



Guía Práctica de

Evaluación Genética Animal

Con

Virtual Blup



Guía Práctica de

Evaluación Genética Animal

Con



Rubén Muñoz Flores

*Ingeniero Agrónomo
M.Sc. Mejoramiento Genético Animal.*

Asesor Técnico y Administrador en Servicios
Informáticos y Tecnologías Web, E.I.R.L.

Villarrica-Chile.

Carmen González Verdejo

*Médico Veterinario
Esp. Genética Molecular y Biología Forense.*

Colaborador en Servicios Informáticos y
Tecnologías Web, E.I.R.L.

Madrid – España.

Guía Práctica de
Evaluación Genética Animal
con VirtualBlup

Versión digital

Registro de Propiedad Intelectual N° 263.561

Villarrica, Chile
Marzo de 2016.

Servicios Informáticos y Tecnologías Web, E.I.R.L.

Julio Zegers N°973. Villarrica. Chile

<http://www.virtualblup.cl/>

Autores:

- **Rubén Muñoz Flores**, Ingeniero Agrónomo, M.Sc.
- **Carmen González Verdejo**, Médico Veterinario.

Se permite la reproducción parcial de la información aquí contenida,
siempre y cuando se cite esta publicación como fuente.

Índice

Introducción

05

1

Evaluación Genética
Animal

1.1.- Datos de producción	<u>08</u>
1.2.- Registros genealógicos	<u>09</u>
1.3.- Parámetros genéticos	<u>10</u>

2.1.- Archivo de datos productivos	<u>18</u>
2.2.- Archivo de genealogía	<u>19</u>
2.3.- Parámetros genéticos	<u>19</u>
2.4.- Generación de archivos	<u>19</u>
2.5.- Evaluación genética	<u>21</u>
2.6.- Ajuste del modelo	<u>26</u>
2.7.- Factores fijos	<u>27</u>
2.8.- Valores genéticos estimados (VGE)	<u>28</u>
2.9.- Utilización de los valores genéticos	<u>30</u>
2.10.- Coeficiente de consanguinidad	<u>31</u>

2

Modelo Animal
Simple

3.1.- Archivo de datos productivos	<u>34</u>
3.2.- Archivo de genealogía	<u>35</u>
3.3.- Parámetros genéticos	<u>35</u>
3.4.- Generación de archivos	<u>35</u>
3.5.- Evaluación genética	<u>35</u>
3.6.- Ajuste del modelo	<u>40</u>
3.7.- Factores fijos	<u>41</u>
3.8.- Valores genéticos estimados (VGE)	<u>42</u>
3.9.- Utilización de los valores genéticos	<u>43</u>
3.10.- Efecto del ambiente permanente	<u>45</u>

3

Modelo Animal de
Repetibilidad

4

Modelo Animal con Efectos Ambientales Comunes

4.1.- Archivo de datos productivos	<u>48</u>
4.2.- Archivo de genealogía	<u>49</u>
4.3.- Parámetros genéticos	<u>49</u>
4.4.- Generación de archivos	<u>49</u>
4.5.- Evaluación genética	<u>50</u>
4.6.- Ajuste del modelo	<u>54</u>
4.7.- Factores fijos	<u>55</u>
4.8.- Valores genéticos estimados (VGE)	<u>56</u>
4.9.- Utilización de los valores genéticos	<u>57</u>
4.10.- Efecto del ambiente común	<u>58</u>

5

Modelo Animal con Efectos Maternos

5.1.- Archivo de datos productivos	<u>60</u>
5.2.- Archivo de genealogía	<u>61</u>
5.3.- Parámetros genéticos	<u>61</u>
5.4.- Generación de archivos	<u>62</u>
5.5.- Evaluación genética	<u>62</u>
5.6.- Ajuste del modelo	<u>66</u>
5.7.- Factores fijos	<u>67</u>
5.8.- Valores genéticos estimados (VGE)	<u>68</u>
5.9.- Utilización de los valores genéticos	<u>70</u>
5.10.- Efecto del ambiente permanente materno	<u>71</u>

Mérito económico	<u>73</u>
-------------------------	---------------------------

Glosario	<u>75</u>
-----------------	---------------------------

Literatura consultada	<u>77</u>
------------------------------	---------------------------

Introducción

El presente documento tiene como objetivo guiar y orientar a las personas que deseen llevar a cabo el proceso de evaluación genética con **VirtualBlup**, principalmente a los que quieran iniciarse en el tema o los que trabajan en el ámbito aplicado del mejoramiento genético animal. Por esta razón no se explican los fundamentos estadísticos de la metodología ni se detallan las asunciones y fórmulas matemáticas que la sustentan.

Se desarrollan paso a paso cuatro evaluaciones genéticas con pequeños conjuntos de datos, a modo de ejemplo, para conseguir tres cosas: ilustrar la forma de proceder con el software, explicar e interpretar los principales archivos de resultados y mostrar la utilidad práctica de esta información.

Los ejemplos se desarrollan sobre caracteres conocidos y que rutinariamente se evalúan en el ganado. Aunque fueron elegidos de forma arbitraria, éstos son representativos del modelo de evaluación en el que figuran y extrapolables a otras especies animales.

Los conjuntos de datos son muy pequeños pero ilustrativos, de tal forma que la única diferencia que exista con una situación real sea la cantidad de registros contenidos en los archivos.

Aunque no es el objetivo central del documento, se hace mención al proceso de selección utilizando los valores genéticos estimados de los ejemplos y también en el apartado de mérito económico, cuando se selecciona por varios caracteres.

La presente guía es un complemento a los Videotutoriales que **VirtualBlup** tiene en su canal de YouTube y en los que se explican con detalle las demás opciones y características del software. Esperamos que tanto éstos como el presente documento sean de ayuda para el usuario.

Evaluación Genética Animal



La evaluación genética animal es el proceso por el cual se predice el **valor genético** de los individuos de una población para una o varias características de interés económico.

El objetivo es obtener una medición confiable del potencial genético de los animales, que permita al ganadero o profesional competente, identificar los mejores individuos y seleccionarlos como reproductores para que transmitan a su descendencia los genes favorables para producción.

Existen varios métodos de evaluación genética en producción animal pero el más utilizado, gracias a sus bondades estadísticas, es el **BLUP** o mejor predicción lineal insesgada (de sus siglas en inglés **Best Linear Unbiased Prediction**). **VirtualBlup**, como su nombre lo indica, utiliza dicha metodología en su algoritmo de cálculo.

Para llevar a cabo el proceso de evaluación genética son necesarias tres fuentes de información, las que se describen a continuación.

1.1.- DATOS DE PRODUCCIÓN

Son los registros de producción de los animales. Estos deben figurar en un archivo junto con información de las circunstancias concretas en las que tuvo lugar cada dato productivo.

Por ejemplo, si se desea realizar una evaluación genética para el carácter peso al destete en ganado bovino de carne se deberá incluir, además del dato de peso, el sexo del individuo ya que normalmente los machos suelen pesar más que las hembras. Si no incluyésemos ese “*factor sexo*” los machos aparecerían sistemáticamente mejor valorados que las hembras. A estas variables que influyen de forma evidente en la producción se les denomina **Factores Fijos**.

Mientras más factores fijos se incluyan en el análisis, mejor ya que se eliminará el efecto confundidor que estos tienen sobre el valor genético de los individuos.

Un ejemplo de archivo de datos se muestra la **Figura 1**. Contiene once filas y cinco columnas. Cada línea o fila corresponde al registro de un individuo y cada columna identifica lo que compone cada registro. Las tres primeras columnas contienen los factores fijos “REBAÑO”, “SEXO” y “EDAD” respectivamente, la cuarta los datos de peso al destete y la quinta columna, las correspondientes identificaciones de los individuos.

	A	B	C	D	E
1	REBAÑO	SEXO	EDAD (Días)	PESO AL DESTETE (Kg a los 210 días)	ID INDIVIDUO
2					
3	FD03	MACHO	182	199.52	ANIM05
4	FD03	HEMBRA	175	168.44	ANIM06
5	FD03	HEMBRA	175	162.30	ANIM07
6	FD03	MACHO	175	185.42	ANIM08
7	FD05	MACHO	195	180.30	ANIM09
8	FD05	HEMBRA	185	152.45	ANIM10
9	FD05	HEMBRA	185	161.20	ANIM11
10	FD08	HEMBRA	180	140.47	ANIM12
11	FD08	MACHO	180	170.22	ANIM13
12	FD08	HEMBRA	180	145.32	ANIM14
13	FD08	MACHO	180	168.22	ANIM15
14					

Figura 1. Archivo de datos productivos

OBSERVE QUE...

Los factores fijos “REBAÑO” y “SEXO” presentan niveles que permiten clasificar los datos. Así, cada registro pertenecerá a uno de los tres rebaños existentes y a uno de los dos sexos. Sin embargo, para el factor “EDAD” no es posible hacer una clasificación porque no existen niveles sino un espectro continuo de valores. A este tipo de Factores, que son resultado de una medición, se les denomina *covariables*.

¿Qué relación existe entre las covariables y el carácter?

Existe una relación proporcional entre ambas, es decir, si varía una la otra también variará. La relación entre ambas puede ser directa o inversa. En el ejemplo anterior, la covariable edad se relaciona directamente con el carácter ya que, a mayor edad, los individuos presentarán mayores pesos al destete.

1.2.- REGISTROS GENEALÓGICOS

Se refieren a la correcta identificación de los individuos y la de sus respectivos padres. Esta información debe figurar en un archivo en el que deben existir tres columnas: una con las identificaciones de los individuos, otra con la identificación de los padres y otra con la identificación de las madres (**Figura 2**).

Generalmente el orden de aparición de las columnas en los archivos de genealogía es “individuo – padre – madre”, sin embargo, en **VirtualBlup** el orden de aparición de estas columnas no es importante.

	A	B	C
1	ID Individuo	ID Padre	ID Madre
2			
3	ANIM01	0	0
4	ANIM02	0	0
5	ANIM03	0	0
6	ANIM04	0	0
7	ANIM05	ANIM01	ANIM02
8	ANIM06	ANIM03	ANIM02
9	ANIM07	ANIM04	ANIM06
10	ANIM08	ANIM03	ANIM06
11	ANIM09	ANIM01	ANIM06
12	ANIM10	ANIM03	ANIM02
13	ANIM11	ANIM03	ANIM07
14	ANIM12	ANIM08	ANIM07
15	ANIM13	ANIM09	ANIM02
16	ANIM14	ANIM03	ANIM06
17	ANIM15	ANIM01	ANIM07
18			
19			

Figura 2. Archivo de genealogía.

OBSERVE QUE...

Los primeros cuatro individuos constituyen lo que se denomina **población base**. Son en conjunto la generación parental, es decir, la que dio origen a los individuos de las siguientes generaciones. Es un requisito fundamental para desarrollar el **BLUP** asumir que no se conocen los padres de estos individuos. Por ello, la casilla de identificación de sus padres contiene un "0".

Es importante resaltar que, para efectos de realizar una evaluación genética mediante **BLUP**, deben existir individuos con padres desconocidos en el archivo de genealogía.

Por otro lado, en la **Figura 2**, los individuos destacados con **fondo gris** son los que cuentan con dato productivo y por tanto se encuentran también en tal archivo.

Todos los individuos que figuren en el archivo de datos deben figurar obligatoriamente también en el archivo de genealogía. Por el contrario, puede haber individuos en Genealogía que no cuenten con dato productivo y por tanto no aparecer en datos.

1.3.- PARÁMETROS GENÉTICOS:

Los parámetros genéticos son indicadores poblacionales de la característica a evaluar. El más importante es la **Heredabilidad** o índice de herencia, la que se denota por h^2 .

La h^2 es un coeficiente que indica la proporción de las diferencias observadas en el carácter que son de origen genético, por ende puede tomar valores de entre 0 y 1.

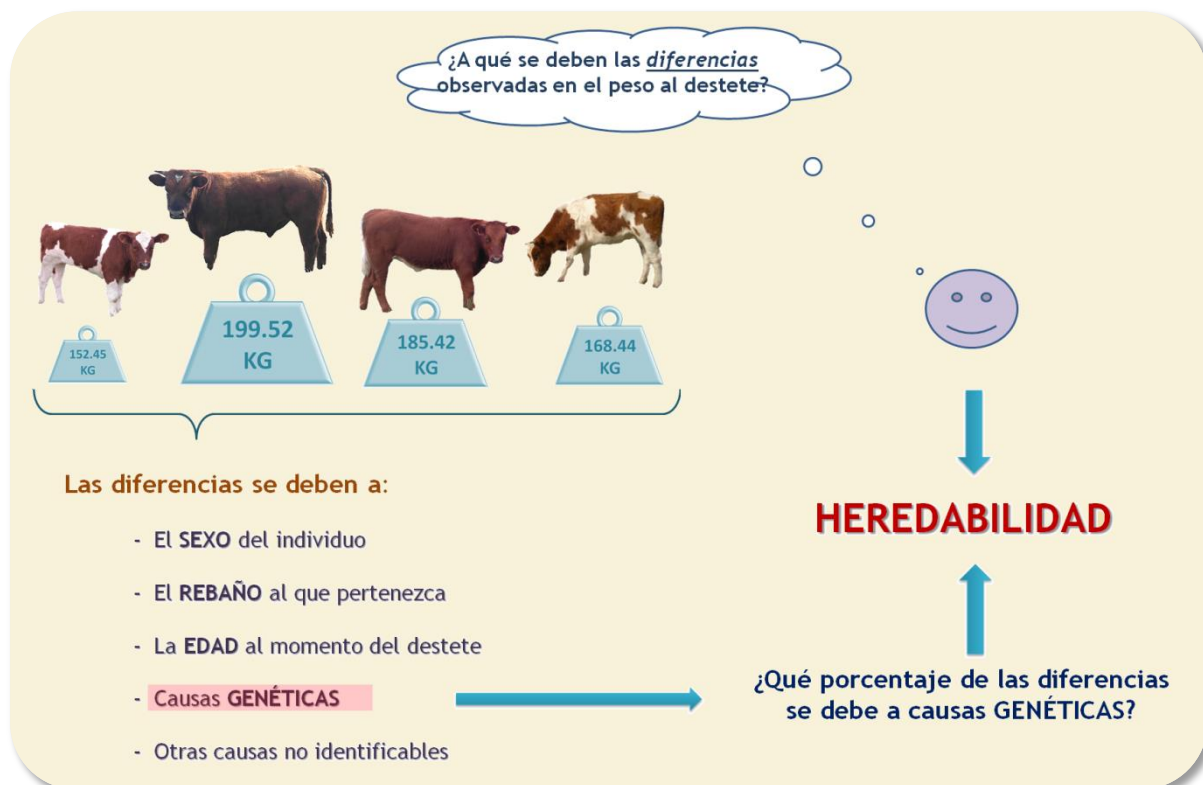


Figura 3. Concepto de Heredabilidad.

Siguiendo con el ejemplo del peso al destete, una heredabilidad de 0.27 nos indica que un 27% de las diferencias observadas entre los animales son de origen genético y pueden transmitirse a la descendencia.

Por lo tanto:

- Si la heredabilidad es **ALTA**, las diferencias observadas entre animales son debidas principalmente a los genes.
- Si la heredabilidad es **BAJA**, las diferencias son debidas principalmente al “ambiente” (en nuestro ejemplo al factor sexo, edad y rebaño).

1.3.1.- Otros parámetros genéticos son:

REPETIBILIDAD (r):

Indicador del grado de asociación existente entre los registros repetidos de un mismo carácter. Puede tomar valores entre 0 y 1.

CORRELACIÓN GENÉTICA (r_{xy}):

Grado de asociación entre los valores genéticos de dos caracteres. En este texto nos referiremos a la correlación entre los efectos genéticos directos y los efectos genéticos maternos. Puede tomar valores entre -1 y 1.

ÍNDICE C^2 :

Medida de covariación entre parientes causada por un ambiente común. Puede tomar valores entre 0 y 1.

HEREDABILIDAD MATERNA (h^2_m):

Proporción de la variabilidad total que es de origen genético materno. Puede tomar valores entre 0 y 1.

¿Cómo saber cuál o cuáles parámetros son necesarios en una evaluación genética?

Como se mencionó anteriormente la **Heredabilidad** es el parámetro más importante por lo que siempre será requerida. Adicionalmente serán necesarios uno o más parámetros en función del modelo de evaluación genética a utilizar. Esto último dependerá a su vez del carácter que se desee evaluar. En la **Tabla 1** se muestran los modelos de evaluación disponibles en *VirtualBlup* junto con los parámetros necesarios en cada uno de ellos.

Tabla 1. Modelos de evaluación genética disponibles en *VirtualBlup* y parámetros genéticos necesarios.

Escenario	Modelo de evaluación	Parámetros necesarios	Algunos caracteres en los que se ajusta el modelo
<p>Se cuenta con una medición por individuo del carácter a evaluar</p> <p>o</p> <p>El carácter se mide una sola vez en la vida del individuo</p> <p>y</p> <p>no existen o no se desea considerar efectos maternos</p>	Modelo animal simple	Heredabilidad (h^2)	<ul style="list-style-type: none"> ➤ Ganancia de peso vivo ➤ Peso al sacrificio ➤ Características de la canal (peso, longitud, % cortes nobles, espesor de la grasa, grado de marmóreo, área del ojo de bife, etc.) ➤ Edad a la pubertad o al primer parto, etc. ➤ Circunferencia escrotal
<p>Se cuenta con varias mediciones por individuo</p> <p>y</p> <p>No existen efectos maternos</p>	Modelo animal de repetibilidad	<p>Heredabilidad (h^2)</p> <p>Repetibilidad (r)</p>	<ul style="list-style-type: none"> ➤ Producción de leche (Kg de leche, grasa y proteína) ➤ Intervalo entre partos ➤ Tamaño de camada ➤ Peso del vellón, diámetro de la fibra, longitud de fibra, etc. ➤ Resultados de carreras de caballos ➤ Producción de huevos
<p>Se cuenta con una medición por individuo.</p> <p>Aplicable cuando el individuo es parte de una camada. (Especies prolíficas)</p>	Modelo animal con efectos ambientales comunes	<p>Heredabilidad (h^2)</p> <p>C^2</p>	<ul style="list-style-type: none"> ➤ Peso al nacimiento ➤ Peso al destete ➤ Ganancia de peso ➤ N° de crías <p>Válido para especies como porcino, cuye o conejos</p>
<p>El carácter se mide a edades tempranas en los individuos</p> <p>y</p> <p>Se cuenta con una medición por individuo</p>	Modelo animal con efectos maternos	<p>Heredabilidad (h^2)</p> <p>Heredabilidad materna (h^2_m)</p> <p>Correlación genética (r_{xy})</p> <p>C^2</p>	<ul style="list-style-type: none"> ➤ Peso al nacimiento ➤ Peso al destete ➤ Ganancia de peso a edades tempranas ➤ Tiempo en lograr un determinado peso al destete

¿Dónde puedo obtener estos parámetros genéticos?

En estricto rigor deben ser calculados, ya que son específicos de cada población. No obstante pueden ser obtenidos también de estudios realizados en distintas especies. En las tablas 2, 3, 4, 5 se muestran valores de parámetros genéticos para distintos caracteres, en distintas especies ganaderas.

Tabla 2. Parámetros genéticos en el ganado bovino lechero.

Carácter	h^2	r
Producción		
Kg. de leche	0.20 – 0.40	0.40 – 0.50
Kg. de grasa	0.20 – 0.40	0.40 – 0.50
Kg. de proteína	0.20 – 0.35	0.40 – 0.50
% de grasa en leche	0.30 – 0.60	0.40 – 0.70
% de proteína en leche	0.40 – 0.70	0.50 – 0.80
Reproducción		
Intervalo entre partos	0.00 – 0.50	0.10 – 0.30
Nº de servicios por concepción	0.00 – 0.05	0.03 – 0.10
Días abiertos	0.00 – 0.05	0.05 – 0.15

Tabla 3. Parámetros genéticos en el ganado bovino de carne.

