

11621
54

**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA
DE MEXICO**

FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES "CUAUTITLAN"



**"MANUAL DE PRACTICAS DE GENETICA PARA LA CARRERA
DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA EN LA
FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES CUAUTITLAN,
U.N.A.M."**

T E S I S
QUE PARA OBTENER EL TITULO DE
MEDICO VETERINARIO ZOOTECNISTA
P R E S E N T A :
DAVID MARTINEZ VILLALOBOS

ASESOR: DR. BENITO LOPEZ BAÑOS
COASESOR: MC. CARMEN BARRON GARCIA
COASESOR: QFB. JUANA ALICIA ALQUICIRA CAMACHO

4



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.



FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES CUAUTITLAN
UNIDAD DE LA ADMINISTRACION ESCOLAR
DEPARTAMENTO DE EXAMENES PROFESIONALES

ASUNTO: VOTOS APROBATORIOS

**TESIS CON
 FALLA DE ORIGEN**

DEPARTAMENTO DE
 EXAMENES PROFESIONALES

DR. JUAN ANTONIO MONTARAZ CRESPO
 DIRECTOR DE LA FES CUAUTITLAN
 P R E S E N T E

ATN: Q. Ma. del Carmen García Mijares
 Jefe del Departamento de Exámenes
 Profesionales de la FES Cuautitlán

Con base en el art. 28 del Reglamento General de Exámenes, nos permitimos comunicar a usted que revisamos la TESIS:

"Manual de Prácticas de Genética para la carrera de Medicina
 Veterinaria y Zootecnia en la Facultad de Estudios
 Superiores Cuautitlán"

que presenta el pasante: David Martínez Villalobos
 con número de cuenta: 7909052-2 para obtener el título de:
Médico Veterinario Zootecnista

Considerando que dicho trabajo reúne los requisitos necesarios para ser discutido en el EXAMEN PROFESIONAL correspondiente, otorgamos nuestro VOTO APROBATORIO.

A T E N T A M E N T E
"POR MI RAZA HABLARA EL ESPIRITU"

Cuautitlán Izcalli, Méx. a 4 de Diciembre de 2002

PRESIDENTE

Dr. Benito López Baños

VOCAL

MVZ. Ismael Hernández Mauricio

SECRETARIO

M.C. María Magdalena Guerrero Cruz

PRIMER SUPLENTE

M.C. María del Carmen Barrón García

SEGUNDO SUPLENTE

L.A. Rodolfo Rojas Tovar

B

**“ Cuando sientas cansancio hasta el límite de tus fuerzas y
creas que no puedes mas... da un paso mas...
quizás sea el de la diferencia”**

Gracias a Dios por todo lo que me ha otorgado

Gracias

A mi Madre San Juana Villalobos Díaz
Por enseñarme que la vida hay que vivirla con una sonrisa
que salga del corazón
a pesar de todo.

A mi Padre David Martinez Castillo
Por enseñarme que la vida hay que vivirla con honor
y dignidad a pesar de todo.

A mis padres por su apoyo incondicional,
su cariño sin medida
y su comprensión.

Por enseñarme que en la vida se debe tener congruencia
con nuestros actos y nuestros pensamientos
aunque a veces nos equivoquemos.

Por enseñarme que la vida es algo mas que un corazón
palpitando y un cerebro pensando.

Por enseñarme que al irse a dormir se debe hacer
con la conciencia tranquila
para poder levantarse con una sonrisa
que salga del corazón.

Gracias:

A mis hermanos: Edna Olivia, Juan Manuel y Daniel

A mis sobrinos: Daniela, Natalia, Ilse e Iker

A mi abuela: Soledad Díaz Macías

A Laura por haber sido y ser alguien

muy especial en mi vida

A mi asesor:

Dr. Benito López Baños

A mis coasesores:

MC. Carmen Barrón García

QFB. Juana Alicia Alquicira Camacho

TH

Agradecimientos:

INDICE

PAGINA

INDICE DE LA TESIS.....	I
INTRODUCCIÓN.....	III
OBJETIVO DE LA TESIS.....	IV
CONCEPTO DE MANUAL.....	VI
VENTAJAS DEL USO DE MANUALES.....	VII
DESVENTAJAS DEL USO DE MANUALES.....	VIII
CLASIFICACIÓN DE LOS MANUALES.....	VIII
PORTADA DEL MANUAL	
ÍNDICE DEL MANUAL.....	I
INTRODUCCIÓN.....	2
OBJETIVO.....	4
REVISIÓN DE LITERATURA.....	5
BREVE RESEÑA DE LA HISTORIA DE LA COMPUTACIÓN.....	15
HISTORIA DE LA COMPUTACIÓN EN LA UNAM.....	17
MATERIALES Y MÉTODOS.....	22
PRACTICA I USO DEL PROGRAMA NWA EN EL LABORATORIO DE GENÉTICA ANIMAL.....	24
PRACTICA II LEYES DE MENDEL.....	42
PRACTICA III GENÉTICA DE POBLACIONES.....	59
PRACTICA IV FACTORES DE AJUSTE.....	65
PRACTICA V HEREDABILIDAD I (MODELO DE REGRESIÓN LINEAL).....	76
PRACTICA VI HEREDABILIDAD II (MODELO DE ANDEVA).....	82
PRACTICA VII REPETIBILIDAD.....	89
PRACTICA VIII CORRELACIONES GENÉTICAS, FENOTÍPICAS Y AMBIENTALES.....	97
PRACTICA IX INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE.....	103
GENÉTICA APLICADA.....	110
PRACTICA X USO DEL PROGRAMA COWGAME.....	112
PRACTICA XI USO DEL PROGRAMA MILK.....	122
DISCUSIÓN.....	129
CONCLUSIÓN.....	131

APÉNDICES (RECURSOS DE INTERNET).....	133
BIBLIOGRAFÍA.....	153

INTRODUCCIÓN

En el siglo pasado la computación se convirtió en un pilar de apoyo para el estudio de la genética gracias a los avances tecnológicos así como el desarrollo de software que se puede aplicar en esta área, esto ha sido de suma importancia ya que proporciona el área de trabajo adecuado para realizar experimentos que no se pueden realizar en el ser humano y que en la historia de la genética han sido realizados en las plantas, insectos y parásitos.

Dentro del presente trabajo, se realiza una recopilación de información, relacionada con la evolución de la Genética, como ciencia, y con el apoyo de la computación y el desarrollo de software que se destina para uso académico, desde que se comenzó a emplear las plantas, la Drosophila melanogaster y los parásitos como individuos de estudio para la investigación de los fundamentos teóricos de la herencia. Asimismo, se hace referencia a los diferentes avances y la forma en que ha influido computación para el desarrollo de dicha ciencia.

Por otra parte, como objeto de estudio central del presente trabajo, se pretende compilar aquella información más relevante, misma que guarde relación con la mayor parte de los temas que se cubren dentro de la asignatura de Genética en la carrera de MVZ. Así por ejemplo, se procederá a describir las diferentes técnicas que permiten comprobar los métodos de estudio de los genes, las leyes de Mendel y las leyes de población evolutiva, procediendo a sistematizar el uso de los programas de simulación genética que se tengan a la mano para el mejor aprovechamiento de los alumnos en estas áreas y en su caso, aquellas generalidades, los materiales y métodos para todas y cada una de dichas técnicas de laboratorio que se realizaran en el semestre.

Por último, se anexa, para fines de referencia en cuanto a la utilidad de la computación

como apoyo para realizar los modelos experimentales, alguna información resultante de diversos programas de simulación genética para investigaciones y fines académicos que se distribuyen gratuitamente a través del Internet actualmente en el mundo.

Se procederá a la publicación respectiva.....

Objetivo de la tesis:

Ofrecer al alumno de la carrera de MVZ, una guía practica que le ayude a reafirmar los conocimientos básicos de la asignatura de Genética., así como compilar aquella información mas relevante y actualizada, misma que guarde relación con la mayor parte de los temas que se cubren dentro de la asignatura de Genética en la carrera de MVZ.

CONCEPTO DE MANUAL.

Para explicar en que consiste un manual, es conveniente analizar la opinión de algunos autores, a fin de contar con una idea más amplia.

Manual: Es un folleto, libro o carpeta en la que de una manera fácil de manejar (manualmente) se concentra en forma sistemática, una serie de elementos administrativos para un fin concreto, que orienta y uniforma la conducta que se presenta entre cada grupo humano en la empresa.

Dalton R. Macfarland menciona que un manual es un documento en el que se concentra procedimientos e incluyen políticas, normas e incluso la doctrina y la mentalidad de la compañía, la intención general es verificar las decisiones del personal que sean rutinarias o repetitivas y eliminarlas.

Graham Kellog, menciona que un manual presenta sistemas y técnicas específicas, y señala el procedimiento a seguir para lograr el trabajo de todo el personal de oficina o de cualquier otro grupo de trabajo que desempeña responsabilidades específicas.

Para efecto de este trabajo se utilizará la siguiente definición tomando en consideración las definiciones mencionadas con anterioridad:

Manual: Es un conjunto de documentos que partieron de los objetivos fijados y las políticas implantadas para lograrlo, señalan la secuencia lógica y cronológica de una serie de actividades, traducidas a un procedimiento determinado, indicando quién lo realizará, qué actividades ha de desempeñarse y la justificación de todas y cada una de ellas, en forma tal, que constituye una guía, para el personal que ha de realizar las actividades, para la obtención de una prestación?².

²ANGELES PARRA MARIA MARGARITA

Manual de procedimientos de las prestaciones académico - administrativas del personal adscrito a la Universidad Nacional Autónoma de México (caso práctico) Tesis de Licenciatura Licenciado en Administración F.E.S. Cuscutlán México 19156; pag. 35

VENTAJAS DEL USO DE MANUALES

- 1.-Logra y mantiene un sólido plan de organización
- 2.-Asegura que todos los intereses tengan una adecuada comprensión del plan general y de sus propios papeles y relaciones pertinentes.
- 3.-Facilita el estudio de los problemas de organización.
- 4.-Sistematiza la iniciación, aprobación y publicación de las modificaciones necesarias en la organización.
- 5.-Sirve como una guía eficaz para la preparación, clasificación y compensación del personal clave.
- 6.-Determina la responsabilidad de cada puesto y su relación con los demás de la organización.
- 7.-Evita conflictos jurisdiccionales y la yuxtaposición de funciones.
- 8.-Pone en claro las fuentes de aprobación y el grado de autoridad de los diversos niveles.
- 9.-La información sobre funciones y puestos suele servir como base para la evaluación de puestos y como medio de comprobación del progreso de cada quien.
- 10.-Conserva un rico fondo de experiencias administrativas de los funcionarios mas antiguos.
- 11.-Sirve como una guía en el adiestramiento de novatos.
- 12.-Garantiza el cumplimiento de los objetivos.
- 13.-Realiza el mejoramiento de los procedimientos.
- 14.-Facilita los trámites que sean complejos.

ANGELES PARRA MARIA MARGARITA

Manual de procedimientos de las prestaciones académico ~ administrativas del personal adscrito a la Universidad Nacional Autónoma de México (caso práctico) Tesis de Licenciatura Licenciado en Administración F.E.S. Cuscutlán México 19156; pag. 35

DESVENTAJAS DEL USO DE MANUALES

- 1.- Muchas de las compañías consideran que son demasiado pequeñas para necesitar un manual que describa asuntos que son conocidos de todo mundo.
- 2.- Algunas compañías consideran que es demasiado caro, limitativo y laborioso el preparar un manual y conservarlo al día.
- 3.- Existe el temor de que pueda conducir a una estricta reglamentación y rigidez.
- 4.- Existen acuerdos ante los departamentos, cuando no hay delimitaciones de funciones.

CLASIFICACIÓN DE LOS MANUALES

Se tomo la siguiente clasificación que hace el autor Gómez Ceja Guillermo considerando que es la mas completa:

POR SU ALCANCE

- 1.- Generales o de aplicación universal.
- 2.- Departamentales o de aplicación específica.
- 3.- De puesto o de aplicación individual.

POR SU CONTENIDO

- 1.- De historia de la empresa o institución.
- 2.- De organización.
- 3.- De políticas.
- 4.- De procedimientos.

5.- De contenido múltiple (Manual de técnica).

POR SU FUNCIÓN ESPECÍFICA O ÁREA DE ACTIVIDAD

1.- De personal.

2.- De ventas.

3.- De producción o ingeniería.

4.- De finanzas.

5.- Generales.

