

Presencia de haplotipos reproductivos y su efecto en una población de vacunos lecheros en la costa central del Perú

Presence of reproductive haplotypes and their effect on a dairy cattle population in the central coast of Peru

Jorge Pedro Calderón Velásquez^{1,3}, Gustavo Augusto Gutiérrez Reynoso¹, Gladys Luz Garay Livia²

RESUMEN

Se utilizaron 6350 registros de reproducción de un rebaño lechero entre 2000 hasta el primer semestre de 2016, con base a los índices reproductivos del rebaño, considerando el número de servicios por preñez, días vacíos, tasa de preñez y ocurrencia de abortos. Se genotiparon 58 vacas Holstein seleccionadas al azar para determinar la presencia de haplotipos reproductivos (HH) que afectan el comportamiento reproductivo de las vacas produciendo abortos. Se determinó que el 5.2% de las vacas eran portadoras para HH1, 5.2% para HH3 y 3.4% para HH5, no encontrándose animales portadores para los haplotipos HH2 y HH4. El 75% de las vacas portadoras (6/8) presentaron abortos no asociados al haplotipo, a excepción de un evento cuyo reproductor fue portador para el HH3. Asimismo, el 54% de las vacas no portadoras presentaron eventos de aborto (27/50), no estableciéndose un efecto directo del haplotipo sobre la ocurrencia de abortos. El número de servicios por preñez asociado con la tasa de concepción genómica (CCR) determinó una correlación de 8.3% ($p>0.05$) y un coeficiente de regresión de -0.07115 servicios ($p>0.05$). De los cinco grupos genéticos de padres encontrados en el rebaño, cuatro grupos genéticos tienen presencia a través de la progenie de machos que presentaron los haplotipos reproductivos.

Palabra clave: haplotipos reproductivos, tasa de concepción, Holstein

¹ Departamento Académico de Producción Animal, Facultad de Zootecnia, Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima, Perú

² Departamento Académico de Ingeniería, Escuela Profesional de Ingeniería Agrónoma, Universidad Nacional de Barranca, Lima, Perú

³ E-mail: jcalderonv@lamolina.edu.pe; <https://orcid.org/0000-0002-7545-3579>

Recibido: 29 de mayo de 2019

Aceptado para publicación: 27 de febrero de 2021

Publicado: 23 de junio de 2021

©Los autores. Este artículo es publicado por la Rev Inv Vet Perú de la Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Este es un artículo de acceso abierto, distribuido bajo los términos de la licencia Creative Commons Atribución 4.0 Internacional (CC BY 4.0) [<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.es>] que permite el uso, distribución y reproducción en cualquier medio, siempre que la obra original sea debidamente citada de su fuente original

ABSTRACT

Reproductive records (n=6350) of a dairy herd between 2000 and the first semester of 2016 were used based on the reproductive indices of the herd, considering the number of services per pregnancy, open days, pregnancy rate and occurrence of abortions. In total, 58 Holstein cows selected at random were genotyped to determine the presence of reproductive haplotypes (HH) that affect the reproductive performance of cows causing abortions. It was determined that 5.2% of the cows were carriers for HH1, 5.2% for HH3 and 3.4% for HH5, not finding carrier animals for the HH2 and HH4 haplotypes. Besides, 75% of the carrier cows (6/8) presented abortions not associated with the haplotype, except for one event whose reproducer was a carrier for HH3. Likewise, 54% of the non-carrier cows presented abortion events (27/50), not establishing a direct effect of the haplotype on the occurrence of abortions. The number of services per pregnancy associated with the genomic conception rate (CCR) determined a correlation of 8.3% ($p > 0.05$) and a regression coefficient of -0.07115 services ($p > 0.05$). Of the five genetic groups of sire parenthood found in the herd, four genetic groups are present through the progeny of males that presented the reproductive haplotypes.

Key words: haplotypes reproductive, conception rate, Holstein Frisian

INTRODUCCIÓN

La ocurrencia de abortos o absorciones embrionarias es una de las principales causas de la baja eficiencia reproductiva en el ganado bovino (Disking y Morris, 2008; Disking *et al.*, 2012). Estos pueden deberse a la depresión endogámica, observada por el incremento de la consanguinidad en los animales, principalmente en el ganado bovino, o a efectos genéticos (Mylrea, 1963; Wijeratne y Stewart, 1971), determinado por la presencia de haplotipos asociados a la reproducción en estado homocigota del embrión (VanRaden *et al.*, 2012).