Carácter	h^2_d	h^2_m	r_{dm} / r	c^2
Producción				
Peso al nacimiento	0.20 – 0.30	0.01 – 0.15	(-0.40) – (-0.80)	0.00 – 0.10
Peso al destete	0.20 – 0.40	0.10 – 0.15	(-0.25) – (-0.90)	0.00 – 0.20
Ganancia de peso (crianza)	0.25 – 0.30	0.05 – 0.15	(-0.30) – (-0.50)	0.05 – 0.30
Ganancia de peso a corral	0.35 – 0.45			
Ganancia de peso a pastoreo	0.20 – 0.30			
Peso a los 18 meses	0.45 – 0.55			
Peso a la madurez	0.45 – 0.55			
Peso al sacrificio	0.50 – 0.80			
Reproducción				
Nº servicios por concepción	0.00 – 0.05		0.03 – 0.10	
Intervalo entre partos	0.00 – 0.10		0.02 – 0.20	
Edad al primer parto	0.07 – 0.24			
Edad a la pubertad	0.40			
Circunferencia escrotal	0.50			
Características de la canal				
Área del ojo de bife	0.50 – 0.70			
Terneza de la carne	0.50 – 0.60			

Tabla 4. Parámetros genéticos en el ganado porcino.

Carácter	h^2	r
Producción		
Ganancia de peso (post-destete)	0.25 – 0.50	
Eficiencia alimenticia	0.15 – 0.50	
Longitud de la canal	0.30 – 0.70	
Espesor de la grasa dorsal	0.40 – 0.60	
Área del “ <i>Longissimus dorsi</i> ”	0.20 – 0.60	
Color de la carne	0.30 – 0.40	
% de cortes magros	0.20 – 0.40	
Reproducción		
Tamaño de camada	0.05 – 0.15	0.10 – 0.25
Peso de la camada al nacimiento	0.10 – 0.20	0.15 – 0.30
Peso del lechón al nacer	0.05 – 0.10	
Nº de lechones a los 21 días	0.10 – 0.15	
Nº de lechones destetados	0.10 – 0.15	

Tabla 5. Parámetros genéticos en aves de postura.

Carácter	h^2	r
Producción		
Producción de huevos por día	0.15 – 0.30	
Peso del huevo	0.40 – 0.70	0.80 – 0.90
Peso corporal	0.30 – 0.50	
Reproducción		
Fertilidad	0.05 – 0.15	
Edad a la madurez sexual	0.30 – 0.40	
Edad a la primera postura	0.20 – 0.40	
Incubabilidad	0.05 – 0.20	

Tabla 6. Parámetros genéticos en el ganado ovino.

Carácter	h^2	r
Producción		
Peso al destete	0.20 – 0.40	
Peso del Vellón	0.30 – 0.60	0.50 – 0.60
Longitud de mecha	0.30 – 0.60	0.30 – 0.70
Diámetro de fibra	0.30 – 0.50	0.50 – 0.60
Cantidad de leche	0.20 – 0.35	0.40 – 0.50
Cantidad de grasa	0.15 – 0.35	
Cantidad de proteína	0.15 – 0.35	
% de grasa en leche	0.10 – 0.50	0.10 – 0.60
% de proteína en leche	0.15 – 0.55	0.30 – 0.70
Peso al nacimiento	0.30	
Peso al destete	0.20 – 0.40	
Peso a la madurez	0.40	
Ganancia de peso (pos destete)	0.40	
Reproducción		
Tamaño de camada	0.05 – 0.15	0.10 – 0.30

Modelo Animal Simple



El modelo animal simple se aplica cuando el carácter a evaluar se mide una sola vez en la vida del animal o si solamente contamos con un registro por individuo. Ejemplos de estos caracteres son el peso al momento del sacrificio, rendimiento de la canal, la ganancia de peso, edad al primer parto, caracteres morfológicos como la altura a la cruz, la circunferencia escrotal o el perímetro torácico, etc.

A continuación se ilustrará una evaluación genética para el carácter “Ganancia diaria de peso” en bovinos de carne considerando datos provenientes del periodo de recría del ganado (etapa pos-destete), con animales bajo condiciones extensivas de pastoreo.

RECUERDE

Es necesario suministrar tres fuentes de información:

- Datos de producción,
- Genealogía
- Parámetros genéticos

2.1.- ARCHIVO DE DATOS PRODUCTIVOS

La **Figura 4** muestra el archivo de datos contenidos en una hoja de cálculo Excel. Contiene ocho columnas y diecisiete registros equivalentes a diecisiete animales. Incluye información acerca del sexo de los individuos, la identificación del rebaño de origen y la estación del año en la que se registró la ganancia de peso.

ID Individuo	SEXO	REBAÑO	ESTACIÓN	PV Inicial (Kg)	PV Final (Kg)	Duración Periodo (Días)	GANANCIA DE PESO (grs / día)
ANIM04	MACHO	AA01	INVIERNO	192.32	350.69	185	802
ANIM05	MACHO	AA01	INVIERNO	186.52	328.23	185	766
ANIM06	HEMBRA	AA01	OTOÑO	190.44	299.405	185	589
ANIM07	MACHO	TK5	INVIERNO	195.00	317.67	175	701
ANIM08	HEMBRA	BX03	PRIMAVERA	187.22	317.18	180	722
ANIM09	MACHO	TK5	OTOÑO	188.04	343.65	171	910
ANIM10	MACHO	BX03	OTOÑO	199.45	379.09	180	998
ANIM11	HEMBRA	BX03	PRIMAVERA	171.25	324.25	180	850
ANIM12	HEMBRA	TK5	PRIMAVERA	177.22	366.22	180	1050
ANIM13	HEMBRA	TK5	PRIMAVERA	165.44	343.64	180	990
ANIM14	MACHO	AA01	PRIMAVERA	199.64	442.64	180	1350
ANIM15	MACHO	AA01	PRIMAVERA	201.56	422.96	180	1230
ANIM16	MACHO	BX03	PRIMAVERA	210.55	484.15	180	1520
ANIM17	HEMBRA	BX03	INVIERNO	179.55	267.92	175	505
ANIM18	MACHO	BX03	INVIERNO	196.46	329.11	175	758
ANIM19	MACHO	AA01	INVIERNO	185.44	314.57	185	698
ANIM20	HEMBRA	TK5	OTOÑO	184.27	287.72	171	605

Figura 4. Archivo de datos productivos para el carácter ganancia diaria de peso en bovinos de carne.

2.2.- ARCHIVO DE GENEALOGÍA

El archivo de genealogía está compuesto por tres columnas y veinte registros equivalentes a veinte animales (Figura 5). Los padres desconocidos están identificados con un cero "0".

ID Padre	ID Madre	ID Individuo
0	0	ANIM01
0	0	ANIM02
0	0	ANIM03
0	0	ANIM04
0	0	ANIM05
ANIM01	0	ANIM06
ANIM01	ANIM03	ANIM07
ANIM02	ANIM03	ANIM08
ANIM01	ANIM03	ANIM09
ANIM04	ANIM03	ANIM10
ANIM04	ANIM06	ANIM11
ANIM02	ANIM08	ANIM12
ANIM04	ANIM03	ANIM13
ANIM10	ANIM08	ANIM14
ANIM10	ANIM11	ANIM15
ANIM10	ANIM11	ANIM16
ANIM04	ANIM08	ANIM17
ANIM01	ANIM06	ANIM18
ANIM02	ANIM03	ANIM19
ANIM04	ANIM03	ANIM20

IMPORTANTE:

El usuario puede utilizar un código alfabético, numérico o alfanumérico para identificar los padres desconocidos.

Observe que la identificación de los individuos se encuentra en la tercera y última columna.

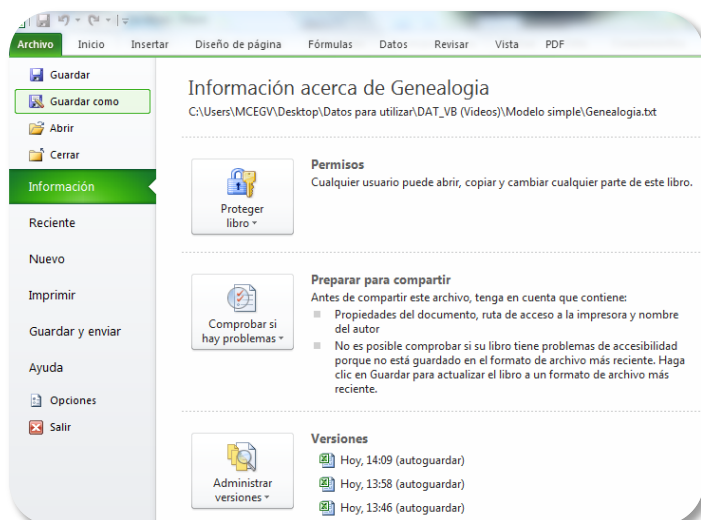
Figura 5. Archivo de genealogía.

2.3.- PARÁMETROS GENÉTICOS

Se utilizará una Heredabilidad de 0.51

2.4.- GENERACIÓN DE ARCHIVOS

Tanto el archivo de datos como el de genealogía se encuentran en una hoja de Microsoft Excel. Por tanto, lo primero a realizar será pasar estos dos archivos a formato de texto (archivos ".txt"), que es como **VirtualBlup** los acepta.

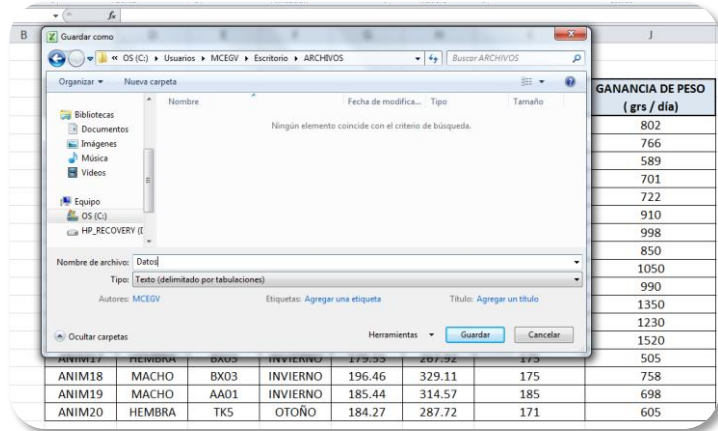


Para generar los nuevos archivos debe realizar lo siguiente:

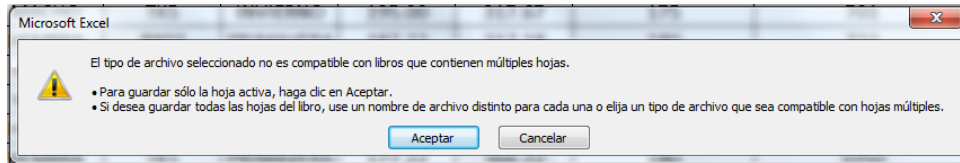
- Dentro del archivo Excel ir al menú **Archivo**.
- Elegir la opción **Guardar como**.

Se abrirá un cuadro de diálogo para que seleccione la carpeta en la que desea guardar los nuevos archivos.

- Seleccione “Texto (delimitado por tabulaciones)” en el recuadro **Tipo** del cuadro de diálogo.
- Coloque un nombre al nuevo archivo de datos y presione el botón **Guardar**.

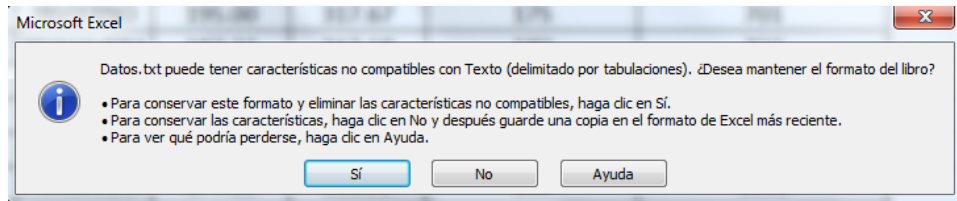


Tras guardar aparecerá el siguiente aviso:



Presione **Aceptar** y continúe.

Por último, presione el botón **Sí** del nuevo recuadro.



Realizado los pasos previos habrá conseguido guardar el archivo de datos en un archivo de texto. Seguidamente, abra el archivo generado y elimine las cabeceras que contienen los nombres de cada columna, como se muestra en la siguiente imagen.

ID Individuo	SEXO	REBAÑO	ESTACIÓN	(kg)	(kg)	PV Inicial (Días)	(grs / día)	PV Final
ANIM04	MACHO	AA01	INVIERNO	192.32	350.69	185	802	
ANIM05	MACHO	AA01	INVIERNO	186.52	328.23	185	766	
ANIM06	HEMBRA	AA01	OTOÑO	190.44	299.405	185	589	
ANIM07	MACHO	TK5	INVIERNO	195.00	317.67	175	701	
ANIM08	HEMBRA	BX03	PRIMAVERA	187.22	317.18	180	722	
ANIM09	MACHO	TK5	OTOÑO	188.04	343.65	171	910	
ANIM10	MACHO	BX03	OTOÑO	199.45	379.09	180	998	
ANIM11	HEMBRA	BX03	PRIMAVERA	171.25	324.25	180	850	
ANIM12	HEMBRA	TK5	PRIMAVERA	177.22	366.22	180	1050	
ANIM13	HEMBRA	TK5	PRIMAVERA	165.44	343.64	180	990	
ANIM14	MACHO	AA01	PRIMAVERA	199.64	442.64	180	1350	
ANIM15	MACHO	AA01	PRIMAVERA	201.56	422.96	180	1230	
ANIM16	MACHO	BX03	PRIMAVERA	210.55	484.15	180	1520	
ANIM17	HEMBRA	BX03	INVIERNO	179.55	267.92	175	505	
ANIM18	MACHO	BX03	INVIERNO	196.46	329.11	175	758	
ANIM19	MACHO	AA01	INVIERNO	185.44	314.57	185	698	
ANIM20	HEMBRA	TK5	OTOÑO	184.27	287.72	171	605	

Repita el mismo procedimiento para el archivo de Genealogía. Sus archivos resultantes deben quedar como muestra la imagen de la **Figura 6**.

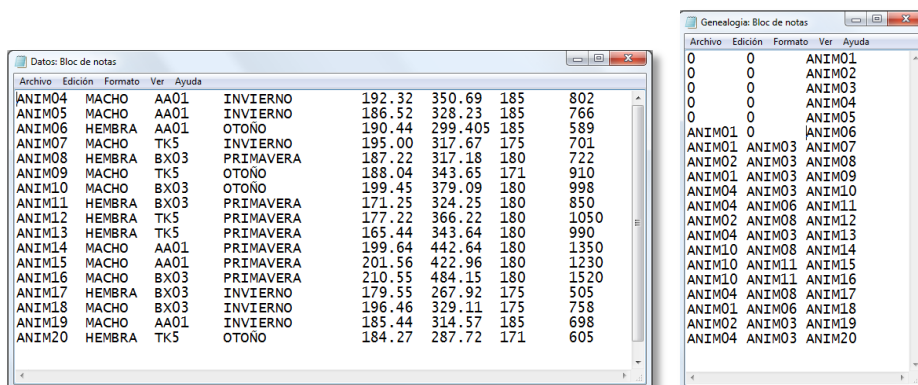
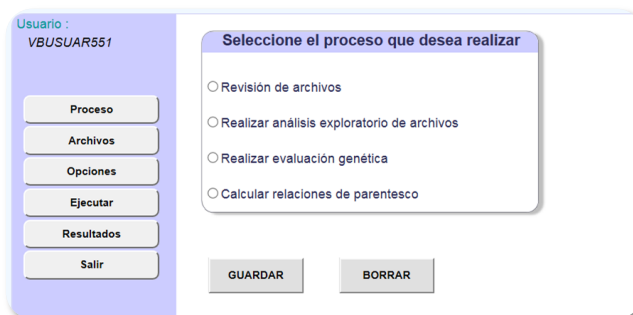


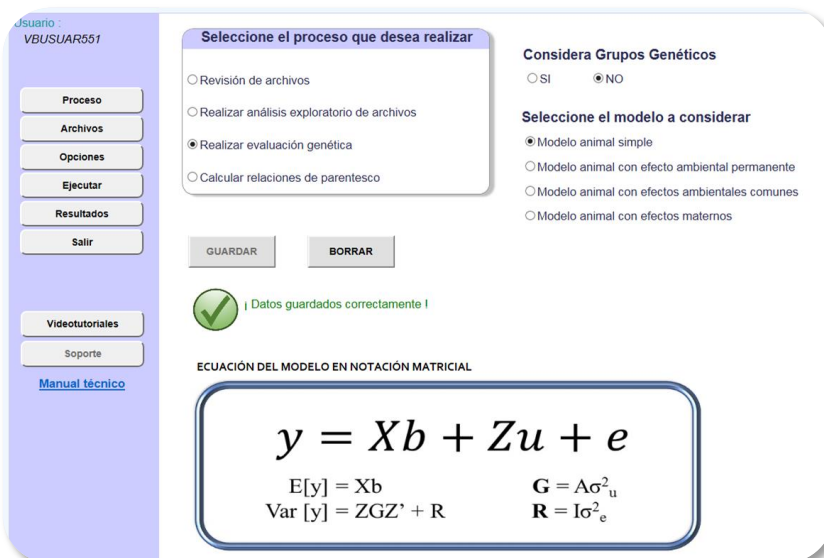
Figura 6. Archivo de datos y genealogía en ficheros de texto y sin cabeceras.

2.5.- EVALUACIÓN GENÉTICA

Ingrese a **VirtualBlup** con su nombre de usuario y contraseña. En la página inicial seleccione la opción “realizar evaluación genética” del recuadro correspondiente.



Aparecerán dos nuevos recuadros, uno para indicar si existen grupos genéticos en genealogía y otro con los modelos de evaluación genética disponibles.



2

Seleccione “NO” en el recuadro de grupos genéticos y “Modelo animal simple” en las opciones de modelos. Luego presione **Guardar**

Continúe a la página de archivos. En ella aparecerán los recuadros para subir los archivos de genealogía y de datos al servidor de *VirtualBlup*.

3

Usuario : VBUSUAR551

Proceso

Archivos

Opciones

Ejecutar

Resultados

Salir

Videotutoriales

Soporte

Manual técnico

Archivo de Genealogía

Seleccione Archivo Examinar... Subir Archivo

Estado

Nombre del archivo

Tamaño

Definir Variables Eliminar Archivo

Archivo de Datos

Seleccione archivo Examinar... Subir Archivo

Estado

Nombre del archivo

Tamaño

Definir Variables Eliminar Archivo

Busque sus archivos presionando el botón **Examinar**.

Una vez seleccionados pulse **Subir Archivo** para iniciar la subida.

IMPORTANTE:

Si sus archivos son muy pesados (superiores a 20 MB) la subida tardará tiempo en concretarse. El tiempo de subida dependerá además de factores como la conexión y velocidad de internet.

4

Especifique las variables contenidas en los archivos. Para ello presione **Definir Variable** del recuadro correspondiente.

En genealogía seleccione la 1ª columna para la variable individuo, la 2ª para padre y la 3ª para la variable madre. Coloque “0” en el recuadro ID de padres desconocidos. Guarde los cambios.

Usuario : VBRUBÉN531

Proceso

Archivos

Opciones

Ejecutar

Resultados

Salir

Videotutoriales

Soporte

Manual técnico

ARCHIVO DE GENEALOGÍA

Columna 1	Columna 2	Columna 3	Columna 4	Columna 5	Columna 6
0	0	ANIM01			
0	0	ANIM02			
0	0	ANIM03			
0	0	ANIM04			
0	0	ANIM05			
ANIM01	0	ANIM06			
ANIM01	ANIM03	ANIM07			
ANIM02	ANIM03	ANIM08			
ANIM01	ANIM03	ANIM09			
ANIM04	ANIM03	ANIM10			

Individuo

Padre

Madre

ID padres desconocidos

GUARDAR BORRAR

¡ Archivo de genealogía guardado correctamente !

Posteriormente defina las variables en el archivo de datos.

La 1ª columna contiene las identificaciones de los individuos. Selecciónela y elija “Animal” en el tipo de variable (Figura 7). Esta columna será la conexión con el archivo de Genealogía.

