

Mejoramiento **GENÉTICO** en animales domésticos





Mejoramiento genético en animales domésticos

Autor: Jorge Luis Vilela Velarde

© Derechos de autor registrados:
Empresa Editora Macro E.I.R.L.

© Derechos de edición, arte gráfico y diagramación reservados
Empresa Editora Macro E.I.R.L.

Dirección General:

Isabel Ramos Ttito

Revisión de contenido:

Jenny Luis Mellado

Corrector de estilo:

Jorge Giraldo Sánchez

Coordinador de Arte y diseño:

Alejandro Marcas León

Diagramación:




Alberto Rivas Carhuatanta

Ilustración:

Miguel Almeida Rojas

Edición a cargo de:

© Empresa Editora Macro E.I.R.L.
Av. Paseo de la República N° 5613, Miraflores, Lima, Perú

-  Teléfono: (511) 748-0560
-  E-mail: proyectoeditorial@editorialmacro.com
-  Página web: www.editorialmacro.com

Primera edición: mayo de 2014
Tiraje: 1,000 ejemplares

Impresión:

Talleres Gráficos de Empresa Editora Macro E.I.R.L.
Jr. San Agustín N° 612-624, Surquillo
Lima, Perú

ISBN N° 978-612-304-205-9
Hecho el depósito legal en la Biblioteca Nacional del Perú N° 2014-06516

Prohibida la reproducción parcial o total, por cualquier medio o método, de este libro sin
previa autorización de Empresa Editora Macro E.I.R.L.



Jorge Luis Vilela Velarde

Jorge Luis Vilela Velarde es ingeniero zootecnista colegiado, egresado de la Universidad Nacional Agraria, Lima, Perú. Ex docente de la Facultad de Zootecnia de la UNALM y docente de la Universidad Científica del Sur y la Universidad Peruana Cayetano Heredia en la facultades de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Realizó estudios de posgrado en la Universidad Nacional Mayor de San Marcos en la especialidad de Ciencia Animal, con mención en Producción y Reproducción Animal. Es investigador y profesor en Mejoramiento Genético, Producción y Sanidad en Camélidos Sudamericanos y Rumiantes Menores. Ponente nacional e internacional y miembro de la Asociación Latinoamericana de Especialistas en Pequeños Rumiantes y Camélidos Sudamericanos.

- ❖ **Capítulo 1: Principios básicos de estadística 11**
 - 1.1. La media 14
 - 1.2. Varianza y desviación estándar 15
 - 1.3. Covarianza 17
 - 1.4. Correlación 18
 - 1.5. Regresión 20

- ❖ **Capítulo 2: Registros productivos y genealógicos 25**
 - 2.1. Importancia de los registros productivos 26
 - 2.2. Ajuste de registros productivos 28
 - 2.3. Registros genealógicos 33

- ❖ **Capítulo 3: Introducción a la genética de poblaciones 37**
 - 3.1. Frecuencias fenotípicas, genotípicas y alélicas 40
 - 3.1.1. Frecuencia fenotípica 40
 - 3.1.2. Frecuencia genotípica 40
 - 3.1.3. Frecuencia alélica 40

- ❖ **Capítulo 4: Varianza genética 47**
 - 4.1. Varianza genotípica 47
 - 4.1.1. Varianza aditiva 48
 - 4.1.2. Varianza de dominancia 48
 - 4.1.3. Varianza epistática 49
 - 4.2. Varianza Ambiental 50
 - 4.3. Correlación genotipo – ambiente 51
 - 4.4. Interacción genotipo – ambiente 51

- ❖ **Capítulo 5: Parámetros Genéticos 55**
 - 5.1. Heredabilidad 55



5.2. Repetibilidad.....	60
5.3. Correlaciones Genéticas.....	62
5.3.1. Correlación fenotípica	62
5.3.2. Correlación genética	63
5.3.3. Correlación ambiental.....	63
5.4. Cálculo para hallar correlaciones	64
❖ Capítulo 6: Selección.....	65
6.1. Selección por un carácter.....	66
6.2. Selección por dos o más caracteres.....	69
6.2.1. Selección en tándem.....	69
6.2.2. Selección por niveles independientes de rechazo	71
6.2.3. Índices de selección	71
❖ Capítulo 7: Progreso genético.....	73
7.1. Intensidad de selección.....	73
7.2. Intervalo generacional	76
7.3. Aumento del progreso genético anual.....	77
❖ Capítulo 8: Consanguinidad.....	79
8.1. Coeficiente de consanguinidad	79
8.1.1. Método de Sewell Wright o método de flechas.....	79
8.1.2. Método tabular o de covarianzas	81
8.2. Coeficiente de parentesco.....	84
8.3. Depresión consanguínea	84
❖ Capítulo 9: Cruzamiento.....	89
9.1. Heterosis.....	92
9.2. Tipos de heterosis.....	92
9.2.1. Heterosis individual.....	92
9.2.2. Heterosis maternal.....	93
9.2.3. Heterosis paternal.....	93