Diversas investigaciones han identificado la presencia de haplotipos relacionados con la reducción de las tasas reproductivas. Al inicio se reportaron tres haplotipos (VanRaden *et al.*, 2011) y hacia 2017 se sumaron dos más para el ganado Holstein (Cooper *et al.*, 2013), los cuales se asocian a efectos negativos en el desarrollo embrionario y abortos (Norman *et al.*, 2012).

Los efectos negativos de la presencia de estos haplotipos en la reproducción estiman un impacto sobre la tasa de concepción de -0.35% para el tipo HH1, y algo similar (-0.36%) para el haplotipo HH2 y HH3, y cuyas frecuencias de los heterocigotos fueron reportadas de 4.5, 4.6 y 4.7% respectivamente (VanRaden *et al.*, 2011). Al evaluar la tasa de no retorno a 60 días (NR60) se estimó un impacto fue de -1.1, -1.7 y -3.1% para los haplotipos HH1, HH2 y HH3, respectivamente. Por otro lado, Fritz *et al.* (2013) reportaron frecuencias de 3.6 y 3.9% para los haplotipos HH4 y HH5, respectivamente, asociado a una pérdida en nacimientos en vacas en -1.74% para el HH4 y de -2.17% para el HH5.

Asimismo, los haplotipos han sido relacionados a grupos genéticos de toros que fueron utilizados en poblaciones de vacunos Holstein, tanto para obtener machos reproductores como vacas productoras, lo cual generó un impacto en la incidencia y presencia de los haplotipos reproductivos en la ganadería lechera local. Reproductores tales

como Pawnee Farm Arlinda CHIEF y Walkway Chief MARK, en quienes se reporta la presencia del haplotipo HH1 (Larkin *et al.*, 2012, VanRaden *et al.*, 2012), han sido utilizados para producir progenie orientada a seleccionar machos para su empleo en centrales de inseminación artificial, generando una gran influencia genética en la población de vacas resultantes.

El objetivo de la presente investigación fue determinar, en un rebaño lechero en la costa del Perú, la presencia de haplotipos reproductivos asociados con una baja eficiencia reproductiva, así como determinar la correlación entre la tasa de concepción genómica en vacas y el número de servicios por preñez.

MATERIALES Y MÉTODOS

Los datos del estudio fueron obtenidos de la base de datos de una ganadería bajo un sistema intensivo dedicada a la crianza de vacunos lecheros en la costa central del Perú. Los animales de fundación correspondieron a genética norteamericana. De los 8833 registros de producción/ reproducción con que cuenta la empresa, se consideraron 6350 registros que corresponden a los años 2000-2016 (primer semestre), de 2628 vacas en total, con una media de los últimos cinco años de 509 vacas por año. El establo se encuentra certificado libre de TBC y brucelosis por el Servicio Nacional de Sanidad Agraria (SENASA).

El sistema de manejo de la ganadería se basa en un sistema de alimentación TMR (Ración Totalmente Mezclada), determinándose seis grupos de alimentación: vacas recién paridas, de alta, media y baja producción, vacas en seca y preparto. La detección de celo se realizó mediante el uso de podómetros Westfalia GEA™, que es un sistema de medición de actividad y monitoreado

por el software de gestión de rebaños Dairy Plan C21™. Para la confirmación de preñez a los 35 días se utilizó un ecógrafo portátil (Caresono SD9000).

Los abortos registrados por año, el perfil reproductivo del rebaño medido como el promedio de servicios por preñez, el promedio de días vacíos, y la tasa de preñez fue calculado siguiendo la metodología descrita por VanRaden *et al.* (2004) y se presenta en el Cuadro 1. En el periodo 2000-2016 se registró 422 casos de natimortos y 426 abortos (Cuadro 2).

Se construyó la genealogía con base a la información de los registros genealógicos, tanto de la línea paterna como materna, para ser analizados con los programas informáticos Endog V4.8 (Gutiérrez y Goyache, 2005) y Pedigraph V2.4 (Garbe y Da, 2008), identificando 17 478 animales, utilizando la base de datos de la Asociación Holstein de los Estados Unidos (Holstein Association USA, 2017) y los certificados genealógicos del establo lechero en estudio.

