0,20$) e incluso negativas con edades extremas.

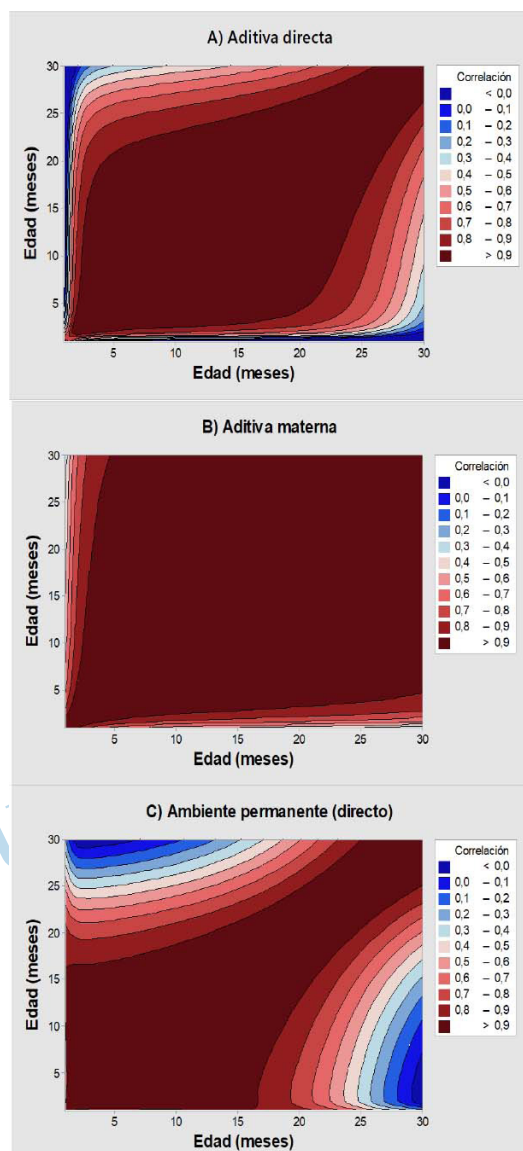


Figura 3. Correlaciones genéticas aditivas A) directas y B) maternas, y correlaciones C) ambientales permanentes para pesos corporales de cabras desde 1 a 30 meses de edad. Hato caprino, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Periodo 2008-2024.

Figure 3. A) Direct and B) maternal additive genetic correlations, and C) permanent environmental correlations for goat body weights from 1 to 30 months of age. Goat herd, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Period 2008–2024.

Las correlaciones genéticas aditivas maternas fueron positivas y altas ($>0,80$) en su mayoría, con una tendencia aún más marcada a valores cercanos a la unidad para edades adyacentes (Figura 3B). Las correlaciones de ambiente permanente mostraron una tendencia similar, con valores moderados ($>0,70$) o altos ($>0,80$) (Figura 3C).

Los errores estándar asociados a las correlaciones fueron de magnitud variable. Se observaron errores estándar de magnitud alta para las correlaciones que involucraron la primera categoría de edad, así como para las edades más avanzadas, llegando en algunos casos a valores similares o mayores que la correlación estimada. Estos altos errores estándar reflejan que las correlaciones correspondientes deben interpretarse con cautela. En edades intermedias, la magnitud de los errores estándar fue más moderada, lo que reflejó una mayor precisión en las correlaciones asociadas.

Los estimados de valor de cría derivados del efecto aditivo directo oscilaron desde $-2,33$ hasta $1,80$ kg para peso corporal a la edad de 6 meses y desde $-3,90$ hasta $3,20$ kg para peso corporal a la edad de 12 meses (Figura 4). Los rangos de variación observados para los valores de cría obtenidos a partir del efecto aditivo materno fueron más reducidos, oscilando desde $-1,67$ hasta $2,24$ kg para los 6 meses de edad, y desde $-2,91$ hasta $3,76$ kg para los 12 meses de edad (Figura 4). A diferencia del efecto directo, los valores de cría del efecto materno no se centraron alrededor del cero, sino que se ubicaron más arriba en el gráfico.