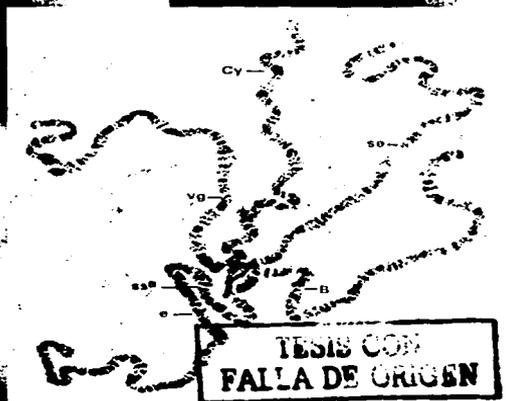
6.- Otras funciones².

ANGÉLES PARRA MARÍA MARGARITA

Manual de procedimientos de las prestaciones académico - administrativas del personal adscrito a la Universidad Nacional Autónoma de México (caso práctico) Tesis de Licenciatura Licenciado en Administración F.E.S. Cuscutlán México 1915b; p.91

35

Manual de Prácticas de Genética
Para la carrera de
Medicina Veterinaria y Zootecnia



Facultad de Estudios Superiores
Cuautitlán
U.N.A.M.

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA DE MÉXICO

Manual de Practicas de Genética para la Carrera de Medicina
Veterinaria y Zootecnia en la Facultad de Estudios Superiores
Cuautitlán , U.N.A.M.

Lugar de Elaboración: Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán

Responsables de la Elaboración: David Martínez Villalobos

Se imprimieron 25 Ejemplares

Fecha de Elaboración: Noviembre del 2002

INDICE

	PAGINA
INDICE.....	1
INTRODUCCIÓN.....	2
OBJETIVO.....	4
REVISIÓN DE LITERATURA.....	5
BREVE RISEÑA DE LA HISTORIA DE LA COMPUTACIÓN.....	15
HISTORIA DE LA COMPUTACIÓN EN LA UNAM.....	17
MATERIALES Y MÉTODOS.....	22
PRACTICA I USO DEL PROGRAMA NWA EN EL LABORATORIO DE GENÉTICA ANIMAL.....	24
PRACTICA II LEYES DE MENDEL.....	42
PRACTICA III GENÉTICA DE POBLACIONES.....	59
PRACTICA IV FACTORES DE AJUSTE.....	65
PRACTICA V HEREDABILIDAD I (MODELO DE REGRESIÓN LINEAL).....	76
PRACTICA VI HEREDABILIDAD II (MODELO DE ANDEVA).....	82
PRACTICA VII REPETIBILIDAD.....	89
PRACTICA VIII CORRELACIONES GENÉTICAS, FENOTÍPICAS Y AMBIENTALES.....	97
PRACTICA IX INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE.....	103
GENÉTICA APLICADA.....	110
PRACTICA X USO DEL PROGRAMA COWGAME.....	112
PRACTICA XI USO DEL PROGRAMA MILK.....	122
DISCUSIÓN.....	129
CONCLUSIÓN.....	131
APÉNDICES (RECURSOS DE INTERNET).....	133
BIBLIOGRAFÍA.....	153

INTRODUCCIÓN

Históricamente, el estudio de la genética se ha apoyado en el uso de las plantas, los insectos como la mosca de la fruta y los parásitos, los cuales han sido ampliamente utilizados como modelos para la docencia y la investigación. Sin embargo, en los últimos 15 años, pareciera que existe la tendencia a ser sustituidos y a la vez a ser considerados solamente como especies más (38, 59).

La genética en los últimos años ha progresado enormemente gracias a los avances en el área de la computación, lo cual ha permitido que la ciencia genética cuente con tecnologías que aceleran la obtención de resultados que tardarían mucho tiempo en obtenerse de la manera normal(53, 54).

La computación es un pilar en el estudio de la genética gracias a los avances en la tecnología así como el desarrollo de software que se puede aplicar en esta área, esto ha sido de suma importancia ya que proporciona el área de trabajo adecuado para realizar experimentos que no se pueden efectuar en el ser humano y que en la historia de la genética han sido ejecutados en las plantas, insectos y parásitos(29, 38, 53, 54, 59,73).

En los últimos 50 años la genética ha demostrado que los secretos del origen de la vida se encuentran escondidos en la cadena de ADN. Se han hecho descubrimientos importantes en este campo; sin embargo esto solo es la punta del iceberg del conocimiento genético y que gracias a estos avances tecnológicos nos hemos acercado al entendimiento básico de la genética (29, 32, 34).

La genética como tal se encuentra de esta forma ligada a muchas otras áreas como son la ESTADÍSTICA, la COMPUTACION y esta a su vez al avance de las tecnologías de diseño de

software y hardware. Esta ultima ha sido factor importante en los avances mas recientes(12, 14, 20, 32, 34).

Con Base a las consideraciones anteriores se plantearon los siguientes objetivos:

Objetivo del Manual:

A partir de la realización de las actividades prácticas propuestas, el estudiante desarrollará habilidades y destrezas específicas, derivadas del conocimiento sistemático de la Genética, y el manejo del software aplicado a dicha área y susceptibles estos de ser aplicados dentro del campo de acción profesional.

REVISIÓN DE LITERATURA

Uno de los problemas de la investigación en Genética era el tiempo que se necesitaba para realizar dichas investigaciones por lo que se empezó a utilizar otros especímenes como objeto de prueba, los investigadores no podían experimentar con seres humanos por lo que empezaron a experimentar con plantas, insectos y parásitos. Realizando cruces, los biólogos, genetistas e investigadores de todas las áreas relacionadas han descubierto la versatilidad de las moscas de la fruta para producir cambios naturales en el color de los ojos y la figura del insecto respectivo. Han observado también como surgen espontáneamente nuevos rasgos notables y han aprendido a realizar mutaciones artificiales con rayos X, pero la Genética se ha desarrollado de manera importante y eficaz desde que se comenzó a utilizar la tecnología como apoyo para acelerar esos resultados(8, 12, 32, 39).

La investigación en Genética ya se realizan apoyándose en la computación y otras diferentes áreas de investigación como son la medicina, la Genética, áreas evolutivas, la física y la aerodinámica, la química etc. En las cuales se investigan distintos temas como son determinación del mapeo cromosómico, identificación de genes homólogos entre especies distintas, secreción de enzimas, activación de proteínas, expresiones dominantes y recesivas de los genes, expresión de mutación, causas de estas mutaciones localización de locis para determinados genes y su efecto en el medio ambiente, activación de genes y su actividad en el metabolismo, determinación de lesiones moleculares y pérdida de la función del gen(14, 19, 23 33, 39, 57).

Desde 1946 que se desarrollo la primera computadora sé ha avanzado enormemente en el área de cálculos matemáticos ya que los cálculos que se tardaban días o meses se han hecho extremadamente rápidos, este desarrollo de las computadoras nos ha facilitado el estudio de la

Genética, de hecho los avances genéticos en los últimos décadas han ido de la mano con los avances computacionales(34, 37, 57).

Esto generó los deseos de establecer nuevas áreas de investigación Genética, como son la Genética molecular computacional, la cual está relacionada con la elaboración de nuevos programas y avances de desarrollo de computadoras avanzadas y rápidas(23, 34, 35).

Estos avances genéticos han provocado diferentes opiniones en todo el mundo ya que nos permite establecer nuevas perspectivas de lo que sería la historia de la Genética desde Mendel hasta los últimos años(44, 60,62,75).

El estudio de la Genética ha generado una cantidad de estudios que comprenden el uso de estos campos (computación, desarrollo de software nuevas ideas sobre la investigación de poblaciones, simulaciones de rasgos genéticos hereditarios, eficacia en rendimiento para la producción etc.) lo cual es posible por su accesible manejo y capacidad de generar resultados en poco tiempo(33, 37, 45, 76).

Las leyes de Mendel son la entrada para conocer los secretos que guardan los genes y que se manifiestan de diferentes formas en las características fenotípicas de una población y su frecuencia dentro de la misma de esta manera se revelan las mutaciones que de otra forma pasarían desapercibidos(11, 55, 56, 67).

Los primeros pasos que se tienen que dar para conocer de forma elemental las leyes de la Genética consisten en el diseño de simulaciones de modelos de cruces de individuos que difieran en una o varias características bien definidas. En base a estos modelos se obtiene descendencias y a partir de los híbridos resultantes se determinan en las generaciones subsiguientes las proporciones de las características resultantes que sean mejores a las de los

progenitores, de las proporciones obtenidas se deducen las formas de transmisión de los genes a través de una generación a otra, todo esto apoyado por los programas de computación que sirven para dichas simulaciones(39, 41, 58, 66, 65).

Los programas de simulación genética cuantitativa han sido desarrollados como una herramienta para investigar los fundamentos teóricos de los modelos cuantitativos usados en el estudio de los sistemas genéticos y las características de los modelos genéticos y sus aplicaciones en la vida diaria de los veterinarios y todos aquellos interesados en la Genética(19, 41, 58, 66).

El objetivo al desarrollar estos programas es proveer la capacidad de simulación para el análisis de un amplio rango de modelos genéticos e investigar su aplicación en las interacciones genotipo-ambiente, donde dichas simulaciones nos servirán para determinar la capacidad de los individuos de ser mejorados en sus características... así como mejorar la producción o mejorar la eficiencia de los sistemas productivos como puede ser producción de leche o producción de carne al sacrificio, progenie etc. así como determinar como son influenciados por el medio ambiente y su respuesta al mismo, al entender estos mecanismos se podrá determinar los sujetos que son factibles de manejar su entorno y mejorar la respuesta al medio ambiente de esta forma aumenta su producción así como aumentar su eficiencia genética para la reproducción(6, 42, 45, 58, 66).

El desarrollo del software para dichas simulaciones se ha basado en el hecho de que muchos de esos resultados son afectados por el tiempo de espera entre mediciones de las características deseadas y que en cierta forma es el obstáculo a vencer en la investigación genética sobre todo la cuantitativa, de este modo nos aplicaremos en la simulación que nos ayude a establecer la efectividad de los sistemas de cruce y mejoramiento genético, entendiendo

que estos programas tienen la finalidad de reducir el tiempo para la obtención de resultados en dichos programas (28, 42, 58, 66).

El cruzamiento de plantas y animales inicio mucho antes de que se entendiera la herencia de características por los progenitores, consecuentemente muchas de las plantas que se utilizan en los sistemas agrícolas de hoy en día tiene una larga historia de cruzamientos que han derivado en una selección de las características mas deseadas para mejorar la producción y la efectividad de la producción agrícola, esta ha sido la forma más antigua de selección y mejoramiento genético artificial, dando como resultado que los estudios en plantas sean tan importante; sin embargo dichos resultados en animales y plantas se han incrementado gracias a la aparición de la tecnología, específicamente las computadoras, las cuales han incrementado el entendimiento de los fundamentos genéticos y por su capacidad de almacenamiento se han podido manejar la gran cantidad de variaciones que se pueden manifestar en las expresiones genéticas de una característica en los modelos agrícolas, veterinarios, médicos etc. estas maquinas han facilitado la aplicación de los modelos matemáticos en los fundamentos de la Genética cuantitativa para la aplicación de los modelos de cruzamiento y mejoramiento genético (20, 35, 37, 39, 44, 65, 66).

Por otra parte el mejoramiento animal es una serie de procesos complejos que involucran la modificación de los genotipos a través del tiempo y en base a los tipos de medio ambiente en los que se encuentren los sujetos de dichas producciones, a través del tiempo los organismos se adecuaron a estos hábitat gracias a los cambios genéticos que se presentan. Debido a que estamos acostumbrados a deducir que la Genética como ciencia, se basa en los trabajos realizados por Mendel con chicharos y ya que los mas publicitados descubrimientos de Genética molecular ocupan gran parte de la información que se puede encontrar en este ámbito,

se nos ha olvidado que la Genética también tiene otras áreas que en este caso nos son de gran importancia(7, 19, 36, 56, 67).

En la historia de esta ciencia siempre se mencionan los descubrimientos que se originaron a partir de los estudios con guisantes del monje austriaco, sin embargo estos estudios se diversificaron en dos áreas de gran importancia y que en realidad están ligadas muy a pesar de los diferentes investigadores que se dedican a la Genética. Los factores que Mendel menciono se transmiten de una forma mucho mas variada de la que el nunca se imagino ya que para el, estos factores eran de manifestación simple y para que sus estudios fueran exactos dejo fuera diversas manifestaciones que se presentaron y que al no poder explicar prefirió dejar a un lado y mencionar solo los que se ajustaban a sus teorías, sin embargo la manifestación de estos fenotipos es mas compleja por lo que al redescubrirse los trabajos antes mencionados en 1900, la gente que se intereso en estos, se dividió en dos criterios, cualitativa (Mendelianos) y cuantitativa (Biométristas), esto solo significó que los investigadores se enfocaron en ciertos aspectos de este tema ya que la genética es sin lugar a dudas la expresión de estas dos corrientes(16, 24, 36, 68).