El tamaño de la muestra a genotipar se determinó utilizando la metodología descrita por Krejcie y Morgan (1970), considerando una precisión de 0.05, un tamaño de rebaño de 500 vacas, y la probabilidad de ocurrencia promedio de los haplotipos, obteniendo un tamaño de muestra de 59 animales. Se seleccionaron 60 animales para el genotipado utilizando una rutina para generar números aleatorios en una hoja electrónica usando la función *aleatorio()*, independiente si las vacas presentaban historial de abortos o un número determinado de partos.

Se tomaron muestras de pelo de la cola de los animales seleccionados, considerando un mínimo de 40 pelos con bulbo piloso intacto para la extracción de ADN. Las muestras se colocaron en las tarjetas colectoras otorgadas por el laboratorio y fueron enviadas al laboratorio de GeneSeek (Neogen Corpora-

Cuadro 1. Distribución del número de abortos, número de servicios por preñez, días vacíos y tasa de preñez por año (periodo 2000-2016)

Año	Número de		Promedio de		Tasa de preñez (%)
	Vacas	Abortos	Servicios/ preñez	Días vacíos	
2000	396	14	2.67	163.8	18.3
2001	354	12	2.66	152.7	20.2
2002	332	12	2.74	162.6	18.5
2003	304	25	3.00	166.5	17.9
2004	301	28	2.68	192.2	14.7
2005	243	11	2.55	189.0	15.0
2006	253	26	2.54	196.3	14.2
2007	298	17	2.97	226.1	11.9
2008	344	15	2.90	187.8	15.1
2009	346	17	2.90	183.9	15.6
2010	417	19	3.21	225.0	11.9
2011	435	16	3.08	213.9	12.7
2012	476	23	4.29	246.6	10.6
2013	487	29	3.92	224.3	12.0
2014	541	87	4.61	218.1	12.4
2015	607	53	4.19	212.5	12.8
2016	216	22	3.94	193.1	14.6
Total	6 350	426	3.22	198.4	14.1

tion, USA), siguiendo las regulaciones del Departamento de Agricultura de Estados Unidos de Norteamérica - Servicio de Inspección Sanitaria de Animales y Plantas (USDA APHIS) para muestras biológicas. El genotipado se realizó con el GeneSeek Genomic Profiler for Dairy-LD (GGP 50k, Igenity Prime). El análisis reportó resultados de 45 características que el USDA considera en sus evaluaciones genéticas y genómicas para ganado lechero Holstein, en la que incluye los haplotipos reproductivos y los valores de la tasa de concepción de la vaca genómico (CCR: Cow Conception Rate).

Cuadro 2, Natimortos y abortos, según el número de parto (2000-2016)

Parto	Natimortos	Abortos
1	207	156
2	85	117
3	55	83
4	38	34
5	23	24
≥6	14	12
Total	422	426

Cuadro 3. Frecuencias de haplotipos reproductivos en bovinos lecheros de una ganadería de la costa central del Perú

Haplotipo	Animales heterocigotos (n)	Frecuencia (%)
HH1	3	5.2
HH3	3	5.2
HH5	2	3.4

El CCR es definido como la capacidad de quedar preñada una vaca en cada servicio, donde una puntuación de +1 indica que la vaca tiene un 1% más de probabilidades de quedar preñada que las vacas con una evaluación de 0. La estimación de dicho valor genómico es determinada por la frecuencia alélica de la población base menos el genotipo y el efecto poligénico, con un 10% de varianza aditiva y se ajusta el modelo: $DP = \text{media} + S \text{ genotipos}(\text{efectos}) + \text{poli} + \text{error}$ (CDCB, 2017).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De las 60 muestras enviadas a GeneSeek, solo se genotiparon 58, excluyéndose dos muestras por posible contaminación del ADN. Con los resultados del genotipado se determinaron las frecuencias de los portadores para los haplotipos asociados a la reproducción (HH) y el valor genómico de la Tasa de concepción de las vacas (CCR), que es un indicador de la eficiencia reproductiva del punto de vista genómico.

Haplotipos HH

En los 58 genotipados se encontraron tres de los cinco haplotipos reportados en la

raza Holstein que se encuentran asociados a la baja eficiencia reproductiva (VanRaden *et al.*, 2011; Cole *et al.*, 2014). Estos fueron los haplotipos HH1, HH3 y HH5, cuyas frecuencias de portadoras fueron similares a las reportadas en otras poblaciones de ganado Holstein (VanRaden *et al.*, 2011, 2012; Fritz *et al.*, 2013). Las frecuencias se presentan en el Cuadro 3.