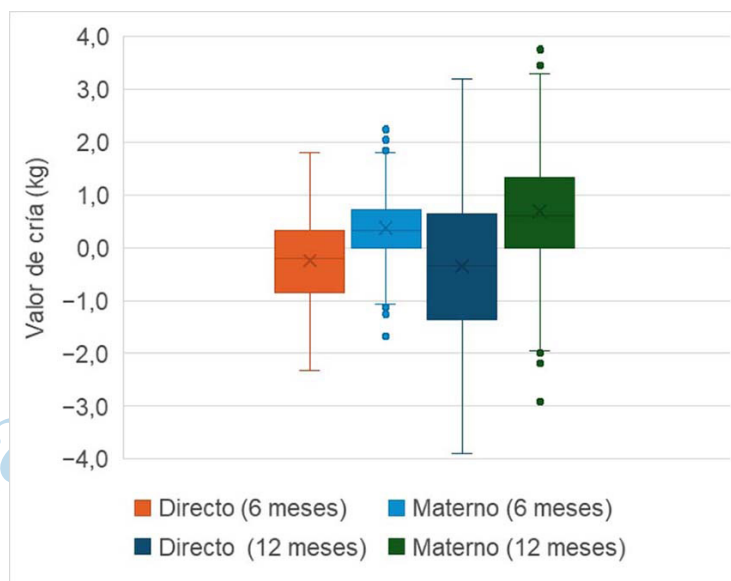


Figura 4. Diagramas de caja con valores de cría para pesos corporales a edades de 6 meses y 12 meses, estimados a partir de los efectos genéticos aditivos directo y materno. Hato caprino, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Periodo 2008-2024.

Figure 4. Box plots with breeding values for body weights at ages 6 months and 12 months, estimated from the direct and maternal additive genetic effects. Goat herd, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Period 2008–2024.

Los promedios de valor de cría según año de nacimiento estimados a partir del efecto genético aditivo directo no mostraron un patrón uniforme ascendente, pero sí evidenciaron una clara tendencia hacia valores más positivos para animales nacidos después del 2016, en comparación con los nacidos en años anteriores (Figura 5). El mismo patrón se observó en ambas edades, aunque más pronunciado para los 12 meses. Los valores respectivos estimados a partir del efecto genético aditivo materno fueron más homogéneos, con ligera tendencia a reducción a partir del año 2016.