9.3. Utilidad del cruzamiento	93
9.3.1. Paso previo para la creación de razas sintéticas.....	93
9.3.2. Complementariedad de las razas.....	98
9.3.3. Obtención de nuevas razas	99
9.3.4. Introducción de variabilidad genética en razas de poblaciones pequeñas	100
9.3.5. Introducción de un gen favorable de una raza (introgresión)	100
❖ Capítulo 10: Biotecnología aplicada al mejoramiento genético	101
10.1. Inseminación artificial	101
10.2. Transferencia embrionaria	102
10.3. Sexaje	103
10.4. Fertilización in vitro	104
10.5. Transgénesis	105
10.6. Selección por marcadores moleculares	106
❖ Capítulo 11: Mejoramiento genético en vacuno lechero	109
11.1. Razas lecheras	111
11.2. Prueba de progenie	117
11.3. Registro de caracteres productivos	120
11.3.1 Producción de leche	121
11.3.2 Caracteres de tipo.....	122
11.3.3. Caracteres de reproducción y salud	124
11.3.4. Índices de mérito económico	125
11.4. Fuentes de mejoramiento genético	128
11.5. Ventajas y desventajas de la prueba de progenie	129
11.6. Toros nacionales	130
Glosario.....	145
BIBLIOGRAFÍA	149
SUMARIO	151



INTRODUCCIÓN

Durante muchos años, el mejoramiento genético se ha desarrollado para incrementar la productividad animal mediante el uso de la variación genética. Esto permite que se alcancen objetivos productivos y se mantengan a largo plazo. Es por ello que el principio del mejoramiento genético se concentra en el cambio genético de una población, orientado hacia una dirección deseada y buscando objetivos específicos, que pueden ser tanto el incremento de la productividad para lograr mayor rentabilidad, el optimizar las características que permitan una mejor calidad de vida de los animales, o lograr la conservación de la biodiversidad.

Sin embargo, dicho proceso no resulta fácil, ya que la mayoría de caracteres de interés económico, como la producción de leche o el peso del huevo, son variables cuantitativas basadas en la gran cantidad de genes que determinan su manifestación. Incluso, se deben tomar en cuenta los factores ambientales que influyen sobre la manifestación de dichos caracteres.

Para ello, es necesario conocer los conceptos y herramientas que se han logrado reunir a través de muchos años de investigación, las mismas que permitirán conjugar y complementar los conocimientos de la genética con la bioestadística, persiguiendo el correcto desarrollo de programas de mejoramiento genético. Así, se obtendrán mayores ingresos económicos en función a la producción animal.

Este libro está dirigido tanto a estudiantes de Zootecnia, Medicina Veterinaria, Biología y carreras afines, como a criadores, productores, profesionales y público en general. Su objetivo es proporcionar conocimientos básicos del mejoramiento genético, que permitan entender y aplicar de manera correcta un sistema de manejo productivo animal para lograr un objetivo específico. Por ello, esta obra se organiza de la siguiente manera:

Capítulo 1. Principios básicos de estadística. Se explica la importancia del uso de la estadística en la descripción del rendimiento de un animal.

Capítulo 2. Registros productivos y genealógicos. Aquí se presenta la importancia de llevar registros para el procesamiento de la información, ya que esta será la base del uso de un programa de mejoramiento genético.



- ❖ **Capítulo 3.** Introducción a la genética de poblaciones. En este capítulo se presenta una forma bastante sencilla de caracterizar a una población en base a sus frecuencias genéticas; de esta manera podemos sentar un punto de inicio para la mejora genética.
- ❖ **Capítulo 4.** Varianza genética. Dedicado a los caracteres cuantitativos, sus principales propiedades y la construcción del modelo básico animal con mayor o menor sofisticación.
- ❖ **Capítulo 5.** Parámetros genéticos. Considera los parámetros que describen genéticamente a una población. Se estimarán los valores de heredabilidad, repetibilidad, correlaciones genéticas y su interpretación.
- ❖ **Capítulo 6.** Selección. Aquí se establece el aspecto más importante del mejoramiento genético: la selección de los mejores individuos. Esto se consigue mediante diversos métodos, cuyo empleo se decide en función de las características de la población.
- ❖ **Capítulo 7.** Progreso genético. Explica el efecto que se logra con el proceso de selección. Al mismo tiempo, permitirá determinar si el programa de mejoramiento genético cumple con los objetivos antes definidos.
- ❖ **Capítulo 8.** Consanguinidad. En este capítulo se presentan los métodos de estimación de coeficientes de consanguinidad en base a información genealógica de la población.
- ❖ **Capítulo 9.** Cruzamiento. Su finalidad es explicar los diversos métodos de cruzamiento y sus utilidades para utilizar el vigor híbrido del cruce de individuos de diferentes razas.
- ❖ **Capítulo 10.** Biotecnología aplicada al mejoramiento genético. Aquí se explica el uso de las herramientas de biotecnología, como la inseminación artificial o la transgénesis, y su aporte en el incremento del progreso genético de una población.
- ❖ **Capítulo 11.** Mejoramiento genético en vacuno lechero. En este capítulo se hablará de la importancia de la inseminación artificial en estos animales, la información de sus valores genéticos, y los aspectos más importantes a tomar en cuenta para su mejoramiento.

Existe mucha información disponible para usted en caso desee indagar más sobre algún tema relacionado con el presente texto; por tanto, se le invita a revisar los libros o artículos mencionados en las citas a lo largo de la presente publicación. Las respectivas referencias son listadas en las fuentes bibliográficas al final de la misma.

Principios básicos de estadística

Antes de explicar el concepto de mejoramiento genético es importante tomar en cuenta algunos planteamientos básicos relacionados con la estadística, de manera se logre un mejor entendimiento del tema a tratar.