Los caracteres cualitativos se caracterizan por presentar una variación discreta, como la que mencionó Mendel en sus trabajos, además fácil de manejar las posibles manifestaciones fenotípicas, no así los caracteres cuantitativos que se caracterizan por presentar una variación continua y que la cuantificación de esta no es fácil de realizar por la gran cantidad de manifestaciones que pueden presentarse por influencia de varios genes o del medio ambiente. Por ejemplo el rendimiento en crecimiento de plantas y animales, ganancia de peso, producción láctea, etc. Los caracteres cuantitativos generalmente, son controlados por varios genes por lo que se les conoce como caracteres poligénicos (16, 24, 36, 42).

En 1902, W. S. Sutton, de la Universidad de Columbia, dijo que los cromosomas podían ser recipientes de las unidades hereditarias mendelianas y al unirse y separarse, formaban el mecanismo necesario para producir los resultados señalados por Mendel (43, 70).

Pocos años más tarde W. Bateson y R. C. Punnett cruzaron un guisante de flores moradas y grano de polen largo con uno de flores rojas y grano redondo. En vez de obtener la variedad de caracteres obtenidos por Mendel, vieron que la flor roja y el grano de polen redondo propendían a mantener una asociación indisoluble. Otros investigadores advirtieron el mismo fenómeno. Ciertos rasgos parecían estar acoplados de un modo indivisible, quizá regidos por un mismo cromosoma(1, 3, 4, 56, 64, 67).

En 1909 T. H. Morgan, de la Universidad de Columbia, encontró esta clase de enlaces irrompibles, en las moscas de la fruta. En 1910, apareció una mosca macho de ojos blancos en una de las botellas de leche que Morgan usaba como incubadoras. Como las moscas normales tienen los ojos rojos, pensó que se trataba de una mutación. Cruzó aquel macho con una hembra de ojos rojos y pronto tuvo cientos de moscas con ojos rojos, conforme a las leyes mendelianas. Para hacer surgir la herencia latente, Morgan cruzó entonces híbridas de ojos rojos con híbridas de ojos rojos. Resultado: el 50 por ciento, hembras con ojos rojos; el 25 por ciento, machos con ojos rojos; y el 25 por ciento, machos con ojos blancos. La unidad mutante hereditaria de ojos blancos estaba enlazada con los cromosomas sexuales, suponiendo que los cromosomas fueran en realidad los portadores de la herencia. Era evidente "que había un requisito esencial para la teoría del cromosoma, a saber, que todos los factores apartados por un mismo cromosoma deben propender a permanecer juntos". La mosca de la fruta tenía cuatro pares de cromosomas. Si Morgan estaba en lo cierto, se podría levantar un "mapa" de los factores hereditarios transmitidos por cada par. La obra le costó casi 17 años y la cruce de millones de insectos, pero

Morgan y el "escuadrón de la mosca", jóvenes científicos que trabajaban con él, comprobaron que en los cromosomas existen centros muy precisos que regulan determinadas características. Por último trazaron mapas de cromosomas; en los que señalaron los rasgos: cuerpo amarillo, ojos blancos, ojos equinos, cruz sin venas, ala corta, ojos bermellones, alas miniatura, cuerpo de sable, ojos grana, pelos bifurcados, ojos rayados, alas recortadas y pelos cortos. Estos eran los nombres descriptivos de las características cuyos factores determinantes se habían rastreado hasta lugares precisos de los cromosomas de las diferentes moscas y a los cuales dieron el nombre de genes(8, 11, 46, 47, 48, 69, 71).

Con frecuencia, sin embargo, todo un grupo de unidades genéticas participa en la producción de una característica, como color o peso. En un experimento con aves, unas de 1.300 g. fueron cruzadas con otras enanas de 750 g. Las crías tendían a partir la diferencia en el peso, pero cuando se cruzaban una híbrida con otra se producían una "caótica explosión" de variaciones, desde aves de 1.700 g. hasta aves más chicas aún que las abuelas enanas.

Estos experimentos demostraron que si 10 genes afectaban el peso entonces podrían combinarse en suficientes formas para producir 59.049 individuos de pesos diferentes. De hecho, la variación sería continua. En estas investigaciones, se afirmaron dos cosas importantes. Primero, que la herencia es causada por partículas que se presentan en la transmisión de fragmentos determinados de materia que se produce sola. Segunda, que es una acción cooperativa: las partículas hereditarias o genes se combinan para causar sus efectos, organizadas en un solo sistema funcional denominado complejo del gene. Con este convencimiento, no sólo halló en la Genética una sólida base científica sino que, además, las relaciones entre la Genética y la Evolución descansaron sobre un cimiento nuevo y satisfactorio(8, 26, 27, 56,59, 67).

Partiendo de estos conceptos se generaron nuevas ideas. Si las mutaciones pudieran ser provocadas y sus cambios estudiados, se sabría algo acerca de la estructura de esos "fragmentos de materia que se reproduce sola". Muchos científicos decididos a provocar cambios en las unidades sub-microscópicas encerradas en el núcleo de la célula, hicieron pruebas con calor, frío, drogas y veneno y aun mutilaciones. Sin embargo estos fragmentos eran muy estables para alterarlos, por lo que debería de haber otra forma(8, 11,39, 40, 59, 69).

H. J. Muller, ex miembro del "escuadrón de las moscas", se preguntó si la mutación no sería ocasionada por fuerzas ultramicroscópicas. Los rayos X, se dijo, pueden bombardear un blanco diminuto sin afectar a otro que se encuentre a un milésimo de milímetro y las mutaciones ocurren justamente en esos diminutos blancos del organismo(8, 11,39, 40, 59, 69).

Por tanto Muller encerró a cientos de moscas de la fruta en cápsulas de gelatina y las bombardeó con rayos X. Esas moscas fueron cruzadas con otras; y a los 10 días, Muller contempló un brote sin precedentes de mutaciones realizadas por el hombre. Había moscas con ojos saltones, planos, amarillos y café. Unas tenían pelos rizados, otras carecían de pelos. Había moscas con alas anchas, alas convexas o casi sin alas. "Era una multitud abigarrada," decía Muller. "El resultado de los experimentos era asombroso e inequívoco. Las raíces de la vida, los genes, habían sido halladas y sometidos. Así ganó Muller un Premio Nobel(8, 11, 39, 40, 49, 50 51, 52, 59, 69).

Después del redescubrimiento del trabajo de Mendel en 1900 se inició un fuerte debate entre las dos corrientes de investigación que se generaron, los biometristas (biometricians) (Galton y Pearson) y los mendelianos (Mendelians) (de Vries, Correns, Bateson y Morgan) ya que los que se dedicaban a la Genética cuantitativa aseguraban que las variaciones realmente importantes en la evolución no seguían las reglas mendelianas. El peso la altura el color de piel

y características semejantes parecían variar continuamente y presentar diferente respuesta al medio ambiente. Dado las variaciones en las características cuantitativas, parecía que estas estaban más relacionadas a la adaptación del organismo al hábitat que las triviales características que los mendelianos estudiaban. Parecía obvio para los biometristas que los genetistas mendelianos estaban estudiando fenómenos que no eran particularmente interesantes(1, 2, 3, 4, 10, 15, 18, 20, 21, 22, 43, 44, 46, 47, 48).

Por su parte los Mendelianos no aceptaban a los biometristas al menos en parte por que estos parecían no reconocer la diferencia entre genotipo y fenotipo, para los mendelianos alguna de estas características podrían ser influenciadas por el medio ambiente y por lo tanto no eran heredables, mas aun la evidencia que tenían de estos principios en las características que ellos estudiaban eran indiscutibles. Sin embargo los experimentos posteriores ayudaron a demostrar que las características que son influenciadas por el medio ambiente también pueden ser heredadas así se introdujo la idea de la reacción normal para describir que algunos genotipos pueden manifestar diferentes fenotipos en diferentes medios ambientes(1, 2, 9, 16, 17, 18, 21, 24, 68).

Por ejemplo cuando se fertiliza una planta esta crecerá más grande y robusta que otra que no haya sido fertilizada, por lo tanto la expresión fenotípica es producto del genotipo y del medio ambiente(16, 36, 68).

En 1909, el experimento de un genetista sueco con el color de los granos de trigo proporcionó un ejemplo sencillo de herencia cuantitativa, ya que sólo hay tres genes involucrados. Esta es una ilustración que facilita el entendimiento del concepto, pero no debe olvidarse que en el control de los caracteres cuantitativos generalmente interviene un número mucho mayor de genes. Cruzó un trigo de grano rojizo oscuro con otro de grano blanco, y

obtuvo una F1 de color rojizo pálido. En la F2 observó además granos de otras tonalidades intermedias, siendo posible clasificar la variación en siete categorías o clases: rojizo oscuro, rojizo intenso, rojizo, rojizo pálido, rosado, rosado pálido, y blanco, en una proporción aproximada de 1: 6: 15: 20: 15: 6: 1, respectivamente. Como la suma de las combinaciones es = 64, igual que en un cruzamiento trihíbrido, y postuló que habían tres genes involucrados. Asumió que los alelos presentes en el trigo rojizo oscuro usado como padre aportaban cada uno con una dosis de pigmentación, en tanto que los alelos presentes en el trigo blanco no contribuían en nada al color. Esto no se ajusta al concepto de dominancia, en que un locus heterocigótico determina un fenotipo igual al de un locus homocigótico para alelos funcionales (dominantes), sino que se basa en una acción aditiva, donde cada alelo hace un aporte individual. Tal hipótesis explicó perfectamente los resultados obtenidos(16, 24, 36).

Mendel fue capaz de interpretar sus resultados con chicharos porque tuvo la visión de analizar el comportamiento de factores que contrastaban debido a simples diferencias alélicas que producían efectos fenotípicos fácilmente controlables, como semillas amarillas versus verdes, o vainas lisas versus rugosas. De haber conducido sus experimentos usando la variación natural de las plantas de su jardín, por ejemplo, probablemente nunca habría descubierto los principios que lo convirtieron en el padre de la Genética. Esto porque, en general, características como el tamaño, la forma, el color, el rendimiento y la calidad de productos vegetales y animales, no se distribuyen de manera simple después de un cruzamiento(2, 16, 36, 43, 59, 61).

BREVE RESEÑA DE LA HISTORIA DE LA COMPUTACIÓN

La primera computadora, la ENIAC, se puso en marcha oficialmente el 14 de febrero de 1946 en Pennsylvania, Estados Unidos. Ocupaba todo un cuarto, usaba bulbos, disponía de una capacidad de cómputo muy inferior a la de una computadora personal (PC) de la actualidad y sus principales aplicaciones eran militares y científicas(30, 31).

En México, la historia del cómputo empezó apenas en 1955 al crearse el departamento de cálculo electrónico en la Facultad de Ciencias pero fue hasta el año de 1958 que llegó a la UNAM una computadora IBM 650, esta fue la primera computadora de América Latina. Este motivo que durante los sesentas y setentas se avanzara cada vez más en la adquisición de más computadoras para mejorar la capacidad del servicio de cómputo a través de redes y fue hasta 1991 que la UNAM instala la primera Supercomputadora en Latinoamérica, la CRAY YMP/432 (30).

Hacia fines de los setentas y principios de los ochentas surgió la necesidad de desarrollar software capaz de manejar grandes volúmenes de información. Fue cuando los programadores se orientaron hacia la creación de manejadores de bases de datos y, además, cuando se empezaron a popularizar las herramientas CASE (Computer Assisted Software Engineering) y los lenguajes de cuarta y quinta generaciones(30, 31, 63).

