

REVISTA MULTIDISCIPLINAR EPISTEMOLOGÍA DE LAS CIENCIAS

Volumen 2, Número 1
Enero- Marzo 2025

Edición Trimestral

CROSSREF PREFIX DOI: 10.71112

VOLUMEN 2, NÚMERO 1, 2025

Revista Multidisciplinar Epistemología de las Ciencias

Volumen 2, Número 1
enero- marzo 2025

Publicación trimestral
Hecho en México

La Revista Multidisciplinar Epistemología de las Ciencias acepta publicaciones de cualquier área del conocimiento, promoviendo una plataforma inclusiva para la discusión y análisis de los fundamentos epistemológicos en diversas disciplinas. La revista invita a investigadores y profesionales de campos como las ciencias naturales, sociales, humanísticas, tecnológicas y de la salud, entre otros, a contribuir con artículos originales, revisiones, estudios de caso y ensayos teóricos. Con su enfoque multidisciplinario, busca fomentar el diálogo y la reflexión sobre las metodologías, teorías y prácticas que sustentan el avance del conocimiento científico en todas las áreas.

Contacto principal: admin@omniscens.com

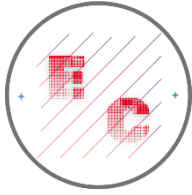
Las opiniones expresadas por los autores no necesariamente reflejan la postura del editor de la publicación

Se autoriza la reproducción total o parcial del contenido de la publicación sin previa autorización de la Revista Multidisciplinar Epistemología de las Ciencias siempre y cuando se cite la fuente completa y su dirección electrónica.



Cintillo legal

Revista Multidisciplinar Epistemología de las Ciencias Vol. 2, Núm. 1, enero-marzo 2025, es una publicación trimestral editada por el Dr. Moises Ake Uc, C. 51 #221 x 16B , Las Brisas, Mérida, Yucatán, México, C.P. 97144 , Tel. 9993556027, Web: <https://www.omniscens.com>, admin@omniscens.com, Editor responsable: Dr. Moises Ake Uc. Reserva de Derechos al Uso Exclusivo No. 04-2024-121717181700-102, ISSN: "en trámite", ambos otorgados por el Instituto Nacional del Derecho de Autor (INDAUTOR). Responsable de la última actualización de este número, Dr. Moises Ake Uc, fecha de última modificación, 1 enero 2025.



Revista Multidisciplinar Epistemología de las Ciencias

Volumen 2, Número 1, 2025, enero-marzo

**GUÍA RÁPIDA DE ANÁLISIS GENÉTICOS BAJO MODELOS MIXTOS
CON WOMBAT**

**QUICK GUIDE TO GENETIC ANALYSIS FOR MIXED MODELS WITH
WOMBAT**

José Raúl Pérez González

Venezuela

Guía rápida de análisis genéticos bajo modelos mixtos con WOMBAT

Quick guide to genetic analysis for mixed models with WOMBAT

José Raúl Pérez González

josejrpg1995@email.com

<https://orcid.org/0009-0007-2442-486X>

Universidad politécnica territorial de

Maracaibo (UPTMA)

Venezuela

RESUMEN

La identificación de los mejores individuos se basa en la obtención de los valores genéticos (VG), o mejores predictores lineales insesgados (BLUP) como también se les conoce, los cuales, permiten la identificación de animales genéticamente superiores o inferiores en el rebaño. Un programa informático muy utilizado a nivel mundial para calcular los VG es el WOMBAT, el cual fue escrito en FORTRAN95 por la doctora Karin Meyer y lanzado al mercado en el año 2005. El WOMBAT utiliza la metodología de modelos lineales mixtos bajo el método REML. Se utilizó una base de datos de peso al destete en ganado vacuno, para mostrar el uso del WOMBAT en el cálculo de los VG utilizando 3 modelos diferentes. Para los 3 modelos se encontraron resultados diferentes para los VG. Se puede concluir que, el WOMBAT-REML, puede predecir los VG de los animales para las características usando algoritmos eficientes bajo modelos mixtos, se recomienda su uso para la evaluación genética de características de interés zootécnico en poblaciones de animales.

Palabras clave: WOMBAT, valor genético, modelo animal, modelo mixto, REML.

ABSTRACT

The identification of the best individuals is based on obtaining the genetic values (GV), or best linear unbiased predictors (BLUP) as they are also known, which allow the identification of genetically superior or inferior animals in the herd. A computer program widely used worldwide to calculate the GV is WOMBAT, which was written in FORTRAN95 by Dr. Karin Meyer and launched on the market in 2005. WOMBAT uses the methodology of mixed linear models under the REML method. A database of weaning weight in cattle was used to show the use of WOMBAT in calculating the GV using 3 different models. For the 3 models different results were found for the GV. It can be concluded that WOMBAT-REML can predict the GV of animals for the characteristics using efficient algorithms under mixed models, its use is recommended for the genetic evaluation of characteristics of zootechnical interest in animal populations.

keywords: WOMBAT, genetic value, animal model, mixed model, REML.