La estadística es de suma importancia cuando se quiere describir el rendimiento de un animal. La medición de este rendimiento, por ejemplo los kilogramos de leche en campaña, las libras de vellón esquilado o el peso en gramos de los huevos, necesita ser precisa, consistente y confiable, con un rango mínimo de error. Si el proceso de medición no proporciona resultados consistentes, entonces estas no son realmente útiles. Por otro lado, los instrumentos de medición mal calibrados, o los técnicos y operarios entrenados de forma poco adecuada, probablemente obtendrán medidas erróneas; además, si la medición del rendimiento de un animal no es registrada de manera adecuada, ningún trabajo de manipulación estadística hará que la base de datos obtenida sea útil.

Ya que realizar la medición de una población entera y obtener una descripción estadística precisa es una cuestión demasiado problemática, se sugiere tomar muestras de la población base para obtener estadísticos que estimen los parámetros de la población en estudio, y de esa manera realizar las pruebas estadísticas en función a las hipótesis planteadas, buscando una mejor interpretación de los resultados a partir de inferencias estadísticas.

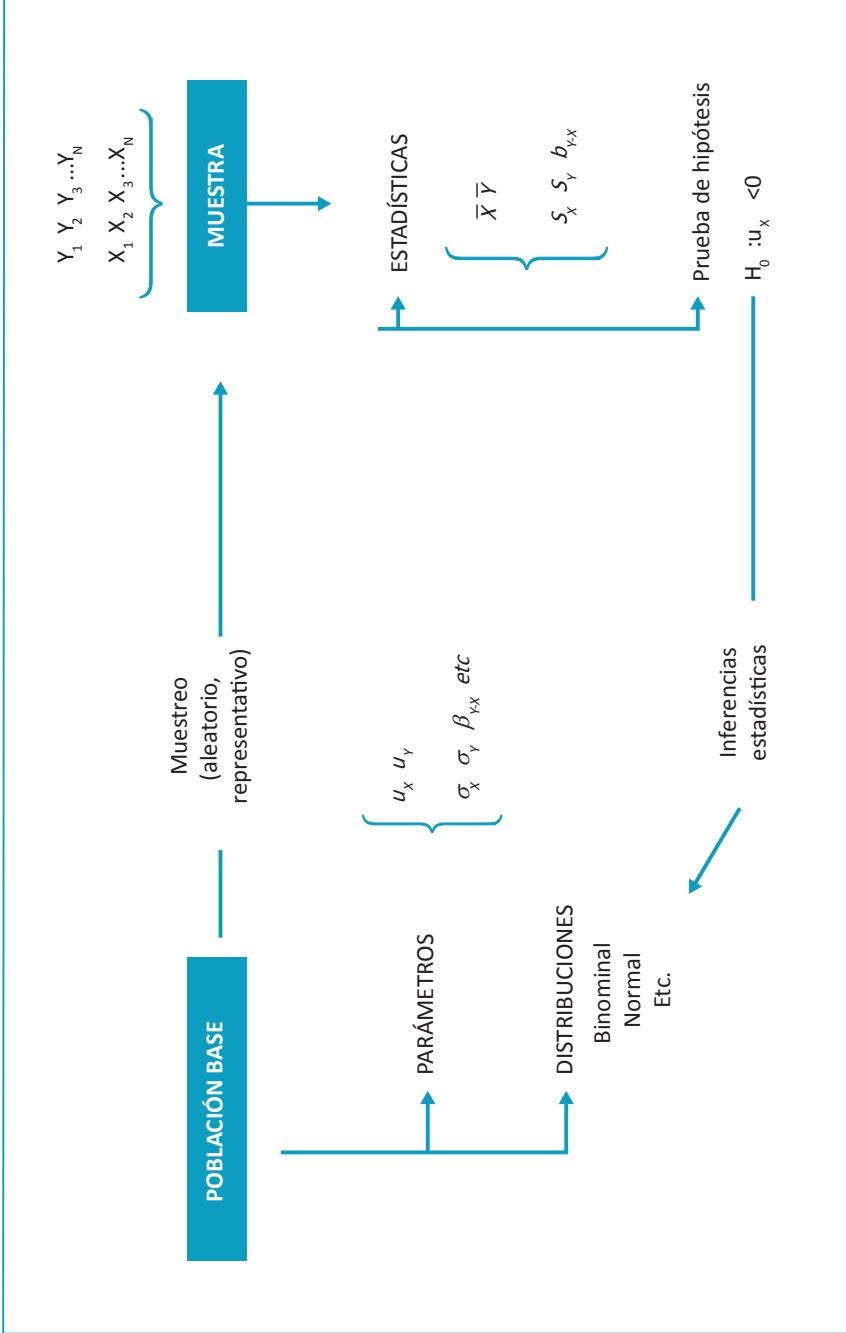
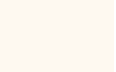


Figura 1.1 Esquema del uso de la estadística. La población base es la fuente de muestras que permiten obtener estadísticos y realizar la inferencia estadística de la población en estudio. (Adaptado de: Cardellino y Rovira, 1987: 241)





Los caracteres de rendimiento animal más importantes económicamente tienen variación continua. Esta se caracteriza por tener un número infinito de posibles valores de rendimiento; por ejemplo, una vaca tiene la oportunidad de producir 12.00 kg de leche al día, o 12.50, o 12.75 kg y así tantos valores como sean posibles.