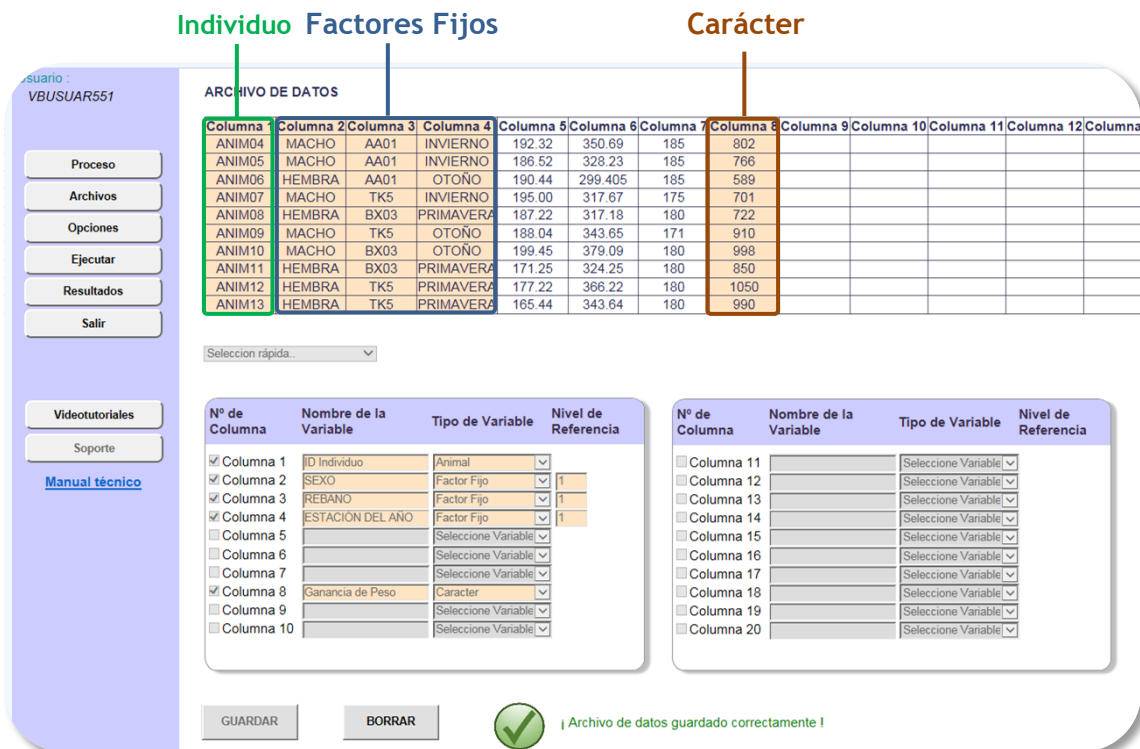


Figura 7. Visor del archivo de datos con sus variables ingresadas.

Las columnas 2ª, 3ª y 4ª contienen los factores fijos SEXO, REBAÑO y ESTACIÓN DEL AÑO respectivamente. Seleccione las columnas y especifique “Factor Fijo” en el tipo de variable para cada una de ellas.

RECUERDE

Los Factores Fijos son aquellas circunstancias ambientales identificables que influyen significativamente en la producción. Pueden ser variables de tipo “Clasificación” (Sexo, rebaño, año, estación, N° de lactación, etc.) o bien de tipo “Continuo” (Edad, días en lactación, intervalo entre partos, peso al nacimiento, etc.). Estas últimas se denominan **Covariables**

En las primeras se pueden distinguir niveles, en las covariables NO porque son el resultado de una medición.

La 5ª columna contiene los datos de peso vivo al inicio del periodo de recría. La 6ª columna contiene el peso vivo al final del periodo y la 7ª columna contiene la duración del periodo en días. Estas columnas no se utilizarán porque son las que dieron origen al dato productivo de interés o carácter que se encuentra en la 8ª columna y que corresponde a la ganancia diaria de peso en gramos.

Seleccione la 8ª columna y especifique “Carácter” en el tipo de variable.

La fórmula utilizada para obtener la ganancia diaria peso fue la siguiente:

$$GDP = \left[\frac{(PV_{inicial} - PV_{final})}{Días} \right] \times 1000$$

Dónde:

GDP = Ganancia diaria de peso (gramos)
 PV_{inicial} = Peso vivo al inicio del periodo (Kilogramos)
 PV_{final} = Peso vivo al final del periodo (Kilogramos)
 Días = Duración del periodo (días)

En los recuadros de niveles de referencia se debe colocar un número entero de entre 0 y el número máximo de niveles que contenga el factor fijo en cuestión. Esta especificación se debe realizar para que la metodología pueda tener solución.

Si las casillas se dejan vacías, el software asignará el número "1", lo que significa que las estimaciones de los niveles de un determinado factor estarán referidas al primer nivel encontrado por el software al leer los datos. Si el usuario ingresa el número "2", estarán referidas al segundo nivel encontrado y así sucesivamente. Un "0" indica que no se harán referencias.

Ingrese el número "1" en todos los factores fijos. Guarde los datos y continúe a la página de opciones.

5

OPCIONES DEL ARCHIVO DE GENEALOGÍA

¿Desea imprimir un archivo con los individuos consanguíneos?

SI NO

En la página de opciones habrá tres recuadros. El primero de ellos le preguntará si desea imprimir un archivo con los individuos consanguíneos.

Si elige la opción "SI" se generará un archivo adicional con la identificación de los animales que presentan un coeficiente de consanguinidad mayor a 0 y el respectivo coeficiente.

Seleccione la opción "SI".

6

OPCIONES DEL ARCHIVO DE DATOS

¿Desea considerar la media en el modelo?

SI NO

El segundo recuadro le preguntará si desea incluir la media de la población en el análisis. Si decide incluirla será considerada como un factor fijo adicional.

Es interesante incluir este factor cuando se desea conocer el promedio poblacional de un carácter calculado con las bondades estadísticas de la metodología **BLUP**. El valor estará corregido tanto por los restantes factores fijos como por los valores genéticos de los individuos.

En este ejemplo se incluirá la media en el modelo. Seleccione la opción "SI".

OPCIONES DEL BLUP Y SU PROCESO ITERATIVO

Criterio de convergencia para BLUP

Criterio de convergencia para remuestreo

Nº muestreos para obtener la Varianza del Error de Predicción (VEP)

Seleccione el tipo de información a suministrar

Parámetros genéticos Varianzas

Heredabilidad

El tercer recuadro contiene valores por defecto para los criterios de convergencia y número de remuestreos del proceso iterativo. Mantenga los valores que vienen por defecto. Si desea más información del significado y ajuste de estos vea el tutorial de este [LINK](#) (minuto 03:58).

7

En este recuadro también se ingresarán los parámetros genéticos.

Seleccione la opción parámetros genéticos e ingrese la heredabilidad del carácter, es decir, **0.51**.

IMPORTANTE:

VirtualBlup considera el punto como separador decimal.

Guarde las opciones y continúe a la página de ejecución (**Figura 8**).

Ejecutar Evaluación Genética

- Puede iniciar el proceso haciendo click en el botón **COMENZAR**
- El tiempo de ejecución dependerá de la cantidad de datos que esté manejando
- El avance del proceso se irá mostrando en la ventana de ejecución
- Puede salir del software y volver a entrar para comprobar el estado de avance del proceso
- Puede detener el proceso en cualquier momento pulsando el botón **DETENER**
- Terminado el proceso puede ver y descargar los archivos en la página de resultados

COMENZAR DETENER

Ventana de Ejecución

ETAPA	DESCRIPCIÓN	TIEMPO ACUMULADO
1 de 13	LEYENDO ARCHIVOS DE GENEALOGÍA Y DATOS	00:00:00
2 de 13	CHEQUEANDO COHERENCIA EN GENEALOGÍA	00:00:00
3 de 13	CHEQUEANDO ANIMALES DE DATOS EN GENEALOGÍA	00:00:00
4 de 13	ORDENANDO POR GENERACIONES	00:00:00
5 de 13	RECODIFICANDO ARCHIVOS	00:00:00
6 de 13	RE-INICIALIZACIÓN DE VARIABLES	00:00:00
7 de 13	CONSTRUYENDO ARCHIVOS TEMPORALES	00:00:00
8 de 13	CALCULANDO CONSANGUINIDAD	00:00:00
9 de 13	RESOLVIENDO EL SISTEMA DE ESTACIONES DEL MUNDO MIXTO	00:00:00

Figura 8. Página de ejecución.

Presione **Comenzar** para iniciar el proceso. Una vez finalizado podrá acceder a la página de resultados. Esta página estará compuesta de dos bloques. El primero contiene los resultados de la revisión previa de los archivos de genealogía y datos (con el fin de detectar errores en ellos y corregirlos). El segundo bloque contiene los resultados del **BLUP** (**Figura 9**).

8

ARCHIVO	CONTENIDO	DESCARGA	VER
pedigree.txt	Nuevo archivo de genealogía con codificación numérica (tras etapa de revisión y corrección).	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
data.txt	Nuevo archivo de datos con codificación numérica (tras etapa de revisión y corrección).	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Ajuste.txt	Parámetros de ejecución del proceso iterativo para BLUP y ajuste del modelo propuesto.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Fijos.txt	Contiene las estimas de los niveles de los factores fijos del modelo.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Genético.txt	Contiene las predicciones de los valores mejorantes de los individuos.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Permanente.txt	Contiene las predicciones del efecto ambiental permanente del modelo.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Común.txt	Contiene las predicciones del efecto del ambiente común del modelo.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Materno.txt	Contiene las predicciones del efecto genético materno del modelo.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Consanguinidad.txt	Resumen y lista de individuos con un coeficiente de consanguinidad distinto de cero.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Iteraciones.txt	Iteraciones acompañadas de las correspondientes soluciones para dos niveles de factores fijos y dos valores genéticos.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>

Figura 9. Bloque de archivos de resultados generados en la etapa del BLUP.

2.6.- AJUSTE DEL MODELO

Para comprobar que el BLUP se desarrolló correctamente se debe revisar el coeficiente de determinación del modelo o R^2 . Este índice se encuentra en el archivo "Ajustes.txt" (Figura 10).

AJUSTE DEL MODELO. Coeficiente de determinación (R2)	
ANOVA	
Fuente Variación	Suma Cuadrados
Modelo	1139697.04729
Residuo	94635.89388
TOTAL	1234332.94118
R2 : 0.923330334363514	

Figura 10. Extracto del archivo Ajuste.txt.

El R^2 de este análisis fue de 0.9233 y nos indica lo siguiente:

- Los factores fijos SEXO, REBAÑO y ESTACIÓN DEL AÑO más la media general de la población y el factor animal explican, en su conjunto, un 92% de la variabilidad de los datos.
- Los factores antes mencionados tienen una influencia real sobre la ganancia diaria de peso, es decir, son causa de variación entre animales para la ganancia de peso.

Si se hubiese omitido alguno de los factores anteriores el R^2 hubiese sido menor y por ende peor estimación de los valores genéticos de los animales.

IMPORTANTE:

El R^2 es un coeficiente que debe oscilar entre “0” y “1”. Si obtiene un valor fuera de ese rango los resultados son ERRONEOS. En tal caso debe revisar y cambiar los niveles de referencia de los factores fijos y volver a realizar el análisis.

2.7.- FACTORES FIJOS

En el archivo “Fijos.txt” se encuentran los valores estimados de los factores fijos (Figura 11).

```

----- VirtualBlup@ -----
                SOLUCIONES PARA LOS VARIABLES FIJAS DEL MODELO
USUARIO          : VBUSUAR551
FECHA            : 8:21:24

VARIABLE = Media          ESTIMA
MEDIA              756.18856

VARIABLE = SEXO           ESTIMA
MACHO              0.00000
HEMBRA            -396.43841

VARIABLE = REBAÑO        ESTIMA
AA01               0.00000
TK5                62.89048
BX03              15.75159

VARIABLE = ESTACIÓN DEL AÑO ESTIMA
INVIERNO          0.00000
OTOÑO            185.99055
PRIMAVERA        531.17796
----- VirtualBlup@ -----
    
```

Figura 11. Archivo Fijos.txt.

La interpretación de estos valores es la diferencia entre niveles de un factor.

- SEXO: Los machos manifiestan una ganancia diaria de peso vivo superior a la de las hembras en 396.43 gramos.
- REBAÑO: La ganancia diaria de peso vivo en el rebaño TK5 es 62.89 gramos superior a la del rebaño AA01 y 47.14 gramos superior a la del rebaño BX03.
- ESTACIÓN DEL AÑO: En otoño la ganancia diaria de peso es mayor que en invierno en 186 gramos. En primavera lo es en 531 gramos respecto al invierno.

IMPORTANTE:

Quando se especifican niveles de referencia, en al menos un factor fijo, las soluciones obtenidas para todos los factores son relativas, es decir, la interpretación de los valores estimados será la diferencia entre los niveles de un factor en concreto.

2.7.1.- ¿Cómo se interpreta la media general de la población?

La media se debe interpretar de la siguiente manera:

Media + Nivel de Factor SEXO + Nivel de Factor REBAÑO + Nivel de Factor ESTACIÓN DEL AÑO.

En el presente ejemplo:

- El promedio general de ganancia diaria de peso en las “Hembras” del rebaño “TK5” en “Primavera” es de $756.18 + (-396.43) + 62.89 + 531.17 = 953.81$ gramos al día
- El promedio general de ganancia diaria de peso en los “Machos” del rebaño “TK5” en “Primavera” es de $756.18 + 0.00 + 62.89 + 531.17 = 1350.24$ gramos al día

Note que si hacemos la diferencia entre los valores anteriores, el resultado es igual a la diferencia de los valores estimados para machos y hembras:

$$(1350.24 \text{ grs} - 953.81 \text{ grs}) = (0.0000 \text{ grs} - 396.43 \text{ grs})$$

2.8.- VALORES GENÉTICOS ESTIMADOS (VGE)

Las estimaciones de los valores genéticos se encuentran en el archivo “Genético.txt” (Figura 12) acompañados de sus indicadores de precisión.

2.8.1.- ¿Qué significa el valor genético?

```

----- VirtualBlup@ -----
                SOLUCIONES PARA EL EFECTO GENÉTICO DIRECTO
USUARIO          : VBUSUAR551
FECHA            : 13:32:30

VG : Valor Genético
r2  : Fiabilidad
r   : Precisión
SEP : Error estándar de la predicción

ANIMAL          VG          r2          r          SEP
ANIM01          -33.31505    0.21764    0.46652    6.31666
ANIM02           3.95981     0.17483    0.41813    6.48718
ANIM03          -43.41144    0.21196    0.46039    6.33956
ANIM04           54.76912    0.31355    0.55995    5.91684
ANIM06           2.72090    0.38526    0.62069    5.59927
ANIM08          -42.03621    0.34425    0.58673    5.78300
ANIM10           37.19649    0.19599    0.44271    6.40346
ANIM11           11.92961    0.27729    0.52658    6.07109
ANIM05           5.00384    0.30240    0.54991    5.96470
ANIM07          -65.64852    0.35111    0.59254    5.75269
ANIM09          -57.77280    0.18991    0.43578    6.42766
ANIM12           20.39939    0.43508    0.65961    5.36758
ANIM13           16.11932    0.36222    0.60184    5.70324
ANIM14           19.84672    0.37149    0.60950    5.66162
ANIM15           -3.47995    0.15911    0.39889    6.54868
ANIM16           90.39031    0.27640    0.52574    6.07484
ANIM17           48.51224    0.35752    0.59793    5.72421
ANIM18          -14.83262    0.60641    0.77872    4.48031
ANIM19          -32.89091    0.14130    0.37590    6.61768
ANIM20           2.49219    0.27911    0.52831    6.06343
----- VirtualBlup@ -----

```

El valor genético representa, en la misma unidad del carácter, la superioridad o inferioridad que tiene un individuo respecto al promedio de los individuos de la **población base**.

Se denomina valor genético porque esa superioridad o inferioridad es el resultado de la suma del efecto de los muchos genes que puedan estar relacionados con el carácter.

Figura 12. Archivo Genetico.txt.

2.8.2.- ¿Cómo interpretar el valor genético?

Tomemos como ejemplo el individuo ANIM01. Obtuvo un valor genético de -33.31, lo que significa que ese animal tiene una ganancia diaria de peso de 33.31 gramos/día menos que la ganancia promedio de individuos de la **población base**.

Por el contrario, el individuo ANIM16, con un valor genético positivo, tiene una ganancia diaria de peso mayor que el promedio de los individuos de la **población base** en 90.39 gramos/día.

Al margen de la interpretación del valor genético, éstos toman sentido práctico cuando se comparan entre sí a fin de tomar decisiones de selección de los animales.

2.8.3.- ¿Cuál es el promedio de ganancia de peso de los individuos de la población base?

El promedio de los valores genéticos de estos individuos es por definición cero "0", valor que sirve de referencia. Es por ello que en las soluciones aparecen individuos con valores positivos y negativos significando esto únicamente que un individuo se encuentra por encima o por debajo del promedio de la **población base**.

En este ejemplo es difícil comprobar que el promedio de la población base es "0" porque del individuo ANIM06 solo se conoce un progenitor, su madre. Sin embargo, si ambos padres de ANIM06 hubiesen sido desconocidos, el promedio de la población base hubiese sido cero "0".

2.8.4.- ¿Qué son y para qué sirven los indicadores de precisión?

Los indicadores de precisión nos dan una idea del grado de confianza que debemos asignarle a los valores genéticos. Recordemos que estos últimos son una predicción hecha a partir de cierta información con la que contábamos (datos productivos, genealogía y parámetros genéticos) y, como toda predicción, tiene un error de medición asociado.

Los indicadores que **VirtualBlup** suministra son la **fiabilidad** (r^2), la **precisión** (r) y el **error estándar de la predicción (SEP)**.

Tanto la fiabilidad como la precisión miden el grado de asociación entre el verdadero valor genético y el predicho por el **BLUP**. Ambos pueden tomar valores entre 0 y 1. Cuanto más cercano a 1, más confiable es el valor genético obtenido.

Fiabilidad y **precisión** se diferencian en que esta última es la raíz cuadrada de la primera. La utilización de uno u otro indicador queda a criterio del profesional, no obstante, la **precisión** es mucho más utilizada como indicador de confiabilidad y comúnmente es llamada **repetibilidad** en los catálogos de sementales (no confundir con la repetibilidad como parámetro genético).

El **error estándar de la predicción** (también llamado **cambio posible**) indica el cambio que podría experimentar el valor genético en una futura evaluación. Se puede utilizar para expresar un intervalo de confianza al 68%, es decir, valor genético (VG) \pm **SEP**.

En el ejemplo, el animal ANIM18 es el que tiene un valor genético más confiable, con una **repetibilidad** de 77.8% y un valor genético que puede oscilar entre **-19.32** y **-10.35** Kg (-14.832 ± 4.48031).

2.9.- UTILIZACIÓN DE LOS VALORES GENÉTICOS

Los valores genéticos, junto con los indicadores de precisión, son utilizados para tomar decisiones de selección, es decir, para identificar individuos genéticamente superiores y dejar descendencia de ellos. Representan una herramienta útil a la hora de elegir la reposición, eliminar reproductores, comprar, vender, etc.

Al igual que en otras especies ganaderas, en el bovino de carne se evalúan varios caracteres de importancia económica. De esta forma surge la necesidad de balancear el mérito de cada carácter de acuerdo a algún criterio. Para ello se pueden utilizar los índices de **mérito económico**, que combinan los valores genéticos con ponderaciones económicas, o bien establecer niveles independientes de rechazo/aceptación para cada carácter. Al respecto, un punto importante a considerar es que mientras más caracteres sean considerados en el proceso de selección menor será la respuesta que se conseguirá en cada uno de ellos, haciendo más lento el progreso genético.

En el presente ejemplo se utilizarán únicamente los valores genéticos de ganancia de peso como criterio de selección e efectos de ilustrar la utilidad e importancia de éstos al momento de comparar los animales.

En nuestro ejemplo se pueden plantear las siguientes interrogantes:

- ¿Cuál es el mejor toro?
- ¿Qué toro NO está contribuyendo a mejorar la ganancia de peso?
- ¿Qué vacas se deberían reemplazar?
- ¿Qué novillos o vaquillas podrían ser futuros reproductores?



En primer lugar analizaremos los toros. La **tabla 6** muestra la ordenación de los toros por su valor genético en orden decreciente.

El mejor toro es el ANIM04 y el peor el ANIM01. De este último no tendría sentido dejar descendencia si nuestro interés es ir aumentando la ganancia de peso ya que es el que tiene peor potencial para este carácter.