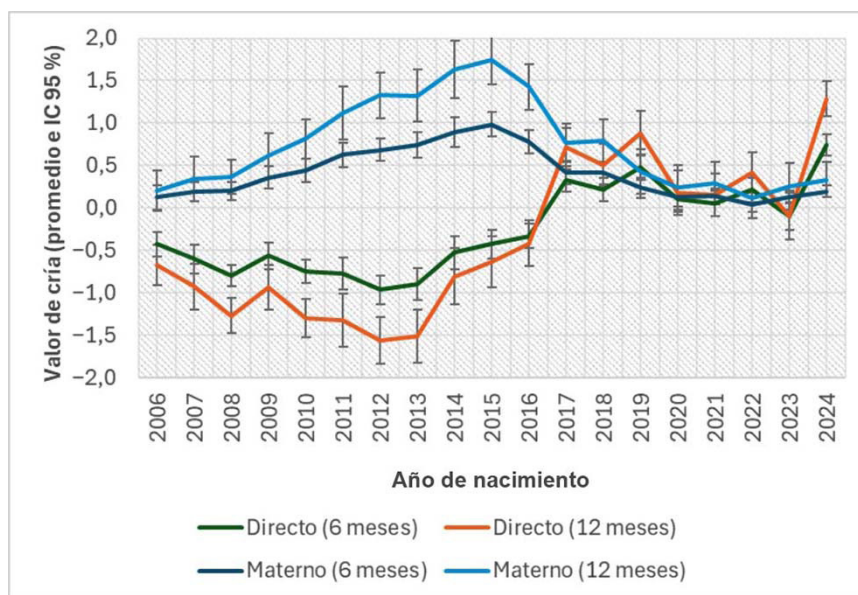


Figura 5. Tendencia en valores de cría (\bar{x} e IC 95 %) para peso corporal a 6 y 12 meses de edad, según año de nacimiento, estimados a partir de los efectos genéticos aditivos directo y materno. Hato caprino, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Periodo 2006-2024.

Figure 5. Trend in breeding values (\bar{x} and 95 % CI) for body weight at 6 and 12 months of age, according to year of birth, estimated from the direct and maternal additive genetic effects. Goat herd, Finca Experimental Santa Lucía, Universidad Nacional. Period 2006-2024.

Discusión

El presente estudio abarcó un rango más amplio de edades y contó con un promedio más alto de pesajes por animal en comparación con investigaciones previas realizadas en la misma especie (Barazandeh et al., 2012; Castro et al., 2020; Molina et al., 2007). Esta estructura de datos permite explorar las interrelaciones genéticas entre las distintas etapas de crecimiento (Molina et al., 2007).

Los polinomios Legendre de tercer orden ofrecieron un ajuste más parsimonioso de los datos de crecimiento, lo cual es congruente con los resultados reportados por Castro et al. (2020). El uso de polinomios de mayor orden generó complicaciones de convergencia, o presentó mejorías muy reducidas en los criterios de ajuste, situación que también ha sido reportada previamente (Sousa et al., 2010). La inclusión del componente de ambiente permanente materno, así como la covarianza entre los efectos genéticos directo y materno, no se justificó en el presente estudio. No obstante, la capacidad para detectar estos efectos podría ser influenciada por la estructura de los datos (Boujenane & Diallo, 2017) o por el bajo número de madres evaluadas (Castro et al., 2020).

En congruencia con lo reportado en otros estudios (Barazandeh et al., 2012; Kheirabadi & Rashidi, 2016), la mayor proporción de la varianza explicada por el modelo fue atribuida al intercepto, que representa la variación en peso promedio de los animales atribuida a efectos genéticos. La menor proporción explicada por los coeficientes lineal y cuadrático sugiere una menor influencia genética sobre la inclinación y la forma de la curva de crecimiento (Kariuki et al., 2010). Sin embargo, los elevados errores estándar de los estimados obtenidos dificultan establecer conclusiones definitivas. La amplitud del periodo de crecimiento analizado y el uso de edades categorizadas por

mes son factores que podrían contribuir a los elevados errores estándar. La distribución subóptima de los registros de pesaje entre las distintas edades también es un factor para tomar en cuenta.

Al igual que lo reportado por Barazandeh et al. (2012) y Molina et al. (2007) tanto la varianza fenotípica como el efecto ambiental permanente mostraron un incremento constante con la edad. Por el contrario, las varianzas genéticas aditiva directa y materna presentaron un comportamiento distinto. Esto podría atribuirse a una mayor varianza residual a edades más avanzadas (Barazandeh et al., 2012), posiblemente asociada a variaciones de peso debido a procesos de gestación y parto en hembras primerizas.

El patrón de la varianza ambiental permanente coincidió con lo reportado en la literatura, mostrando estimaciones más altas en edades avanzadas (Barazandeh et al., 2012; Castro et al., 2020; Kheirabadi & Rashidi, 2016). Las condiciones de estudio podrían haber contribuido a valores menores de varianza por ambiente permanente en los primeros meses, mientras que la influencia ambiental sobre el crecimiento habría aumentado con la edad, favorecida además por el acceso a pastoreo. Conforme los animales crecen enfrentan desafíos ambientales más diversos, lo que permite evaluar mejor su capacidad de respuesta al estrés (Kariuki et al., 2010).