La variación discreta, en cambio, se caracteriza por tener muy pocos posibles valores de rendimiento; por ejemplo, el número de crías que puede tener una vaca es 0 o 1 cría, sin tomar en cuenta los casos de partos gemelares. Este es un ejemplo de variable con distribución binomial; es decir, solo hay dos acontecimientos posibles. Las distribuciones de los valores de rendimiento para los caracteres con variación continua, usualmente se aproximan a la forma de la distribución normal (figura 1.2), ya que es una curva en forma de campana con la mayoría de las observaciones cerca de la media o el promedio de una población.

Existen ciertos valores, llamados estadísticos, que son particularmente útiles al momento de identificar y resumir los caracteres que tienen variación continua con una distribución normal. Estos son conocidos como la media (o promedio), la varianza, la desviación estándar, la covarianza, la correlación y la regresión.

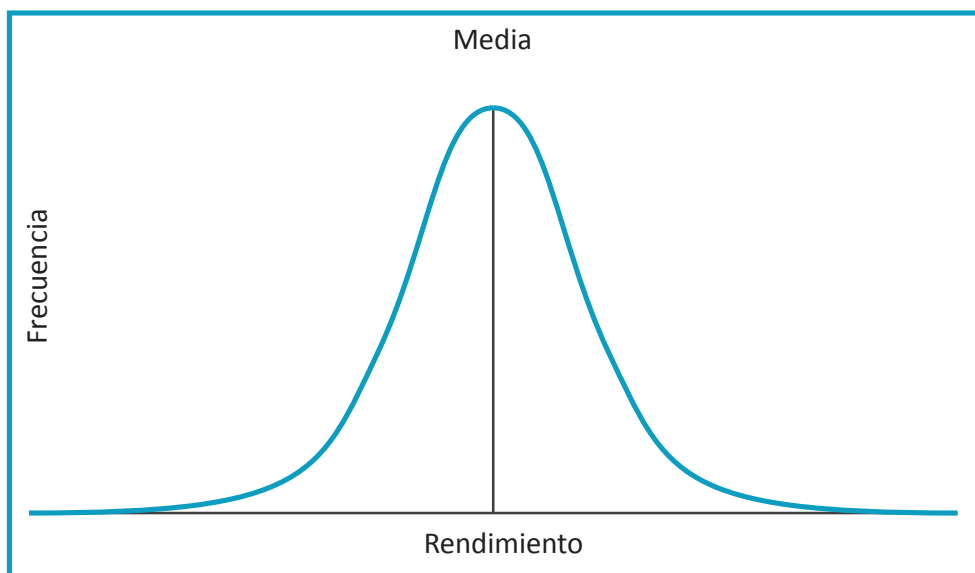


Figura 1.2 Gráfica de una distribución normal



1.1. LA MEDIA

Es uno de los estadísticos más simples y útiles para describir las distribuciones normales. La media de la muestra es un estimado del valor promedio para una población; identifica dónde se encuentra el centro de la distribución normal y donde se espera que estén localizados la mayoría de los valores del rendimiento. La media de la muestra (\bar{X}) es calculada tomando el promedio aritmético de la muestra de observaciones.

Fórmula 1:

$$\bar{X} = \frac{X_1 + X_2 + \dots + X_n}{n} = \frac{\sum_{i=1}^n X_i}{n}$$

Donde:

X_i = La i -ésima observación de la variable X

$\sum_{i=1}^n$ = Es la notación estadística de la suma de todas las observaciones, desde la primera ($i = 1$) hasta la última ($i = n$). En otras palabras, desea sumar todos los valores de la variable X .

La media de la muestra (\bar{X}) es un estimado de la media de la población designada por la letra griega mu (μ). La muestra con la que se calcula la media es en realidad un subconjunto de una población más grande. Una buena muestra se espera que produzca un estimado cercano a la verdadera media de la población. Si una muestra de datos es pequeña o incluye errores de medición, la media de la muestra puede no ser un estimado cercano a la media de la población (μ); por tanto, la media de la muestra es solo un estimado de la media de la población. Si se obtienen dos conjuntos de muestras de la misma población, es probable que estas sean diferentes.

La media tiene las mismas unidades de medición del carácter de rendimiento que se está evaluando. Si el peso es medido en kilogramos, entonces la media de peso también se expresará en kilogramos; aunque las medias para medición de rendimiento son típicamente positivas, pueden tener valores positivos o negativos.

1.2. VARIANZA Y DESVIACIÓN ESTÁNDAR

Mientras que la media localiza el centro de una distribución normal, la varianza y la desviación estándar miden la amplitud o dispersión alrededor de la media. La desviación estándar es más fácil de entender que la varianza, debido a que sus unidades son las mismas que la de los datos que se están midiendo; es decir, si el peso se está midiendo en kilogramos, la desviación estándar debe ser medida de la misma forma. Las unidades de varianza son las unidades originales al cuadrado (kilogramos cuadrados).

La desviación estándar puede ser usada para predecir la probabilidad de que las observaciones difieran por una cierta cantidad de la media en una distribución normal. Como se puede observar en la figura 1.3, las barras verticales indican las distancias que son múltiplos de la desviación estándar alejadas de la media. Se espera que el 68 % de los valores estén dentro de una desviación estándar de la media, el 95 % de las observaciones estén dentro de dos desviaciones estándar de la media y el 99.75 % de las observaciones estén dentro de las tres desviaciones estándar de la media. Sabiendo que la distribución normal es simétrica alrededor de la media, es posible esperar que el 50 % de las observaciones estén por encima de la media y el 50 % restante estén por debajo. De este modo, es bastante fácil notar que el rango de valores en una distribución normal, desde el valor más pequeño al más grande, debería estar alrededor de 6 unidades de desviaciones estándar. Ya que a menudo el rango es conocido y la desviación estándar no, esta última puede ser estimada simplemente dividiendo el rango entre 6.