Tabla 6. Valores genéticos, precisión y DEP de los toros

ID individuo	Valor Genético	r	DEP
ANIM04	+54.769	0.55995	+27.38
ANIM10	+37.196	0.44271	+18.59
ANIM02	+3.959	0.41813	+1.97
ANIM01	-33.315	0.46652	-16.65

En la tabla anterior se suministra una nueva variable, la **DEP** o **Diferencia Esperada de la Progenie**. Este indicador es el que comúnmente se suele publicar en los catálogos de sementales bovinos. Se calculan a partir del valor genético y corresponden a la mitad de éste. Representan la performance esperada en la progenie del toro. Al igual que ocurre con el valor genético, un valor **DEP** por sí solo no aporta mucha información pero si tiene significado cuando se compara con otra **DEP**. De esta forma, si comparamos la **DEP** del ANIM04 de 27.38 con la del ANIM09 de -16.65, podemos esperar que la descendencia del primer toro tenga en promedio 44.03 gramos más de ganancia de peso que las del segundo toro ($27.39 - (-16.65) = 44.03$).

De los machos que no son padres, ANIM16 es el que presenta mayor mérito y podría ser candidato a futuro reproductor (Tabla 7). Si bien existen varios machos con valores negativos, es necesario recalcar que esto no implica que un individuo sea malo per sé, pero si cuando se compara con otro que tiene un valor genético mayor, como por ejemplo, los individuos ANIM15 y ANIM18. Ambos tienen valores negativos pero si tuviésemos que decidir entre ellos, ANIM15 tiene mayor mérito

Tabla 7. Valores genéticos, precisión y DEP de los machos que no son padres

ID individuo	Valor Genético	r	DEP
ANIM16	+90.390	0.52574	+45.19
ANIM14	+19.846	0.6095	+9.92
ANIM05	+5.003	0.54991	+2.50
ANIM15	-3.479	0.39889	-1.73
ANIM18	-14.832	0.77872	-7.41
ANIM19	-32.890	0.3759	-16.44
ANIM09	-57.772	0.43578	-28.88
ANIM07	-65.648	0.59254	-32.82

En el caso de las hembras, interesa identificar posibles reemplazos y verificar el potencial genético de las actuales madres. En este sentido, ANIM08 y ANIM03 que han sido madres, son las peor ranqueadas y podría pensarse en reemplazarlas por ANIM17 y ANIM12 que son las mejor posicionadas en el ranking (Tabla 8).

Tabla 8. Valores genéticos, precisión y DEP de las hembras.

ID individuo	Valor Genético	r	DEP
ANIM17	+48.512	0.59793	+24.25
ANIM12	+20.399	0.65961	+10.19
ANIM13	+16.119	0.60184	+8.05
ANIM11	+11.929	0.52658	+5.96
ANIM06	+2.720	0.62069	+1.36
ANIM20	+2.492	0.52831	+1.24
ANIM08	-42.036	0.58673	-21.01
ANIM03	-43.411	0.46039	-21.70

2.10.- COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD

Se ha indicado al software que imprimiera un archivo con los individuos consanguíneos. El archivo generado se llama "Consanguinidad.txt" y muestra la identificación de los individuos consanguíneos junto con el respectivo coeficiente (Figura 13).

```

----- VirtualBlup@ -----
RESUMEN DE LA CONSANGUINIDAD DE LA POBLACIÓN

USUARIO      : VBUSUAR551
FECHA       : 13:32:30

ITEM          RECuento      PORCENTAJE
Número total de animales de la población      20      100,00 %
Número total de animales consanguíneos       5       25,00 %

Número de animales con un F entre 0.0 y 0.1   0       0,00 %
Número de animales con un F entre 0.1 y 0.2   3       75,00 %
Número de animales con un F entre 0.2 y 0.3   2       50,00 %
Número de animales con un F entre 0.3 y 0.4   0       0,00 %
Número de animales con un F entre 0.4 y 0.5   0       0,00 %
Número de animales con un F entre 0.5 y 0.6   0       0,00 %
Número de animales con un F entre 0.6 y 0.7   0       0,00 %
Número de animales con un F entre 0.7 y 0.8   0       0,00 %
Número de animales con un F entre 0.8 y 0.9   0       0,00 %
Número de animales con un F entre 0.9 y 1.0   0       0,00 %

Consanguinidad máxima      0.25000
Consanguinidad mínima      0.00000

INDIVIDUOS CONSANGUÍNEOS

ID INDIVIDUO      F
ANIM12            0.25000
ANIM14            0.12500
ANIM15            0.12500
ANIM16            0.12500
ANIM18            0.25000

```

Figura 13. Archivo Consanguinidad.txt.

En este ejemplo los individuos ANIM12, ANIM14, ANIM15, ANIM16 y ANIM18 son consanguíneos.

Es importante por una parte chequear si existen individuos consanguíneos en el rebaño (o población) y por otra evitar apareamientos entre parientes para evitar tener descendencia consanguínea.

VirtualBlup cuenta con un procedimiento especialmente ideado para calcular el parentesco entre de parejas de individuos. Con ello se podrá identificar los que estén emparentados y evitar el apareamiento entre estos. Para más información acerca de esta opción ver el videotutorial del siguiente [LINK](#).

IMPORTANTE:

La consanguinidad es la consecuencia de aparear individuos emparentados. Es una característica no deseable en producción animal porque aumenta la probabilidad de que se expresen genes recesivos indeseables. El efecto individual de esos genes es pequeño pero tomados todos en conjunto pueden disminuir significativamente la performance productiva y sobre todo reproductiva del ganado. Esto es lo que se conoce como **depresión consanguínea**.

Modelo Animal de Repetibilidad



El modelo de repetibilidad o de medidas repetidas es aplicado cuando el carácter a evaluar se mide varias veces en un individuo. Un típico carácter en el que se ajusta este modelo es la producción de leche. Ya sea una vaca, oveja o cabra, la producción de leche de estas puede ser medida varias veces, tantas como lactaciones hayan tenido en su vida productiva.

Otros caracteres en los que se podría utilizar son el intervalo entre partos, el tamaño de camada, el peso del vellón, el diámetro de la fibra, la producción de huevos en gallinas o los resultados de carreras de caballos, entre otros.

A continuación se ilustrará una evaluación genética para el carácter “Producción de leche” en bovinos. Se asumirá que los datos provienen de un rebaño explotado en condiciones extensivas con la pradera como principal fuente de alimentación.

RECUERDE

Es necesario suministrar tres fuentes de información:

- Datos de producción
- Genealogía
- Parámetros genéticos

3.1.- ARCHIVO DE DATOS PRODUCTIVOS

La Figura 14 muestra el archivo de datos contenidos en una hoja de cálculo Excel. Contiene cuatro columnas y dieciocho registros provenientes de diez vacas. Incluye información acerca del número de lactación y la época de parto de las lactaciones.

ID Individuo	Nº DE LACTACIÓN	ÉPOCA DE PARTO	Producción de leche (Kg a 305 días)
ANIM05	NLAC01	OTOÑO	4200
ANIM05	NLAC02	OTOÑO	5100
ANIM05	NLAC03	PRIMAVERA	6200
ANIM06	NLAC01	OTOÑO	4001
ANIM07	NLAC01	PRIMAVERA	5200
ANIM07	NLAC02	OTOÑO	5400
ANIM07	NLAC03	OTOÑO	5800
ANIM08	NLAC02	PRIMAVERA	5900
ANIM08	NLAC03	PRIMAVERA	7200
ANIM09	NLAC03	OTOÑO	6080
ANIM11	NLAC01	OTOÑO	4550
ANIM11	NLAC03	PRIMAVERA	6850
ANIM12	NLAC01	PRIMAVERA	5300
ANIM13	NLAC02	PRIMAVERA	6100
ANIM13	NLAC03	PRIMAVERA	7500
ANIM14	NLAC01	OTOÑO	4850
ANIM14	NLAC02	PRIMAVERA	6060
ANIM15	NLAC03	PRIMAVERA	6990

Figura 14. Archivo de datos productivos para el carácter ganancia producción de leche en bovinos.

Observe que, a diferencia del modelo animal simple, este archivo de datos cuenta con uno o más registros de producción por animal.

3.2.- ARCHIVO DE GENEALOGÍA

El archivo de genealogía está compuesto por tres columnas y quince registros equivalentes a quince animales (Figura 15). Los padres desconocidos están identificados con un cero "0".

ID Individuo	ID Padre	ID Madre
ANIM01	0	0
ANIM02	0	0
ANIM03	0	0
ANIM04	0	0
ANIM05	0	0
ANIM06	ANIM01	0
ANIM07	ANIM01	ANIM03
ANIM08	ANIM02	ANIM03
ANIM09	ANIM01	ANIM03
ANIM10	ANIM04	ANIM03
ANIM11	ANIM04	ANIM06
ANIM12	ANIM02	ANIM08
ANIM13	ANIM04	ANIM03
ANIM14	ANIM10	ANIM08
ANIM15	ANIM10	ANIM11

IMPORTANTE:

El usuario puede utilizar un código alfabético, numérico o alfanumérico para identificar los padres desconocidos.

Figura 15. Archivo de genealogía.

3.3.- PARÁMETROS GENÉTICOS

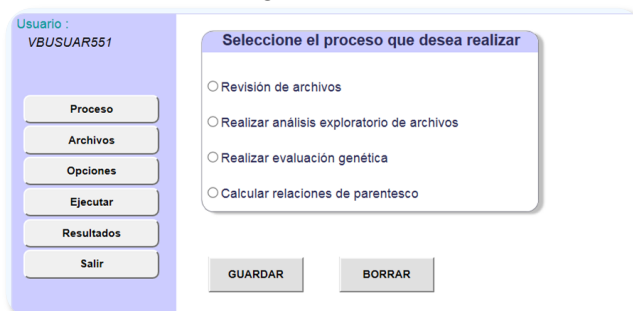
Se utilizará una **Heredabilidad** de **0.25**. Adicionalmente, para que el modelo considere todos los registros de un individuo, se debe suministrar la **Repetibilidad**, que en este ejemplo será de **0.29**.

3.4.- GENERACIÓN DE ARCHIVOS

Tanto el archivo de datos como el de genealogía se encuentran en una hoja de Microsoft Excel. Por tanto, lo primero a realizar será pasar estos dos archivos a formato de texto (archivos ".txt"), que es como **VirtualBlup** los acepta. Realice la conversión de los archivos siguiendo el ejemplo visto en el Modelo Animal Simple en la **página 19**.

3.5.- EVALUACIÓN GENÉTICA

Ingrese a **VirtualBlup** con su nombre de usuario y contraseña. En la página inicial seleccione la opción "realizar evaluación genética" del recuadro correspondiente.



3 Modelo Animal de Repetibilidad

Aparecerán dos nuevos recuadros, uno para indicar si existen grupos genéticos en genealogía y otro con los modelos de evaluación genética disponibles.

Selección del proceso que desea realizar

- Revisión de archivos
- Realizar análisis exploratorio de archivos
- Realizar evaluación genética
- Calcular relaciones de parentesco

Considera Grupos Genéticos

SI NO

Seleccione el modelo a considerar

- Modelo animal simple
- Modelo animal con efecto ambiental permanente
- Modelo animal con efectos ambientales comunes
- Modelo animal con efectos maternos

GUARDAR BORRAR

✓ | Datos guardados correctamente |

ECUACIÓN DEL MODELO EN NOTACIÓN MATRICIAL

$$y = Xb + Zu + Wp + e$$
$$E[y] = Xb \quad G = A\sigma_u^2$$
$$\text{Var}[y] = ZGZ' + Wl\sigma_p^2W' + R \quad R = I\sigma_e^2$$

2 Seleccione “NO” en el recuadro de grupos genéticos y “Modelo animal con efecto ambiental permanente” en las opciones de modelos. Luego presione **Guardar**.

Continúe a la página de archivos. En ella aparecerán los recuadros para subir los archivos de genealogía y de datos al servidor de **VirtualBlup**.

Archivo de Genealogía

Seleccione Archivo Examinar... Subir Archivo

Estado
Nombre del archivo
Tamaño

Definir Variables Eliminar Archivo

DEBE SUBIR ESTE ARCHIVO

Archivo de Datos

Seleccione archivo Examinar... Subir Archivo

Estado
Nombre del archivo
Tamaño

Definir Variables Eliminar Archivo

DEBE SUBIR ESTE ARCHIVO

Busque sus archivos presionando el botón **Examinar**.

Una vez seleccionados pulse **Subir Archivo** para iniciarla subida.

IMPORTANTE:

Si sus archivos son muy pesados (superiores a 20 MB) la subida tardará tiempo en concretarse. El tiempo de subida dependerá, entre otros factores, de la conexión y velocidad de internet.

4 Especifique las variables contenidas en los archivos. Para ello presione **Definir Variable** en el recuadro correspondiente.

En Genealogía, asigne la 1ª columna para la variable individuo, la 2ª para padre y la 3ª para la variable madre. Coloque “0” en el recuadro ID de padres desconocidos. Guarde los cambios.

Columna 1	Columna 2	Columna 3	Columna 4	Columna 5	Columna 6
ANIM01	0	0			
ANIM02	0	0			
ANIM03	0	0			
ANIM04	0	0			
ANIM05	0	0			
ANIM06	ANIM01	0			
ANIM07	ANIM01	ANIM03			
ANIM08	ANIM02	ANIM03			
ANIM09	ANIM01	ANIM03			
ANIM10	ANIM04	ANIM03			

Posteriormente defina las variables del archivo de datos. Seleccione las cuatro columnas que contiene y especifique el tipo de variable que representa cada una de ellas (Figura 16).

La 1ª columna contiene las identificaciones de los individuos. Seleccione “Animal” en el tipo de variable. Esta columna será la conexión con el archivo de Genealogía.

Las columnas 2ª y 3ª contienen los factores fijos a incluir en el análisis, NÚMERO DE LACTACIÓN y ÉPOCA DE PARTO respectivamente. Seleccione “Factor Fijo” para ambas en la casilla tipo de variable.

RECUERDE

Los **Factores Fijos** son aquellas circunstancias ambientales identificables que influyen significativamente en la producción. Pueden ser variables de tipo “Clasificación” (Sexo, rebaño, año, estación, N° de lactación, etc.) o bien de tipo “Continuo” (Edad, días en lactación, intervalo entre partos, peso al nacimiento, etc.). Estas últimas se denominan **Covariables**

En las primeras se pueden distinguir niveles, en las covariables NO porque son el resultado de una medición.

La 4ª columna contiene los datos de producción de leche por lactación estandarizada a 305 días. Seleccione “Carácter” en el tipo de variable.

Factores
Individuo Fijos Carácter

Usuario: VBUSUAR551

ARCHIVO DE DATOS

Columna 1	Columna 2	Columna 3	Columna 4	Columna 5	Columna 6	Columna 7	Columna 8	Columna 9	Columna 10	Columna 11	Columna 12	Columna 13	Columna 14	Columna 15	Columna 16	Columna 17	Columna 18	Columna 19	Columna 20	
ANIM05	NLAC01	OTOÑO	4200																	
ANIM05	NLAC02	OTOÑO	5100																	
ANIM05	NLAC03	PRIMAVERA	6200																	
ANIM06	NLAC01	OTOÑO	4001																	
ANIM07	NLAC01	PRIMAVERA	5200																	
ANIM07	NLAC02	OTOÑO	5400																	
ANIM07	NLAC03	OTOÑO	5800																	
ANIM08	NLAC02	PRIMAVERA	5900																	
ANIM08	NLAC03	PRIMAVERA	7200																	
ANIM09	NLAC03	OTOÑO	6080																	

Selección rápida:

Nº de Columna	Nombre de la Variable	Tipo de Variable	Nivel de Referencia
<input checked="" type="checkbox"/>	Columna 1	ID Individuo	Animal
<input checked="" type="checkbox"/>	Columna 2	NUMERO DE LACTACION	Factor Fijo 1
<input checked="" type="checkbox"/>	Columna 3	EPOCA DE PARTO	Factor Fijo 0
<input checked="" type="checkbox"/>	Columna 4	Producción de leche	Caracter
<input type="checkbox"/>	Columna 5		Seleccione Variable
<input type="checkbox"/>	Columna 6		Seleccione Variable
<input type="checkbox"/>	Columna 7		Seleccione Variable
<input type="checkbox"/>	Columna 8		Seleccione Variable
<input type="checkbox"/>	Columna 9		Seleccione Variable
<input type="checkbox"/>	Columna 10		Seleccione Variable
<input type="checkbox"/>	Columna 11		Seleccione Variable
<input type="checkbox"/>	Columna 12		Seleccione Variable
<input type="checkbox"/>	Columna 13		Seleccione Variable
<input type="checkbox"/>	Columna 14		Seleccione Variable
<input type="checkbox"/>	Columna 15		Seleccione Variable
<input type="checkbox"/>	Columna 16		Seleccione Variable
<input type="checkbox"/>	Columna 17		Seleccione Variable
<input type="checkbox"/>	Columna 18		Seleccione Variable
<input type="checkbox"/>	Columna 19		Seleccione Variable
<input type="checkbox"/>	Columna 20		Seleccione Variable

✔ ¡ Archivo de datos guardado correctamente !

Figura 16. Visor del archivo de datos con sus variables ingresadas.

En los recuadros de niveles de referencia para los factores fijos se debe colocar un número entero de entre 0 y el número máximo de niveles que contenga el factor en cuestión. Esta especificación se debe realizar para que la metodología pueda tener solución.

Si las casillas se dejan vacías, el software asignará el número “1”, lo que significa que las estimaciones de los niveles de un determinado factor estarán referidas al primer nivel encontrado por el software al leer los datos. Si el usuario ingresa el número “2”, estarán referidas al segundo nivel encontrado y así sucesivamente. Un “0” indica que no se harán referencias.

Ingrese el número “1” para el NÚMERO DE LACTACIÓN y el “0” para la ÉPOCA DE PARTO. Guarde los datos y continúe a la página de opciones.

En la página de opciones habrá tres recuadros. El primero de ellos le preguntará si desea imprimir un archivo con los individuos consanguíneos. Si elige “Si” se generará un archivo adicional con la identificación de los animales que presentan un coeficiente de consanguinidad mayor a 0 y el respectivo coeficiente.

OPCIONES DEL ARCHIVO DE GENEALOGIA

¿Desea imprimir un archivo con los individuos consanguíneos?

SI NO

En este ejemplo no se pedirá un archivo con los individuos consanguíneos. Seleccione “NO”. Si desea conocer la estructura de este archivo y su interpretación vea el ejemplo del Modelo Animal Simple en la **página 31**.

OPCIONES DEL ARCHIVO DE DATOS

¿Desea considerar la media en el modelo?

SI NO

El segundo recuadro le preguntará si desea incluir la media de la población en el análisis. Si decide incluirla será considerada como un factor fijo adicional. Es interesante incluir este factor cuando se desea conocer el promedio

6

poblacional de un carácter calculado con las bondades estadísticas de la metodología BLUP. El valor estará corregido tanto por los restantes factores fijos como por los valores genéticos de los individuos.

En este ejemplo no se incluirá la media en el modelo. Seleccione “NO”.

OPCIONES DEL BLUP Y SU PROCESO ITERATIVO

Criterio de convergencia para BLUP

Criterio de convergencia para remuestreo

Nº muestreos para obtener la Varianza del Error de Predicción (VEP)

Seleccione el tipo de información a suministrar

Parametros genéticos Varianzas

Heredabilidad

Repetibilidad

El tercer recuadro contiene valores por defecto para los criterios de convergencia y número de remuestreos del proceso iterativo. Mantenga los valores que vienen por defecto. Si desea más información del significado y ajuste de estos vea el tutorial de este [LINK](#) (minuto 03:58).

7

En este recuadro también se ingresarán los parámetros genéticos.

Seleccione la opción parámetros genéticos e ingrese la heredabilidad y repetibilidad del carácter, es decir, **0.25** y **0.29** respectivamente.

IMPORTANTE:

VirtualBlup considera el punto como separador decimal.

Guarde las opciones y continúe a la página de ejecución (Figura 17).

Ejecutar Evaluación Genética

- Puede iniciar el proceso haciendo click en el botón **COMENZAR**
- El tiempo de ejecución dependerá de la cantidad de datos que esté manejando
- El avance del proceso se irá mostrando en la ventana de ejecución
- Puede salir del software y volver a entrar para comprobar el estado de avance del proceso
- Puede detener el proceso en cualquier momento pulsando el botón **DETENER**
- Terminado el proceso puede ver y descargar los archivos en la página de resultados

COMENZAR DETENER

Ventana de Ejecución

ETAPA	DESCRIPCIÓN	TIEMPO ACUMULADO
1 de 13	LEYENDO ARCHIVOS DE GENEALOGÍA Y DATOS	00:00:00
2 de 13	CHEQUEANDO COHERENCIA EN GENEALOGÍA	00:00:00
3 de 13	CHEQUEANDO ANIMALES DE DATOS EN GENEALOGÍA	00:00:00
4 de 13	ORDENANDO POR GENERACIONES	00:00:00
5 de 13	RECODIFICANDO ARCHIVOS	00:00:00
6 de 13	RE-INITIALIZACIÓN DE VARIABLES	00:00:00
7 de 13	CONSTRUYENDO ARCHIVOS TEMPORALES	00:00:00
8 de 13	CALCULANDO CONSANGUINIDAD	00:00:00
9 de 13	RESOLVIENDO EL SISTEMA DE ECUACIONES DEL MODELO MIXTO	00:00:00

Figura 17. Página de ejecución.