Recibido: 28 de diciembre 2024 | Aceptado: 28 de enero 2025

INTRODUCCIÓN

En la producción animal, es de interés aplicar programas de mejoramiento genético, con la finalidad, de poder mejorar las características de interés económico en las poblaciones de animales (Aranguren y col, 2007), para este fin, se tienen que, identificar los individuos genéticamente superiores, para que, al reproducirlos, se mejoren los caracteres de interés en la siguiente generación (Vilela, 2014). La identificación de los mejores individuos se basa en la obtención de los valores genéticos (VG), conocidos como los mejores predictores lineales insesgados o BLUP (Henderson, 1973), los cuales, permiten la identificación de animales genéticamente superiores o inferiores en el rebaño (Blasco, 2021).

Para calcular los VG, generalmente se utiliza el modelo lineal mixto (Littell y col, 2006), el cual asume que, en el análisis se tendrán en cuenta tanto factores fijos como aleatorios (Blasco, 2017). Un programa informático muy utilizado a nivel mundial para calcular los VG es el WOMBAT (Meyer, 2007), el cual fue escrito en FORTRAN95 por la doctora Karin Meyer y lanzado al mercado en el año 2005. El WOMBAT utiliza la metodología de modelos lineales mixtos bajo el método REML (Patterson y Thompson, 1971) para calcular los VG y los componentes de varianza (Henderson, 1953), estos últimos necesarios, para obtener los parámetros genéticos (Vega, 1998). El programa puede utilizarse tanto en Windows de 32 o 64 bits o en entornos Linux.

Cálculo del valor genético usando varios tipos de información

Los VG predichos son predicciones obtenidas usando los modelos lineales (Searle y col, 1992), según Castejón (2008), el modelo lineal es una expresión algebraica que, presenta todos los factores de estudio, y modelo permite hacer predicciones tanto de los datos como de los parámetros involucrados en el mismo. En el caso más simple, que se utiliza la información del propio individuo (su dato propio), el modelo toma la siguiente forma (Pérez y Morales, 2023):

$$y_{ij} = \mu + a_i + e_{ij} \quad (1)$$

Donde y_{ij} es el dato del animal, μ es la media del rebaño, a_i es el VG de cada individuo y e_{ij} es el error residual. Bajo este modelo, se asume que μ es un factor fijo y a_i y e_{ij} son aleatorios.

La expresión matemática que permite estimar el VG bajo el modelo 1 viene dado por (Pérez, 2024):

$$a_i = h^2(y_{ij} - \mu) \quad (2)$$

Donde h^2 es la heredabilidad del carácter que se está estudiando. La correlación entre a_i y \hat{a}_i para el modelo (1) viene dado por (Legates y Warwick, 1992):

$$r_{\hat{a}a} = \sqrt{h^2} \quad (3)$$

Donde $r_{\hat{a}a}$ es la correlación entre el VG predicho y el real.

Si se introduce un efecto fijo diferente de μ el modelo toma la siguiente forma (Román y Aranguren, 2014):

$$y_{ijk} = \mu + a_i + b_j + e_{ijk} \quad (4)$$

Donde b_j es el efecto del factor fijo. Para este modelo, las soluciones de a_i son (Gutiérrez, 2010):

$$a_i = h^2(y_{ij} - \bar{y}_i) \quad (5)$$

Donde \bar{y}_i es la media para el nivel del efecto fijo donde el dato del animal está presente.

Si se quiere utilizar toda la genealogía en la predicción de los VG, es necesario encontrar las soluciones de las ecuaciones normales de Henderson para los parámetros del modelo, incluyendo la matriz de parentesco. Para la ecuación 4 las ecuaciones son (Elzo, 2012):

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_i \\ a_i \end{bmatrix} = \begin{pmatrix} X'y \\ Z'y \end{pmatrix} \quad (6)$$

Donde X es una matriz de incidencia que relaciona los datos con los factores fijos, Z es una matriz de incidencia que relaciona los datos con a_i , A^{-1} es la inversa de la matriz de parentesco, y es un vector de datos y α es un escalar que introduce h^2 en las ecuaciones, el cual toma la siguiente fórmula (Mrode y Thompson, 2005):

$$\alpha = \frac{1-h^2}{h^2} \quad (7)$$

El error estándar de a_i en el caso general viene dado por (Aranguren y Román, 2014):

$$EE(a_i) = \sqrt{C_{ii}\sigma_e^2} \quad (8)$$

Donde C_{ii} es el inverso de la diagonal de la matriz de coeficientes para los bloques de animales y σ_e^2 es la varianza residual.

La correlación $r_{\hat{a}a}$ para el caso general viene dado por (Solarte y col, 2024):

$$r_{\hat{a}a} = \sqrt{1 - C_{ii}\alpha} \quad (9)$$

Estimación de los parámetros genéticos

Los parámetros genéticos se estiman usando los componentes de varianza, para el caso del modelo reproductor (sire model), la fórmula es (Becker, 1986):

$$h^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_p^2} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2} \quad (10)$$

Donde σ_a^2 es la varianza aditiva, σ_e^2 es la varianza residual, σ_p^2 es la varianza fenotípica y σ_s^2 es la varianza entre reproductores.

Con el modelo animal, la heredabilidad puede estimarse directamente usando la varianza aditiva y la residual (Fernández y col, 2021):

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2} \quad (11)$$

La repetibilidad viene dado por (Falconer, 2001):

$$R = \frac{\sigma_{ep}^2 + \sigma_a^2}{\sigma_p^2} \quad (12)$$

Donde σ_{ep}^2 es la varianza de ambiente permanente.