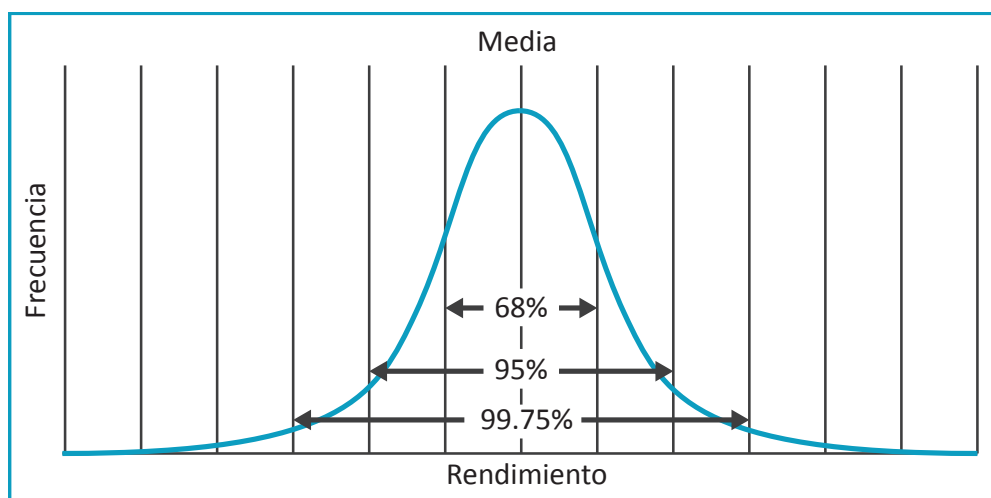


Figura 1.3 Curva de distribución normal con probabilidades de que las observaciones difieran de la media por uno, dos o tres desviaciones estándar. (Adaptado de Spike, 2009: SR-4)



La varianza de la muestra de X , S_x^2 , puede ser definida como la desviación cuadrada promedio de cada observación con la media. La desviación estándar muestral puede ser calculada usando la fórmula 3.

Quizá se pregunte por qué dividir por $(n-1)$ en lugar de n . Esto se hace para obtener un estimado insesgado de la varianza de la población, debido a que ya se ha estimado la media de la muestra.

Fórmula 2:

$$S_x^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})^2}{n-1}$$

La desviación estándar muestral de X , S_x , es calculada como la raíz cuadrada de la varianza muestral.

Fórmula 3:

$$S_x = \sqrt{S_x^2}$$

La varianza muestral de X , S_x^2 , estima la varianza poblacional, σ_x^2 . Se utiliza la letra griega sigma (σ) para designar la varianza poblacional. La desviación estándar de la muestra, S_x , estima la desviación estándar poblacional, σ_x .

Si las unidades de X son expresadas en kilogramos, entonces las unidades para la varianza serán expresadas en kilogramos cuadrados. La desviación estándar tiene las mismas unidades que X ; es decir, se expresa en kilogramos. Por esta razón, la desviación estándar es más fácil de interpretar que la varianza. Fijándose en la fórmula puede notar que la varianza muestral debe ser positiva.

El numerador es siempre positivo debido a que es un número al cuadrado, mientras que el denominador es siempre positivo ya que el número de observaciones n debe ser mayor que 1; por lo tanto, la varianza muestral puede ser cualquier número mayor a cero. La desviación estándar muestral es la raíz cuadrada de la varianza y debe ser siempre positiva.

Con respecto a las mediciones que se toman de una población animal, se espera que las medias de las muestras sean menos variables que las simples mediciones; es decir, las medias tienden a acumularse más cerca de un valor central que las mediciones simples. Si se toman dos series de medias, cada una basada en diferente número de observaciones o mediciones, por ejemplo 10 y 20, se espera que la variación entre medias de muestras pequeñas sea mayor que la variación entre muestras grandes.

Existe una relación conocida entre la varianza entre individuos y la varianza entre media de individuos. Esta se conoce como varianza muestral de medias (Steel y Torrie, 1988: 24).

Fórmula 4:

$$S_x^2 = \frac{S_x^2}{n}$$

La desviación estándar de una media se suele llamar error estándar; es decir, el término desviación estándar se aplica a las observaciones o mediciones y el error estándar se aplica a las medias. El error estándar puede obtenerse simplemente como la raíz cuadrada de la varianza muestral de medias.

Fórmula 5:

$$S_x = \sqrt{S_x^2}$$

1.3. COVARIANZA

La covarianza mide el cambio relativo que existe entre dos variables que son típicamente dos caracteres en el mismo animal. Una covarianza positiva significa que ambos caracteres tienden a estar por encima de la media, al mismo nivel que la media o por debajo de la media para el mismo animal. Por ejemplo, una covarianza positiva es la que se espera entre altura y peso, ya que los animales más altos tendrán también mayor peso vivo, y viceversa. La covarianza con valor negativo indica que cuando un carácter es mayor, el otro tiende a ser menor, y viceversa. Así, una covarianza negativa es la que se espera encontrar entre tasa de ganancia de peso y eficiencia alimenticia, lo que significa que animales que crecen más rápido requieren menos cantidades de alimento por kilogramo de peso ganado (Spike, 2009: SR-6).