Al inicio de los ochentas prácticamente todo el sector gubernamental, militar y privado ya dependía fuertemente de la tecnología del cómputo. Asimismo, en esa década y la anterior comenzó a gestarse el auge de las telecomunicaciones y las grandes redes de cómputo. Así, el cómputo dejó de ser de uso exclusivo del ejército, las universidades y los centros de investigación para convertirse en una herramienta comercial de uso cotidiano. Casi en su

totalidad, la sociedad empezó a apoyarse en esta tecnología nueva y aparentemente confiable. Sin embargo el hecho de que toda la tecnología dependiera del factor humano propicio que , el Comité de Ciencia de la OTAN convocara en 1968 a los 50 programadores, científicos y líderes de la industria más famosos para tratar de definir algunos parámetros y, así, que la industria del cómputo se moviera hacia terrenos más firmes. Si bien los expertos no pudieron definir prácticamente nada, se plantearon una meta distante: "La ingeniería de software debe ser la aplicación de un sistemático, disciplinado y cuantificado enfoque al desarrollo, operación y mantenimiento del mismo". Hoy, el uso de las computadoras es un hecho tan usual y sencillo que se puede encontrar una computadora en la mayoría de los hogares del mundo (o eso se espera en un futuro no muy lejano) aunado al nacimiento del Internet se tiene acceso a una gran cantidad de información(30, 31, 63).

HISTORIA DE LA COMPUTACIÓN EN LA UNAM

1955 Se crea en la Facultad de Ciencias el Departamento de Cálculo Electrónico.

Se establece la Sección de Máquinas de la Dirección de Servicios Escolares

1956 La Sección de Máquinas pasó a depender de la Secretaría General Auxiliar, realizando las mismas funciones de Control Escolar.

1958 Con los recursos procedentes del Departamento se fundó el Centro de Cálculo Electrónico

La UNAM instala la primera computadora en Latinoamérica, la IBM-650

1962 La demanda de apoyo de Cómputo motivó la instalación de una GAMMA-15

1963 Se substituye la GAMMA-15 por una BULL-GAMMA-30

1965 El éxito en la aplicación de esta tecnología motivó la substitución del equipo por una BENDIX G-20

Se inician proyectos importantes para la investigación, tales como el estudio de nuevos lenguajes de programación, estudios léxico-estadísticos, órbitas de estrellas y el cálculo de la interacción de varios cuerpos.

Se instaló la primera computadora para apoyo administrativo, automatización de nóminas y contabilidad, una IBM-1440. Esto da lugar a la creación del Departamento de Sistemas del Patronato Universitario.

1966 Se instaló en el Departamento de Sistemas del Patronato Universitario una IBM-1440

1967 Se inician proyectos de análisis de satisfacción de necesidades en el área académica.

Se fusionan la Sección de Máquinas de Servicios Escolares y el Departamento de Sistemas del Patronato Universitario, para formar la Dirección General de Sistematización de Datos.

Se integra el apoyo de Cómputo a la Administración.

1968 Se sustituye el equipo para investigación por una Burroughs B-5500.

La Dirección General de Sistematización de Datos reemplaza sus equipos por máquinas IBM 360/40.

Se inicia la etapa de Teleproceso en la UNAM.

La docencia y la investigación por primera vez tienen acceso a un equipo de gran capacidad y sofisticación.

1970 Se creó el Centro de Investigaciones en Matemáticas Aplicadas Sistemas y Servicios, con la integración de la Dirección General de Sistematización de Datos y el Centro de Cálculo Electrónico.

Se reúnen bajo una sola dirección, los servicios de cómputo para la docencia, la investigación y la administración.

El grupo de investigación en Ciencias de la Computación dirige sus esfuerzos a resolver problemas de administración de la propia Universidad.

1971 Se incrementa la capacidad de cómputo para servicio a la investigación, con una B6500, que poco tiempo después cambia a B6700.

1972 Se instaló el primer equipo de suministro ininterrumpido de Energía Eléctrica

1973. Se reorganiza el CIMASS, y da lugar a dos Centros, el de Investigación en Matemáticas Aplicadas y Sistemas (CIMAS) y el Centro de Servicios de Cómputo (CSC).

Construcción de la primera sala especial de máquinas.

Instalación de terminales inteligentes.

1974 Se amplió el equipo de cómputo para la investigación, con una B6700

1975 Se construyó una instalación para ofrecer el apoyo de cómputo a la administración.

Se descentralizan las aplicaciones administrativas, las dependencias se responsabilizan de sus aplicaciones

1976 Se sustituye el equipo para administración por una B6700, se inicia el uso de terminales remotas en esta área.

Introducción de las primeras microcomputadoras

1978 Las necesidades de servicios en el área académica motivaron la adquisición de un nuevo equipo de cómputo.

Después de los estudios correspondientes, se decidió adquirir una computadora B7800.

1979 Se instaló una B6800 para apoyar las actividades de cómputo de la investigación, este equipo se destinó exclusivamente para atender institutos y centros de investigación.

1980 Se inicia la construcción de las nuevas instalaciones de Cómputo Académico.

1981 Las necesidades de cómputo en la UNAM, en sus diversas áreas, las nuevas modalidades tecnológicas de cómputo a nivel mundial y el deseo de las autoridades Universitarias de

impulsar el uso de esta tecnología, propician la creación de la Comisión para analizar el desarrollo de la computación de la UNAM.

Se crea el Programa Universitario de Cómputo.

1985 Surge el Consejo Asesor en Cómputo.

Se funda la Dirección General de Servicios de Cómputo Académico

Se instaura la Dirección General de Servicios de Cómputo Para la Administración.

1986 Inicio del servicio de correo electrónico.

Conexión a Bitnet.

Conexión a Telepac

1989 Primeros enlaces de fibra óptica en México.

Primeros nodos Ethernet y Token Ring de la Red Universitaria de Cómputo.

Integración de las primeras redes locales.

Enlace satelital con Cuernavaca, Ensenada y con la NFS Network.

Incorporación de universidades de provincia a la red universitaria.

1990 Programa de reestructuración de telecomunicaciones.

Primeros 25 centros de cómputo integrados a la red.

Inicio de Internet en México.

1991 Primeras comunicaciones telefónicas digitales vía satélite.

Ampliación de la red a 50 centros y 700 computadoras.

La UNAM instala la primera Supercomputadora en Latinoamérica, la CRAY YMP/432.

Se implementan: Telnet, FTP, Correo Electrónico y Listas de Correo.

1992 Se implementa el servicio de Gopher.

1993v Se desarrollan bases de datos y revistas electrónicas.

1994 Se crea el proyecto de Servicios Hemerográficos y de Texto Completo.

1995 Se implementan los servicios de Traducción y WWW.

1996 Tercera conferencia Internacional de Súper cómputo UNAM-CRAY (Química).

(41).

MATERIALES Y MÉTODOS

Como equipo básico de apoyo en la elaboración del manual computadoras que con el siguiente hardware y software:

Para la realización de la tesis se utilizó: Computadora Pentium III 800 Mhz, 264 Mb en RAM, Disco duro de 20 GB, CD-ROM 52X Impresora HP Desk Jet 660 Color, Scanner
Software: WINDOWS 98, Office 2000, Corel Draw 10, Internet Explorer 6.0, Photo editor, Ulead photo.

Para la realización de las prácticas se podrán utilizar:

Computadoras IBM o compatible, 4 MB en RAM como mínimo, Disco duro de 40 MB mínimo, Tarjeta de video (las Capacidades variaran de acuerdo a la disponibilidad).

Sistema operativo: MS-DOS, Windows 3.1, Windows 3.11, Windows 98, Windows Me (Los sistemas operativos pueden variar dependiendo de la disponibilidad y capacidad de la computadora).

Software: Office (Word, Excel), NWA Statpak, Gregor, Cowgame, Milk.

Dentro del presente trabajo, se realizó una recopilación de información relacionada con la evolución de la Genética, como ciencia, y con el apoyo de la computación y el uso de software que se destina con fines académico. Se procedió a describir y adecuar las diferentes técnicas que permiten comprobar los métodos de estudio de los genes, las leyes de Mendel y las leyes de población evolutiva, para un mejor entendimiento de las mismas, así como el uso adecuado del software para lo cual se sistematizó el uso de los programas de simulación genética en las prácticas respectivas para un mejor aprovechamiento de los alumnos en estas áreas y en su caso, aquellas generalidades y particularidades de cada una de las técnicas de laboratorio que se realizarán en el semestre. Por ultimo, se anexo alguna información resultante

de diversos programas de simulación genética para investigaciones y fines académicos, que se distribuyen gratuitamente a través del Internet actualmente en el mundo(6, 7, 8, 41, 58, 72).

PRACTICA N. 1 USO DEL PROGRAMA NWA EN EL LABORATORIO DE GENÉTICA ANIMAL

Introducción

El enfoque científico es el método más avanzado de adquirir conocimientos que haya logrado el hombre, ya que la investigación científica posee capacidad de autovaloración (9).

La estadística esta ligada con el método científico en la forma, organización, recopilación, presentación y análisis de datos, tanto para la deducción de conclusiones como para la toma de decisiones razonables con tal análisis(1).

Originalmente la estadística estaba relacionada con cifras y datos recogidos por los gobiernos con distintos propósitos, en el campo de la investigación, el análisis estadístico genera información precisa y definida respecto a las características de los datos de una forma que pueda ser comunicada con facilidad, ya que reduce masa de datos a términos descriptivos cómodos y extrae inferencias de ellos(1).

Los trabajos que se publican en la mayoría de las revistas científicas del área de biomedicina de todo el mundo, así como la investigación publicada en foros tales como simposios, congresos, etc., se respaldan en análisis estadístico llevados a cabo en computadoras, y que se presentan, ya hoy en día con cuadros y gráficas elaboradas por paquetería computacional especializada (1).

El paquete estadístico "NWA Statpak" es una biblioteca multifuncional de análisis estadístico y programas de apoyo, el sistema está diseñado para poder moverse de función a función con relativa facilidad, y proporcionar tanta flexibilidad como sea posible en el manejo de datos. "Statpak" esta disponible en una variedad de sistemas operativos incluyendo MS-

DOS; dentro de las limitaciones de Microsoft BASIC, "Statpak" está altamente estructurado y documentado (NothWest Analytical, Inc. 1987). El paquete posee un gran número de funciones con 58 programas separados; no es necesario salir del sistema para cambiar de un programa a otro. Por lo que se ha considerado de gran utilidad este paquete como apoyo en la materia de Genética, sobre todo en los cálculos estadísticos de Varianzas, Covarianzas, Regresiones, Correlaciones y Tablas de ANDEVAs (análisis de varianzas), además de que se cuenta con un manual en español(1,2).

Objetivos.

Crear archivos de datos para el uso del paquete estadístico NWA.

Conocer los principales comandos del paquete estadístico NWA.

Importar y Exportar datos numéricos con el paquete estadístico NWA.

Realizar estadística descriptiva con el paquete estadístico NWA.

Material y método:

Se utilizará una computadora básica con los siguientes requerimientos mínimos: CPU 286 mínimo, con cuatro megas en memoria RAM, monitor monocromático o policromático, con sistema operativo MS-DOS 3.0 o mayor, de ser posible que tenga el sistema operativo Windows 3.1 como mínimo, aunque no es necesario.

Se utilizará el manual del programa NWA para una mejor eficiencia al realizar la practica.

Se generará un archivo en dicho programa para realizar los objetivos antes planeados y que sirvan de base para el manejo posterior del mismo en otras practicas.

