

RESUMEN

Autor [Vargas Paredes, A.C.](#)
Autor [Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima \(Peru\).](#)
corporativo [Escuela de Posgrado, Maestría en Estadística Aplicada](#)
Título Estimación de componentes de varianza utilizado los métodos bayesianos y máxima verosimilitud restringida para el estudio de la heredabilidad
Impreso Lima : UNALM, 2017

Copias

Ubicación	Código	Estado
Sala Tesis	L10. V377 - T	EN PROCESO
Descripción	79 p. : 19 fig., 10 cuadros, 32 ref. Incluye CD ROM	
Tesis	Tesis (Mag Sc)	
Bibliografía	Posgrado : Estadística Aplicada	
Sumario	Sumarios (En, Es)	
Materia	VACAS LECHERAS RAZAS (ANIMALES) HEREDABILIDAD PARAMETROS GENETICOS PRODUCCION LECHERA METODOS ESTADISTICOS LACTACION EVALUACION PERU VACAS HOLSTEIN MODELO LINEAL MIXTO MAXIMA VERISIMILITUD RESTRINGIDA ANALISIS BAYESIANO REML COMPONENTES DE VARIANZA METODOS BAYESIANOS	
N° estándar	PE2017000522 B / M EUV L10; E10	

Se estimó mediante un modelo lineal mixto los componentes de varianza y heredabilidad de la producción de leche, a partir de los registros de 3397 lactaciones, provenientes de 1359 vacas de raza Holsteins, de 57 rebaños con información genealógica de 5 generaciones, utilizando máxima verosimilitud

restringida conocida como REML y muestreo de Gibbs basado en procedimientos bayesianos. Con ambas metodologías se obtuvo una heredabilidad, en sentido amplio, moderada de 0.135 vía REML y una media de 0.318 vía muestreo de Gibbs. Para realizar el análisis exploratorio de residuales (en función de los tres tipos: marginal, residual condicional y efectos aleatorios) del modelo lineal mixto estimado vía REML, se adaptó funciones en R para incorporar la información genealógica o pedigrí al modelo. Como resultado de esto se verificó la linealidad de los efectos fijos y la normalidad del componente genético del animal. No se encontró normalidad para el efecto aleatorio del rebaño ni para los residuales condicionales. Para estos últimos tampoco se observó homocedasticidad. Además, se encontró que para 132 animales la estructura de covarianza considerada en el modelo no es adecuada. También, se observó 215 animales y 7 rebaños con efectos atípicos. En el diagnóstico del procedimiento de simulación del muestreo de Gibbs desde la perspectiva bayesiana no se encontró problemas de convergencia. Se obtuvieron errores de Montecarlo bajos y tamaños efectivos de muestra mayores a 1000 para cada componente del modelo.

Abstract

The components of variance and heritability for milk production were estimated using a mixed linear model from the records of 3397 lactations from 1359 Holsteins cows in 57 herds with genealogical information of 5 generations using maximum restricted verisimilitude known as REML and Gibbs sampling based on Bayesian procedures. Both methodologies estimated moderate broad heritability of 0.135 via REML and average of 0.318 via Gibbs sampling. The exploratory analysis of residuals was done according to three types of residuals (marginal residual, conditional residual and random effects) of the mixed linear model estimated via REML. R functions were adapted to incorporate genealogical or pedigree information to the model. As a result of this, linearity of the fixed effects and normality of genetic component of the animal were verified. However, normality of random effects and conditional residuals were not found, neither homoscedasticity for the latter. In addition, it was found that the covariance structure considered in the model is not adequate for 132 animals. It was observed 215 animals and 7 herds with atypical effects. In the diagnosis of the Gibbs sampling simulation procedure from the Bayesian perspective, there were not problems of chain convergence, low Montecarlo errors and effective sample sizes greater than 1000 were obtained for each component of the model.