Presione **Comenzar** para iniciar el proceso. Una vez finalizado podrá acceder a la página de resultados. Esta página estará compuesta de dos bloques. El primero contiene los resultados de la revisión previa de los archivos de genealogía y datos (con el fin de detectar errores en ellos y corregirlos). El segundo bloque contiene los resultados del **BLUP** (Figura 18).

ARCHIVO	CONTENIDO	DESCARGA	VER
pedigree.txt	Nuevo archivo de genealogía con codificación numérica (tras etapa de revisión y corrección).	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
data.txt	Nuevo archivo de datos con codificación numérica (tras etapa de revisión y corrección).	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Ajuste.txt	Parámetros de ejecución del proceso iterativo para BLUP y ajuste del modelo propuesto.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Fijos.txt	Contiene las estimas de los niveles de los factores fijos del modelo.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Genético.txt	Contiene las predicciones de los valores mejorantes de los individuos.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Permanente.txt	Contiene la predicciones del efecto ambiental permanente del modelo.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Común.txt	Contiene las predicciones del efecto del ambiente común del modelo.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Materno.txt	Contiene las predicciones del efecto genético materno del modelo.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Consanguinidad.txt	Resumen y lista de individuos con un coeficiente de consanguinidad distinto de cero.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Iteraciones.txt	Iteraciones acompañadas de las correspondientes soluciones para dos niveles de factores fijos y dos valores genéticos.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>

Figura 18. Bloque de archivos de resultados generados en la etapa del BLUP.

3.6.- AJUSTE DEL MODELO

Para comprobar que el BLUP se desarrolló correctamente se debe revisar el coeficiente de determinación del modelo o R^2 . Este índice se encuentra en el archivo "Ajustes.txt" (Figura 19).

```

AJUSTE DEL MODELO. Coeficiente de determinación (R2)
ANOVA
-----
Fuente Variación                Suma Cuadrados
-----
Modelo                          16157648.12019
Residuo                          1068788.37981
-----
TOTAL                            17226436.50000

R2 : 0.937956501926215
    
```

Figura 19. Extracto del archivo Ajuste.txt.

El R^2 de este análisis fue de 0.9379 y nos indica lo siguiente:

- Los factores fijos NÚMERO DE LACTACIÓN y ÉPOCA DE PARTO más el factor animal y las medidas repetidas de los individuos explican, en su conjunto, un 93% de la variabilidad de los datos.

- Los factores fijos antes mencionados tienen una influencia real sobre la producción de leche, es decir, generan diferencias entre animales para este carácter.

Si se hubiese omitido alguno de los factores anteriores el R^2 hubiese sido menor y, por ende, peor estimación de los valores genéticos de los animales.

IMPORTANTE:

El R^2 es un coeficiente que debe oscilar entre “0” y “1”. Si obtiene un valor fuera de ese rango los resultados son ERRONEOS. En tal caso debe revisar y cambiar los niveles de referencia de los factores fijos y volver a realizar el análisis.

3.7.- FACTORES FIJOS

En el archivo “Fijos.txt” se encuentran los valores estimados de los factores fijos (Figura 20).

```

----- VirtualBlup@ -----
                SOLUCIONES PARA LOS VARIABLES FIJAS DEL MODELO
USUARIO           : VBUSUAR551
FECHA             : 21/01/2016 14:10:57

VARIABLE =                ESTIMA
NLAC01                0.00000
NLAC02                757.84845
NLAC03                1638.18410

VARIABLE =                ESTIMA
OTOÑO                 4428.26156
PRIMAVERA             5201.72206
----- VirtualBlup@ -----

```

Figura 20. Archivo Fijos.txt.

La interpretación de estos valores es la diferencia entre niveles de un factor.

3.7.1.- Número de lactación:

- Vacas de segunda lactación producen 757.84 Kg más de leche que las de primera lactación.
- Vacas de tercera lactación producen 1638.18 Kg más de leche que las de primera lactación.
- Vacas de tercera lactación producen 880.33 Kg más de leche que las de segunda lactación.

3.7.2.- Época de parto:

Vacas con partos en primavera producen por lactación 8773.46 Kg más de leche que las con partos de otoño.

Nota: Eventualmente se podría decir que el promedio de producción por lactancia de vacas con partos de primavera es de 5201 kg y la de con partos de otoño de 4428 Kg, no obstante lo correcto desde el punto de vista estadístico es hacer la diferencia debido a que se ha especificado un nivel de referencia, independiente del factor en el que se haya realizado.

IMPORTANTE:

Quando se especifican niveles de referencia, en al menos un factor fijo, las soluciones obtenidas para todos los factores son relativas, es decir, la interpretación de los valores estimados será la diferencia entre los niveles de un factor en concreto.

3.8.- VALORES GENÉTICOS ESTIMADOS (VGE)

Los valores genéticos de los animales se encuentran en el archivo “Genético.txt” (Figura 21), acompañados de sus indicadores de precisión.

3.8.1.- ¿Qué significa el valor genético?

El valor genético representa, en la misma unidad del carácter, la superioridad o inferioridad que tiene un individuo respecto al promedio de los individuos de la **población base**. Se denomina valor genético porque esa superioridad o inferioridad es el resultado de la suma del efecto de los muchos genes que puedan estar relacionados con el carácter.

```

----- VirtualBlup© -----
                SOLUCIONES PARA EL EFECTO GENÉTICO DIRECTO
USUARIO          : VBUSUAR551
FECHA            : 21/01/2016 14:10:57

VG : Valor Genético
r2  : Fiabilidad
r   : Precisión
SEP : Error estándar de la predicción

ANIMAL          VG          r2          r          SEP
ANIM01          -60.51466    0.08992    0.29987    4.76990
ANIM02           36.71764    0.12748    0.35704    4.67045
ANIM03          109.87826    0.07130    0.26702    4.81845
ANIM04          110.24436    0.08786    0.29641    4.77531
ANIM06          -98.65741    0.15370    0.39205    4.59972
ANIM08          106.19765    0.18284    0.42760    4.51984
ANIM10          132.23654    0.06107    0.24713    4.84491
ANIM11           24.14159    0.20167    0.44907    4.46747
ANIM05          -150.99380    0.12132    0.34832    4.68689
ANIM07           11.36966    0.22732    0.47678    4.39511
ANIM09           23.09208    0.14447    0.38009    4.62474
ANIM12           75.28900    0.27804    0.52729    4.24842
ANIM13          179.82064    0.22032    0.46938    4.41497
ANIM14          153.31927    0.17677    0.42044    4.53661
ANIM15           88.46106    0.18959    0.43541    4.50115
----- VirtualBlup© -----
    
```

Figura 21. Archivo Genetico.txt.

3.8.2.- ¿Cómo interpretar el valor genético?

Tomemos como ejemplo el individuo ANIM01. Obtuvo un valor genético de -60.51, lo que significa que ese animal tiene una producción de leche de 60.51 kg menos que el promedio de individuos de la **población base**.

Por el contrario el individuo ANIM13, con un valor genético de +179.82, indica que tiene una producción de leche de 179.82 Kg más que el promedio de los individuos de la **población base**.

Al margen de la interpretación del valor genético, éstos toman sentido práctico cuando se comparan entre sí a fin de tomar decisiones de selección de los animales.

IMPORTANTE:

Observe que el individuo ANIM01 es un toro y por ende no cuenta con dato de producción de leche, no obstante su valor genético está calculado a partir de la información de sus hijas.

3.8.3.- ¿Qué son y para qué sirven los indicadores de precisión?

Los indicadores de precisión nos dan una idea del grado de confianza que debemos asignarle a los valores genéticos. Recordemos que estos últimos son una predicción hecha a partir de cierta información con la que contábamos (datos productivos, genealogía y parámetros genéticos) y, como toda predicción, tiene un error de medición asociado.

Los indicadores que **VirtualBlup** suministra son la **fiabilidad** (r^2), la **precisión** (r) y el **error estándar de la predicción (SEP)**.

Tanto la fiabilidad como la precisión miden el grado de asociación entre el verdadero valor genético y el predicho por el **BLUP**. Ambos pueden tomar valores entre 0 y 1. Cuanto más cercano a 1, más confiable es el valor genético obtenido.

Fiabilidad y precisión se diferencian en que esta última es la raíz cuadrada de la primera. La utilización de uno u otro queda a criterio del profesional, no obstante, la **precisión** es mucho más utilizada como indicador de confiabilidad y comúnmente es llamada **repetibilidad** en los catálogos de sementales bovinos (no confundir con la repetibilidad como parámetro genético).

El **error estándar de la predicción** (también llamado **cambio posible**) indica el cambio que podría experimentar el valor genético en una futura evaluación. Se puede utilizar para expresar un intervalo de confianza al 68%, es decir, valor genético (VG) \pm **SEP**.

En el ejemplo, el animal ANIM12 es el que tiene un valor genético más confiable con una **repetibilidad** de 52.7% y un valor genético que puede oscilar entre **71.0** y **79.5** Kg (75.289 \pm 4.2484).

3.9.- UTILIZACIÓN DE LOS VALORES GENÉTICOS

Los valores genéticos, junto con los indicadores de precisión, son utilizados para tomar decisiones de selección, es decir, para la identificación de los individuos genéticamente

superiores con el objetivo de dejar descendencia de ellos. En el ganado lechero se evalúan varios caracteres de importancia económica. Los principales son cantidad de leche, de grasa y proteína, pero también son considerados los relativos a la fertilidad y funcionalidad, por tanto el criterio final de selección generalmente es un índice que combina los valores genéticos con los pesos económicos de las características evaluadas (Ver [mérito económico](#)). No obstante en el presente ejemplo se asumirá una situación en la que las decisiones de selección se basarán solamente sobre la producción de leche, a efectos de ilustrar la importancia del valor genético como criterio de selección.

En un rebaño lechero interesa identificar los mejores toros y las mejores vacas para producción de leche. En el caso de los toros, de los cuatro existentes, el mejor de ellos es, sin duda, el ANIM10 ya que obtuvo el mayor valor genético y, aunque tiene la menor repetibilidad, el **cambio posible** (± 4.84491) en una futura valoración no sería tan grande como para dejarlo en una posición más baja del ranking (**Figura 22**).

Imagine que los cuatro toros de este ejemplo son de inseminación artificial (valorados en el extranjero). Ello significa que no están en el predio. Aun así, se ha obtenido un valor genético a través de la información de sus hijas. Esto supone que podemos identificar el mejor toro en “**nuestras condiciones**” particulares de producción y dejar al margen a los que no lo son, con independencia de que lo sean en los catálogos de inseminación (Interacción genotipo-ambiente).

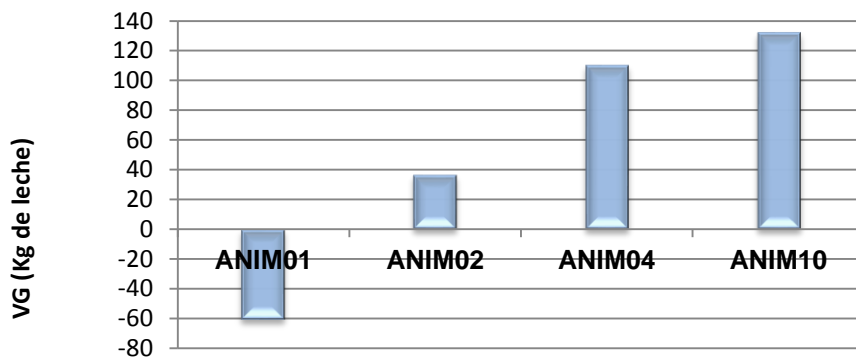


Figura 22. Valores genéticos de los machos.

En el caso de las vacas, la que obtuvo mayor valor genético fue la ANIM13 y la peor valorada, la ANIM05 (**Figura 23**). Si solamente estuviéramos seleccionando por producción de leche se debería priorizar dejar descendencia de la primera, la que procuraremos aparear con los machos mejor valorados.

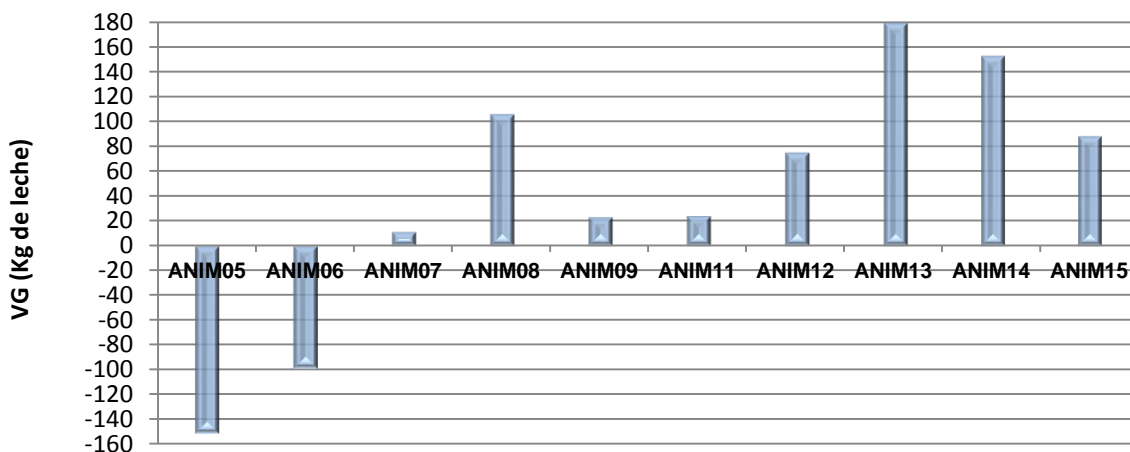


Figura 23. Valores genéticos de las hembras.



Es evidente que este ejemplo, en el que hay muy pocos animales y por tanto muy emparentados, no sería prudente aparear la mejor vaca (ANIM05) con el mejor toro (ANIM10), porque son hermanos completos, y su descendencia resultaría ser consanguínea. Sin embargo, la lógica será siempre aparear los machos mejor valorados con las hembras mejor valoradas, evitando que estén emparentados.

Otro aspecto importante a destacar es que el **BLUP** predice valores genéticos para todos los individuos que figuren en genealogía, cuenten o no con dato productivo. De esta forma, si hubiesen figurado animales más jóvenes en nuestro archivo de genealogía, como terneros(as) o vaquillas, también se hubiese obtenido un valor genético para ellos. Esto supone un criterio adicional al momento de decidir la selección de vaquillas de reemplazo y/o venta de animales jóvenes.

3.10.- EFECTO DEL AMBIENTE PERMANENTE O MEDIDAS REPETIDAS

Las predicciones del ambiente permanente o medidas repetidas se encuentran en el archivo "Permanente.txt" (Figura 24) y también, por ser una predicción, vienen acompañadas de indicadores de precisión.

Estos valores representan la influencia de aquellas causas ambientales que acompañan al animal durante toda su vida productiva y que influyen en su producción. En nuestro ejemplo podría tratarse de la estructura de la ubre, la disposición de los pezones o bien la nutrición que tuvo una vaca en las primeras etapas de su desarrollo.

El efecto ambiental permanente no es transmisible a la descendencia ya que es un efecto ambiental por tanto no deberá intervenir en las decisiones de selección. Sin embargo, la suma del valor genético de una vaca más el efecto de su ambiente permanente es una medida de su **habilidad de producción** y puede constituir un criterio importante a considerar a la hora de elegir las vacas de desecho.

Modelo Animal con Efectos Ambientales Comunes



El modelo con efectos ambientales comunes se aplica en especies prolíficas en las que una madre ejerce un efecto común a sus crías haciendo que exista cierta similitud entre miembros de una misma familia y diferencias entre estas. El carácter peso al destete en ganado porcino es un buen ejemplo de esta situación ya que los lechones de una misma camada son criados juntos y comparten el ambiente “común” que su madre les brinda.

Otros caracteres en los que se puede aplicar este modelo son el peso al nacimiento o la ganancia de peso de los lechones durante el periodo de influencia materna.

A continuación se ilustrará una evaluación genética para el carácter “peso al destete” en ganado porcino.

RECUERDE

Es necesario suministrar tres fuentes de información:

- Datos de producción,
- Genealogía
- Parámetros genéticos

4.1.- ARCHIVO DE DATOS PRODUCTIVOS

La **Figura 25** muestra el archivo de datos contenidos en una hoja de cálculo Excel. Contiene tres columnas y trece registros provenientes de trece lechones. Se ha incluido solamente el factor sexo.

ID Individuo	SEXO	Peso al Destete (Kg a los 60 días)
ANIM06	MACHO	14.7
ANIM07	HEMBRA	10.8
ANIM08	HEMBRA	10.2
ANIM09	HEMBRA	15.9
ANIM10	MACHO	17.4
ANIM11	HEMBRA	10.5
ANIM12	HEMBRA	12.7
ANIM13	MACHO	16.2
ANIM14	HEMBRA	12.4
ANIM15	MACHO	14.2
ANIM16	MACHO	13.5
ANIM17	HEMBRA	10.6
ANIM18	HEMBRA	12.0

Figura 25. Archivo de datos productivos para el carácter peso al destete en ganado porcino.

4.2.- ARCHIVO DE GENEALOGÍA

El archivo de genealogía está compuesto por tres columnas y dieciocho registros equivalentes a dieciocho animales (Figura 26). Los padres desconocidos están identificados con un guion “-”.

ID Individuo	ID Padre	ID Madre
ANIM01	-	-
ANIM02	-	-
ANIM03	-	-
ANIM04	-	-
ANIM05	-	-
ANIM06	ANIM01	ANIM03
ANIM07	ANIM01	ANIM03
ANIM08	ANIM01	ANIM03
ANIM09	ANIM02	ANIM04
ANIM10	ANIM02	ANIM04
ANIM11	ANIM02	ANIM04
ANIM12	ANIM01	ANIM05
ANIM13	ANIM01	ANIM05
ANIM14	ANIM01	ANIM05
ANIM15	ANIM01	ANIM05
ANIM16	ANIM02	ANIM03
ANIM17	ANIM02	ANIM03
ANIM18	ANIM02	ANIM03

IMPORTANTE:

El usuario puede utilizar un código alfabético, numérico o alfanumérico para identificar los padres desconocidos.

Figura 26. Archivo de genealogía.

En colores están destacadas las cuatro familias existentes. Observe que, a diferencia de lo que ocurría con los ejemplos de ganado vacuno en el porcino, por ser una especie prolífica, existen grupos de hermanos completos. Es por ello que en estas especies tiene sentido incorporar el efecto del ambiente compartido que, recordemos, es de origen materno y de tipo ambiental.

4.3.- PARÁMETROS GENÉTICOS

Se utilizará una **Heredabilidad** de **0.15**. Adicionalmente, para que el modelo considere el efecto del ambiente común materno, se debe suministrar el parámetro genético **C²** que en este ejemplo será de **0.25**.

4.4.- GENERACIÓN DE ARCHIVOS

Tanto el archivo de datos como el de genealogía se encuentran en una hoja de Microsoft Excel. Por tanto, lo primero a realizar será pasar estos dos archivos a formato de texto (archivos “.txt”), que es como **VirtualBlup** los acepta. Realice la conversión de los archivos siguiendo el ejemplo visto en el Modelo Animal Simple, en la **página 19**.

4.5.- EVALUACIÓN GENÉTICA

1

Ingrese a **VirtualBlup** con su nombre de usuario y contraseña. En la página inicial seleccione la opción “realizar evaluación genética” del recuadro correspondiente.

Aparecerán dos nuevos recuadros, uno para indicar si existen grupos genéticos en genealogía y otro con los modelos de evaluación genética disponibles.

2

Seleccione “NO” en el recuadro de grupos genéticos y “Modelo animal con efectos ambientales comunes” en las opciones de modelos. Luego presione **Guardar**

Continúe a la página de archivos. En ella podrá subir los archivos de genealogía y de datos al servidor de **VirtualBlup**.