Existen varios métodos para estimar los componentes de varianza (Sorensen y Gianola, 2002), en WOMBAT se utiliza el método de REML, el cual consiste en encontrar los parámetros estimados a través de la maximización del logaritmo de la función de verosimilitud restringida, la cual, es una función de los parámetros dados los datos. El logaritmo de la función de verosimilitud en algebra de matrices viene dado por (Pérez y col, 2024):

$$\ln(L) = -0.5\ln|V| - 0.5\ln|X'V^{-1}X| - 0.5 y'Py - \frac{n-p}{2}\ln(2\pi) \quad (13)$$

Donde V es la matriz de varianzas y covarianzas fenotípicas y $y'Py$ es la suma de cuadrados residual generalizada. Como $\frac{n-p}{2}\ln(2\pi)$ es una constante y desaparece al derivar, la expresión puede acomodarse como (Meyer, 1997):

$$\ln(L) = -0.5[\text{constante} + \ln|V| + \ln|X'V^{-1}X| + y'Py] \quad (14)$$

Maximizar $\ln(L)$ es equivalente a minimizar $-2\ln(L)$, y en algebra de matrices esta expresión es (Meyer, 1989)

$$-2\ln(L) = \text{constante} + \ln|C| + \ln|G| + \ln|R| + y'Ry \quad (15)$$

Donde C es la matriz de coeficientes de las ecuaciones normales de Henderson (Verde y Yañez, 2014), R es una matriz de varianzas residual expresada como $R = I\sigma_e^2$ y G es una matriz de varianzas aditivas expresada como $G = A\sigma_a^2$.

En un modelo reproductor para alcanzar el máximo de $\ln(L)$, si la data es balanceada, puede derivarse $\ln(L)$ en función de los parámetros y resolver las ecuaciones lineales, pero si la data es desbalanceada se tienen que aplicar métodos numéricos iterativos (Pérez, 2024). Uno de estos métodos usados para maximizar $\ln(L)$ es el AI-REML que se traduce como algoritmo de información promedio (Johnson y Thompson, 1995), otros métodos son los libre de derivadas, como el POWEL y el SIMPLEX (Boldman y col, 1995), ambos incorporados en el

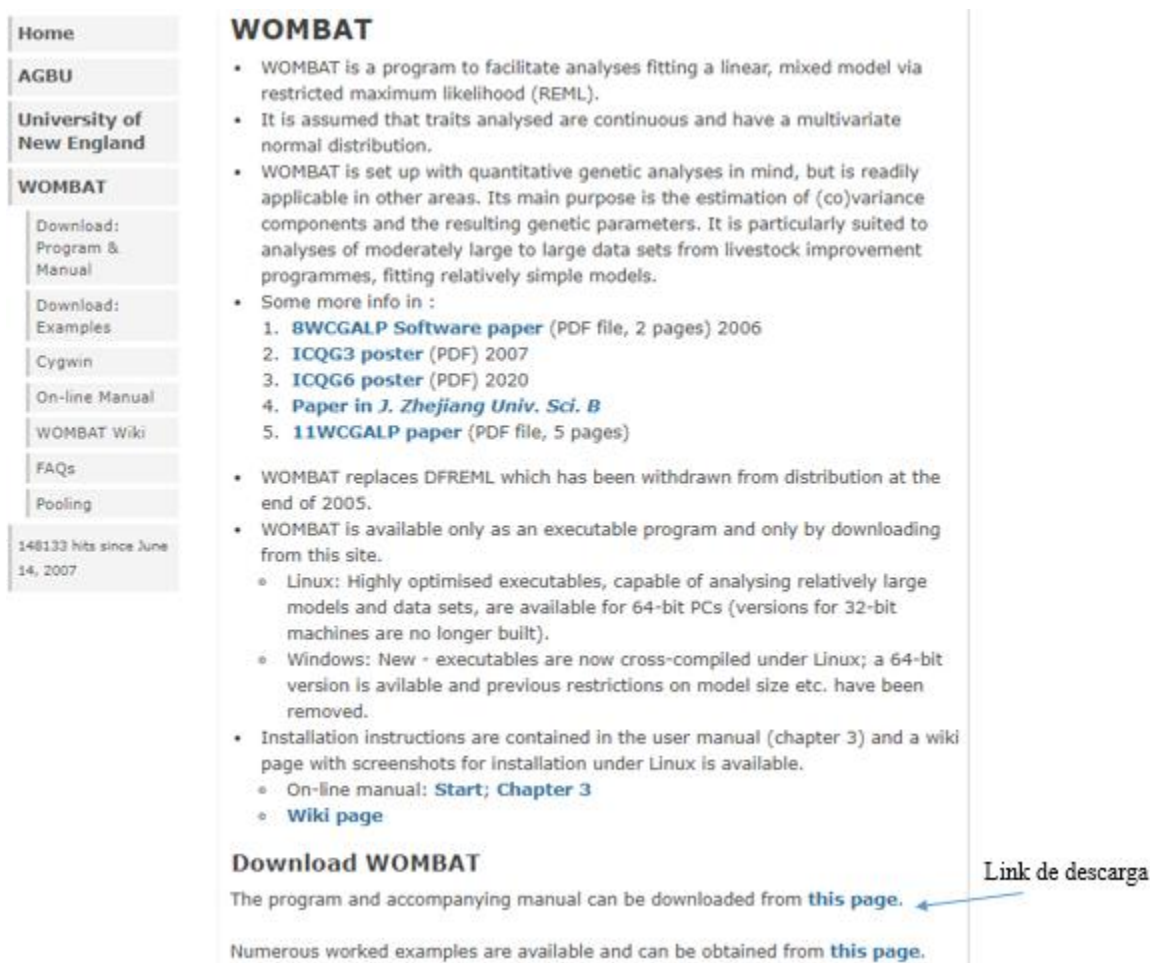
WOMBAT. En el caso del modelo animal, en todos los casos tienen que aplicarse métodos numéricos iterativos, para encontrar los componentes de varianza.