Metodología a seguir

Como Iniciar el programa

 MS-DOS	<p>El programa NWA esta escrito en lenguaje BASIC por lo que se podrá correr en cualquier sistema que contenga GW-BASIC de MS-DOS (Cualquier sistema operativo de Microsoft que contenga GW-BASIC) así como se puede trabajar desde el disco duro o desde discos flexibles de 3 1/2 y 5 1/4.</p> <p>Una vez que se ha encendido la computadora, se procederá a acceder al programa NWA, si se inicia primero el sistema operativo Windows o si se inicia el sistema MS-DOS, se procederá de la siguiente forma:</p> <p>1.- Si inicia MS-DOS, se introducirán los siguientes comandos para entrar al programa</p> <p>C: dir ↵ (Enter) (Este comando despliega todos los directorios contenidos en el disco duro de la maquina), una vez localizado se teleará el siguiente comando → cd NWA ↵ (Enter), (esto abrirá el directorio donde se encuentra el comando de inicio del programa, el siguiente paso es introducir → NWA ↵ (Enter), inmediatamente aparecerá un comentario de inicio, una vez que se haya leído, se presionará cualquier tecla . (esto iniciará el programa GW-BASIC), o bien iniciar directamente → GW-BASIC ↵ (Enter).</p> <p>2.- Si inicia desde Windows 3.1, 3.11 se deberá de buscar el icono que abrirá la ventana de trabajo de MS-DOS .</p> <p>Para buscar el icono → hacer clic con el botón izquierdo del mouse en accesorios y localizar el icono antes referido, una vez localizado se hará clic en dicho icono lo cual abrirá la ventana de trabajo de MS-DOS → se procederá con los comandos del paso UNO.</p> <p>3.- Si inicia desde Windows 95, 98, 2000, se deberá de buscar el icono de que abrirá la ventana de trabajo de MS-DOS.</p> <p>Para buscar el icono → hacer clic con el mouse en Inicio (usualmente parte baja de la pantalla) → hacer clic en Programas → hacer clic en accesorios → localizar el icono y hacer clic en dicho icono lo cual abrirá la ventana de trabajo de MS-DOS → se procederá con los comandos del paso UNO.</p> <p>Nota**** en algunas maquinas que tienen el sistema Windows ME, se ha detectado que el programa no corre, así que para utilizarlo en estas computadoras, se debe copiar en un disco de 3.5, se tiene que apagar la maquina e introducir un disco de inicio de Windows 98 , una vez reiniciado el sistema se trabajará el programa desde el disco 3.5 .</p>
Acto	
C:\WINDOWS>cd	
C:\>md nwa	
C:\>cd nwa	
C:\nwa>@:	
A:\NWA>cd.	
A:\>cd nw	
A:\NWA>	

Nota:
Recuerda que al teclear los comandos los tienes que teclear sin incluir las comillas

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

GW BASIC

Auto

Corona PC BASIC version 1.04
Copyright (C)1983 Corona Data Systems

(C) Copyright Microsoft 1982
62314 Bytes free
Ok

Una vez que se haya entrado en GW-BASIC, Presionar F3, en la pantalla aparecerá la función LOAD → entonces se teleará "sp" ↵(Enter) que es el comando de carga del programa NWA → enseguida presionará la tecla ↵(Enter) para que cargue el programa. Si se tecleo correctamente el comando, aparecerá "ok" → el siguiente paso será presionar la tecla F2 para que corra el programa de NWA → inmediatamente se desplegará la pantalla de NWA (esto significa que ya estamos dentro del programa) por lo que podemos iniciar nuestro trabajo.

Nota*** La pantalla del programa de NWA tiene como titulo Statpak 3.1

1|0501| 2|1005| 3|1509| 4|2013| 5|2517| 6|3021| 7|3525| 8|4029| 9|4533| 0|5037|

Creación de archivos

TESIS CON FALLA DE ORIGEN

GW BASIC

Auto

>>-----> S T A T P A K 3.1 <-----<<
Copyright (C) 1983 - NorthWest Analytical, Inc.
Portland, Oregon

COLUMN Mode active. Report Date: 05-02-2002
 Enter: Program Name (or <CR> for File Aids Menu)
Program:

El siguiente paso será telear "spmenu" ↵(Enter) , esto desplegará la pantalla con las funciones principales de NWA con sus respectivos comandos para navegar en este programa. Para entrar al archivo de ayuda presionar ↵(Enter), (se desplegará la lista de comandos de ayuda para manejar los archivos), esto en caso de que quiera conocer estos comandos mas a fondo, como se muestra en las pantalla siguiente.

1|0501| 2|1005| 3|1509| 4|2013| 5|2517| 6|3021| 7|3525| 8|4029| 9|4533| 0|5037|

MS-DOS - F:\DOS

Auto

FILE AIDS MENU

REPORT DATE: 07-18-2002

A lter Report Date
 O utput to printer
 S witch mode to ROW

C opy a file
 R ename a file
 D elete a file
 L ist file names
 E xchange Disk(s)

X ecute a STATPAK program

B ASIC command mode
 Q uit (to system)

Select desired function (A,O,S,C,R,D,L,E,X,B,O)?

Seleccionar la función deseada presionando la letra, recordando que no se tiene que presionar Enter.

A = Cambiar el reporte de datos
 O = Mandar a impresora
 S = Cambiar a modo fila o columna

C = Copiar archivo
 R = Renombrar archivo
 D = Borrar archivo
 L = Listar nombres de archivos
 E = Intercambiar discos

X = Ejecutar un programa de Statpak

B = Modo comandos de BASIC
 Q = Regresar a sistema operativo

MS-DOS - F:\DOS

Auto

STATPAK MENU

A = File Utilities
 B = Mathematical Utilities
 C = Probability Calculations
 D = Single-Variable Statistics
 E = Distribution Functions
 F = Regression & Correlation
 G = Means Testing & Chi-square Analysis
 H = Non-Parametric Statistics
 I = Analysis of Variance

S - SP (StatPak entry program)
 X - Exit (to System)

Enter selection letter (no <CR> needed)

Presionar la letra de la función deseada y automáticamente pasará a la pantalla de la función que se desea realizar (para el caso de esta práctica se seleccionará A =file utilities la cual desplegará el submenú de funciones de utilerías de archivos). Recordar que no es necesario presionar Enter.

A =Utilidades de archivos
 B = Utilidades Matemáticas
 C = Calcular probabilidad
 D = Estadística de una sola variable
 E = Funciones de distribución
 F = Regresion y correlación
 G = Pruebas de medias y análisis de Xi Cuadrada
 H = Estadística no paramétrica
 I = Análisis de varianza
 S = SP comando de entrada al paquete Statpak
 X = Salir del programa.

Nota: este menú es el que vamos a iniciar cada vez que realicemos las diferentes funciones del programa

TESSIS CON FALLA DE ORIGEN

BWBASIC

Auto

□---> File Utilities <---□

A	=	CONVERT	(Convert to/from STATPAK file format)
B	=	FORMOUT	(Formatted Data Output)
C	=	FUNKEYS	(Define Keyboard Function Keys (MS-DOS))
D	=	MISSDAT	(Flag/Delete Missing Data)
E	=	ROTATE	(Interchange Rows & Columns)
F	=	SHUFFLE	(Merge files on a sorted key)
G	=	SORT	(Single-key Sort Utility)
H	=	SPEED	(StatPak Easy Editor)
I	=	SPLICE	(StatPak Line & Column Editor)

R	-	Return to Main Menu
S	-	SP (StatPak entry program)
X	-	Exit (to System)

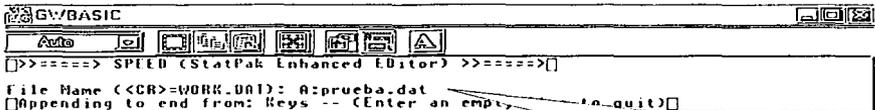
Enter selection letter (no <CR> needed):

De igual forma que en el menú anterior el simple hecho de presionar la letra seleccionada llevará a la función deseada, en este caso se presionará la letra H en el teclado, esto desplegará la pantalla de SPEED, que es el editor de archivos de NWA Statpak.

****Nota: en la siguiente pagina, podrás encontrar todos los comandos para navegar en el editor de Statpak.**

A = Convert (Importar / exportar Archivos)
 B = Formout (Dar formato a los datos de salida)
 C = Funkeys (Definir funciones del teclado)
 D = Missdat (Marcar o borrar datos perdidos)
 E = Rotate (intercambiar filas y columnas)
 F = Shuffle (Unir archivos al azar)
 G = Sort (Utilidad para sortear al azar en una sola tecla)
 H = Speed (Editor facil de Statpak)
 I = Splice (Editor de lineas y columnas de Statpak)
 R = Regresar al menú principal
 S = "sp" comando de entrada al paquete Statpak
 X = Salir del programa

**TESIS CON
 FALLA DE ORIGEN**



```

1: 355 34 55 36
2: 344 45 55 36
3: 244 45 46 38
4: 244 55 48 74
5: 255 65 65 77

```

Estos datos solo son ejemplo

2.- Antes de introducir los datos hay que recordar que el editor de NWA no acepta títulos de variables por lo que se deberá de tener en una libreta los nombres de cada variable y a que columnas pertenecen, donde cada columna es un campo de trabajo y corresponde a una variable; el editor no acepta letras y solo se introducirán datos numéricos así como recordar que los datos deben de tener un formato para introducirse (como se muestra en la pantalla). ** El número de fila no se introduce. Ejemplo:

#fila**	Leche	grasa	proteina	Etc.
1	355	34	55	36
2	344	45	55	36
3	244	45	46	38
4	244	55	48	74
5	255	65	65	77

Donde los datos se introducen de la siguiente forma
 Leche(espacio)grasa(espacio)proteina(espacio)etc.-(Enter)
 Los datos quedarán como se muestra en la pantalla y se introducirán sucesivamente hasta completar el total de los datos que se quiera manejar. Para terminar el archivo se presionará dos veces -(Enter) sin introducir datos.

*Nota: el editor solo soporta 300 renglones, por lo que para introducir más filas puede consultar el manual de NWA.

*Nota: para verificar los comandos de ayuda del editor Speed; introducir: (?)-(Enter) esto desplegará la pantalla de comandos de ayuda del editor

1.- Una vez que se ha entrado en el editor procederemos a crear nuestro primer archivo, en este caso debemos tener en cuenta que el programa no te indicará donde guardará el archivo que vas a crear así que debes especificar el lugar en el que lo guardas ejemplo : especificar si es en el disco duro, o bien en el disco flexible.

C: (Nombre dir)(Nombre del archivo) -(Enter)
 A: (Nombre del archivo) -(Enter) esta es lo que se tecleará para la práctica.

Se recomienda que tengas una libreta donde especifiques el nombre y el lugar donde se guardará el archivo, para que no pierdas datos importantes.

Para el caso de esta práctica se guardará en un disco flexible (disquete) 3 1/2 o bien 5 1/4, dependiendo de que floppy drive tenga la computadora. Cuando se ha asignado el nombre del archivo se procederá a teclear los datos en el renglón E:

Leche(espacio)grasa(espacio)proteina(espacio)etc.-(Enter)
 Así sucesivamente.

Para terminar el archivo se deberán presionar -(Enter) dos veces, esto indica al programa que se terminó de crear el archivo.

Nota: se recomienda tratar de no equivocarse al introducir los datos, en caso de equivocarse, no os preocupéis, en las siguientes paginas conocerás la forma de corregirlos.

Nota: recuerda que no tienes que teclear las comillas para introducir los datos

TESIS CON FALLA DE ORIGEN

```

MS-DOS 3.31
Auto
[ ]->--> SPEED COMMANDS -->[ ]
RETURN  GO TO: next row
>       GO TO: next screen ([-] 20 [ ] Rows)
<       GO TO: previous screen ([-] 20 [ ] Rows)
+>     GO TO: End of File
+<     GO TO: Beginning of File
n      GO TO: row 'n'

+ [file]  INSERT: from 'file' if present, else keyboard
+-       INSERT: last row deleted: [ ] INITIAL CONTENTS OF +-[ ]
-[n]     DELETE: 'n' rows if present, else 1 row
! string REPLACE: Current Row with 'string'
! [options] CHANGE: Add, Delete, Replace - Default: [ ] -999999[ ]

# [n]    CHECK: Columns: use 'n' if present, else Current Row
# [string] FIND: 'string' - Default: [ ]-999999[ ]
P [n] [ID] PRINT: from Curr Row: 'n' rows if present, else to end
S       SAVE: all rows to Current File
S [n] file SAVE: to 'file' from Curr Row for 'n' rows, or to end
Q [opts] QUIT: SAVE to Curr File, then as per Std Exit Options
> [opts] EXIT: as above, but without file SAVE

 8 Rows in File (Limit: 300) - Free Memory: 48K
New Row Count for '<' & '>', or '<CR>' to continue

```

- RETURN (Tecla (-) (enter)) —> Pasa a la siguiente columna ****
- (>)(-) (enter) —> Despliega la siguiente pantalla (siguientes 20 columnas)
 - (<)(-) (enter) —> Despliega la pantalla anterior (previas 20 columnas)
 - (>>)(-) (enter) —> Pasa al final del archivo
 - (<<)(-) (enter) —> Pasa al principio del archivo
 - (numero)(-) (enter) —> Pasa a la fila número " "
 - (+)(archivo)(-) (enter) —> Inserta el archivo especificado en el archivo actual
 - (+)(-) (enter) —> Inserta la ultima fila borrada
 - (-)(numero)(-) (enter) —> borra la fila asignada
 - (-)(datos)(-) (enter) —> reemplaza los datos en la fila asignada
 - (#)(-) (enter) —> checar columnas
 - (P)(numero)(-) (enter) —> imprime desde las fila asignada hasta el final del archivo
 - (S)(-) (enter) —> salva todas las filas al archivo actual
 - (S)(numero)(-) (enter) —> salva las filas asignadas al archivo actual
 - (Q)(-) (enter) —> salva el archivo actual y sale del editor
 - (N)(-) (enter) —> Sale del editor sin salvar el archivo

****Nota : el comando RETURN se refiere a presionar solamente la tecla -(Enter) para cambiar de una fila a la siguiente, para los demás comandos es necesario presionar el comando y después -(Enter).