3

Busque sus archivos presionando el botón **Examinar**.

Una vez seleccionados pulse **Subir Archivo** para iniciarla subida.

IMPORTANTE:

Si sus archivos son muy pesados (superiores a 20 MB) la subida tomará tiempo en concretarse. El tiempo de subida dependerá además de factores como la conexión y velocidad de internet.

Especifique las variables contenidas en los archivos. Para ello presione **Definir Variable** en el recuadro correspondiente.

En Genealogía asigne la 1ª columna para la variable individuo, la 2ª para padre y la 3ª para la variable madre. Coloque “-” en el recuadro ID de padres desconocidos. Guarde los cambios.

Usuario : VBUSUAR551

ARCHIVO DE GENEALOGÍA

Columna 1	Columna 2	Columna 3	Columna 4	Columna 5	Columna 6
ANIM01	-	-			
ANIM02	-	-			
ANIM03	-	-			
ANIM04	-	-			
ANIM05	-	-			
ANIM06	ANIM01	ANIM03			
ANIM07	ANIM01	ANIM03			
ANIM08	ANIM01	ANIM03			
ANIM09	ANIM02	ANIM04			
ANIM10	ANIM02	ANIM04			

Individuo: Col 1
Padre: Col 2
Madre: Col 3
ID padres desconocidos: -

GUARDAR BORRAR

¡ Archivo de genealogía guardado correctamente !

Posteriormente defina las variables del archivo de datos. Seleccione las tres columnas que contiene y especifique el tipo de variable que representa cada una de ellas (Figura 27).

La 1ª columna contiene las identificaciones de los individuos. Seleccione “Animal” en el tipo de variable. Esta columna será la conexión con el archivo de Genealogía.

La 2ª columna contiene el factor fijo SEXO, que en este caso será el único a incluir. Seleccione “Factor Fijo” en el tipo de variable.

RECUERDE

Los **Factores Fijos** son aquellas circunstancias ambientales identificables que influyen significativamente en la producción. Pueden ser variables de tipo “Clasificación” (Sexo, rebaño, año, estación, N° de lactación, etc.) o bien de tipo “Continuo” (Edad, días en lactación, intervalo entre partos, peso al nacimiento, etc.). Estas últimas se denominan **Covariables**

En las primeras se pueden distinguir niveles, en las covariables NO porque son el resultado de una medición.

La 3ª columna contiene los datos de kilogramos de peso al destete a 60 días. Especifique “Carácter” en el tipo de variable.

Factor
Individuo Fijo Carácter

Columna 1	Columna 2	Columna 3	Columna 4	Columna 5	Columna 6	Columna 7	Columna 8	Columna 9	Columna 10	Columna 11	Columna 12	Columna 13
ANIM06	MACHO	14.7										
ANIM07	HEMBRA	10.8										
ANIM08	HEMBRA	10.2										
ANIM09	HEMBRA	15.9										
ANIM10	MACHO	17.4										
ANIM11	HEMBRA	10.5										
ANIM12	HEMBRA	12.7										
ANIM13	MACHO	16.2										
ANIM14	HEMBRA	12.4										
ANIM15	MACHO	14.2										

Nº de Columna	Nombre de la Variable	Tipo de Variable	Nivel de Referencia
<input checked="" type="checkbox"/>	ID Individuo	Animal	
<input checked="" type="checkbox"/>	SEXO del lechón	Factor Fijo	0
<input checked="" type="checkbox"/>	Peso al destete	Caracter	
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	

Nº de Columna	Nombre de la Variable	Tipo de Variable	Nivel de Referencia
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/>		Seleccione Variable	

GUARDAR BORRAR ¡ Archivo de datos guardado correctamente !

Figura 27. Visor del archivo de datos con sus variables ingresadas.

En los recuadros de niveles de referencia para los factores fijos se debe colocar un número entero de entre 0 y el número máximo de niveles que contenga el factor en cuestión. Esta especificación se debe realizar para que la metodología pueda tener solución.

Si las casillas se dejan vacías, el software asignará el número “1”, lo que significa que las estimaciones de los niveles de un determinado factor estarán referidas al primer nivel encontrado por el software al leer los datos. Si el usuario coloca el número “2”, estarán referidas al segundo nivel encontrado y así sucesivamente. Un “0” indica que no se harán referencias.

En este ejemplo existe solamente un factor fijo, por tanto no es imprescindible indicar un nivel de referencia para que la metodología se desarrolle correctamente. Ingrese el número “0” en el recuadro y guarde los datos.

5

En la página de opciones habrá tres recuadros. El primero de ellos le preguntará si desea imprimir un archivo con los individuos consanguíneos. Si elige la opción “SI” se generará un archivo adicional con la identificación de los animales que presentan un coeficiente de consanguinidad mayor a 0 y el respectivo coeficiente.

OPCIONES DEL ARCHIVO DE GENEALOGÍA

¿Desea imprimir un archivo con los individuos consanguíneos?

SI NO

En este ejemplo no se pedirá un archivo con los individuos consanguíneos. Seleccione “NO”. Si desea conocer la estructura de este archivo y su interpretación vea el ejemplo del Modelo Animal Simple en la **página 31**.

OPCIONES DEL ARCHIVO DE DATOS

¿Desea considerar la media en el modelo?

SI NO

El segundo recuadro le preguntará si desea incluir la media de la población en el análisis. Si decide incluirla será considerada como un factor fijo adicional. Es interesante incluir este factor cuando se desea conocer el promedio

6

poblacional de un carácter calculado con las bondades estadísticas de la metodología BLUP. El valor estará corregido tanto por los restantes factores fijos como por los valores genéticos de los individuos.

En este ejemplo no se incluirá la media en el modelo. Seleccione la opción "NO".

OPCIONES DEL BLUP Y SU PROCESO ITERATIVO

Criterio de convergencia para BLUP

Criterio de convergencia para remuestreo

Nº muestreos para obtener la Varianza del Error de Predicción (VEP)

Seleccione el tipo de información a suministrar

Parametros genéticos Varianzas

Heredabilidad

Repetib (c)

El tercer recuadro contiene valores por defecto para los criterios de convergencia y número de remuestreos del proceso iterativo. Mantenga los valores que vienen por defecto. Si desea más información del significado y ajuste de estos vea el tutorial de este [LINK](#) (minuto 03:58).

7

En este recuadro también se ingresarán los parámetros genéticos.

Seleccione la opción parámetros genéticos e ingrese la heredabilidad y C^2 del carácter, es decir, **0.15** y **0.25** respectivamente.

IMPORTANTE:

VirtualBlup considera el punto como separador decimal.

Guarde las opciones y continúe a la página de ejecución (Figura 28).

Ejecutar Evaluación Genética

- Puede iniciar el proceso haciendo click en el botón **COMENZAR**
- El tiempo de ejecución dependerá de la cantidad de datos que esté manejando
- El avance del proceso se irá mostrando en la ventana de ejecución
- Puede salir del software y volver a entrar para comprobar el estado de avance del proceso
- Puede detener el proceso en cualquier momento pulsando el botón **DETENER**
- Terminado el proceso puede ver y descargar los archivos en la página de resultados

COMENZAR DETENER

Ventana de Ejecución

ETAPA	DESCRIPCIÓN	TIEMPO ACUMULADO
1 de 13	LEYENDO ARCHIVOS DE GENEALOGÍA Y DATOS	00:00:00
2 de 13	CHEQUEANDO COHERENCIA EN GENEALOGÍA	00:00:00
3 de 13	CHEQUEANDO ANIMALES DE DATOS EN GENEALOGÍA	00:00:00
4 de 13	ORDENANDO POR GENERACIONES	00:00:00
5 de 13	RECODIFICANDO ARCHIVOS	00:00:00
6 de 13	RE-INICIALIZACIÓN DE VARIABLES	00:00:00
7 de 13	CONSTRUYENDO ARCHIVOS TEMPORALES	00:00:00
8 de 13	CALCULANDO CONSANGÜINIDAD	00:00:00
9 de 13	RESOLVIENDO EL SISTEMA DE ECUACIONES DEL MODELO MIXTO	00:00:00

Figura 28. Página de ejecución.

Presione **Comenzar** para iniciar el proceso. Una vez finalizado podrá acceder a la página de resultados. Esta página estará compuesta de dos bloques. El primero contiene los resultados de la revisión previa de los archivos de genealogía y datos (con el fin de detectar errores en ellos y corregirlos). El segundo bloque contiene los resultados del **BLUP** (Figura 29).

ARCHIVO	CONTENIDO	DESCARGA	VER
pedigree.txt	Nuevo archivo de genealogía con codificación numérica (tras etapa de revisión y corrección).	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
data.txt	Nuevo archivo de datos con codificación numérica (tras etapa de revisión y corrección).	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Ajuste.txt	Parámetros de ejecución del proceso iterativo para BLUP y ajuste del modelo propuesto.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Fijos.txt	Contiene las estimas de los niveles de los factores fijos del modelo.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Genético.txt	Contiene las predicciones de los valores mejorantes de los individuos.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Permanente.txt	Contiene la predicciones del efecto ambiental permanente del modelo.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Común.txt	Contiene las predicciones del efecto del ambiente común del modelo.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Materno.txt	Contiene las predicciones del efecto genético materno del modelo.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Consanguinidad.txt	Resumen y lista de individuos con un coeficiente de consanguinidad distinto de cero.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Iteraciones.txt	Iteraciones acompañadas de las correspondientes soluciones para dos niveles de factores fijos y dos valores genéticos.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>

Figura 29. Bloque de archivos de resultados generados en la etapa del BLUP.

4.6.- AJUSTE DEL MODELO

Para comprobar que el BLUP se desarrolló correctamente se debe revisar el coeficiente de determinación del modelo o R^2 . Este índice se encuentra en el archivo "Ajustes.txt" (Figura 30).

```

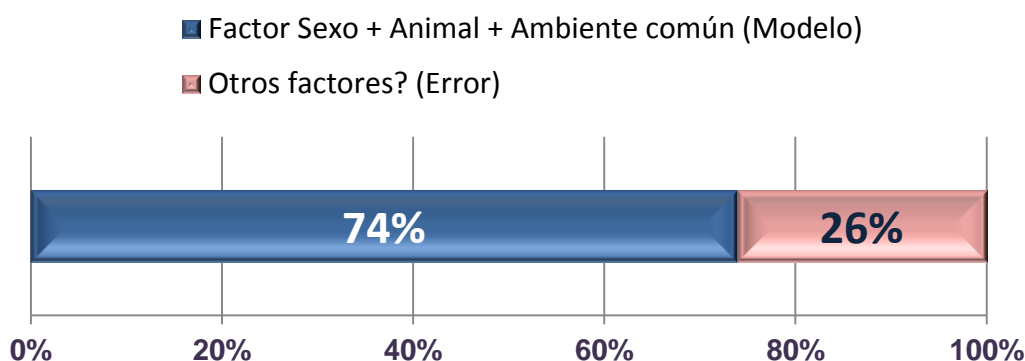
AJUSTE DEL MODELO. Coeficiente de determinación (R2)
ANOVA
-----
Fuente Variacion                Suma Cuadrados
-----
Modelo                          50.51653
Residuo                          17.87424
-----
TOTAL                            68.39077

R2 : 0.738645475008947

```

Figura 30. Extracto del archivo Ajuste.txt.

El R^2 de este análisis fue de 0.7386. Observe la figura que se presenta a continuación:



Al respecto se puede concluir lo siguiente:

- El factor fijo SEXO más el factor animal y el ambiente común que las hembras proporcionan a sus crías explican, en su conjunto, el ~74% de la variabilidad de los datos.
- El factor fijo SEXO tienen una influencia real sobre el peso al destete
- Existe un 26% de variabilidad NO EXPLICADA por los factores anteriores, por lo que es posible incluir más información para aumentar el R^2 y de esta forma mejorar la estimación de los valores genéticos. Al respecto, un factor posible de incluir es el tamaño de camada ya que, en general, individuos provenientes de camadas numerosas presentan un menor peso al destete en relación a los provenientes de camadas más pequeñas.

4.7.- FACTORES FIJOS

En el archivo "Fijos.txt" se encuentran los valores estimados de los factores fijos (Figura 31).

```

----- VirtualBlup@ -----
                SOLUCIONES PARA LOS VARIABLES FIJAS DEL MODELO
USUARIO          : VBUSUAR512
FECHA            : 8:38:41
VARIABLE = SEXO
MACHO            : ESTIMA 15.15535
HEMбра          : ESTIMA 11.91645
----- VirtualBlup@ -----
    
```

Figura 31. Archivo Fijos.txt.

En este caso la interpretación de los valores obtenidos es de tipo absoluto ya que no se ingresaron niveles de referencias. De esta forma los lechones machos tienen un peso promedio al destete de 15.15 kilogramos y las hembras de 11.91 kilogramos.

4.8.- VALORES GENÉTICOS ESTIMADOS (VGE)

Los valores genéticos de los animales se encuentran en el archivo "Genético.txt" (Figura 32), acompañados de indicadores de precisión.

```

----- VirtualBlup@ -----
                SOLUCIONES PARA EL EFECTO GENÉTICO DIRECTO
USUARIO          : VBUSUAR512
FECHA            : 8:38:41

VG : Valor Genético
r2  : Fiabilidad
r   : Precisión
SEP : Error estándar de la predicción

ANIMAL          VG          r2          r          SEP
ANIM01          -0.01889    0.04140    0.20347    3.79197
ANIM02           0.01901    0.04140    0.20348    3.79196
ANIM03           0.00006    0.00000    0.00000    3.87298
ANIM04          -0.00008    0.00000    0.00000    3.87298
ANIM05           0.00023    0.00000    0.00000    3.87298
ANIM06           0.05542    0.04889    0.22111    3.77713
ANIM07          -0.01803    0.03312    0.18199    3.80831
ANIM08          -0.08470    0.04117    0.20290    3.79243
ANIM09           0.27387    0.03352    0.18309    3.80751
ANIM10           0.08065    0.05198    0.22799    3.77098
ANIM11          -0.32613    0.01898    0.13777    3.83605
ANIM12           0.04006    0.03252    0.18032    3.80950
ANIM13           0.06907    0.03857    0.19639    3.79756
ANIM14           0.00673    0.02775    0.16660    3.81886
ANIM15          -0.15315    0.04290    0.20712    3.78900
ANIM16          -0.06107    0.03886    0.19713    3.79699
ANIM17          -0.02341    0.04877    0.22083    3.77737
ANIM18           0.13215    0.05795    0.24072    3.75910
----- VirtualBlup@ -----

```

Figura 32. Archivo Genetico.txt.

4.8.1.- ¿Qué significa el valor genético?

El valor genético representa, en la misma unidad del carácter, la superioridad o inferioridad que tiene un individuo respecto al promedio de los individuos de la **población base**. Se denomina valor genético porque esa superioridad o inferioridad es el resultado de la suma del efecto de los muchos genes que puedan estar relacionados con el carácter.

4.8.2.- ¿Cómo interpretar el valor genético?

Recordemos que el carácter se midió en kilogramos de peso vivo a los 60 días. De esta forma el valor genético del individuo ANIM01, de -0.0188, indica que tiene un peso al destete 0.0188 kg menos que el promedio de los individuos de la **población base**.

Por el contrario, el individuo ANIM09, con un valor genético de +0.2738, indica que tiene un peso al destete 0.2738 Kg más respecto del promedio de los individuos de la **población base**.

Al margen de la interpretación del valor genético, estos toman sentido práctico cuando se comparan entre sí a fin de tomar decisiones de selección de los animales.

4.8.3.- ¿Qué son y para qué sirven los indicadores de precisión?

Los indicadores de precisión nos informan acerca del grado de precisión que tienen los valores genéticos. Los indicadores que *VirtualBlup* suministra son explicados con más detalles en la **página 29**.

4.9.- UTILIZACIÓN DE LOS VALORES GENÉTICOS

Los valores genéticos, junto con los indicadores de precisión, son utilizados para tomar decisiones de selección, es decir, para la identificación de los individuos genéticamente superiores con el objetivo de dejar descendencia de ellos.

Al igual que en los anteriores ejemplos, en el ganado porcino se consideran varios caracteres al momento de tomar las decisiones de selección (Ver [mérito económico](#)). No obstante, para ilustrar la importancia del valor genético como criterio de selección, en el presente ejemplo se considerará solamente el valor genético para peso al destete.

En la **tabla 9** se muestran los valores genéticos de los padres de este rebaño. Interesa identificar cuál o cuáles de ellos se podrían seguir utilizando como reproductores o por el contrario, eliminados.

Tabla 9. Valores genéticos de los reproductores.

ID individuo	Tipo Reproductor	Valor Genético	r
ANIM01	Padre	-0.01889	0.20347
ANIM02	Padre	+0.01901	0.20348
ANIM03	Madre	+0.00006	0
ANIM04	Madre	-0.00008	0
ANIM05	Madre	+0.00023	0

De la tabla anterior podemos concluir que los animales ANIM01 y ANIM04 podrían ser candidatos a ser reemplazados por otros que posean mayor valor genético.

También podemos identificar los lechones que podrían ser candidatos a futuros reproductores. La tabla 10 muestra el ranking de los lechones.

Tabla 10. Valores genéticos de los lechones en orden decreciente.

ID individuo	SEXO	Valor Genético	r
ANIM09	Hembra	+0.27387	0.18309
ANIM18	Hembra	+0.13215	0.24072
ANIM10	Macho	+0.08065	0.22799
ANIM13	Macho	+0.06907	0.19639
ANIM06	Macho	+0.05542	0.22111
ANIM12	Hembra	+0.04006	0.18032
ANIM14	Hembra	+0.00673	0.1666
ANIM07	Hembra	-0.01803	0.18199
ANIM17	Hembra	-0.02341	0.22083
ANIM16	Macho	-0.06107	0.19713
ANIM08	Hembra	-0.0847	0.2029
ANIM15	Macho	-0.15315	0.20712
ANIM11	Hembra	-0.32613	0.13777

Con un ranking como el anterior se puede fijar un valor genético umbral y dejar como candidatos a la selección los individuos que lo superen. Se puede ir un paso más allá y considerar más caracteres de importancia económica. En tal caso habrá que realizar la correspondiente evaluación genética para ellos y construir los rankings. Con estos se pueden seleccionar los candidatos estableciendo niveles independientes de aceptación para cada carácter o bien, se puede aplicar un índice global que combine valores genéticos de los caracteres con distintos grado de ponderación.

4.10.- EFECTO DEL AMBIENTE COMÚN

Las predicciones del ambiente común se encuentran en el archivo "Comun.txt" (Figura 33) y también, por ser una predicción, vienen acompañadas de indicadores de precisión.

```

----- VirtualBlup@ -----
                SOLUCIONES PARA EL EFECTO DEL AMBIENTE COMÚN
USUARIO          : VBUSUAR512
FECHA            : 8:38:41

AC : Ambiente Común
r2  : Fiabilidad
r   : Precisión
SEP : Error estándar de la predicción

ANIMAL          AC          r2          r          SEP
ANIM03          -1.02949    1.00000    1.00000    4.72267
ANIM04           1.59448    1.00000    1.00000    3.60261
ANIM05           0.34837    1.00000    1.00000    4.59390
----- VirtualBlup@ -----

```

Figura 33. Archivo Comun.txt.

El efecto del ambiente común puede utilizarse para calcular la **habilidad de producción** que, a diferencia del modelo de repetibilidad, en este caso correspondería a la habilidad productiva de la madre. Esta será la suma de su valor genético más la predicción del ambiente común.

Más allá de la posible utilización de las predicciones del ambiente común, estas tienen importancia per se al haber sido consideradas en el análisis al momento de calcular los valores genéticos, los que estarán corregidos por un factor más.

Modelo Animal Con Efectos Maternos



El modelo con efectos maternos se aplica cuando existe una marcada influencia materna sobre el carácter que se desea evaluar. Por ello tiene sentido aplicar este modelo sobre caracteres que se miden a edades tempranas en los individuos como por ejemplo el peso al nacimiento o el peso al destete en ganado bovino de carne. No tendría sentido ajustar este modelo sobre el carácter ganancia de peso durante el engorde ya que este ocurre mucho tiempo después de la separación del individuo con su madre.