Las estimaciones de heredabilidad directa mostraron magnitudes inferiores a las obtenidas en varios estudios previos (Castro et al., 2020; Dige et al., 2021; Shi et al., 2025), similares a las reportadas por Meza-Herrera et al. (2019) y superiores a las descritas por Shirzeyli et al. (2023). Los valores más altos de h^2 obtenidos para el primer mes posiblemente se deban a una menor variabilidad ambiental. Esto también explica la mayor importancia relativa del componente aditivo materno en comparación con el directo. En edades posteriores, la tendencia coincidió parcialmente con lo observado por Castro et al. (2020), Latifi et al. (2021) y Molina et al. (2007), quienes reportaron un aumento progresivo de los efectos genéticos con la edad.

La heredabilidad materna mostró un comportamiento similar al reportado por otros autores, con una mayor influencia en el peso al nacimiento y magnitudes inferiores en comparación con la heredabilidad directa (Barazandeh et al., 2012; Latifi et al., 2021). Estos valores bajos de heredabilidad podrían deberse a un bajo número de madres evaluadas (Castro et al., 2020). La moderada heredabilidad materna en pesos tempranos sugiere que el crecimiento inicial no depende únicamente de genes propios del individuo, sino también de la habilidad materna y de la leche producida (Dige et al., 2021; Sharif et al., 2022).

Las diferencias en los valores de heredabilidad directa o materna obtenidos por distintos estudios pueden deberse a múltiples factores, tales como el modelo estadístico empleado (Hassan et al., 2013), o las estrategias reproductivas implementadas en las poblaciones (Barazandeh et al., 2012; Latifi & Razmkabir, 2019). Otros factores que también pueden contribuir a estas diferencias son la estructura de los datos, el rango de edades, la calidad del pedigrí (Molina et al., 2007), el tamaño muestral y las condiciones ambientales bajo las cuales se desarrollaron los animales (Shi et al., 2025).

Latifi et al. (2021) y Castro et al. (2020) también observaron correlaciones genéticas aditivas directas elevadas entre pesos registrados a edades próximas. Correlaciones negativas entre el peso del primer mes y los pesos a edades posteriores fueron también reportadas por Castro et al. (2020), quienes destacaron la influencia del número de datos analizados sobre este estimado. Este comportamiento podría deberse a que los pesos de la primera categoría de edad fueron principalmente pesos al nacimiento, que presentaron una varianza muy reducida, y cuya cantidad fue muy superior a las demás categorías.

Las altas correlaciones genéticas aditivas maternas respaldan la factibilidad de realizar selección en edades tempranas y esperar resultados positivos en etapas posteriores (Latifi et al., 2021). Sarmento et al. (2016) también reportaron valores de correlación genética materna superiores a los de la heredabilidad directa. Por su parte, las correlaciones del ambiente permanente directo mostraron valores igualmente elevados, en concordancia con lo descrito por Barazandeh et al. (2012) y Molina et al. (2007).

Los valores promedio de consanguinidad en el hato bajo estudio fueron de magnitud intermedia en comparación con investigaciones similares. Valores menores fueron reportados por Bangar et al. (2022) (1,42 %)

y Dige et al. (2021) (0,83 %) para la población en general. Para la población endogámica, el valor reportado por Dige et al. (2021) (2,05 %) fue considerablemente menor. Rashidi et al. (2015) estimaron promedios más altos de consanguinidad, con valores de 2,73 % y 5,25 % para la población general y la endogámica, respectivamente. El nivel de consanguinidad observado en el presente estudio se atribuye principalmente a que el hato se mantuvo cerrado durante muchos años, sumado a un uso limitado de la inseminación artificial.