Introducciones en WOMBAT

El ejecutable del programa WOMBAT puede descargarse gratuitamente para Linux y Windows desde la página <http://didgeridoo.une.edu.au/km/wombat.php>. En la figura 1 se muestra una imagen de la página de WOMBAT indicando donde descargar el programa:

Figura 1

Página para descargar WOMBAT.



The screenshot shows the WOMBAT website interface. On the left is a navigation menu with links for Home, AGBU, University of New England, WOMBAT, Download: Program & Manual, Download: Examples, Cygwin, On-line Manual, WOMBAT Wiki, FAQs, Pooling, and a statistics box showing 148133 hits since June 14, 2007. The main content area is titled 'WOMBAT' and contains a list of bullet points describing the program and its capabilities. A blue arrow points to the text 'this page' in the 'Download WOMBAT' section, which is labeled 'Link de descarga'.

WOMBAT

- WOMBAT is a program to facilitate analyses fitting a linear, mixed model via restricted maximum likelihood (REML).
- It is assumed that traits analysed are continuous and have a multivariate normal distribution.
- WOMBAT is set up with quantitative genetic analyses in mind, but is readily applicable in other areas. Its main purpose is the estimation of (co)variance components and the resulting genetic parameters. It is particularly suited to analyses of moderately large to large data sets from livestock improvement programmes, fitting relatively simple models.
- Some more info in :
 1. [8WCGALP Software paper](#) (PDF file, 2 pages) 2006
 2. [ICQG3 poster](#) (PDF) 2007
 3. [ICQG6 poster](#) (PDF) 2020
 4. [Paper in J. Zhejiang Univ. Sci. B](#)
 5. [11WCGALP paper](#) (PDF file, 5 pages)
- WOMBAT replaces DFREML which has been withdrawn from distribution at the end of 2005.
- WOMBAT is available only as an executable program and only by downloading from this site.
 - Linux: Highly optimised executables, capable of analysing relatively large models and data sets, are available for 64-bit PCs (versions for 32-bit machines are no longer built).
 - Windows: New - executables are now cross-compiled under Linux; a 64-bit version is available and previous restrictions on model size etc. have been removed.
- Installation instructions are contained in the user manual (chapter 3) and a wiki page with screenshots for installation under Linux is available.
 - On-line manual: [Start](#); [Chapter 3](#)
 - [Wiki page](#)

Download WOMBAT

The program and accompanying manual can be downloaded from [this page](#).

Numerous worked examples are available and can be obtained from [this page](#).

Link de descarga

Una vez ingresado al link, existen varias opciones de ejecutables WOMBAT para Linux y Windows para 32 y 64 bit.

Para ejecutar WOMBAT es necesario crear tres archivos, el primero es el archivo genealógico, en el cual se escribe la identificación numérica de los animales y su genealogía (identificación de padre y madre). Este archivo debe tener una extensión .PED, y requiere crear 3 columnas, la primera para la identificación de los animales, la segunda para la identificación de los padres y la tercera para las madres; estas columnas para los animales, padres y madres se escriben de izquierda a derecha respectivamente. En el caso de que un animal no se conozca algún padre se coloca cero (0), por último, el número de los padres siempre tiene que ser menor que el de sus hijos. En la figura 2 se muestra un ejemplo de un archivo genealógico.

Figura 2

Ejemplo archivo genealógico.

Archivo	Edición	Formato	Ver	Ayuda
1	0	0		
2	0	0		
3	1	2		

En este ejemplo, podemos ver que tenemos tres animales (1,2 y 3), los animales 1 y 2 no tienen padres conocidos y el animal 3 tiene como padres a los animales 1 y 2.

El segundo archivo es el archivo de datos, el cual incluye la identificación de los animales y todos los factores involucrados en el modelo estadístico. El archivo de datos tiene una extensión .DAT y requiere estrictamente que todos los factores involucrados en el análisis sean colocados en el archivo de forma numérica, por ejemplo, si deseamos ajustar un efecto

fijo con 2 niveles, al primer nivel del efecto fijo se le puede colocar el valor 1, y al segundo nivel un valor 2. En la figura 3 se muestra un ejemplo de un archivo de datos:

Figura 3

Ejemplo archivo de datos

Archivo	Edición	Formato	Ver	Ayuda
1	0	0	1	30
2	0	0	1	33
3	0	0	2	35
4	1	3	2	29
5	2	3	2	40

Variable dependiente
(datos peso al nacer)

Efecto fijo a 2 niveles
(sexo del animal)

En la figura 3, las tres primeras columnas son de la identificación de los animales, los padres y las madres, la cuarta columna es para el efecto fijo sexo del animal, el cual, está a dos niveles; el valor es 1 para los machos y el 2 para las hembras, por último, la quinta columna son los datos de la variable dependiente el cual es el peso al nacer de cada animal.