Al analizar el comportamiento reproductivo de las vacas portadoras del haplotipo a través de los partos que han tenido, se encontró que el 75% de las vacas portadoras (6 de 8 vacas) presentaron abortos durante su vida productiva, independientemente del número de partos, como es el caso de la vaca 2781 que en tres de los cinco partos registrados presentó abortos. Se entiende que la presentación de aborto debe darse como causa del haplotipo en estado de homocigosis del embrión, que en el caso de la vaca 5191 pudo deberse ya que el embrión tenía una probabilidad de 25% de ser homocigota al ser el padre portador para HH3, mientras que en los otros casos los reproductores utilizados en la reproducción no fueron portadores para los haplotipos. La presentación de los sucesos de aborto se resume en el Cuadro 4.

El 54% de las vacas no portadoras (27/50) para los haplotipos reproductivos presentaron abortos a lo largo de su vida reproductiva, y el 46% restante no presentó abortos. En el análisis de los datos se observó que los toros utilizados en la inseminación artificial en el grupo de vacas que presentaron abortos fueron heterocigotos para los haplotipos reproductivos (Cuadro 5).

En el grupo de vacas portadoras, la media de gestación al aborto fue de 129.2 días, y para el grupo de vacas no portadoras que presentaron un evento de aborto fue de 134.7 días, valores muy similares, lo cual no permite establecer un efecto en la pérdida de la gestación atribuible a la presencia de los haplotipos reproductivos.

Cuadro 4. Comportamiento reproductivo de las vacas heterocigotas para los haplotipos reproductivos

Animal	Haplotipo	CCR	Servicios promedio (n)	Partos (n)	Número de gestación	Días de gestación	Observaciones
5041	HH1C	0.70	3.00	2	2	275	Aborto 167 d.
5191	HH3C	1.40	3.50	1	1	274	Aborto 171 d**
5163	HH5C	-1.00	2.00	1	1	272	Aborto 251 d
2781	HH3C	-0.20	3.70	5	2, 3, 5	278	Aborto 79, 77, 179 d
2662	HH1C	-0.30	4.80	4	4*	276	Aborto 80, 77 d
5000	HH5C	1.40	5.50	2	2	279	Aborto 82 d
2809	HH3C	1.90	1.50	4		277	Normal
2886	HH1C	2.40	2.50	2		274	Normal
Promedio		0.79	3.39	2.63		276	9 abortos

* Dos abortos en esa gestación

** Macho reproductor HH3

Tasa de Concepción de las vacas

La tasa de concepción en el periodo de estudio fue menor en los últimos años que en los primeros años (Cuadro 6), pudiendo deberse a una posible endogamia del rebaño (Parland *et al.*, 2007; González-Recio *et al.*, 2007).

La Figura 1 muestra la reducción de la tasa de concepción por número de servicio entre los cuatro primeros años (2000-2003) y los cuatro últimos años (2013-2016), observándose una reducción significativa de la tasa de concepción (Cuadro 1).

Se encontró una baja correlación (8.30%) entre los valores de la tasa de concepción determinados genómicamente (CCR) con el número de servicios efectivos para preñez ($p > 0.05$), y la tendencia de la varia-

ción, calculado mediante el coeficiente de regresión, fue de -0.07115 servicios por valor de +1 de CCR, no siendo estadísticamente significativo, lo que permite indicar que la eficiencia de la reproducción, medido como CCR no es un buen indicador de la performance reproductiva de las vacas, ya que existen otros factores que pueden estar influenciando la tasa de preñez (Mylrea, 1963; Wijeratne y Stewart, 1971) (Ver Figura 2).

Grupos Genéticos

Al evaluar la información de la genealogía de las vacas se pudo establecer cinco grupos genéticos de padres (Cuadro 7), considerando como padre fundador aquel animal donde se reporta por primera vez el haplotipo o es ancestro común con los reproductores utilizados en la reproducción y, que, en muchos casos, se utilizaron reproductores portadores de los haplotipos tipo HH.