En cuanto al efecto aditivo directo, la tendencia difiere de la descrita por Shirzeyli et al. (2023); sin embargo, dichos autores señalaron que anualmente se seleccionaron para reproducción los animales con mayor valor genético y se descartaron aquellos con menor mérito, lo cual podría explicar la presencia de tendencias ascendentes y valores positivos a lo largo del tiempo. En el hato bajo estudio no ha existido en realidad una política clara de selección por peso, por lo que no es factible esperar tendencias lineales marcadas, tal como se reflejó en los resultados (Figura 5).

Al igual que lo observado por Molina et al. (2007) en ovinos, el efecto materno presentó una variabilidad menor en comparación con el efecto aditivo directo. Latifi et al. (2021) observaron una tendencia a la reducción en los valores de cría para el efecto materno, principalmente para edades tardías, patrón similar al observado en el presente estudio.

Los valores de cría obtenidos sugieren un potencial real de selección dentro del hato, ya que presentan una variabilidad moderada. Dado que las heredabilidades directas fueron mayores en edades intermedias, este periodo sería el más adecuado para seleccionar tanto machos como hembras, ya que el peso en esas etapas refleja de forma más precisa el mérito genético individual. Por otro lado, en edades tempranas, es fundamental considerar los valores genéticos maternos, especialmente si se busca mejorar el crecimiento inicial y la habilidad materna en el hato.

Conclusiones

El uso de modelos de regresión aleatoria permitió estimar parámetros genéticos de crecimiento considerando la influencia del animal y el efecto materno en distintas etapas, lo que facilita seleccionar reemplazos con mayor precisión y orientar las estrategias de mejora para obtener animales más productivos y eficientes. Las correlaciones genéticas moderadas o altas observadas entre pesos de distintas edades, principalmente posdestete, permiten realizar selección a edades intermedias (por ejemplo, 6 meses) sin perder precisión respecto a edades más avanzadas.

Agradecimientos

Los autores expresan su agradecimiento al personal del Programa de Producción Sostenible de Rumiantes Menores de la Universidad Nacional de Costa Rica, cuyas contribuciones fueron fundamentales para este estudio.

Conflictos de interés

Los autores se declaran sin conflicto alguno de interés.

Referencias

Bangar, Y. C., Magotra, A., & Yadav, A. S. (2022). Estimation of inbreeding and its effects on growth traits in Beetal goat. *Tropical Animal Health and Production*, 54(5), Artículo 279. <https://doi.org/10.1007/s11250-022-03283-8>