El tercer archivo es el archivo de parámetros, el cual proporciona toda la información sobre los archivos de datos, genealógico, y el modelo de análisis que se va a ajustar. Este archivo tiene una extensión .PAR y tiene sentencias específicas que se pueden consultar en el manual. En este texto se explican las instrucciones principales del archivo de parámetros, tomando como ejemplo el archivo de datos de la figura 3. En la figura 4 se muestra el archivo de parámetros para la figura 3:

Figura 4

Ejemplo archivo de parámetros

```
Archivo Edición Formato Ver Ayuda
COM ejemplo archivo de parametros
```

```
ejemplo.ped
ejemplo.dat
```

```
animal
sire
dam
sexo 2
PN
```

```
END
```

```
ANAL UNI
MODEL
RAN animal NRM
FIX sexo
TRAIT PN
```

```
END MOD
```

```
VAR animal 1
1
VAR error 1
2
```

La primera fila con el carácter COM indica un comentario, luego las siguientes dos filas son los nombres del archivo genealógico y de datos con su extensión, luego las variables que están en el archivo de datos con el número de niveles para el factor fijo, END indica la finalización de la entrada de variables, ANAL UNI indica que se quiere usar un modelo univariado, RAN indica que la variable animal es aleatoria y FIX indica que el factor sexo es fijo, TRAIT indica que el peso al nacer (PN) es la variable respuesta, END MOD indica que el modelo finalizó y por último se dan los valores iniciales para los componentes de varianza.

Para utilizar el WOMBAT es requerido guardar en una carpeta los archivos de parámetro, genealógico, de datos y el ejecutable de WOMBAT, luego desde el símbolo del sistema se ubica la carpeta y se coloca la palabra wombat y luego el nombre del archivo de parámetros con su extensión. Entre la palabra wombat y el nombre del archivo de parámetros, puede colocarse algún código que indique al programa un paso a tomar, por ejemplo, la opción -blup indica al wombat que calcule directamente los VG usando los valores iniciales de los

componentes de varianza. En la figura 5 se muestra como colocar los caracteres para usar WOMBAT:

Figura 5

Caracteres para el uso del WOMBAT

```
>wombat --blup ejemplo.par
```

En la figura 5 se puede ver la secuencia para utilizar WOMBAT, primeramente, se coloca wombat, luego la opción a utilizar y por último el nombre del archivo de parámetros con su extensión.

Otros programas para calcular los VG bajo modelos mixtos se pueden encontrar en la red, algunos de ellos son el MTFREML (Boldman y col, 1995), Echidna MMS (Gilmour, 2021) y el BLUPF90 (Misztal y col, 2014; Lourenco y col, 2022). Aunque no es el objetivo de este trabajo hacer investigaciones entre programas, los citados anteriormente al igual que el wombat, son programas muy utilizados a nivel internacional para realizar las evaluaciones genéticas en animales de interés zootécnico.

METODOLOGIA

Desarrollado con una metodología cuantitativa basada en el análisis de datos utilizando modelos estadísticos, se utilizó una base de datos de peso al destete (PD) en ganado vacuno, para mostrar el uso del WOMBAT en el cálculo de los VG, los datos del ejemplo se pueden apreciar en la tabla 1:

Tabla 1

Datos del ejemplo de PD

Animal	Padre	Madre	Sexo	y (PD)
1	0	0	M	205
2	0	0	M	200
3	0	0	H	195
4	1	0	H	188
5	2	0	H	170

Se puede apreciar en la tabla 1 que se evaluarán 5 animales, donde el 1 y 2 son padres de los animales 4 y 5, no existen madres conocidas, se tienen 2 animales machos (1 y 2), 3 hembras (3, 4 y 5) y los datos del PD. En el ejemplo se asumió que $h^2 = 0.50$ y se usaron varios modelos estadísticos lineales. EN la tabla 2 se muestran los modelos ajustados:

Tabla 2

Modelos ajustados para ejemplo

Numero	Modelo	Genealogía	Archivo de parámetros
1	$y_{ij} = \mu + a_i + e_{ij}$	$Z'Z + I\alpha$	RAN animal NRM TRAIT PD
2	$y_{ijk} = \mu + a_i + b_j + e_{ijk}$	$Z'Z + I\alpha$	RAN animal NRM FIX sexo 2 TRAIT PD
3	$y_{ijk} = \mu + a_i + b_j + e_{ijk}$	$Z'Z + A^{-1}\alpha$	RAN animal NRM FIX sexo 2

Para los 3 modelos se utilizó la opción –blup del WOMBAT para predecir los VG usando $\sigma_a^2 = 1$ y $\sigma_e^2 = 1$.

RESULTADOS

La predicción del VG con sus EE y correlaciones para los 5 animales usando los modelos 1 y 2 se presentan en la tabla 3:

Tabla 3

Predicciones del VG, EE y correlaciones para los modelos 1 y 2.