Cuadro 5. Comportamiento reproductivo de vacas no portadoras para los haplotipos reproductivos y que presentaron abortos

Animal	Haplotipo	CCR	Servicios (n)	N.º de partos	N.º de gestación	Largo de gestación	Observaciones
4749	T	-0.50	2.90	3	2*, 3	276	Aborto 101, 88, 195 d
5145	T	3.60	2.80	4	2	271	Aborto 103 d
2801	T	-1.00	5.25	3	2	275	Aborto 111 d
2762	T	2.00	3.00	6	2, 6	274	Aborto 113, 125 d
2831	T	1.10	5.00	2	2	281	Aborto 115 d
2822	T	0.00	3.20	4	4*	270	Aborto 117, 77 d
5186	T	2.80	4.00	3	2, 3	273	Aborto 129, 95 d
2709	T	2.30	2.17	4	1, 4	274	Aborto 147, 155 d
2843	T	-1.60	3.30	3	1*, 3*	276	Aborto 155, 231, 177, 124 d
2877	T	2.20	4.00	3	2, 3	270	Aborto 157, 174 d
2807	T	2.40	3.00	4	1, 4	276	Aborto 158, 159 d
5021	T	-0.10	4.50	3	3	273	Aborto 169 d
5190	T	1.90	1.80	3	3*	278	Aborto 176, 154 d
2800	T	3.20	4.60	4	1, 3*	273	Aborto 179, 254, 197 d
2943	T	1.50	4.00	3	2	269	Aborto 185 d
2744	T	-1.90	4.60	4	4	280	Aborto 197 d
4886	T	-0.30	1.50	3	2	274	Aborto 216 d
5100	T	2.00	2.30	3	3	274	Aborto 220 d
2880	T	-0.50	4.50	3	2	277	Aborto 51 d
5206	T	0.20	2.30	2	2*	273	Aborto 53 d
3299	T	0.00	2.50	4	2, 4*	274	Aborto 65, 122, 100 d
2666	T	-0.20	4.00	4	2, 3	277	Aborto 79, 69 d
2797	T	-0.10	2.75	3	3	270	Aborto 86 d
5115	T	1.10	3.00	3	2, 3	270	Aborto 87, 82 d
5143	T	1.40	1.50	3	2	276	Aborto 89 d
2813	T	-1.70	1.80	3	3*	278	Aborto 95, 84 d
5140	T	1.70	3.30	4	2	273	Aborto 182 d
Promedio		0.75	3.21	3.52		275	46 abortos

* Hubo dos abortos en dicha gestación

T: No es portador para los haplotipos reproductivos

Cuadro 6. Tasa de concepción del rebaño a través del número de servicios por año, periodo 2000 – 2016.

Año		Tasa de concepción por número de servicio						Vacas (n)	
		1	2	3	4	5	6 a +	Preñadas	Insemin.
2000	n	152	91	59	30	21	18	371	396
	%	38.38	22.98	14.9	7.58	5.3	4.55	93.69	
2001	n	137	88	51	19	25	15	335	354
	%	38.7	24.86	14.41	5.37	7.06	4.24	94.63	
2002	n	124	71	61	23	22	14	315	332
	%	37.35	21.39	18.37	6.93	6.63	4.22	94.88	
2003	n	99	71	38	32	19	17	276	304
	%	32.57	23.36	12.5	10.53	6.25	5.59	90.79	
2004	n	130	56	39	19	17	15	276	301
	%	43.19	18.6	12.96	6.31	5.65	4.98	91.69	
2005	n	88	66	36	24	12	6	232	243
	%	36.21	27.16	14.81	9.88	4.94	2.47	95.47	
2006	n	94	48	39	20	10	16	227	253
	%	37.15	18.97	15.42	7.91	3.95	6.32	89.72	
2007	n	106	61	30	24	21	37	279	298
	%	35.57	20.47	10.07	8.05	7.05	12.42	93.62	
2008	n	109	79	46	31	21	42	328	344
	%	31.69	22.97	13.37	9.01	6.1	12.21	95.35	
2009	n	117	70	47	38	13	43	328	346
	%	33.82	20.23	13.58	10.98	3.76	12.43	94.8	
2010	n	123	95	54	36	26	64	398	417
	%	29.5	22.78	12.95	8.63	6.24	15.35	95.44	
2011	n	139	97	61	43	19	59	418	435
	%	31.95	22.3	14.02	9.89	4.37	13.56	96.09	
2012	n	124	76	53	35	38	127	453	476
	%	26.05	15.97	11.13	7.35	7.98	26.68	95.17	
2013	n	120	80	65	46	38	108	457	487
	%	24.64	16.43	13.35	9.45	7.8	22.18	93.84	
2014	n	83	65	63	61	40	142	454	541
	%	15.34	12.01	11.65	11.28	7.39	26.25	83.92	
2015	n	130	107	78	45	36	155	551	607
	%	21.42	17.63	12.85	7.41	5.93	25.54	90.77	
2016	n	50	30	25	19	20	49	193	216
	%	23.15	13.89	11.57	8.8	9.26	22.69	89.35	