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

GV/BASIC

Auto

Rows: 10 EOF: 40 Top Row Cols: 3 File: ejer1.dat '?' FOR HELP

Rows	Lo	EOF
1:	10	45
2:	8	42
3:	9	48
4:	4	45
5:	7	36
6:	7	45
7:	10	45
8:	5	40
9:	9	44
10:	7	41
11:	11	35
12:	10	48
13:	7	45
14:	8	53
15:	7	47
16:	10	45
17:	6	31
18:	7	40
19:	9	62
20:	10	45
1	->	

Al terminar de introducir los datos y terminar el archivo en la pantalla aparecerá en la pantalla END OF FILE (fin del archivo) y en el renglón siguiente aparecerá "1" seguido por una flecha. Presionando la letra "Q" ↵(Enter) se salva el archivo y se regresa al inicio del programa, donde para entrar de nuevo a los submenús de funciones se deberá teclar nuevamente "spmenu" ↵(Enter). Para salir sin salvar el archivo se teclará "X" ↵(Enter).

Para corregir los datos en caso de error se deberá teclar el número en el que está el error. ejemplo: si quiere ir al renglón 25 se teclará de la siguiente forma "25" ↵(Enter) por lo que en el siguiente renglón aparecerá 25->

Para corregir los datos en esta fila se deberá teclar:
 (=)(espacio)(datos)(espacio)(datos)(espacio)(datos) ↵(Enter). Por lo que quedará de la siguiente forma : = 12 34 23 56↵(Enter).
 Si un solo dato es incorrecto en la fila, se deberá introducir nuevamente toda la fila.

Para navegar en el archivo y revisar los datos se deberán usar los comandos (<)(>) (+)(-) etc. Que se describen en la pantalla SPEED COMMANDS

Los datos en la pantalla son de ejemplo solamente. **Notar que las columnas parecen distintas pero en realidad son iguales ya que son 3 columnas con el mismo número de renglones.

EJERCICIO DE CLASE

Para practicar crear el siguiente archivo con los datos que se proporcionan en la siguiente pagina, el archivo se llamará "conejo.dat". Recordar que se debe tener una libreta para apuntar donde y como se llama el archivo a crear.

Este archivo lo utilizará para practicar estadística descriptiva en Excel.

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

Número de fila (40 filas)	Gazapos vivos	Peso al nacer (gr)	Días de lactancia
1	10	45	45
2	8	63	42
3	9	80	48
4	4	70	45
5	7	70	36
6	7	80	45
7	10	52	45
8	5	60	60
9	9	66	44
10	7	76	41
11	11	53	35
12	10	55	48
13	7	66	45
14	6	75	53
15	7	57	47
16	10	60	45
17	6	75	31
18	7	72	40
19	9	56	62
20	10	55	40
21	8	50	60
22	7	52	55
23	9	62	55
24	5	60	50
25	14	46	60
26	12	50	60
27	12	60	44
28	6	75	45
29	7	72	50
30	9	56	71
31	10	55	45
32	8	82	67
33	10	65	60
34	12	60	43
35	7	70	40
36	10	80	50
37	10	70	62
38	9	52	43
39	8	63	60
40	7	56	45

TESIS CON
FALLA DE ORIGEN

Importar

GW BASIC

Acto

---> **FORMAT CONVERT UTILITY** <---

D ocument to ASCII (strip high bits)
 E xternal to STAPAK (Commas->Spaces & generalized cleanup)
 S TAPAK to General (Spaces->Commas)

Which conversion (D,E,S)? E Presionar .(Enter)

Strip characters (<CR>=none)? Presionar .(Enter)

Field Count (<CR>=use 1st row; 0=no check)? A: (nombre de archivo) .(Enter)

Input File (Q=Quit, <CR>=ejel.dat): prueba.prn A: (nombre del nuevo archivo)

Output File: prueba.dat *terminación .DATE:(Enter)

Field Count Error detail Output: S(screen), P(rinter), or Q(uit)? s Presionar "S" esto desplegara la conversion en pantalla

1. Del mismo modo que se inicio el editor se iniciara este subprograma por lo que para este caso se teclara "A" en lugar de "E" esto desplegara la pantalla de conversion de archivos que les ayudara a importar y exportar archivos a stapak.

Para esta practica se utilizara Excel de Office por lo que los archivos que se generen en este programa deberan de ser guardados en el formato de Excel y ademas en otro formato, que sera "texto con formato delimitado por espacios" esto lo dara una terminacion ".prn" al archivo

Importar

1. Iniciar Excel → abrir o crear el archivo, recordando que NWA no acepta nombres de variables, solo datos numericos y que se debera llevar el control de a que variable pertenece cada columna

Terminado el archivo → seleccionar "Archivo" en la barra superior de comandos → seleccionar "guardar" en caso de ser un archivo nuevo, para no perderlo → una vez guardado seleccionar "guardar como" → en formato de archivo seleccionar "Texto con formato delimitado por espacios" (este formato hay que buscarlo en donde se determina si se guarda como word97 o Word 2000, o Rich text format, etc.) → una vez guardado de esta forma Excel te dira que si lo guardas con esta terminacion no sera compatible con Excel, pero con Stapak si lo sera, asi que aceptaras que se guarde de esta forma → cerrar Excel e iniciar NWA.

Nota recuerda que debes apuntar el lugar donde se guarda el archivo. Para que puedas encontrarlo con NWA. En NWA en el menu de "CONVERT" seleccionaremos "E". (Enter) como se ve en la pantalla

→ Strip characters (. (Enter) ninguno) presionar . (Enter) → field count .(Enter) → Input file (Q quit) . (Enter) ultimo archivo que se trabajo para este caso se debe introducir el nombre del archivo que se preparo en Excel con terminacion .PRN → output file A (nombre de archivo nuevo) la terminacion debe de ser .DATE (nota el nombre puede ser el mismo pero la terminacion debe de ser DATE) → Field count error detail output S (screen), P(printer), E (file) or Q (quit) ? (para esta practica presionara "S" .(Enter) esto desplegara como NWA convierte el archivo.

Ejemplo: Working (trabajando) → Done (Hecho)

40 input records read (40 registros de entrada leidos)

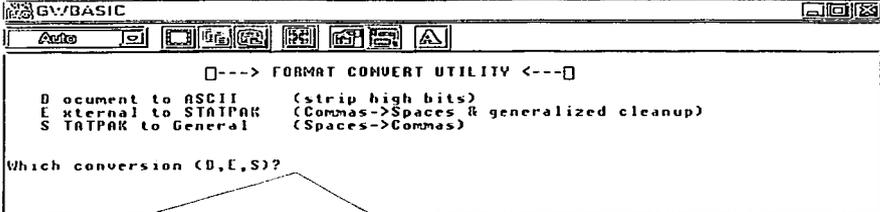
40 output records writ (40 registros de salida escritos)

0 empty records discarded (0 registros vacios descartados) **recordar que NWA no acepta columnas de diferente tamano

Exit Command .(Enter)=sp, R(correr programa de nuevo), S (salida al sistema) or program Speed(. (enter)), para este caso se teclara Speed para volver a entrar al editor y verificar que el archivo este como se necesita para stapak.

TESIS CON
FALLA DE ORIGEN

Exportar



--> **FORMAT CONVERT UTILITY** <---

D ocument to ASCII (strip high bits)
E xternal to STATPAK (Commas->Spaces & generalized cleanup)
S TATPAK to General (Spaces->Commas)

Which conversion (D,E,S)?

Exportar
Para exportar seleccionar la letra "D" Documento to ASCII (Documento a ASCII)
↵(Enter), esto desplegará el siguiente mensaje : Document File Q(quit), ↵(Enter)=
Ultimo archivo trabajado: Aquí introducir el nombre del archivo que se quiere exportar
ejemplo A: (nombre del archivo) ↵(Enter) → se despliega en pantalla la
conversión del archivo. Ejemplo:
Working..... (trabajando)
Done! (Hecho!)
89 Characters processed (89 Registros procesados)
0 Characters converted (0 Registros convertidos)
Exit commands: ↵(Enter) = SP, R (rerun), S (system) or program -- aquí seleccionar "S"
↵(Enter) , para salir de NWA e iniciar Excel para trabajar con el archivo convertido a
ASCII.
Si se usan versiones anteriores de Excel quizás no se necesiten estos pasos, ya que Excel
al igual que los programas de Office leen el código ASCII.
Iniciar Excel 2000 → abrir → buscar archivo (recordar que se debe
tener bien ubicado el archivo para no perder tiempo → abrir → esto despliega el
asistente para importar texto (paso 1 de 3) → paso 1 : elegir "de ancho fijo" los
campos están alineados en columnas con espacios entre uno y otro → Paso 2 :
seleccionar "siguiente" → Paso 3 : Seleccionar "general" y hacer clic en "finalizar".
→ esto despliega el archivo en Excel y ya podemos trabajar con el .

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

Estadística descriptiva

A = Utilidades de archivos
B = Utilidades Matemáticas
C = Calcular probabilidad
D = Estadística de una sola variable
E = Funciones de distribución
F = Regresión y correlación
G = Pruebas de medias y análisis de Xi Cuadrada
H = Estadística no paramétrica
I = Análisis de varianza
S = sp comando de entrada al paquete Statpak
X = Salir del programa

Presionar la letra de la función deseada y automáticamente pasará a la pantalla de la función que se desea realizar (para el caso de esta practica se seleccionara D= Single-variable (estadística de una sola variable)). Recordar que no es necesario presionar Enter. Esto desplegará el menú de estadística de una sola variable (como se puede ver en la pantalla siguiente).

A = Estadística descriptiva
B = Histograma de frecuencia
C = Conteo rapido de frecuencia
D = Media generalizada
E = Marcadores estandarizados
R = regresar al menu principal
S = SP Entrar al programa Statpak de nuevo
X = Salir al sistema
 Seleccionar la función deseada. No se necesita enter. Para esta práctica seleccionaremos "A" esto desplegará la siguiente pantalla.

Al seleccionar "A" se desplegará la pantalla con los comandos de estadística descriptiva. El programa desplegará una serie de preguntas como: muestra o población, archivo a trabajar etc. Como se ve en la pantalla siguiente, en los recuadros se encuentran las respuestas para que el programa realice los cálculos.

TESIS CON FALLA DE ORIGEN

MS-DOS 2.00 - C:\>

Auto [F2] [F10] [F11] [F12] [F13] [F14] [F15] [F16] [F17] [F18] [F19] [F20]

Selectionar "S" (Enter) el programa entenderá que esto es una muestra

[] --- DESCRIPTIVE STATISTICS ---

Sample or Population Statistics (S,P) ?

of Fields to process (<CR>=1:1) ?

Input File (Output, <CR>=hered1.dat): hered1.dat

2 Data Field(s)

2 File Columns in hered1.dat

Field Assignment(s) (<CR>=1:1): 1 2

Output: S(screen), P(Enter), F(file), or b... ?

Introducir el numero de la columna a trabajar dependerá de las variables que queremos calcular

Nombre del archivo a trabajar

Números de campos a procesar, teclear el numero de columnas que contiene el archivo

Seleccionaremos "S" (screen) (Enter) esto desplegará los resultados en pantalla (como se muestra en la pantalla siguiente).

1)DISV 2)RUN= 3)LOAD" 4)SAVE" 5)SIGN"= 6)"UP" 7)IRON= 8)I

MS-DOS 2.00 - C:\>

Auto [F2] [F10] [F11] [F12] [F13] [F14] [F15] [F16] [F17] [F18] [F19] [F20]

* = SAMPLE Statistics

FILE COLUMN = 1

Data Elements (N): 8 Sum: 8440 Min: 1048 Max: 1069

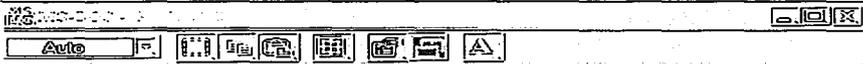
* Arithmetic Mean:	1055
* Standard Deviation:	6.502747
* Variance:	42.28572
* Standard error:	2.299068
* Coefficient of Variation (%):	.6163741
Harmonic mean:	1054.965
Quadratic mean (RMS):	1055.018
Geometric mean:	1054.982
* Third Moment about the mean:	309.4286
* Fourth moment about the mean:	6030.286
* Coefficient of skewness:	1.125304
* Coefficient of kurtosis:	3.372489

 NOTA IMPORTANTE:
 Entregar reporte de la práctica.