Modelo 1			
Animal	VG	EE	Correlación
1	$a_1 = 0.5(205 - 191.6) = 6.7$	$\sqrt{0.5} = 0.707106$	$\sqrt{0.5} = 0.707106$
2	$a_2 = 0.5(200 - 191.6) = 4.2$	$\sqrt{0.5} = 0.707106$	$\sqrt{0.5} = 0.707106$
3	$a_3 = 0.5(195 - 191.6) = 1.7$	$\sqrt{0.5} = 0.707106$	$\sqrt{0.5} = 0.707106$
4	$a_4 = 0.5(188 - 191.6) = -1.8$	$\sqrt{0.5} = 0.707106$	$\sqrt{0.5} = 0.707106$
5	$a_5 = 0.5(170 - 191.6) = -10.8$	$\sqrt{0.5} = 0.707106$	$\sqrt{0.5} = 0.707106$
Modelo 2			
1	$a_1 = 0.5(205 - 202.5) = 1.25$	$\sqrt{0.75} = 0.866025$	$\sqrt{1 - 0.75} = 0.5$
2	$a_2 = 0.5(200 - 202.5) = -1.25$	$\sqrt{0.75} = 0.866025$	$\sqrt{1 - 0.75} = 0.5$
3	$a_3 = 0.5(195 - 184.333) = 5.3335$	$\sqrt{0.666666} = 0.81649$	$\sqrt{1 - 0.666} = 0.577$
4	$a_4 = 0.5(188 - 184.333) = 1.8335$	$\sqrt{0.666666} = 0.81649$	$\sqrt{1 - 0.666} = 0.577$
5	$a_5 = 0.5(170 - 184.333) = -7.1665$	$\sqrt{0.666666} = 0.81649$	$\sqrt{1 - 0.666} = 0.577$

En la figura 6 se presenta la salida del WOMBAT para el modelo 1.

Figura 6

Salida WOMBAT modelo 1

RnSoln_animal: Bloc de notas

Run_No.	Original_ID	Tr	Solution	St.Error	xxxxxx	Inbr_%
1	1	1	6.7000000	0.70710678	0.707	0.000
2	2	1	4.2000000	0.70710678	0.707	0.000
3	3	1	1.7000000	0.70710678	0.707	0.000
4	4	1	-1.8000000	0.70710678	0.707	0.000
5	5	1	-10.8000000	0.70710678	0.707	0.000

Se puede apreciar en la figura 6 resultados idénticos a los calculados manualmente, adicionalmente el WOMBAT calcula el porcentaje de consanguinidad de cada individuo, pero en este caso, al no tener genealogías de los animales, el coeficiente es 0. Bajo este modelo el mejor animal es el 1 (+6.7) y el peor es el 5 (-10.8). En la figura 7 se presenta la salida para el modelo 2:

Figura 7

Salida WOMBAT modelo 2

RnSoln_animal: Bloc de notas

Run_No.	Original_ID	Tr	Solution	St.Error	xxxxxx	Inbr_%
1	1	1	1.2500000	0.86602540	0.500	0.000
2	2	1	-1.2500000	0.86602540	0.500	0.000
3	3	1	5.3333333	0.81649658	0.577	0.000
4	4	1	1.8333333	0.81649658	0.577	0.000
5	5	1	-7.1666667	0.81649658	0.577	0.000

Tanto los VG, correlaciones y los errores estándares son idénticos a los obtenidos de manera manual, bajo este enfoque el mejor animal es el 3 (+5.333) y el peor sigue siendo el 5 (-7.166) aunque su VG mejoró. Los cambios en los VG se deben a la introducción del factor

sexo en el modelo, por lo tanto, se elimina la variación ocasionada por el factor (sexo) en la predicción de los VG.

Para el modelo 3 se necesita calcular la inversa de la matriz de parentesco, para el pedigree de la tabla 1, la matriz A^{-1} usando la regla de Henderson (Gutiérrez, 2010) viene dada por:

$$A^{-1} = \begin{pmatrix} 1 + 1/3 & 0 & 0 & -2/3 & 0 \\ 0 & 1 + 1/3 & 0 & 0 & -2/3 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ -2/3 & 0 & 0 & 4/3 & 0 \\ 0 & -2/3 & 0 & 0 & 4/3 \end{pmatrix} \rightarrow \begin{pmatrix} 4/3 & 0 & 0 & -2/3 & 0 \\ 0 & 4/3 & 0 & 0 & -2/3 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ -2/3 & 0 & 0 & 4/3 & 0 \\ 0 & -2/3 & 0 & 0 & 4/3 \end{pmatrix}$$

El escalar α para $h^2 = 0.50$ es:

$$\alpha = \frac{1 - 0.5}{0.5} = 1$$

Las ecuaciones normales de Henderson quedan definidas como:

$$\begin{bmatrix} 2 & 0 & & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 3 & & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 7/3 & 0 & 0 & -2/3 & 0 & \\ 1 & 0 & 0 & 7/3 & 0 & 0 & -2/3 & \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 2 & 0 & 0 & \\ 0 & 1 & -2/3 & 0 & 0 & 7/3 & 0 & \\ 0 & 1 & 0 & -2/3 & 0 & 0 & 7/3 & \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \end{bmatrix} = \begin{pmatrix} 405 \\ 553 \\ 205 \\ 200 \\ 195 \\ 188 \\ 170 \end{pmatrix}$$

Y la solución de este sistema de ecuaciones viene dada por:

$$\begin{bmatrix} 2 & 0 & & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 3 & & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 7/3 & 0 & 0 & -2/3 & 0 & \\ 1 & 0 & 0 & 7/3 & 0 & 0 & -2/3 & \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 2 & 0 & 0 & \\ 0 & 1 & -2/3 & 0 & 0 & 7/3 & 0 & \\ 0 & 1 & 0 & -2/3 & 0 & 0 & 7/3 & \end{bmatrix}^{-1} \begin{pmatrix} 405 \\ 553 \\ 205 \\ 200 \\ 195 \\ 188 \\ 170 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 203.83333 \\ 184.33333 \\ 1.03333 \\ -3.7 \\ 5.33333 \\ 1.86666 \\ -7.2 \end{pmatrix}$$