- Barazandeh, A., Moghbeli, S. M., Hossein-Zadeh, N. G., & Vatankhah, M. (2012). Genetic evaluation of growth in Raini goat using random regression models. *Livestock Science*, *145*(1-3), 1-6. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2011.12.004>
- Barboza Mora, M. A., Jiménez Castro, J. P., Porras Solís, Á. J., Bonilla, O. M., & Camacho Cascante, M. I. (2020). Situación socioeconómica y productiva de sistemas caprinos en la Región Huetar Norte, Costa Rica. *Perspectivas Rurales Nueva Época*, *18*(35), 1-24. <http://doi.org/10.15359/prne.18-35.1>
- Boujenane, I., & Diallo, I. T. (2017). Estimates of genetic parameters and genetic trends for pre-weaning growth traits in Sardi sheep. *Small Ruminant Research*, *146*, 61-68. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2016.12.002>
- Castro, G. C., Campelo, J. E. G., Sarmiento, J. L. R., Carvalho, M. D. F., Cavalcante, D. H., & Figueiredo Filho, L. A. S. (2020). Random regression models for the evaluation of the growth of goats of the Anglonubian breed. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, *72*(03), 961-969. <https://doi.org/10.1590/1678-4162-11501>
- Chacón-Villalobos, A., & Mora-Valverde, D. (2017). Caracterización sectorial de la caprinocultura en Costa Rica Universidad de Costa Rica. *Nutrición Animal Tropical*, *11*(2), 23-60. <https://doi.org/10.15517/nat.v11i2.31653>
- Dige, M. S., Rout, P. K., Singh, M. K., Dass, G., Kaushik, R., & Gowane, G. R. (2021). Estimation of co (variance) components and genetic parameters for growth and feed efficiency traits in Jamunapari goat. *Small Ruminant Research*, *196*, Artículo 106317. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2021.106317>
- Erdoğan Ataç, F., Takma, Ç., Gevrekci, Y., Öziş Altınçekiç, Ş., & Ayaşan, T. (2023). Estimates of genetic parameters for direct and maternal effects on pre-weaning growth traits in Turkish Saanen kids. *Animals*, *13*(5), Artículo 940. <https://doi.org/10.3390/ani13050940>
- Getahun, D., Alemneh, T., Akeberegn, D., Getabalew, M., & Zewdie, D. (2019). Importance of hybrid vigor or heterosis for animal breeding. *Biochemistry and Biotechnology Research*, *7*(1), 1-4. <https://www.netjournals.org/pdf/BBR/2019/1/19-021.pdf>
- Hassan, M. R., Sultana, S., Iqbal, A., & Talukder, M. A. I. (2013). Estimation of heritability, breeding values and genetic trends for growth traits of exotic goat. *International Journal of Natural Sciences*, *3* (1-4), 7-11. <https://doi.org/10.3329/ijns.v3i1.28580>
- Instituto Meteorológico Nacional. (2017). *Datos climáticos estación meteorológica Finca Experimental Santa Lucía*. Instituto Meteorológico Nacional.
- Instituto Nacional de Estadística y Censos. (2015). *VI Censo Nacional Agropecuario: Resultados Generales*. Instituto Nacional de Estadística y Censos.
- Jonkus, D., Piliena, K., & Paura, L. (2023). Analysis of inbreeding of the Latvian local goat breed. *Small Ruminant Research*, *228*, Artículo 107108. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2023.107108>
- Kariuki, C. M., Ilatsia, E. D., Wasike, C. B., Kosgey, I. S., & Kahi, A. K. (2010). Genetic evaluation of growth of Dorper sheep in semi-arid Kenya using random regression models. *Small Ruminant Research*, *93*(2-3), 126-134. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2010.05.011>
- Kheirabadi, K., & Rashidi, A. (2016). Genetic description of growth traits in Markhoz goat using random regression models. *Small Ruminant Research*, *144*, 305-312. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2016.10.003>
- Latifi, M., Naderi, Y., Bohlouli, M., & Sadeghi, S. (2021). Direct and maternal genetic components for body weight traits in Markhoz goat. *Tropical Animal Health and Production*, *53*(2), Artículo 234. <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02614-5>