Cuadro 7. Grupos genéticos identificados en una población de vacas Holstein de una ganadería de la costa central del Perú

Parental común	Reproductor / Fundador	Progenies con haplotipos	Haplotipo	Generación	
CAN 198998 SOVEREIGN	USA 040HO02025 CHIEF, HH1 (0)	007HO00980 MARK	HH1	1	
		071HO00843 LINDY	HH1	2	
		200HO05024 Mr BURNS RC	HH2	6	
		007HO00477 GLENDELL	HH3	1	
		007HO01118 ROTATE	HH3	2	
		029HO05730 MELWOOD	HH3	3	
		007HO03948 EMORY	HH3	4	
		200HO00044 MORTY ET	HH1	4	
USA 1491007 007HO00058 ELEVATION (0)	011HO03562 FORMATION, HH1 (3)	011HO05284 THRONE	HH1	4	
		011HO05570 FINLEY	HH1	4	
		007HO07615 COLBY	HH2	4	
		CAN 073HO02479 OUTSIDE, HH2 (3)			
		DEU 198HO00030 BOSS IRON	HH3	3	
		USA 007HO06417	NLD 388965513 SNOWMAN	HH3	5
		USA 020HO09002 BESNE BUCK (2)	180HO09612 JOCKO BESNE	HH4	3
		GRB 029HO12209 SHOTTLE (4)	151HO00560 ROCKSTAR RC	HH5	5
USA 915940 WIS LEADER	USA 040HO00030 SKYLINER	029HO13366 BEACON	HH5	5	
			HH3	2	
USA 15HO00040 IVANHOE SH	---	---	---	---	
USA 1038509 INKA DE KOL	---	---	---	---	

Tres de los cinco grupos genéticos han presentado, a través de su genealogía, los haplotipos asociados a la reproducción. El primer grupo genético corresponde al toro CHIEF, donde se reporta por primera vez el haplotipo HH1 (VanRaden *et al.*, 2011), el segundo corresponde al toro MARK ANTONY que se reporta el haplotipo HH2,

el tercero al toro GLENDELL y SKYLER, donde se reporta el haplotipo HH3 y el cuarto grupo genético al toro SHOTTLE donde se reporta el haplotipo HH5. A través de la proge- nie de cada grupo genético se introdujo al reba- ño los haplotipos reportados en el análisis genómico, determinado mediante el programa de análisis Pedigraph (Garbe y Da, 2008).

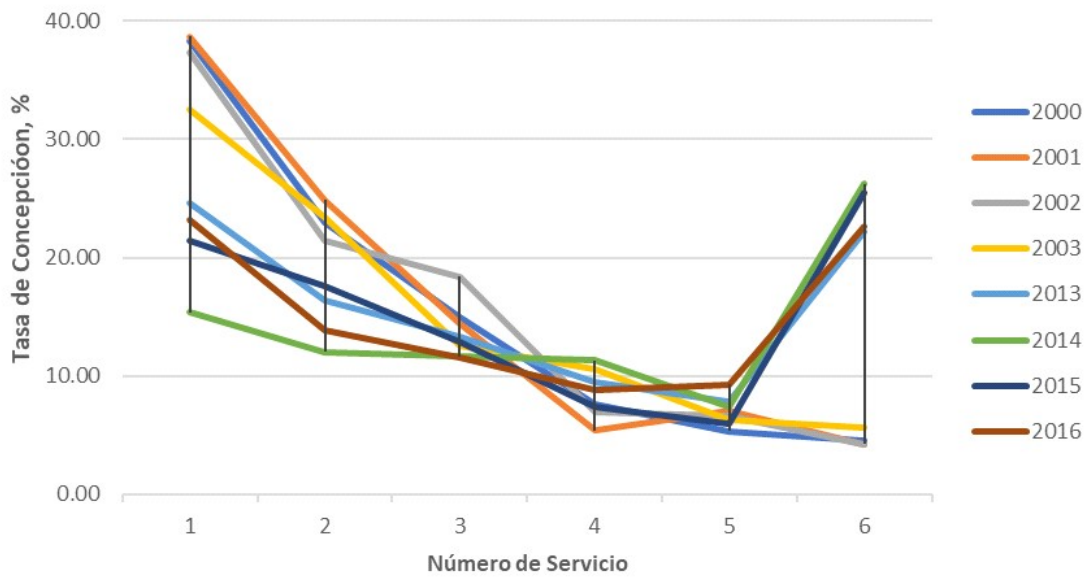


Figura 1. Tasa de concepción de vacas por número de servicio (2000-2004 y 2013-2016)