Presionar Enter para pasar a la siguiente columna (variable)

Holding... [F2] [F10] [F11] [F12] [F13] [F14] [F15] [F16] [F17] [F18] [F19] [F20]

TESIS CON
 FOLLA DE ORIGEN



* = SAMPLE Statistics

FILE COLUMN = 2

Data Elements (N): 8 Sum: 8389 Min: 1040 Max: 1059

Arithmetic Mean: 1048.625
Standard Deviation: 7.209864
Variance: 51.98215
Standard error: 2.549072
Coefficient of Variation (%): .6875541

Harmonic mean: 1048.582
Quadratic mean (RMS): 1048.647
Geometric mean: 1048.603
Third Moment about the mean: 30.68304
Fourth moment about the mean: 3664.57
Coefficient of skewness: .0818886
Coefficient of kurtosis: 1.358172

[Output] [Screen] [Printer] [File] or [Quit]

[LIST] [RUN] [LOAD] [SAVE] [SHOW] [COPY] [PRINT] [STOP] [KEY] [SCREEN]

Significado de los estimadores en español.

Sample statistics = Estadística de muestras

File Column = Columna número

Data elements = Numero de elementos

Sum = suma

Min = Mínimo

Max = Máximo

Arithmetic mean = Media aritmética

Standard deviation = Desviación Estándar

Variance = Varianza

Standard error = Error estándar

Coefficient of variation = Coeficiente de variación

Harmonic mean = Media harmónica

Quadratic mean = Media cuadrática

Geometric mean = Media geométrica

Third moment about the mean = 3er. Momento de la media

Fourth moment about the mean = 4o. momento de la media

Coefficient of Skewness = coeficiente de Skewness

Coefficient of Kurtosis = Coeficiente de kurtosis

Holding..... = Esperando

TESIS CON
FALLA DE ORIGEN

Bibliografía consultada para esta práctica

1.- Lopez B.B., Chavez G. Ma. E., 1994. Manual de uso del Paquete estadístico "NWA STATPAK", para la materia de Genética en la Carrera de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Facultad de Estudios Superiores Cuautitlan, UNAM . México

2.- Paquete Estadístico "NWA-STATPAK", Copyright © 1983, NorthWest Analytical, Inc.
Portland, Oregon, USA

PRACTICA 2. LEYES DE MENDEL

Introducción

Antes de las investigaciones del monje austriaco, los científicos habían realizado cruzamientos con la finalidad de determinar el fenómeno de la herencia, esto es, la transmisión de características de generación a generación en una familia. Observaron las semejanzas entre progenitores y descendientes, pero obtuvieron resultados confusos, dado que la progenie tenía rasgos parecidos a uno u otro progenitor (1,2).

Gregorio Mendel (1822-1884) monje agustino de Austria estudió primero la transmisión de caracteres individuales en el chícharo (*Pisum sativum*) cruzando plantas que diferían principalmente en un carácter. Otros aspectos importantes de su metodología fueron: seleccionar un rasgo en particular que demostraba claramente las diferencias (forma de la semilla, color de la semilla, color de la cubierta, forma de la vaina, color de la vaina, posición de la flor y longitud del tallo), antes de realizar sus cruza con las plantas, se aseguró que estas fueran variedades puras, realizó registros de cada planta experimental contando las diferentes clases de individuos producidos en cada cruzamiento, de este modo pudo cuantificar la información y observó la trayectoria de la transmisión de cada rasgo en cada grupo experimental de plantas después de un número de generaciones(1,2,3).

En un experimento Mendel estudió la herencia de la textura de las semillas cruzando plantas que producían semillas lisas con plantas que producían semillas rugosas. Los resultados obtenidos fueron: todas las plantas híbridas de la primera generación filial (F_1) producían semillas lisas, tanto si la planta de semilla lisa era el progenitor femenino o el progenitor masculino. El aspecto rugoso parecía haber sido suprimido por la dominancia de la forma lisa. Mendel encontró que los siete caracteres que había seleccionado para su estudio, se

comportaban de esta forma; en cada caso solamente uno de los dos rasgos comparados aparecía en los híbridos F_1 . Gregorio Mendel llamó a este rasgo *dominante*, y sus alternativas los llamó *recesivos* estableciendo la *1ª Ley de Dominancia y recesividad*. Mendel realizó cruzamientos entre variedades que se diferenciaban en un solo carácter. Siempre llegó al mismo resultado: todos los individuos de la F_1 eran semejantes a uno solo de sus progenitores; dejar reproducirse a estos individuos F_1 por autofecundación, y así obtener una segunda generación (F_2), los dos caracteres opuestos que presentaban los progenitores reaparecen en los distintos individuos de esta; pero de tal modo, que las $\frac{3}{4}$ partes de ellos se parecen a los de la F_1 y solo $\frac{1}{4}$ de los individuos presentaban el carácter del otro progenitor, es decir, el carácter que había desaparecido en la F_1 . La proporción fenotípica 75% : 25% o bien 3:1 y la proporción genotípica de 25% homocigóticos dominante; 50% heterocigóticos; 25% homocigóticas recesivas o 1:2:1, se mantiene siempre igual en las cruza entre individuos monohíbridos en los que hay dominancia de un carácter. El análisis de los resultados anteriores, condujo a Mendel a elaborar una hipótesis conocida como la *2ª Ley de la segregación y recombinación*: “Cada carácter está controlado por un par de genes, que se separan durante la meiosis al formarse los gametos. En el momento de la fecundación se unen los gametos y los genes, y sus alelos se vuelven a recombinar al azar” (1,2,3).

Los experimentos de Mendel descritos hasta el momento se referían a la herencia de expresiones alternativas de un solo carácter (cruza monohíbrida) pero ¿Qué sucedía cuando los caracteres se consideraban simultáneamente?. Él realizó cruza entre plantas contrastantes en dos características a la vez; cruzó una variedad de chícharo de semillas redondas y amarillas con otra variedad de semillas rugosas y verdes. Los dos pares de genes (gen que codifica la forma

de la semilla y gen que codifica el color de la semilla) se localizaban en pares de cromosomas distintos y no estaban ligados(1,2,3).

Los progenitores tenían el genotipo AAbb y aabb, se obtuvo una F_1 en donde el 100% de los individuos eran redondos y amarillos, AaBb. Mendel permitió que las plantas dihíbridas F_1 se autopolinizaran (en cada una de estas plantas se pueden formar cuatro tipos diferentes de gametos: AB, Ab, aB y ab). De esta forma, se infiere que durante la fecundación de dos plantas dihíbridas de la F_1 al unirse los gametos al azar, existen 16 posibilidades de recombinación. Al realizar el análisis matemático de la F_2 la proporción fenotípica fue: 9/16 redonda-amarilla, 3/16 redonda-verde, 3/16 rugosa-amarilla, 1/16 rugosa-verde (9:3:3:1) (1,2,3).

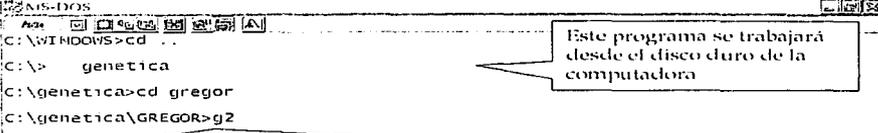
De los resultados anteriores se establece que los pares de genes para las características de forma y color se heredan separadamente, es decir, se segregan independientemente en los gametos. La 3^a Ley de Mendel o Ley del Sorteo Independiente establece entonces que *“Cuando dos o más pares de genes se segregan simultáneamente, la distribución de cualquiera de ellos es al azar y de forma independiente respecto a los otros”*(1,2,3).

Objetivos

- Comprobar la Ley de la Segregación y recombinación utilizando una sola característica a partir del uso del programa Gregor (G2).
- Demostrar la ley de la Sorteo Independiente a través del cruzamiento entre dos poblaciones homocigóticas para dos características utilizando el programa Gregor (G2).
- Corroborar mediante la prueba de χ^2 que las proporciones observadas en F_2 son iguales que las proporciones esperadas.

Metodología

1 Metodología a seguir en la computadora:

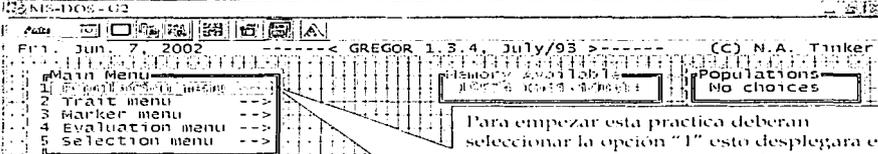


```
MS-DOS
C:\WINDOWS>cd ..
C:\> genetica
C:\genetica>cd gregor
C:\genetica\GREGOR>g2
```

Este programa se trabajará desde el disco duro de la computadora

1.- Para entrar al programa Gregor en MS DOS: realizará el mismo procedimiento que se utilizó en NWA por lo que seguiremos estas instrucciones, una vez que haya localizado el directorio en el que se encuentra el programa "Gregor" se teleará C:>cd Genética ↵(Enter) → esto accederá al directorio C:>Genética / → por lo que se teleará cd Gregor ↵(Enter) → esto accederá al directorio del programa Gregor → telear G2. ↵(Enter) → esto abrirá la pantalla de trabajo de Gregor.(como se muestra en la siguiente pantalla).

Nota: recordar que el comando ↵(Enter) se refiere a presionar la tecla de Enter, no a escribirlo



```
MS-DOS - G2
Fri Jun 7 2002 ----- GREGOR 1.3.4, July/93 ----- (C) N.A. Tinker
Main Menu
1 Population menu -->
2 Trait menu -->
3 Marker menu -->
4 Evaluation menu -->
5 Selection menu -->
```

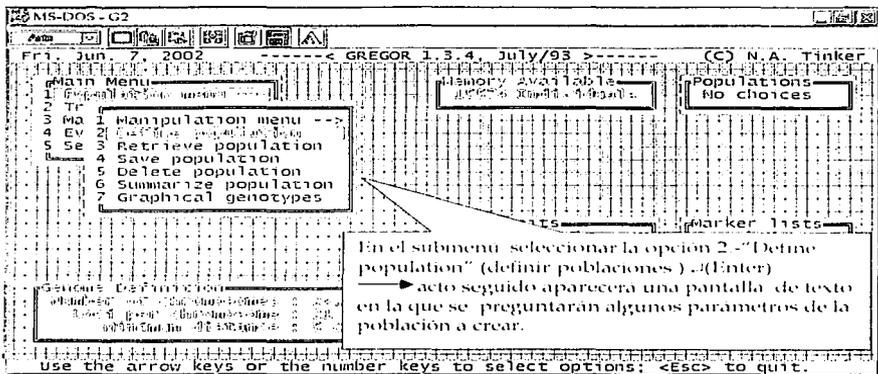
Para empezar esta practica deberan seleccionar la opción "1" esto desplegara el Ter submenu de poblaciones (como se muestra en la pantalla siguiente. Para navegar en los menus utilizar las teclas de flecha o los números, presionar ESC para salir o regresar al menú anterior.

Recordar que una vez que seleccione la opción en cada submenu se debe presionar Enter, para que aparezca la ventana siguiente

Este es el menú principal y contiene las opciones siguientes:
Population menu = Menú de poblaciones
Trait menu = Menú de Características
Marker menu = Menú de Marcadores
Evaluation Menu = Menú de Evaluación
Selection Menu = Menú de Selección

Use the arrow keys or the number keys to select options; <Esc> to quit.

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**



TESIS CON
FALLA DE ORIGEN

MIS-DOS - C2

File Edit View Help

Fri, Jun. 7, 2002 GREGOR 1.3.4, July/93 (C) N.A. Tinker

Text Window

Please enter a name for this population = introducir nombre de nueva población
 "P1".(Enter)
 How many individuals would you like to define = Número de individuos: " 1 " (enter)
 Enter an option for the random creation of genotypes = introduzca una opción para la
 creación al azar de genotipos (seleccionar la opción "3" solid alleles at every locus.)
 Al terminar regresaras a la pantalla de menús anterior, donde de la misma manera se
 creara otra población con el nombre "P2".
 Como se muestra en la pantalla siguiente.