- Latifi, M., & Razmkabir, M. (2019). Estimation of genetic trends for body weight traits in Markhoz goat at different ages. *Spanish journal of agricultural research*, 17(1), Artículo 12. <https://doi.org/10.5424/sjar/2019171-13608>
- Mendonça Vaz, K. M., De Souza, J. C., Julien Ferraz, A. L., Vargas da Silveira, M., Moreira da Silva de Arruda, R., Fregonesi de Souza, C., Ferraz Filho, P. B., Cavallari Machado, C. H., Pereira Alencar, M., & Gomes Pinto de Abreu, U. (2024). Estimates of genetic parameters, growth curve, and environmental effects for Nellore cattle in the Pantanal. *Veterinary Sciences*, 11(7), Artículo 318. <https://doi.org/10.3390/vetsci11070318>
- Meyer, K. (2007). WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. *Journal of Zhejiang University Science B*, 8(11), 815–821. <https://doi.org/10.1631/jzus.2007.B0815>
- Meza-Herrera, C. A., Menendez-Buxadera, A., Serradilla, J. M., Lopez-Villalobos, N., & Baena-Manzano, F. (2019). Estimates of genetic parameters and heterosis for birth weight, one-month weight and litter size at birth in five goat breeds. *Small Ruminant Research*, 174, 19-25. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2019.02.018>
- Molina, A., Menéndez-Buxadera, A., Valera, M., & Serradilla, J. M. (2007). Random regression model of growth during the first three months of age in Spanish Merino sheep. *Journal of Animal Science*, 85(11), 2830-2839. <https://doi.org/10.2527/jas.2006-647>
- Rashidi, A., Mokhtari, M. S., & Gutiérrez, J. P. (2015). Pedigree analysis and inbreeding effects on early growth traits and greasy fleece weight in Markhoz goat. *Small Ruminant Research*, 124, 1-8. <http://dx.doi.org/10.1016/j.smallrumres.2014.12.011>
- Sahoo, S., Alex, R., Vohra, V., Mukherjee, S., & Gowane, G. R. (2023). Explicating the genetic diversity and population structure of Saanen× Beetal goats using pedigree analysis. *Tropical Animal Health and Production*, 55(6), Artículo 392. <https://doi.org/10.1007/s11250-023-03807-w>
- Sánchez-Hernández, Z., Galina-Hidalgo, C.S., Vargas-Leitón, B., Rojas Campos, J., & Estrada-König, S. (2020) Herd management information systems to support cattle population research: The VAMPP® case. *Agronomía Mesoamericana*, 31(1), 141–156. <http://dx.doi.org/10.15517/am.v31i1.37062>
- Sarmento, J. L. R., Torres, R. A., Sousa, W. H., Lôbo, R. N. B., Albuquerque, L. G., Lopes, P. S., Santos, N. P. S., & Bignard, A. B. (2016). Random regression models for the estimation of genetic and environmental covariance functions for growth traits in Santa Ines sheep. *Genetics and Molecular Research*, 15(2), Artículo gmr15025749. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr.15025749>
- Secretaría Ejecutiva de Planificación Sectorial Agropecuaria. (2024). *Boletín estadístico agropecuario Serie cronológica 2020-2023* (34 ed.). <https://www.mag.go.cr/bibliotecavirtual/BEA34.pdf>
- Sharif, N., Ali, A., Dawood, M., Khan, M. I. -u. -R., & Do, D. N. (2022). Environmental effects and genetic parameters for growth traits of Lohi sheep. *Animals*, 12(24), Artículo 3590. <https://doi.org/10.3390/ani12243590>
- Shi, Y., Liu, Y., Qi, Y., Rong, Y., Ao, X., Zhang, M., Xia, Q., Zhang, Y., & Wang, R. (2025). Estimation of Genetic Parameters of Growth Traits in the Inner Mongolia White Cashmere Goat (Erlangshan Type). *Animals: an Open Access Journal from MDPI*, 15(11), Artículo 1652. <https://doi.org/10.3390/ani15111652>
- Shirzeyli, F. H., Joezy-Shekalgorabi, S., Aminafshar, M., & Razmkabir, M. (2023). The estimation of genetic parameters and genetic trends for growth traits in Markhoz goats. *Small Ruminant Research*, 218, Artículo 106886. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2022.106886>

- Soto-Barrientos, N., & Vargas-Leitón, B. (2024). Encuesta a productores ovinos y caprinos de Costa Rica: perspectivas, riesgos y desafíos sanitarios del sector. *Ciencias veterinarias*, 42(2), 1-21. <https://doi.org/10.15359/rv.42-2.3>
- Sousa, J. E. R., Silva, M. A., Sarmiento, J. L. R., Sousa, W. H., & Sousa, M. S. M. (2010). Evaluation of average growth curve of goats using random regression model. *Archivos de zootecnia*, 59(226), 267-276. <https://doi.org/10.21071/az.v59i226.4741>
- Unidad Sistematizada de Asistencia Técnica Integral Agropecuaria. (2021). *Software Ovinca* (Versión 10.2021.1223) [Computer software]. <https://www.ovinca.com/Ovinca.aspx>

Manuscrito aceptado