Y las correlaciones son:

$$r_{\hat{a}_1 a_1} = \sqrt{1 - 0.7125(1)} = 0.53$$

$$r_{\hat{a}_2 a_2} = \sqrt{1 - 0.7125(1)} = 0.53$$

$$r_{\hat{a}_3 a_3} = \sqrt{1 - 0.66666(1)} = 0.57$$

$$r_{\hat{a}_4 a_4} = \sqrt{1 - 0.65(1)} = 0.59$$

$$r_{\hat{a}_5 a_5} = \sqrt{1 - 0.65(1)} = 0.59$$

En la figura 8 se presentan la salida del WOMBAT para el modelo 3:

Figura 8

Salida del Wombat modelo 3

Run_No.	Original_ID	Tr	Solution	St.Error	xxxxxx	Inbr_%
1	1	1	1.0333333	1.1937336	0.536	0.000
2	2	1	-3.7000000	1.1937336	0.536	0.000
3	3	1	5.3333333	1.1547005	0.577	0.000
4	4	1	1.8666667	1.1401754	0.592	0.000
5	5	1	-7.2000000	1.1401754	0.592	0.000

Se pueden apreciar resultados idénticos a los mostrados de manera manual, en este caso, el peor animal posee un VG de -7.2 kg y el mejor un VG de 5.33 kg.

DISCUSIÓN

En varios trabajos puede encontrarse como construir las ecuaciones normales de Henderson del modelo mixto, según Aranguren y Román (2014), las ecuaciones se construyen de igual forma que, las ecuaciones normales de mínimos cuadrados, con la diferencia de que, se añade $A^{-1}\alpha$ en las ecuaciones y para el modelo 1 las incógnitas pueden despejarse en las ecuaciones, obteniendo para cada animal la siguiente expresión:

$$a_i = \frac{y - \mu}{1 + \alpha} \quad (16)$$

Tomando la expresión (16) y sustituyendo los valores para el animal 1 se obtiene $a_1 = \frac{205-191.6}{1+1} = 6.7$, un valor que, es idéntico al encontrado en este trabajo usando la fórmula (2).

De igual forma, para el modelo 2, se puede despejar a_i encontrando la siguiente solución:

$$a_i = \frac{y - \bar{y}}{1 + \alpha} \quad (17)$$

Tomando los valores del animal 1 usando el modelo 2, se encuentra que, la solución del VG es $a_1 = \frac{205-202.5}{1+1} = 1.25$ un valor idéntico al encontrado en este trabajo usando la fórmula (5).

Se puede encontrar otra fórmula para a_i despejando cualquier VG de la fila de μ :

$$a_i = \sum y - \left(\sum a_{resto} \right) - n\mu \quad (18)$$

Donde $\sum a_{resto}$ es la suma de los VG diferentes del animal que, se quiere evaluar. Para el animal 1 la solución es $a_1 = 958 - (4.2 + 1.7 - 1.8 - 10.8) - 5(191.6) = 6.7$ el cual es un resultado idéntico al encontrado en este trabajo. Las soluciones usando la ecuación (18) aunque matemáticamente son correctas, en la práctica son muy poco usadas, ya que requieren el VG de todos los animales evaluados previamente, cosa que, por lo general no se conoce.

Para el modelo animal con relaciones de parentesco, como se trabaja en el modelo 3, se pueden encontrar fórmulas con resultados equivalentes a los obtenidos en este trabajo. Mrode y Thompson (2005) explican que, en un modelo animal, las soluciones de las ecuaciones normales de Henderson son equivalentes a la siguiente expresión matricial:

$$(Z'Z + A^{-1}\alpha)a_i = Z'(y - Xb) \quad (19)$$

Por lo tanto, para los datos del modelo 3, las soluciones son:

$$a_i = \begin{pmatrix} 7/3 & 0 & 0 & -2/3 & 0 \\ 0 & 7/3 & 0 & 0 & -2/3 \\ 0 & 0 & 2 & 0 & 0 \\ -2/3 & 0 & 0 & 7/3 & 0 \\ 0 & -2/3 & 0 & 0 & 7/3 \end{pmatrix}^{-1} \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \left(\begin{pmatrix} 205 \\ 200 \\ 195 \\ 188 \\ 170 \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 0 & 1 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 203.833333 \\ 184.333333 \end{pmatrix} \right) = \begin{pmatrix} 1.03333 \\ -3.7 \\ 5.33333 \\ 1.86666 \\ -7.2 \end{pmatrix}$$

Estos resultados son idénticos a los obtenidos usando la solución directa de las ecuaciones normales de Henderson, sin embargo, para encontrar estas soluciones se necesita el valor de las estimaciones de los efectos fijos, por lo tanto, en la práctica no suele ser muy usada.

CONCLUSIONES

Se puede concluir que, el WOMBAT-REML, puede predecir los VG de los animales para las características usando algoritmos eficientes bajo modelos mixtos, se recomienda su uso para la evaluación genética de características de interés zootécnico en poblaciones de animales.

