

CONTROL GENÉTICO DE LA VARIABILIDAD AMBIENTAL: DIFERENTES ESTRUCTURAS DE VARIANZA RESIDUAL EN MODELOS DHGLM

Bodin L.^{1*}, Gilmour A.², Felleki M.³

¹GenPhySE, INRA, INPT, ENVT, Université de Toulouse, France

²CargoVale, Cargo, NSW, Australia

³The Beijer Laboratories in Uppsala, Department of Animal Nutrition and Management, Swedish University of Agricultural Sciences, Sweden

Loys.Bodin@toulouse.inra.fr

Los modelos para el control genético de la variabilidad ambiental han sido extensamente estudiados empleando distintos métodos de análisis aplicados a diferentes estructuras de la varianza residual. La modelización de la variabilidad ambiental con efectos fijos, efectos permanentes y efectos genéticos aditivos se ha realizado en primer lugar para el logaritmo de la varianza residual, en segundo lugar se ha modelizado la varianza residual en sí misma y finalmente para la desviación típica residual. Hasta ahora, el método del "Double Hierarchical Generalized Linear Models (DHGLM)" se ha considerado, solamente, para la escala logarítmica.

En este estudio se ha extendido el uso del método DHGLM a las otras estructuras empleando funciones de enlace en la configuración de DHGLM: una función identidad para modelizar una estructura aditiva de la varianza residual, y una función raíz cuadrada para la estructura aditiva de la desviación típica residual. El problema de varianzas y desviaciones típicas residuales posiblemente negativas cuando se utiliza estas nuevas funciones de enlace ha sido resuelto en estos ajustes. Se han analizado ejemplos de datos simulados y reales con estas tres funciones de enlace.

Los resultados indican que el uso de DHGLM con las nuevas funciones de enlace identidad y raíz cuadrada es posible, ampliando así el abanico de herramientas útiles para analizar el control genético de la variabilidad ambiental. La comparación de distintas estructuras de varianzas residuales permitirá entender mejor la relación entre el control genético del nivel y de la variabilidad de un carácter, ya que una de estas estructuras podría mostrar un mejor poder descriptivo que las otras.