El cálculo de la covarianza se realiza colocando los datos en pares (X e Y), como en el ejemplo de altura y peso. La covarianza muestral puede ser definida como el promedio de la multiplicación de las desviaciones, de los pares de caracteres y de la media de cada animal. Como se ha podido notar, es muy parecida a la varianza y se obtiene mediante la siguiente fórmula:

Fórmula 6:

$$S_{xy} = \frac{\sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y})}{(n-1)}$$

En este caso, los promedios para los caracteres X e Y se simbolizan de la siguiente manera: \bar{X} e \bar{Y} . La covarianza muestral, S_{xy} , sirve también para estimar la covarianza poblacional σ_{xy} .



La varianza y covarianza son difíciles de interpretar para una aplicación directa; sin embargo, son útiles para el cálculo de correlaciones y regresiones. Por otro lado, la correlación y la regresión son de gran ayuda para describir la relación biológica y la herencia de muchos caracteres.

1.4. CORRELACIÓN

El coeficiente de correlación no tiene unidades de medida, y es un estadístico mucho más útil que la covarianza para describir un conjunto de datos con dos variables. Las correlaciones toman valores de -1 a +1. Una correlación positiva entre altura y peso tiene la misma interpretación que una covarianza; sin embargo, la magnitud del coeficiente de correlación es una medida directa para saber qué tan fuerte es la asociación entre dos caracteres, lo que viene a decir que, si la correlación es cercana a 1, entonces esta será muy fuerte. Por ejemplo, los animales más altos son casi siempre más pesados que los animales con talla más baja. Si la correlación es cercana a cero, entonces existe una asociación muy débil. Por ejemplo, los animales más altos son a veces más pesados que los animales más pequeños, y los animales más bajos a veces son menos pesados, pero no siempre es así. El coeficiente de correlación cuantifica el grado de asociación entre dos caracteres mediante la covarianza y la estandarización de la misma en función a la variabilidad de los caracteres. La estandarización se logra dividiendo la covarianza entre la desviación estándar de cada carácter, como se muestra en la siguiente fórmula:

Fórmula 7:

$$r_{xy} = \frac{S_{xy}}{S_x \cdot S_y} = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2} \sqrt{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}}$$

Además de esta fórmula, se puede encontrar otra forma de expresarla, tal como se verá en el capítulo sobre parámetros genéticos (Capítulo 5).

También la correlación muestral, r_{xy} , estima la correlación poblacional, ρ_{xy} . La letra griega ρ es usada para simbolizar la correlación poblacional, y los valores de correlación de -1 a +1 representan correlaciones negativas y positivas perfectas, respectivamente. El valor de 0 indica que no hay correlación o asociación entre los caracteres X e Y. Las correlaciones no determinan si existe una relación causa y efecto, pero sí describen si la variación entre los dos caracteres está relacionada.