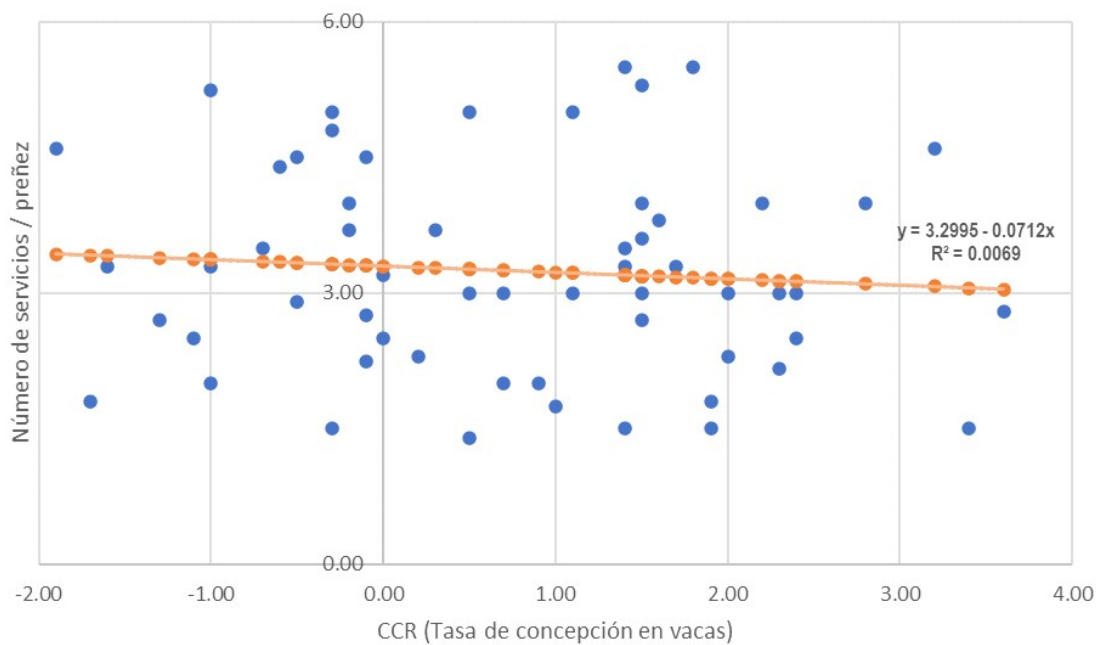


Figura 2. Regresión del número de servicios a la preñez efectiva con los valores de tasa de concepción genómico (CCR, n=58)

CONCLUSIONES

- La frecuencia de portadores para los haplotipos del tipo HH1 y HH3 fue de 5.2% y para el haplotipo del tipo HH5 de 3.4%.
- El comportamiento reproductivo de las vacas portadoras no fue afectado por la condición de la presencia del haplotipo reproductivo (HH1, HH3 y HH5).
- Los valores genómicos para tasa de concepción en vacas (CCR) no resultó ser un buen indicador del comportamiento reproductivo medido como número de servicios por preñez, siendo no significativa la correlación y la regresión entre las dos características.
- Se determinaron cinco grupos genéticos de padres en el rebaño en estudio y cuatro de ellos presentaron progenie que han sido padres de las vacas y que son portadores para los haplotipos reproductivos.

Agradecimientos

Al Establo Primavera, por la información de los registros de producción y las muestras para el genotipado de las vacas lecheras. Al Vicerrectorado de Investigación de la Universidad Nacional Agraria La Molina, por el financiamiento para el genotipado de las vacas lecheras, a través de «Innovación Tecnológica – UNALM 2016».