Teniendo en cuenta solamente los factores genéticos, el peso al destete de un ternero es función de:

- La propia habilidad del individuo para crecer: esta “habilidad” viene determinada por el conjunto particular de genes que un individuo posee para el crecimiento.
- La producción de leche de la madre: determinada por el conjunto de genes para producción de leche. Mientras más leche produzca una vaca para su ternero mayor velocidad de crecimiento tendrá y por ende un mayor peso al destete.
- La habilidad materna de la madre: relacionada con la habilidad de ésta para amamantar y proteger a su cría y viene determinada por una base genética.

La propia habilidad del individuo para crecer representa el **componente directo** del peso al destete, mientras que la producción de leche de la madre y la habilidad materna de esta representan el **componente materno**. El **BLUP** con efectos maternos es capaz de separar los componentes directos y maternos y proveer de predicciones para ambos.

A continuación se realizará una evaluación genética para el carácter peso al destete en ganado bovino de carne.

RECUERDE

Es necesario suministrar tres fuentes de información:

1. **Datos de producción**
2. **Genealogía**
3. **Parámetros genéticos**

5.1.- ARCHIVO DE DATOS PRODUCTIVOS

La **Figura 34** muestra el archivo de datos contenidos en una hoja de cálculo Excel. Contiene cinco columnas y once registros provenientes de once terneros(as). Incluye información acerca del rebaño, el sexo y la edad de los animales al momento del destete.

REBAÑO	SEXO	EDAD (Días)	Peso al destete (Kg a 210 días)	ID Individuo
FD03	MACHO	182	199.52	ANIM05
FD03	HEMBRA	175	168.44	ANIM06
FD03	HEMBRA	175	162.30	ANIM07
FD03	MACHO	175	185.42	ANIM08
FD05	MACHO	195	180.30	ANIM09
FD05	HEMBRA	185	152.45	ANIM10
FD05	HEMBRA	185	161.20	ANIM11
FD08	HEMBRA	180	140.47	ANIM12
FD08	MACHO	180	170.22	ANIM13
FD08	HEMBRA	180	145.32	ANIM14
FD08	MACHO	180	168.22	ANIM15

Figura 34. Archivo de datos productivos para el carácter peso al destete en bovinos.

5.2.- ARCHIVO DE GENEALOGÍA

El archivo de genealogía está compuesto por tres columnas y quince registros equivalentes a quince animales (Figura 35). Los padres desconocidos están identificados con un cero "0".

ID Individuo	ID Padre	ID Madre
ANIM01	0	0
ANIM02	0	0
ANIM03	0	0
ANIM04	0	0
ANIM05	ANIM01	ANIM02
ANIM06	ANIM03	ANIM02
ANIM07	ANIM04	ANIM06
ANIM08	ANIM03	ANIM06
ANIM09	ANIM01	ANIM06
ANIM10	ANIM03	ANIM02
ANIM11	ANIM03	ANIM07
ANIM12	ANIM08	ANIM07
ANIM13	ANIM09	ANIM02
ANIM14	ANIM03	ANIM06
ANIM15	ANIM01	ANIM07

IMPORTANTE:

El usuario puede utilizar un código alfabético, numérico o alfanumérico para identificar los padres desconocidos.

Figura 35. Archivo de genealogía.

5.3.- PARÁMETROS GENÉTICOS

Se utilizarán los siguientes parámetros genéticos:

Heredabilidad : 0.27

Heredabilidad materna : 0.1621

Correlación genética : -0.3873

C² ambiente permanente materno : 0.081

5.4.- GENERACIÓN DE ARCHIVOS

Tanto el archivo de datos como el de genealogía se encuentran en una hoja de Microsoft Excel. Por tanto, lo primero a realizar será pasar estos dos archivos a formato de texto (archivos ".txt"), que es como **VirtualBlup** los acepta. Realice la conversión de los archivos siguiendo el ejemplo visto en el Modelo Animal Simple, en la **página 19**.

5.5.- EVALUACIÓN GENÉTICA

1

Ingrese a **VirtualBlup** con su nombre de usuario y contraseña. En la página inicial seleccione la opción "realizar evaluación genética" del recuadro correspondiente

Usuario :
VBUSUAR551

Proceso

Archivos

Opciones

Ejecutar

Resultados

Salir

Seleccione el proceso que desea realizar

Revisión de archivos

Realizar análisis exploratorio de archivos

Realizar evaluación genética

Calcular relaciones de parentesco

GUARDAR BORRAR

Aparecerán dos nuevos recuadros, uno para indicar si existen grupos genéticos en genealogía y otro con los modelos de evaluación genética disponibles.

Usuario :
VBUSUAR551

Proceso

Archivos

Opciones

Ejecutar

Resultados

Salir

Videotutoriales

Soporte

Manual técnico

Seleccione el proceso que desea realizar

Revisión de archivos

Realizar análisis exploratorio de archivos

Realizar evaluación genética

Calcular relaciones de parentesco

GUARDAR BORRAR

Considera Grupos Genéticos

SI NO

Seleccione el modelo a considerar

Modelo animal simple

Modelo animal con efecto ambiental permanente

Modelo animal con efectos ambientales comunes

Modelo animal con efectos maternos

¡ Datos guardados correctamente !

ECUACIÓN DEL MODELO EN NOTACIÓN MATRICIAL

$$y = Xb + Zu + Wm + Sp + e$$

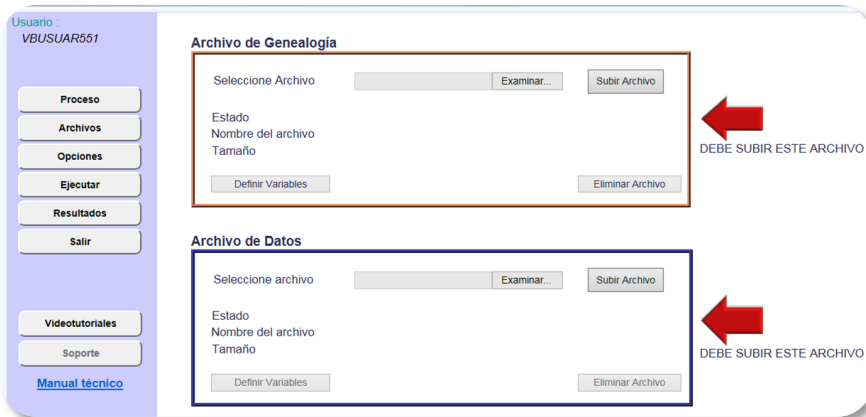
$$E[y] = Xb \quad G = A\sigma_u^2 \quad R = I\sigma_e^2$$

$$\text{Var}[y] = [Z \ W] \begin{bmatrix} A\sigma_u^2 & A\sigma_{um}^2 \\ A\sigma_{um}^2 & A\sigma_m^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} Z' \\ W' \end{bmatrix} + S I\sigma_p^2 S' + R$$

2

Seleccione "NO" en el recuadro de grupos genéticos y "Modelo animal con efectos maternos" en las opciones de modelos. Luego presione **Guardar**

Continúe a la página de archivos. En ella podrá subir los archivos de genealogía y de datos al servidor de **VirtualBlup**.



Busque sus archivos presionando el botón **Examinar**.

Una vez seleccionados pulse **Subir Archivo** para iniciarla subida.

3

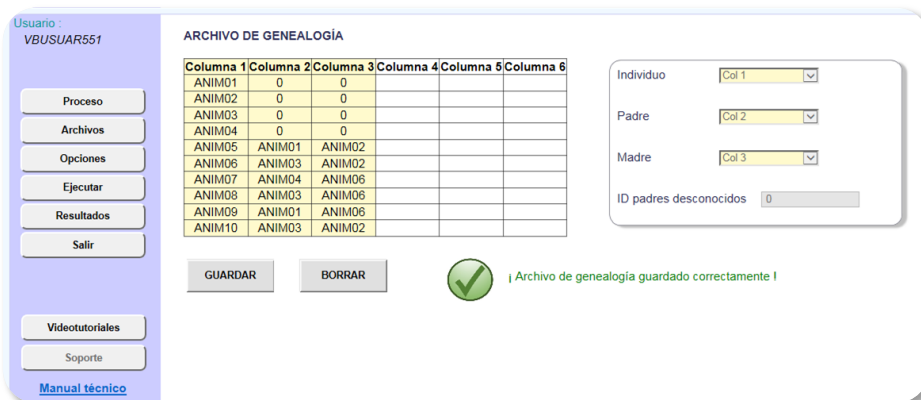
IMPORTANTE:

Si sus archivos son muy pesados (superiores a 20 MB) la subida tardará tiempo en concretarse. El tiempo de subida dependerá además de factores como la conexión y velocidad de internet.

Especifique las variables contenidas en los archivos. Para ello presione **Definir Variable** en el recuadro correspondiente.

4

En Genealogía, asigne la 1ª columna para la variable individuo, la 2ª para padre y la 3ª para la variable madre. Coloque "0" en el recuadro ID de padres desconocidos. Guarde los cambios.



Posteriormente defina las variables del archivo de datos. Seleccione las cinco columnas del archivo y especifique el tipo de variable que representa cada una de ellas (Figura 36).

Las columnas 1ª y 2ª y 3ª contienen los factores fijes REBAÑO, SEXO y ÉDAD AL DESTETE respectivamente. Seleccione "Factor Fijo" en el tipo de variable solo para los dos primero factores. El factor fijo EDAD corresponde a una **covariable**, es decir, una variable medible que está relacionada proporcionalmente con el carácter. Debe especificarla como tal en Tipo de variable.

La 4ª columna contiene el carácter peso al destete a los 210 días. Seleccione "Carácter" en Tipo de variable.

La 5ª y última columna contiene las identificaciones de los individuos. El tipo de variable a especificar será “Animal”. Esta columna será la conexión con el archivo de Genealogía.

Factores Fijos Carácter Individuo

Columna 1	Columna 2	Columna 3	Columna 4	Columna 5	Columna 6	Columna 7	Columna 8	Columna 9	Columna 10	Columna 11	Columna 12	Columna 13	Columna 14	Columna 15	Columna 16	Columna 17	Columna 18	Columna 19	Columna 20
FD03	MACHO	182	199.52	ANIM05															
FD03	HEMBRA	175	168.44	ANIM06															
FD03	HEMBRA	175	162.30	ANIM07															
FD03	MACHO	175	185.42	ANIM08															
FD05	MACHO	195	180.30	ANIM09															
FD05	HEMBRA	185	152.45	ANIM10															
FD05	HEMBRA	185	161.20	ANIM11															
FD08	HEMBRA	180	140.47	ANIM12															
FD08	MACHO	180	170.22	ANIM13															
FD08	HEMBRA	180	145.32	ANIM14															

Nº de Columna	Nombre de la Variable	Tipo de Variable	Nivel de Referencia
<input checked="" type="checkbox"/> Columna 1	REBANO	Factor Fijo	0
<input checked="" type="checkbox"/> Columna 2	SEXO	Factor Fijo	1
<input checked="" type="checkbox"/> Columna 3	EDAD (días)	Covariable	
<input checked="" type="checkbox"/> Columna 4	Peso al destete	Carácter	
<input checked="" type="checkbox"/> Columna 5	ID Individuo	Animal	
<input type="checkbox"/> Columna 6		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/> Columna 7		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/> Columna 8		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/> Columna 9		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/> Columna 10		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/> Columna 11		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/> Columna 12		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/> Columna 13		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/> Columna 14		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/> Columna 15		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/> Columna 16		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/> Columna 17		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/> Columna 18		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/> Columna 19		Seleccione Variable	
<input type="checkbox"/> Columna 20		Seleccione Variable	

GUARDAR BORRAR ¡ Archivo de datos guardado correctamente !

Figura 36. Visor del archivo de datos con sus variables ingresadas.

En los recuadros de niveles de referencia para los factores fijos se debe colocar un número entero de entre 0 y el número máximo de niveles que contenga el factor en cuestión. Esta especificación se debe realizar para que la metodología pueda tener solución.

Si el usuario no ingresa ningún número, el software asignará el número “1”, lo que significa que las estimaciones de los restantes niveles de ese factor estarán referidas al primer nivel encontrado por el software al leer los datos. Si el usuario ingresa el número “2”, estarán referidas al segundo nivel encontrado y así sucesivamente. Un “0” indica que no se harán referencias.

Ingrese el número “0” para el factor REBAÑO y el “1” para el factor SEXO. La covariable no necesita especificar ningún nivel de referencia porque no tiene niveles sino un espectro continuo de valores. Guarde los datos y continúe a la página de opciones.

5

En la página de opciones habrá tres recuadros. El primero de ellos le preguntará si desea imprimir un archivo con los individuos consanguíneos. Si elige “Si” se generará un archivo adicional con la identificación de los animales que presentan un coeficiente de consanguinidad mayor a 0 y el respectivo coeficiente.

OPCIONES DEL ARCHIVO DE GENEALOGÍA

¿Desea imprimir un archivo con los individuos consanguíneos?

SI NO

En este ejemplo no se pedirá un archivo con los individuos consanguíneos. Seleccione “NO”. Si desea conocer la estructura de este archivo y su interpretación vea el ejemplo del Modelo Animal Simple en la **página 31**.

OPCIONES DEL ARCHIVO DE DATOS

¿Desea considerar la media en el modelo?

SI NO

El segundo recuadro le preguntará si desea incluir la media de la población en el análisis. Si decide incluirla será considerada como un factor fijo adicional. Es interesante incluir este factor cuando se desea conocer el promedio

6

poblacional de un carácter calculado con las bondades estadísticas de la metodología **BLUP**. El valor estará corregido tanto por los restantes factores fijos como por los valores genéticos de los individuos.

En este ejemplo no se incluirá la media en el modelo. Seleccione “NO”.

OPCIONES DEL BLUP Y SU PROCESO ITERATIVO

Criterio de convergencia para BLUP

Criterio de convergencia para remuestreo

Nº muestreos para obtener la Varianza del Error de Predicción (VEP)

Seleccione el tipo de información a suministrar

Parametros genéticos Varianzas

Heredabilidad

Heredabilidad materna

C 2

Correlación Genética

El tercer recuadro contiene valores por defecto para los criterios de convergencia y número de remuestreos del proceso iterativo. Mantenga los valores que vienen por defecto. Si desea más información del significado y ajuste de estos vea el tutorial de este [LINK](#) (minuto 03:58).

7

En este recuadro también se ingresarán los parámetros genéticos.

Seleccione la opción parámetros genéticos e ingrese la heredabilidad, la heredabilidad materna, el parámetro C2 y la correlación genética entre los efectos genéticos directos y los maternos, es decir, **0.27**, **0.1621**, **0.081** y **-0.3873** respectivamente.

IMPORTANTE:

VirtualBlup considera el punto como separador decimal.

Guarde las opciones y continúe a la página de ejecución (Figura 37).

Ejecutar Evaluación Genética

- Puede iniciar el proceso haciendo click en el botón **COMENZAR**
- El tiempo de ejecución dependerá de la cantidad de datos que esté manejando
- El avance del proceso se irá mostrando en la ventana de ejecución
- Puede salir del software y volver a entrar para comprobar el estado de avance del proceso
- Puede detener el proceso en cualquier momento pulsando el botón **DETENER**
- Terminado el proceso puede ver y descargar los archivos en la pagina de resultados

COMENZAR DETENER

Ventana de Ejecución

ETAPA	DESCRIPCIÓN	TIEMPO ACUMULADO
1 de 13	LEYENDO ARCHIVOS DE GENEALOGÍA Y DATOS	00:00:00
2 de 13	CHEQUEANDO COHERENCIA EN GENEALOGÍA	00:00:00
3 de 13	CHEQUEANDO ANIMALES DE DATOS EN GENEALOGÍA	00:00:00
4 de 13	ORDENANDO POR GENERACIONES	00:00:00
5 de 13	RECODIFICANDO ARCHIVOS	00:00:00
6 de 13	RE-INITIALIZACIÓN DE VARIABLES	00:00:00
7 de 13	CONSTRUYENDO ARCHIVOS TEMPORALES	00:00:00
8 de 13	CALCULANDO CONSANGUINIDAD	00:00:00
9 de 13	RESOLVIENDO EL SISTEMA DE ECUACIONES DEL MODELO MIXTO	00:00:00

Figura 37. Página de ejecución.

Presione **Comenzar** para iniciar el proceso. Una vez finalizado podrá acceder a la página de resultados. Esta página estará compuesta de dos bloques. El primero contiene los resultados de la revisión previa de los archivos de genealogía y datos (con el fin de detectar errores en ellos y corregirlos). El segundo bloque contiene los resultados del **BLUP** (Figura 38).

ARCHIVO	CONTENIDO	DESCARGA	VER
pedigree.txt	Nuevo archivo de genealogía con codificación numérica (tras etapa de revisión y corrección).	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
data.txt	Nuevo archivo de datos con codificación numérica (tras etapa de revisión y corrección).	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Ajuste.txt	Parámetros de ejecución del proceso iterativo para BLUP y ajuste del modelo propuesto.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Fijos.txt	Contiene las estimas de los niveles de los factores fijos del modelo.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Genético.txt	Contiene las predicciones de los valores mejorantes de los individuos.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Permanente.txt	Contiene las predicciones del efecto ambiental permanente del modelo.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Común.txt	Contiene las predicciones del efecto del ambiente común del modelo.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Materno.txt	Contiene las predicciones del efecto genético materno del modelo.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Consanguinidad.txt	Resumen y lista de individuos con un coeficiente de consanguinidad distinto de cero.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>
Iteraciones.txt	Iteraciones acompañadas de las correspondientes soluciones para dos niveles de factores fijos y dos valores genéticos.	Download	<input type="button" value="Abrir"/>

Figura 38. Bloque de archivos de resultados generados en la etapa del BLUP.

5.6.- AJUSTE DEL MODELO

Para ver si el BLUP se desarrolló correctamente se debe revisar el coeficiente de determinación del modelo o R^2 . Este índice se encuentra en el archivo "Ajustes.txt" (Figura 39).

AJUSTE DEL MODELO. Coeficiente de determinación (R2)	
ANOVA	

Fuente Variación	Suma Cuadrados

Modelo	2917.66041
Residuo	110.40626

TOTAL	3028.06667
R2 : 0.963539026524854	

Figura 39. Extracto del archivo Ajuste.txt.

El R^2 de este análisis fue de 0.9635 y nos indica lo siguiente:

- Los factores fijos REBAÑO, SEXO y EDAD AL DESTETE más el factor animal, el factor genético materno y el ambiente materno explican, en su conjunto, un 96% de la variabilidad de los datos.
- Los factores fijos antes mencionados tienen una influencia real sobre el peso al destete, es decir, generan diferencias entre animales para este carácter.

Si hubiese sido omitido alguno de los factores anteriores el R^2 hubiese sido menor y, por ende, peor estimación de los valores genéticos de los animales.

IMPORTANTE:

El R^2 es un coeficiente que debe oscilar entre “0” y “1”. Si obtiene un valor fuera de ese rango los resultados son ERRONEOS. En tal caso debe revisar y cambiar los niveles de referencia de los factores fijos y volver a realizar el análisis.

5.7.- FACTORES FIJOS

En el archivo “Fijos.txt” se encuentran los valores estimados de los factores fijos (Figura 40).

```

----- VirtualBlup@ -----
                SOLUCIONES PARA LAS VARIABLES FIJAS DEL MODELO
USUARIO          : VBUSUAR551
FECHA            : 14:13:31

VARIABLE = REBAÑO          ESTIMA
FD03              193.67573
FD05              175.92340
FD08              168.56809

VARIABLE = SEXO           ESTIMA
MACHO              0.00000
HEMBRA            -23.44571

VARIABLE = EDAD (días)    ESTIMA
Covariable_1      0.60424
----- VirtualBlup@ -----
    
```

Figura 40. Archivo Fijos.txt.

La interpretación de estos valores es la diferencia entre niveles de un factor.

5.7.1.- Factor Fijo REBAÑO:

- El peso al destete de los animales del rebaño FD03 supera en 17.75 Kg al de los animales del rebaño FD05.
- El peso al destete de los animales del rebaño FD03 supera en 25.11 Kg al de los animales del rebaño FD08.
- Los animales del rebaño FD05 tienen un peso al destete 7.36 Kg superior al de los animales del rebaño FD08.
- El rebaño que registra mayores pesos al destete es el rebaño FD03 y el que registra los menores pesos es el FD08.

5.7.2.- Factor Fijo SEXO:

- Los machos tienen un peso al destete 23.44 Kg superior al peso promedio logrado por las hembras.

5.7.3.- Covariable EDAD AL DESTETE

- El ritmo de crecimiento de los terneros(as) durante en el periodo de crianza es de 604 gramos al día.