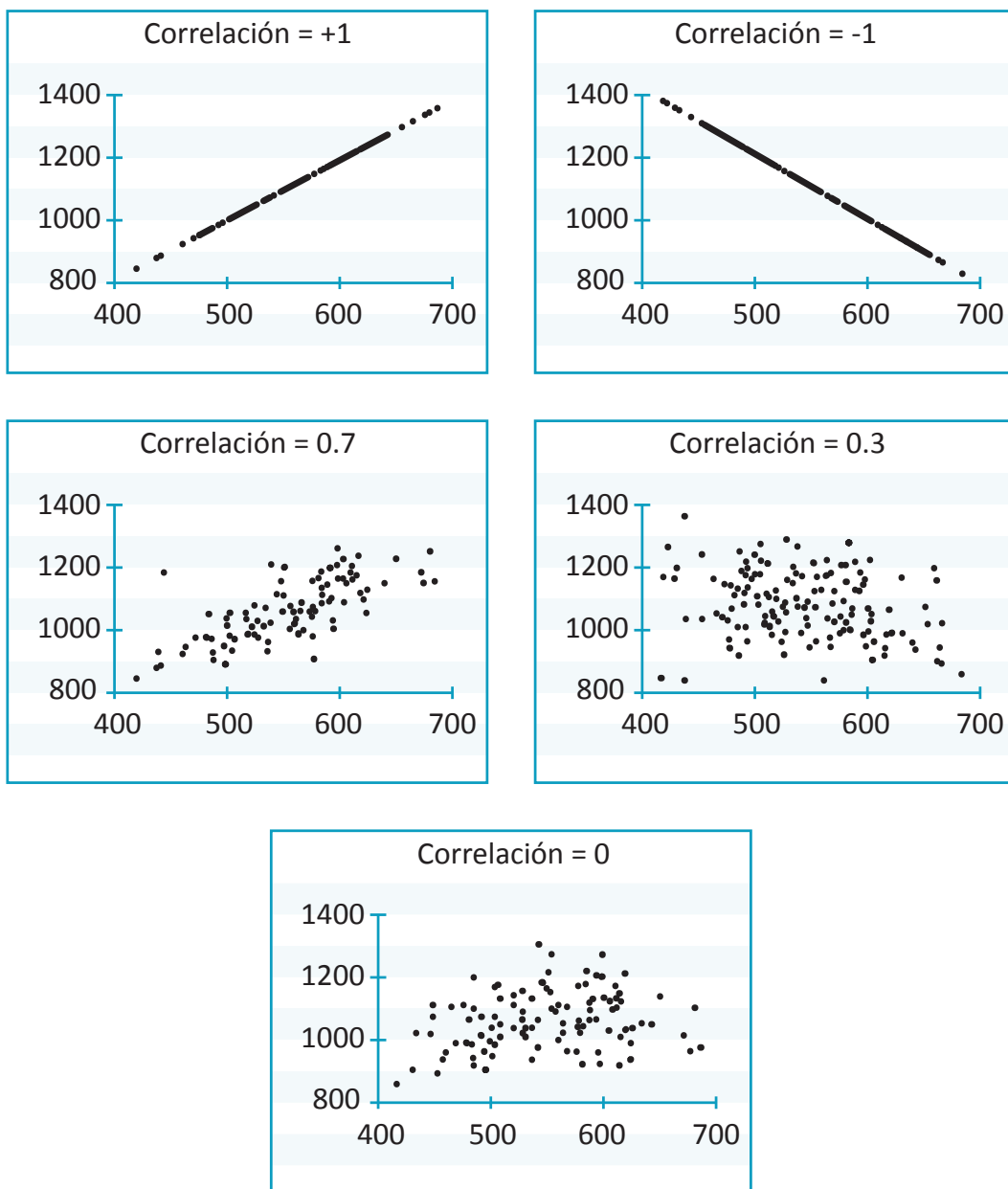


Figura 1.4 Gráficas a diferentes valores de correlaciones. Los valores -1 y +1 denotan una correlación perfecta entre los dos caracteres. La correlación de 0.7 se acerca más a una recta que en el gráfico cuya correlación es de 0.3. La correlación de 0 asume que no hay relación entre los caracteres, por lo que la gráfica se vuelve dispersa sin ninguna relación entre los caracteres (Adaptado de Spike, 2009: SR-8).



1.5. REGRESIÓN

El coeficiente de regresión mide la cantidad de cambio esperado en Y (variable dependiente o resultante), por cada unidad de cambio en la variable observada X (variable independiente o explicativa). En el caso del peso de un ternero y la edad de la madre en vacunos de carne, la edad de la vaca no debería ser dependiente del peso al destete de su cría, así que en este caso no podría intercambiarse X e Y. En otras situaciones, la elección de qué variable es la independiente y cuál la dependiente resulta ser más arbitraria, recayendo esa decisión en el mismo criador. Por otra parte, la regresión muestral, b_{xy} , también estima la regresión poblacional, β_{xy} .

El coeficiente de regresión de Y sobre X (b_{yx}) puede ser hallado mediante la división de la covarianza de X e Y entre la varianza que existe en X. El coeficiente de regresión mide la pendiente de la línea de regresión. Note que los dos coeficientes de regresión no son iguales ($b_{yx} \neq b_{xy}$), pero las correlaciones sí lo son ($r_{xy} = r_{yx}$).

Fórmula 8:

$$b_{yx} = \frac{S_{XY}}{S_X^2} = \frac{\sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y})}{\sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})^2}$$

El coeficiente es más útil para la predicción, ya que predice el incremento esperado en Y por cada unidad de cambio en X. Los valores predichos de Y son representados como \hat{Y} ; por tanto, se pueden predecir los valores de Y de los valores de X con una ecuación de regresión denotada por:

Fórmula 9:

$$\hat{Y}_i = a + b_{yx}(X_i)$$

Donde “a” puede ser obtenida mediante: **Fórmula 10:**

$$a = \hat{Y} - b_{yx}\bar{X}$$

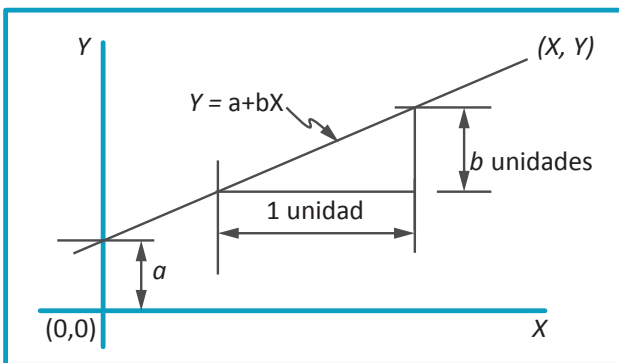


Figura 1.5
Gráfica de una recta

El coeficiente de regresión, b_{YX} , mide la pendiente de la ecuación de regresión, y “a” es el intercepto Y o el valor predicho de Y cuando X es igual a cero.

Dos limitaciones importantes deben recordarse cuando se usa la regresión lineal para la predicción. Primero, la asociación que se asume entre X e Y deberá ser aproximadamente lineal; por ejemplo, si un gorrino tiene una velocidad de crecimiento de 0.5 kg por día en el último mes, es obvio suponer que la tasa de crecimiento se mantendrá constante durante la siguiente semana, pero no es razonable suponer esto en los siguientes meses o años. En este caso, la asunción de que la tasa de crecimiento es lineal durante la vida del animal no es válida. La segunda limitación es que solo se pueden predecir valores de Y dentro del rango de mediciones u observaciones para X e Y.