REFERENCIAS

- Aranguren, A., & Román, R. (2014). El modelo animal simple: una metodología para los genetistas. *Logros & Desafíos de la Ganadería Doble Propósito*, GIRAZ, 120-136.
- Aranguren, A., Román, R., Villasmil, Y., & Yañez, F. (2007). Evaluación genética de la ganadería mestiza doble propósito en Venezuela. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*, 15(1), 241-250.
- Becker, W. (1986). *Manual de genética cuantitativa*. Academic Enterprises.
- Blasco, A. (2017). *Bayesian data analysis for animal scientists: The basics*. Springer.
- Blasco, A. (2021). *Mejora genética animal*. Editorial Síntesis.
- Boldman, K. G., Kriese, L. A., Van Vleck, L. D., Van Tassell, C. P., & Kachman, S. D. (1995). *A manual for use of MTDFREML: A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [Draft]*. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service.

- Castejón, O. (2008). *Diseño y análisis de experimentos con Statistix*. Colección de Textos Universitarios. Ediciones del Vicerrectorado Académico.
- Elzo, M., & Garay, O. (2012). *Modelación aplicada a las ciencias animales: II. Evaluaciones genéticas*. Editorial Biogénesis.
- Falconer, D. (2001). *Introducción a la genética cuantitativa*. Longman.
- Fernández, N., Herrera, J. C., Pérez, N. G., Doria, M. R., Mestra, L. V., & Lucero, C. (2021). Heredabilidades para características de crecimiento a través de los años en la raza Blanco Orejinegro. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 32(5).
- Gilmour, A. R. (2021). *Echidna Mixed Model Software*. Recuperado de www.EchidnaMMS.org.
- Gutiérrez, P. (2010). *Iniciación a la valoración genética animal: Metodología adaptada al EEES*. Editorial Complutense.
- Henderson, C. (1953). Estimation of variance and covariance components. *Biometrics*, 9(2), 226-252.
- Henderson, C. (1973). Sire evaluation and genetic trends. En *Proceedings of the Animal Breeding Genetics Symposium in Honor of J.L. Lush* (pp. 10-41). American Society of Animal Science. <https://doi.org/10.1093/ansci/1973.Symposium.10>
- Johnson, D., & Thompson, R. (1995). Restricted maximum likelihood estimation of variance components for univariate animal models using sparse matrix techniques and average information. *Journal of Dairy Science*, 78, 449-456.
- Legates, E., & Warwick, J. (1992). *Cría y mejora del ganado*. Interamericana McGraw-Hill.
- Littell, R., Milliken, G., Stroup, W., Wolfinger, R., & Schabenberger, O. (2006). *SAS for mixed models*. SAS Press.
- Lourenco, D., Tsuruta, S., Masuda, Y., Bermann, M., Legarra, A., & Misztal, I. (2022). Actualizaciones recientes en el paquete de software BLUPF90. *Congreso Mundial de Genética Aplicada a la Producción Ganadera*.

- Meyer, K. (1989). Restricted maximum likelihood to estimate variance components for animal models with several random effects using a derivative-free algorithm. *Genetics Selection Evolution, 21*, 317-340.
- Meyer, K. (1997). An 'average information' restricted maximum likelihood algorithm for estimating reduced rank genetic matrices or covariance functions for animal models with equal design matrices. *Genetics Selection Evolution, 29*, 97-116.
- Meyer, K. (2007). WOMBAT: A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *Journal of Zhejiang University Science B, 8*(11), 815-821.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D. A. L., Aguilar, I., Legarra, A., & Vitezica, Z. (2014). *Manual para la familia de programas BLUPF90*.
- Mrode, R., & Thompson, P. (2005). *Linear models for the prediction of animal breeding values* (2ª ed.). CABI Publishing.
- Patterson, H., & Thompson, R. (1971). Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika, 58*, 545-554.
- Pérez, J. (2024). *Estadística aplicada al mejoramiento genético animal*. Fondo Editorial Universidad Rafael Urdaneta.
- Pérez, J., Jiménez, E., & Morales, D. (2024). Repetibilidad del intervalo entre parto en ganado Carora en Venezuela. *RECITIUTM, 10*(2).
- Pérez, J., & Morales, D. (2023). Theory of estimation of parameters and genetic values under mixed models. *International Journal of Avian & Wildlife Biology, 8*(1), 27-33.
<https://doi.org/10.15406/ijawb.2024.08.00210>
- Román, R., & Aranguren, A. (2014). *Evaluación genética de reproductores: Logros y desafíos*. GIRAZ.
- Searle, S. R., Casella, G., & McCulloch, C. E. (1992). *Variance components*. Wiley.

Solarte, C., Martínez, C., & Cerón, M. (2024). *Modelos lineales para evaluación genética en animales*. Editorial UTP.

Sorensen, D., & Gianola, D. (2002). *Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics*. Springer.

Vega, P. (1998). *Introducción a la teoría de genética cuantitativa con especial referencia al mejoramiento de plantas*. UCV-Ediciones de la Biblioteca.

Verde, O., & Yañez, F. (2014). Modelos estadísticos de evaluación genética. *Logros & Desafíos de la Ganadería Doble Propósito*, GIRAZ, 107-119.

Vilela, J. (2014). *Mejoramiento genético animal en animales domésticos*. Editorial Macro. Lima, Perú.