LITERATURA CITADA

1. **CDCB. 2017.** Council on Dairy Cattle Breeding. Form GENO. [Internet]. Available in: <https://www.uscdcb.com/what-we-do/genomics>
2. **Cole JB, VanRaden PM, Null DJ, Hutchison JL, Cooper TA, Hubbard SM. 2014.** Haplotype test for recessive disorders that affect fertility and others traits. Beltsville, USA. [Internet]. Available in: https://aipl.arsusda.gov/reference/recessive_haplotypes_ARR-G3.html
3. **Cooper TA, Wiggins GR, VanRaden PM, Hutchison JL, Cole JB, Null DJ. 2013.** Genomic evaluation of Ayrshire dairy cattle and new haplotypes affecting fertility and stillbirth in Holstein, Brown Swiss and Ayrshire breeds. In: ADSA-SAS Joint Annual Meeting. Indianapolis, USA
4. **Diskin MG, Morris DG. 2008.** Embryonic and early foetal losses in cattle and others ruminants. *Reprod Dom Anim* 43(Suppl 2): 260-267. doi:10.1111/j.1439-0531.2008.01171.x
5. **Diskin MG, Parr MH, Morris DG. 2012.** Embryo death in cattle: an update. *Reprod Fertil Dev* 24: 244-251. doi: 10.1071/RD11914
6. **Fritz S, Capitan A, Djari A, Rodriguez SC, Barbat A, Baur A, Grohs C, et al. 2013.** Detection of haplotypes associated with prenatal death in dairy cattle and identification of deleterious mutations in GART, SHBG and SLC37A2. *PLoS ONE* 8: e65550. doi: 10.1371/journal.pone.0065550
7. **Garbe JR, Da Y. 2008.** Pedigraph: a software tool for the graphing and analysis of large complex pedigree. User manual v. 2.4. Department of Animal Science. University of Minnesota. USA.
8. **González-Recio O, López de Maturana E, Gutierrez JP. 2007.** Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. *J Dairy Sci* 90: 5744-5752. doi: 10.3168/jds.2007-0203
9. **Gutierrez JP, Goyache F. 2005.** A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J Anim Breed Genet* 122: 172-176. doi: 10.1111/j.1439-0388.2005.00512.x
10. **Holstein Association USA. 2017.** [Internet]. Available in: www.holsteinusa.com

11. **Krejcie RV, Morgan DW. 1970.** Determining sample sizes for research activities. *Educ Psychol Meas* 30: 607-610. doi: 10.1177/001316447003000308
12. **Larkin DM, Daetwyler HD, Hernandez AG, Wright CL, Hetrick LA, Boucek L, Bachman SL, et al. 2012.** Whole-genome resequencing of two elite sires for the detection of haplotypes under selection in dairy cattle. *P Natl Acad Sci USA* 109: 7693-7698. doi: 10.1073/pnas.1114546109
13. **Mylrea PJ. 1963.** A suspected genetic cause of abortion in cattle. *Aust Vet J* 39: 35-36. doi: 10.1111/j.1751-0813.1963.tb04174.x
14. **Norman HD, Miller RH, Wright JR, Hutchison JL, Olson KM. 2012.** Factors associated with frequency of abortions recorded through Dairy Herd Improvement test plan. *J Dairy Sci* 95: 4074-4084. doi: 10.3168/jds.2011-4998.
15. **Parland SMC, Kearney JF, Rath M, Berry DP. 2007.** Inbreeding effects on milk production, calving performance, fertility, and conformation in Irish Holstein-Friesians. *J Dairy Sci* 90: 4411-4419. doi: 10.3168/jds.2007-0227
16. **USDA APHIS. 2017.** United State Department of Agriculture. Animal and Plant Health Inspection Services. [Internet]. Available in: www.aphis.usda.gov/aphis
17. **VanRaden PM, Sanders AH, Tooker ME, Muller RH, Norman HD, Kuhn MT, Wiggans GR. 2004.** Development of a national genetic evaluation for cow fertility. *J Dairy Sci* 87: 2285-2292. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(04)70049-1
18. **VanRaden PM, Olson KM, Null DJ, Hutchison JL. 2011.** Harmful recessive effects on fertility detected by absence of homozygous haplotypes. *J Dairy Sci* 94: 6153-6161. doi: 10.3168/jds.2011-4624
19. **VanRaden PM, Null DJ, Sonstegard TS, Adams HA, Van Tassell CP, Olson KM. 2012.** Fine mapping and discovery of recessive mutations that cause abortions in dairy cattle. *J Dairy Sci* 95(Suppl 2): Abstract.
20. **Wijeratne WVS, Stewart DL. 1971.** Population study of abortion in cattle with special reference to genetic factors. *Anim Prod* 13: 229-235. doi: 10.1017/S0003356100029664