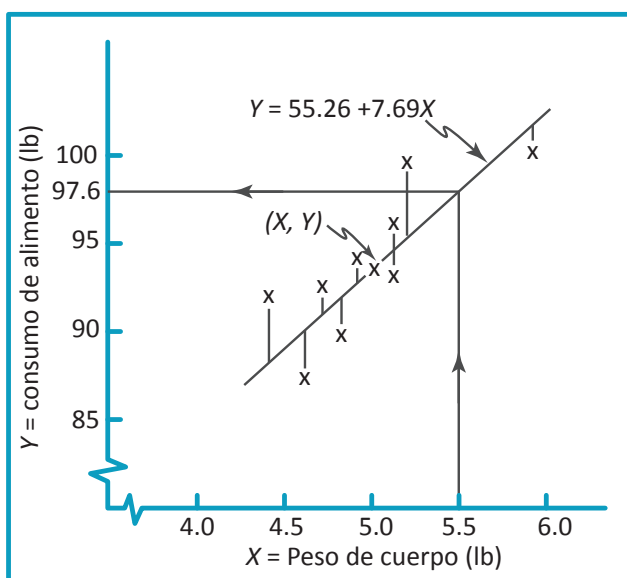
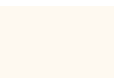


Figura 1.6 Regresión del consumo de alimento Y respecto del peso del cuerpo X para 10 razas de gallinas Leghorn (Promedio para 50 gallinas en cada raza). Note que se puede predecir el consumo de alimento de una gallina de 5.5 libras de peso mediante la ecuación $Y = 55.26 + 7.69(5.5) = 97.56$ libras (Adaptado de Steel y Torrie, 1988: 232).



Resumen de parámetros más comunes, sus definiciones y usos. Note que son obtenidos de la población (denotados por letras griegas) y no de la muestra, pero su cálculo es similar.

PARÁMETRO	FÓRMULA	DEFINICIÓN Y USO
Media (μ)	$\mu_x = \sum_{i=1}^n \frac{X_1}{n}$	<p>Definición: Promedio aritmético.</p> <p>Uso: Se utiliza para indicar cuál es el valor central de una población o un grupo de animales para un carácter analizado.</p> <p>La media marca el centro de la distribución normal para la variable en estudio. También se utiliza para calcular la varianza y la covarianza.</p>
Varianza (σ_x^2)	$\sigma_x^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (\chi_1 - \mu_x)^2}{N}$	<p>Definición: Medida matemática de la variación. En Mejora Genética se emplea para medir las diferencias entre los individuos de una misma población.</p> <p>Usos: La varianza es útil para comparar la variabilidad de un carácter (comparar la variabilidad entre los distintos valores del carácter). También es útil para calcular los parámetros genéticos de heredabilidad y repetibilidad, así como para estimar correlaciones y regresiones.</p>
Desviación estándar (σ_x)	$\sigma_x = \sqrt{\sigma_x^2}$	<p>Definición: Medida matemática que se interpreta como un desvío promedio de la media. Su cálculo se realiza hallando la raíz cuadrada de la varianza.</p> <p>Usos: Al igual que la varianza, mide la variabilidad de un carácter, pero al utilizar las mismas unidades en que se mide el carácter, se facilita su interpretación.</p>





<p>Coefficiente de variación</p>	$CV = \frac{\sigma_x}{\mu_x}$	<p>Definición: El coeficiente de variación es la relación entre la desviación típica de una muestra y su media.</p> <p>Usos: Es útil para comparar dispersiones en características con diferentes unidades, pues es una medida invariante ante cambios de escala.</p>
<p>Covarianza muestral (COV(x,y))</p>	$COV(x,y) = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \mu_x)(y_i - \mu_y)}{n-1}$	<p>Definición: Medida básica de la covarianza. Mide la forma en que dos caracteres o valores varían juntos en la población analizada.</p> <p>Usos: Por medio de ella se conoce la dirección o signo matemático y la fortaleza (en cierto grado) de la relación entre dos variables. Su valor, al no expresarse en unidades informativas, dificulta su interpretación. Las covarianzas son necesarias para estimar las correlaciones y las regresiones.</p>
<p>Correlación (ρ)</p>	$\rho(x,y) = \frac{COV(x,y)}{\sigma_x \sigma_y}$ $\rho_{xy} = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \mu_x)(y_i - \mu_y)}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - \mu_x)^2} \sqrt{\sum_{i=1}^n (y_i - \mu_y)^2}}$	<p>Definición: Parámetro que mide el grado de fortaleza en la relación de dos variables.</p> <p>Usos: Aporta el signo (sentido) y fortaleza (grado) de la relación entre ambas variables. Toma valores entre -1 y +1. En Mejora Genética hablamos de correlaciones genéticas, correlaciones fenotípicas y correlaciones ambientales entre caracteres o parámetros. También se emplea para ver la correlación entre los valores de cría y fenotípicos (indicador de la heredabilidad), o la precisión en la estimación de los valores de cría (correlación entre el valor de cría verdadero y el valor de cría estimado).</p>



Regresión
($\beta_{y,x}$)

$$\beta_{y,x} = \frac{\text{COV}(X, Y)}{\sigma_x^2}$$

$$\beta_{yx} = \frac{\sum_{i=1}^n (X_i - \mu_x)(Y_i - \mu_y)}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (X_i - \mu_x)^2}}$$

Definición: Cambio esperado, en promedio, de una variable (y), como respuesta del cambio en una unidad de la otra variable (x) explicativa.

Usos: Se utiliza para predecir cambios en una variable en función de los cambios ocurridos en la otra variable. En Mejora Genética se utiliza para predecir valores de cría, diferencias en la progenie, parámetros genéticos y habilidades productivas basadas en informaciones de producción.

Impreso en los Talleres Gráficos de



Surquillo