IMPORTANTE:

Cuando se especifican niveles de referencia, en al menos un factor fijo, las soluciones obtenidas para todos los factores son relativas, es decir, la interpretación de los valores estimados será la diferencia entre los niveles de un factor en concreto.

5.8.- VALORES GENÉTICOS ESTIMADOS (VGE)

Este modelo suministra dos tipos de valores genéticos: el valor genético directo y el valor genético materno. El primero hace referencia al potencial genético que un individuo tiene para crecer, mientras que el segundo al potencial genético para producción de leche.

5.8.1.- Valor genético directo

Los valores genéticos directos se encuentran en el archivo "Genético.txt" (Figura 41).

```

----- VirtualBlup@ -----
                SOLUCIONES PARA EL EFECTO GENÉTICO DIRECTO
USUARIO          : VBUSUAR551
FECHA            : 14:13:31
|
VGD : Valor Genético Directo
r2  : Fiabilidad
r   : Precisión
SEP : Error estándar de la predicción

ANIMAL          VGD          r2          r          SEP
ANIM02          0.01668      0.01129      0.10627      5.16673
ANIM03          0.02129      0.12217      0.34953      4.86841
ANIM01          0.36778      0.04320      0.20786      5.08266
ANIM04          -0.40687      0.05970      0.24433      5.03867
ANIM06          -0.01761      0.11096      0.33310      4.89940
ANIM07          -0.61893      0.06333      0.25166      5.02891
ANIM08          -0.83668      0.26619      0.51594      4.45117
ANIM09          -0.20825      0.06411      0.25319      5.02684
ANIM05          0.94616      0.05945      0.24382      5.03933
ANIM10          -0.52051      0.05051      0.22475      5.06322
ANIM11          0.76989      0.05876      0.24241      5.04117
ANIM12          -1.30033      0.14485      0.38059      4.80512
ANIM13          0.19393      0.10619      0.32587      4.91252
ANIM14          0.36961      0.19700      0.44385      4.65628
ANIM15          -0.12833      0.13703      0.37017      4.82703
----- VirtualBlup@ -----

```

Figura 41. Archivo Genetico.txt.

5.8.1.1.- ¿Cómo se interpreta el valor genético directo?

El valor genético **Directo** ($VG_{directo}$) expresa la diferencia de producción entre un animal y el promedio productivo de los individuos de la **población base**. De esta forma, si tomamos el valor genético directo del individuo ANIM01 ($VG_{directo}$: 0.36778), indica que tiene un peso al destete 0.36 kg superior al peso promedio de los individuos de la **población base**.

Por el contrario, el individuo ANIM07, con un valor genético de -0.6189, indica que tiene un peso al destete 0.61 kg menos que el promedio de los individuos de la **población base**.

Al margen de la interpretación del valor genético, estos toman sentido práctico cuando se comparan entre sí a fin de tomar decisiones de selección de los animales.

5.8.2.- Valor genético materno

Los valores genéticos maternos se encuentran en el archivo "Materno.txt" (Figura 42).

```

----- VirtualBlup@ -----
                SOLUCIONES PARA EL EFECTO GENÉTICO MATERNO
USUARIO          : VBUSUAR551
FECHA            : 14:13:31

VGM : Valor Genético Materno
r2  : Fiabilidad
r   : Precisión
SEP : Error estándar de la predicción
|
ANIMAL          VGM          r2          r          SEP
ANIM02          0.27414      0.04992      0.22344      3.92316
ANIM03          -0.49240      0.04128      0.20317      3.94097
ANIM01          -0.11035      0.00648      0.08050      4.01186
ANIM04          0.33211      0.02896      0.17016      3.96622
ANIM06          -0.58462      0.05296      0.23014      3.91689
ANIM07          0.20567      0.04983      0.22323      3.92336
ANIM08          -0.28695      0.04373      0.20911      3.93594
ANIM09          -0.23248      0.01638      0.12799      3.99182
ANIM05          -0.14428      0.01306      0.11430      3.99855
ANIM10          0.05272      0.01064      0.10314      4.00346
ANIM11          -0.46398      0.02671      0.16342      3.97081
ANIM12          0.15841      0.02137      0.14617      3.98169
ANIM13          -0.06609      0.00833      0.09129      4.00812
ANIM14          -0.64884      0.05396      0.23229      3.91483
ANIM15          0.04849      0.02422      0.15562      3.97589
----- VirtualBlup@ -----
    
```

Figura 42. Archivo Materno.txt.

5.8.2.1.- ¿Cómo se interpreta el valor genético materno?

El valor genético **Materno** ($VG_{materno}$) expresa las diferencias genéticas en el potencial para "producir leche" entre un individuo y el promedio de los individuos de la **población base**. De esta forma si nos fijamos en el valor genético materno del individuo ANIM01 ($VG_{materno}$: -0.11035), que es un macho, nos indica que las hijas de ese toro tendrán una producción de leche 0.11 Kg inferior al promedio de los individuos de la **población base**.

El valor genético materno toma sentido práctico cuando se compara con el de otro animal y más todavía cuando se combina con el valor genético directo lo que se explica en el siguiente apartado.

5.9.- UTILIZACIÓN DE LOS VALORES GENÉTICOS

El modelo con efectos maternos tiene la ventaja de suministrar valores genéticos tanto para el peso al destete como para el efecto genético materno, representado por la producción de leche que las hembras suministran a sus crías durante la crianza. La obtención de estos dos valores genéticos es posible gracias a que este modelo considera la correlación genética entre estos. Esta correlación es generalmente negativa por lo que en un hipotético caso de selección basada solamente en el valor genético **Directo** supondría un incremento en el peso al destete pero una disminución en la producción de leche en las hembras.

Desde el punto de vista genético, altos pesos al destete se consiguen teniendo crías que tengan un elevado potencial de crecimiento en el periodo de crianza y a su vez que sus madres que sean buenas productoras de leche para que ese potencial sea expresado.

Para lograr el objetivo anterior es posible utilizar un índice que combina ambos valores genéticos como se muestra a continuación.

$$I_{DM} = (0.5 \times VG_{directo}) + VG_{materno}$$



El nuevo índice es un valor que representa el potencial genético para crecimiento y leche, de tal forma que si basásemos la selección en este no se perjudicaría el progreso de uno en desmedro del otro.

La **Tabla 11** muestra el ranking de los individuos de acuerdo al índice combinado (directo-materno). El animal ANIM05 fue el mejor valorado. Es un macho que aún no ha sido padre por lo que podría ser candidato a reemplazar al toro ANIM08 que quedó último en el ranking. De igual forma se pueden tomar decisiones de selección con el resto de animales comparando los valores obtenidos y, sobre todo, **su posición en el ranking**. Observe que un individuo con un índice negativo no significa que sea malo y menos si está mejor posicionado en el ranking respecto a otro. Tal es el caso de las hembras ANIM12 y ANIM14. Ambas aún no han sido madres y si tuviésemos que decidir cuál dejar como reemplazo, evidentemente que ANIM14 es mejor opción que ANIM12.

Tabla 11. Valores genéticos directos, maternos e índice combinado (directo-materno)

ID Individuo	VG Directo	VG Materno	I _{DM}
ANIM05	0.94616	-0.14428	+ 0.3288
ANIM02	0.01668	0.27414	+ 0.2824
ANIM04	-0.40687	0.33211	+ 0.1286
ANIM01	0.36778	-0.11035	+ 0.0735
ANIM13	0.19393	-0.06609	+ 0.0308
ANIM15	-0.12833	0.04849	- 0.01567
ANIM11	0.76989	-0.46398	- 0.07903
ANIM07	-0.61893	0.20567	- 0.10379
ANIM10	-0.52051	0.05272	- 0.20753
ANIM09	-0.20825	-0.23248	- 0.33660
ANIM14	0.36961	-0.64884	- 0.46403
ANIM03	0.02129	-0.4924	- 0.48175
ANIM12	-1.30033	0.15841	- 0.49175
ANIM06	-0.01761	-0.58462	- 0.59342
ANIM08	-0.83668	-0.28695	- 0.70529

5.10.- EFECTO DEL AMBIENTE PERMANENTE MATERNO

Las predicciones del ambiente permanente materno (**AP_{materno}**) se encuentran en el archivo “Permanente.txt” (**Figura 43**) y también, por ser una predicción, vienen acompañadas de indicadores de precisión.

```

----- VirtualBlup@ -----
                SOLUCIONES PARA EL EFECTO AMBIENTAL PERMANENTE MATERNO
USUARIO          : VBUSUAR551
FECHA            : 14:13:31

APM : Ambiente Permanente Materno
r2  : Fiabilidad
r   : Precisión
SEP : Error estándar de la predicción

ANIMAL          APM          r2          r          SEP
ANIM02          0.45021     0.12609   0.35510   2.66057
ANIM06          -0.69623     0.12053   0.34717   2.66903
ANIM07          0.24699     0.06213   0.24926   2.75622
----- VirtualBlup@ -----
    
```

Figura 43. Archivo Permanente.txt.

Estos valores son de tipo ambiental y representan la parte del efecto materno que es común a todos los hijos de una misma madre. Al ser un valor de tipo no genético no debería intervenir en una decisión de selección. Sin embargo la suma del **VG_{directo} + VG_{materno} + AP_{materno}** es una medida de la capacidad productiva de una vaca y puede constituir un elemento importante a considerar al momento de elegir las vacas de desecho.

Mérito económico

Los valores genéticos estimados son la base para hacer selección animal. Hasta ahora hemos ejemplificado la selección considerando solamente un carácter pero en la mayor parte de los casos interesa seleccionar considerando varios de ellos. Existen varias formas para hacerlo y, aunque no es el objetivo de este documento profundizar en ellas, sí queremos destacar la que quizá sea una de las más utilizadas y que consiste en construir un **índice de mérito económico (H)**. Este índice combina los valores genéticos de varios caracteres ponderados por su **valor económico (Ve)**. Este último representa el beneficio económico adicional que se produce al aumentar en una unidad el carácter correspondiente. De esta forma si el **Ve** de un carácter es positivo, se reforzará el peso de éste en el índice y, por el contrario, si el **Ve** es negativo (al aumentar el carácter disminuye el beneficio económico) disminuirá su peso. En consecuencia se obtendrá un valor económico para cada animal que puede ser utilizado para tomar las decisiones de selección. El índice se expresa de la siguiente manera:


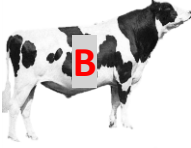
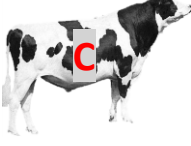
$$H = (VGE_1 \times Ve_1) + (VGE_2 \times Ve_2) + (VGE_3 \times Ve_3) + \dots (VGE_n \times Ve_n)$$

Dónde:

VGE₁ = Valor genético estimado del carácter 1
VGE₂ = Valor genético estimado del carácter 2
VGE₃ = Valor genético estimado del carácter 3
VGE_n = Valor genético estimado del carácter *n*

Ve₁ = Valor económico del carácter 1
Ve₂ = Valor económico del carácter 2
Ve₃ = Valor económico del carácter 3
Ve_n = Valor económico del carácter *n*

El nuevo índice permite comparar en términos económicos el uso de los reproductores. Para ilustrarlo de mejor forma, a continuación se muestra un ejemplo en el que se calcula el mérito económico de tres toros considerando tres caracteres: Kg de leche, Kg de grasa y Kg de proteína.

	Kg de Leche	Kg de Grasa	Kg de Proteína
	VGE_{leche} +710	VGE_{grasa} +18	VGE_{proteína} +31
	VGE_{leche} +1070	VGE_{grasa} +25	VGE_{proteína} +27
	VGE_{leche} +955	VGE_{grasa} +50	VGE_{proteína} +39
Valor económico (Ve)	-0.10 US\$/kg	+2.00 US\$/kg	+8.00 US\$/kg

El mérito económico de cada individuo será:

Toro A

$$H = (710 \text{ kg} \times -0.10 \text{ US\$/kg}) + (18 \times 2.00 \text{ US\$/kg}) + (31 \text{ kg} \times 8.00 \text{ US\$/kg}) = 213 \text{ US\$}$$

Toro B

$$H = (1050 \text{ kg} \times -0.10 \text{ US\$/kg}) + (25 \text{ kg} \times 2.00 \text{ US\$/kg}) + (27 \text{ kg} \times 8.00 \text{ US\$/kg}) = 161 \text{ US\$}$$

Toro C

$$H = (955 \text{ kg} \times -0.10 \text{ US\$/kg}) + (50 \text{ kg} \times 2.00 \text{ US\$/kg}) + (39 \text{ kg} \times 8.00 \text{ US\$/kg}) = 316 \text{ US\$}$$

De esta forma el toro cuyas hijas se espera generen un mayor beneficio económico es el toro **C**.

Aunque todos los valores genéticos de este ejemplo están expresados en las mismas unidades, si no lo estuvieran, el mérito económico igualmente se expresará en las unidades económicas utilizadas para calcular el **Ve**.

Respecto de la utilización de un índice de mérito económico podemos señalar lo siguiente:

- 1) Cada explotación ganadera tiene su propia estructura de costes, sistema de precios, etc., por tanto los valores económicos no son generalizables ni constantes en el tiempo.
- 2) Es necesario racionalizar el criterio de selección y priorizar solamente los caracteres de mayor importancia económica.
- 3) El incremento del beneficio económico es independiente del progreso en cada carácter ya que puede que algunos aumenten y otros disminuyan.

Por último, el método y los **criterios de selección** a utilizar para tomar las decisiones de selección dependerán del objetivo planteado en cada ganadería, programa de mejoramiento o situación particular. Por ejemplo, para una explotación ganadera que se dedique a vender genética, es decir, reproductores que sean superiores en unas pocas características, probablemente no sea útil utilizar un índice de mérito económico pero si establecer niveles independientes de aceptación para los valores genéticos de cada característica y quedarse con los animales que cumplan los límites para todas ellas.

Glosario

BLUP	Metodología estadística utilizada para la predicción, lo más exacta y precisa posible, del valor genético aditivo de los animales.
Cambio posible	Posible cambio esperado en el valor genético de un animal en una futura evaluación. También es conocido como error estándar de la predicción y disminuye conforme aumenta el número de información de un animal al ser evaluado.
Carácter	Rasgo o característica medible del ganado. En el contexto del mejoramiento animal el carácter generalmente es un rasgo de interés económico.
Coefficiente de consanguinidad	De in individuo, es la probabilidad de que los dos alelos de un gen sean idénticos por descendencia, es decir, que ambos alelos provengan de un ancestro en común de sus padres. Se designa generalmente por la letra F .
Covariable	En el contexto de la evaluación genética, variable continua relacionada proporcionalmente con el carácter objetivo de evaluación.
Criterio de selección	El carácter o conjunto de caracteres utilizados para conseguir un objetivo de selección propuesto.
Depresión consanguínea.	Disminución de la performance productiva y reproductiva de los animales por aumento de la consanguinidad.
Diferencia Esperada de la Progenie (DEP).	Diferencia en el comportamiento productivo esperado de los futuros hijos de un animal en comparación con el comportamiento productivo de los futuros hijos de otro animal en una misma evaluación genética. Se estiman como la mitad del valor genético y se expresan en las mismas unidades del carácter evaluado (kg, grs, %, mm, días, etcétera).
Efecto directo	Para peso al destete, parte de este carácter que se explica por los genes del propio individuo.
Efecto materno	Para peso al destete, parte de este carácter que se explica por los genes maternos para producción de leche principalmente y que influyen en el crecimiento pre-destete de la cría.
Factor fijo	Circunstancia que ejerce una influencia o es causa importante de la variabilidad de un carácter. En un factor fijo se puede identificar fácilmente las clases o categorías que presenta.
Fiabilidad	Correlación entre el valor genético real de un animal y el valor genético estimado.
Genotipo	En el contexto del mejoramiento animal, el conjunto de información genética que poseen los animales.

Heredabilidad	Proporción de la variabilidad fenotípica que es de origen genético aditivo.
Interacción genotipo-ambiente	Cambio en la respuesta productiva de los individuos (genotipo) a diferentes ambientes. Por ejemplo, es probable que individuos de ambientes cálidos no manifiesten el mismo potencial genético en regiones frías
Modelo animal	Metodología particular de predicción genética en el que se calculan valores genéticos para todos los animales de una población cuenten o no con datos productivos.
Parentesco	Vínculo genético que existente entre dos individuos.
Población base	En el contexto de la evaluación genética, conjunto de individuos de una población que actúan como base de referencia para la estimación de los valores genéticos. Se asume que no están emparentados.
Valor económico	Cambio en el beneficio económico (en uno u otro sentido) producto del incremento en una unidad de un carácter concreto.
Valor genético	Valor que indica el potencial genético de un individuo para un carácter concreto resultante del efecto aditivo de sus genes.
Valor genético estimado (VGE)	Estimación del valor genético real de un animal para un carácter concreto. El VGE es una manera de combinar la información productiva disponible tanto del propio individuo como de sus parientes (ascendientes, colaterales y descendientes). En los catálogos de reproductores generalmente se expresa como Diferencia Esperada de la Progenie .

Literatura consultada

Falconer, D.S. y Mackay, T.F.C. 1996. Genética cuantitativa. Cuarta edición. ACRIBIA, S.A. Zaragoza, España.

Galeano, A. P. y Manrique, C. 2010. Estimación de parámetros genéticos para características productivas y reproductivas en los sistemas doble propósito del trópico bajo colombiano. *Rev. Med. Vet. Zoot.* 57:119-131.

Gasque Gómez, R. 2008. Mejoramiento genético en bovinos. p.267-302. EN: Enciclopedia Bovina. Primera edición. Universidad Autónoma de México. México.

Genghini, R., Bonvillani, A., Wittouck, P y Echevarría, A. 2002. Introducción al mejoramiento animal. EN: Cursos de introducción a la producción animal. 2002. FAV UNRC. <http://www.produccion-animal.com.ar>

Isdahl, F. 1987. Selección por eficiencia. p.63-71. EN: Manual del ovejero mesopotámico. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). EEA Mercedes. Corrientes. Argentina.

León, E., Santana, I., Guerra, D. y Diéguez, F.J. 2004. Estimación del valor genético de cerdos CC21 cubanos con metodología modelo animal BLUP. *Revista Computadorizada de Producción Porcina.* 11 (2): 68-76.

López-Ordaz, R., Olivera-Vega, I., Berruecos Villalobos, J.M., Peralta-Lailson, M., Ulloa-Arvizu, R., Vásquez Peláez, C.G. 2012. Parámetros genéticos de pesos al nacer y al destete en ovinos de raza criolla de Chiapas. *Rev. Mex. Cienc. Pecu.* 3(1): 113-123.

Martínez Gamba, R., Salmerón Sosa, F. y López Alcántar, M. 2006. Heredabilidad estimada y comparación de genotipos puros en porcinos de las razas Duroc, Landrace y Yorkshire y en cruces recíprocos de la raza Landrace y Yorkshire, para grasa dorsal y peso a 154 días. *Revista Científica FCV-LUZ.* 16(2): 142 – 148.

Miguel, J.A., Asenjo, B., Ciria, J. y Francesch, A. 2006. Parámetros genéticos y respuesta a la selección en una población de gallinas de raza castellana negra. *Arch. Zootec.* 55 (209): 85-92.

Montes-V, D., Barragán-H, W., y Vergara-G, O. 2009. Parámetros genéticos de características productivas y reproductivas para ganado tipo carne en Colombia. *Rev. Colombiana Cienc. Anim.* 1(2): 302-318.

Mueller, J. 2003. Curso de capacitación en mejoramiento genético de ovinos. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), EEA Bariloche. Argentina.

Ríos Utrera, Á. 2008. Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento predestete de bovinos. Revisión. *Téc Pecu Méx.* 46(1): 37-67.

Ríos Utrera, Á., Calderón Robles, R., Rosete Fernández, J. y Lagunes Lagunes, J. 2010. Estimación de parámetros genéticos para características de fertilidad en ganado Suizo Pardo bajo condiciones subtropicales en México. *Vet. Méx.* 41(2):117-129.

Zambrano, J.C.; Rincón, J.C. y Echeverrú, J.J. 2014. Parámetros genéticos para caracteres productivos y reproductivos en Holstein y Jersey colombiano. *Arch. zootec.* 63 (243): 495-506.

www.virtualblup.cl

virtualblup@gmail.com

Súmate a nuestra comunidad