Recuerda que no tienes que teclear las comillas de los comandos o datos

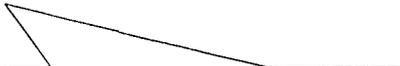
Nota: el nombre de las poblaciones puede ser elegido al gusto del usuario, recordando llevar un registro de cómo se llama cada población

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

```

-----
1. Definición de la población "p1"
2. Definición de la población "p2"
3. Definición de la población "p3"
4. Definición de la población "p4"
5. Definición de la población "p5"
6. Definición de la población "p6"
7. Definición de la población "p7"
8. Definición de la población "p8"
9. Definición de la población "p9"
10. Definición de la población "p10"
-----

```

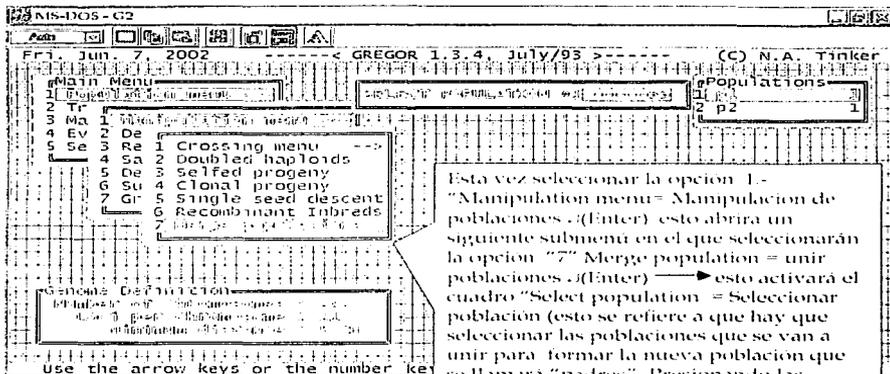


Para la siguiente población de nombre "p2" se repetirán los mismos pasos que se siguieron para crear la población "p1". El programa regresará al 1er submenú. Elegirá entonces la opción 2.- Definición de la población. Aparecerá una pantalla en la cual le preguntarán:
 El nombre de la población es: P2 (Enter)
 Número de individuos: 1 (Enter)
 El genotipo de este progenitor será: indicar el "4" de "sombreados" (Enter) al terminar este paso el programa regresará a la ventana de submenús.

Como se puede ver en el cuadro de poblaciones se han creado dos poblaciones hasta el momento "p1" y "p2".
 Nota: las letras pueden ser mayúsculas o minúsculas.

**TESIS CON
 FALLA DE ORIGEN**

UNIÓN DE PROGENITORES:



**TESIS CON
FAJTA DE ORIGEN**

MIS-DOS-02

FR: JUN. 7, 2002 ----- GREGOR 1.3.4, July/93 ----- (C) N.A. Tinker

Text Window

Merge population = Unir Poblaciones
 "p1" and "p2" will be merged = "p1" y "p2" serán unidas

A new population will be created = una nueva población será creada
 Please enter a name for this population = por favor introduzca un nombre para esta población → introduciremos el nombre "padres" ↵(Enter)

Al presionar la tecla ↵(Enter) el programa regresa a la ventana de menús en que se ha venido trabajando.

En el cuadro de poblaciones se puede ver que se ha creado una población mas "padres" con lo que son tres las que se han creado hasta ahora .

TESIS CON
 FALLA DE ORIGEN

VISUALIZACIÓN DE GENOTIPOS DE LOS PROGENITORES:

```

NIS-DOS - C2
Fri Jun 7 2002 10:00:00 AM GREGOR 1.3.4 July/93 (C) N.A. Tinker

Main Menu
1 Population menu
2 File
3 Ma 1 Manipulation menu -->
4 EV 2 Define population
5 Se 3 Retrieve population
6 4 Save population
7 5 Delete population
8 6 Summarize population
9 7 Graphical genotypes

Populations
1 p1
2 p2

Traits
No cho

Marker lists
No choices

Genome Definition
Name: set
Parent:
Child:

```

Presionando la tecla "Esc" regresamos al 1er. Submenu de menu de poblaciones → esta vez seleccionar la opción "7" "graphical genotypes" = graficación de genotipos ↵(Enter) esto activará el cuadro de selección de poblaciones → esta vez seleccionar "PADRES" ↵(Enter) (como se ve en la parte superior derecha de esta pantalla) → esto desplegará la pantalla de graficas de genotipos en la que navegaran presionando cualquier tecla del tablero y para salir presionaran la tecla "ESC". Al terminar de ver las graficas el programa regresa a la ventana de menus.

Recordar que se navega en las opciones con las teclas de flecha y una vez seleccionada la opción se presiona " ↵(Enter) ".

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

FORMACIÓN DE F₁

GENES-DOS-G2

Fr1, Jun. 7, 2002 GREGOR 1.3.4, July/93 (C) M.A. Tinker

Main Menu

- 1 Crossing menu
- 2 Traits
- 3 Populations
- 4 Marker lists
- 5 De
- 6 Ma
- 7 Se

Sub-menu 1: Crossing menu

- 1 Random mating
- 2 Chain crosses
- 3 Full diallel
- 4 Design II
- 5 Backcrosses

Sub-menu 2: Populations

p1	1
p2	1
populations	

Sub-menu 3: Traits

No choices

Sub-menu 4: Marker lists

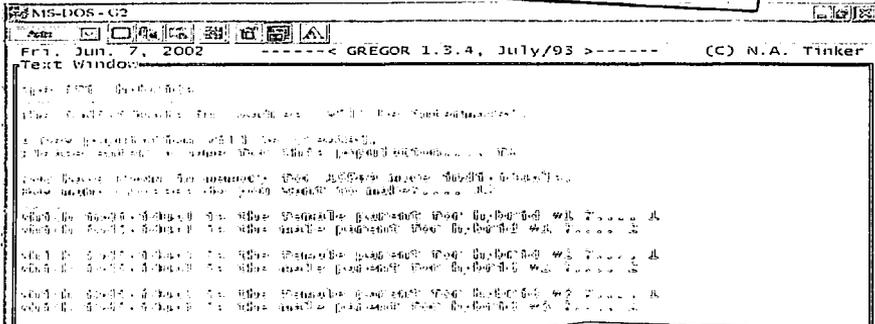
No choices

Use the arrow keys or the number keys to select to quit.

Para la formación de la generación "F₁" partirán del 1er. Submenu del menú de poblaciones → elegir la opción 1- Manipulación de poblaciones ↵(Enter) y aparecerá el 2º submenu del cual seleccionara la opción 1- Crossing menu =menú de cruzamientos ↵(Enter) , aparecerá entonces el 3er. Submenu, del cual elegirá la opción 1-"crossing hybrids" = híbridos específicos ↵(Enter) → esto activará la ventana de selección de poblaciones en la cual elegirán la población "padres" ↵(Enter) → esto desplegará la pantalla que se muestra en la página siguiente

TESIS CON
FALLA DE ORIGEN

TESIS CON FALLA DE ORIGEN



Se deben introducir los parametros que el programa solicita → Aparecerán las siguientes preguntas:

The individuals in "padres will be intermated = Los individuos en "padres " serán cruzados.

A new population will be created = una nueva población será creada.

Please enter a name for this population = introduzca un nombre para la nueva población → la designaran "1" ↵(Enter)

How many crosses do you want to make = ¿Cuántas cruzas se realizarán? "12" (en monohibridismo), "32" (en dilhibridismo) ↵(Enter)

Which individual is the female parent for hybrid #1 = ¿Qué individuo es la madre del híbrido #1 ? → en este caso seleccionar "1" ↵(Enter)

Which individual is the male parent for hybrid#1 = ¿Qué individuo es el padre del híbrido #1 ? → en este caso seleccionar "2" ↵(enter)

Which individual is the female parent for hybrid #2 = ¿Qué individuo es la madre del híbrido #2 ? → en este caso seleccionar "1" ↵(enter)

Which individual is the male parent for hybrid#2 = ¿Qué individuo es el padre del híbrido #2 ? → en este caso seleccionar "2" ↵(enter)

Which individual is the female parent for hybrid #3 = ¿Qué individuo es la madre del híbrido #3 ? → en este caso seleccionar "1" ↵(enter)

Which individual is the male parent for hybrid #3 = ¿Qué individuo es el padre del híbrido #3 ? → en este caso seleccionar "2" ↵(enter)

Repetir este procedimiento hasta completar los doce cruzamientos (la cantidad de cruzamientos dependerá de la cantidad de cruzas que se seleccionaron; por este caso fueron 12 .

Al terminar de introducir los padres el programa regresa a la ventana de menús.

FORMACIÓN DE F₂

The screenshot shows the GREGOR 1.3.4 software interface. The main window displays a 'MATH MENU' with the following options:

1	Pr	1	Pr
2	Tr	2	Tr
3	Ma	3	Ma
4	EV	4	EV
5	Se	5	Se
6	Sa	6	Sa
7	De	7	De
8	Re	8	Re
9	Do	9	Do
0	Se	0	Se
1	Cl	1	Cl
2	Cl	2	Cl
3	Cl	3	Cl
4	Cl	4	Cl
5	Cl	5	Cl
6	Cl	6	Cl
7	Cl	7	Cl
8	Cl	8	Cl
9	Cl	9	Cl
0	Cl	0	Cl

Below the menu, there are several sub-menus:

- 1 specific hybrids
- 2 crosses in lines
- 3 Chain crosses
- 4 Full diallel
- 5 Design II
- 6 Backcross

On the right side, there is a 'Populations' window showing a list of populations:

#Populations	1
P1	1
P2	1
padres	1
P3	1

Below the populations list, there is a 'Marker lists' window showing 'no choices'.

At the bottom of the screenshot, there is a text box with the following text:

Para la creación de la generación "f2" desde el submenú del menú de cruzamientos (como se muestra en la pantalla) → seleccionar la opción "2" "random matings = cruzamientos al azar." (Enter) → al activarse el cuadro de selección de población en la parte superior derecha → seleccionar la población "P1" (Enter) (como se muestra en la pantalla) → esto desplegará la pantalla de cruzamientos al azar.

The screenshot shows the GREGOR 1.3.4 software interface. The main window displays the 'Text Window' with the following text:

```

Wed, Jul 1, 24, 2002 -----< GREGOR 1.3.4, July/93 ----- (C) N.A. Tinker
Text Window:
-----
Enter the number of
crosses to be made: 100
Enter the number of
populations to be used: 2
Enter the number of
crosses to be made: 100
Enter the number of
populations to be used: 2
  
```

At the bottom of the screenshot, there is a text box with the following text:

Esta vez el nombre de la nueva población será "f2" (Enter) → how many crosses do you want to make = ¿Cuántas cruces se realizarán? 100 (en monohibridismo), 160 (en dihibridismo) (Enter).

Como se muestra en la pantalla, una vez que haya terminado de introducir la cantidad de cruces (dependiendo si es monohibridismo o dihibridismo) el programa regresará a la ventana de menús en la que se ha estado trabajando.

TESIS CON
FALLA DE ORIGEN

9.- VISUALIZAR GENOTIPOS DE F₁ Y F₂

Empezar desde el 1er. Submenu del menu de poblaciones → seleccionar la opcion "7" gratificacion de genotipos → analizarán los resultados en la visualizacion de genotipos.

NOTA: Recordar que los datos que se muestran en las pantallas del manual sólo son ejemplos y que quizás no coincidan con los datos que se proporcionan en este manual para la realización de la práctica. Sin embargo los datos para la práctica si deben de coincidir con los datos que aparecen en tu pantalla de la computadora. Este programa se utilizará también para la práctica "3" así que trata de entender su manejo lo mejor posible.

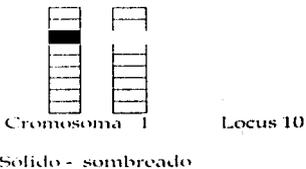
TESIS CON
FALLA DE ORIGEN

II.- VISUALIZACION GRAFICA DE GENOTIPOS F1 Y F2

En el caso de monohibridismo será de la siguiente forma

Característica: Color de pelo en conejos

Cromosoma: 1 Locus 10 Alelos A.- Blanco (Sólido "solid") a.- negro (sombreado "dotted")



Alelo A a

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

Genotipo del individuo 1: Aa

Fenotipo del individuo 1: Pelo blanco

Realizar de esta forma la interpretación de cada uno de los individuos.

La lectura de los genotipos en el caso de Dihibridismo será de la siguiente forma

Característica: color de pelo en conejos. Cromosoma 1 y el gen está localizado en el locus 10.

Alelos A.- Pelo blanco (sólido) a.- Pelo negro (sombreado)

Característica: longitud de pelo en conejos: Cromosoma 2 y el gen está localizado en el locus 19.

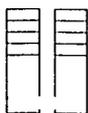
Alelos B.- Pelo Corto (sólido) b.- pelo largo. (sombreado)



Cromosoma 1 Locus

Sólido-sombreado

A - a



Cromosoma 2

sombreado - sombreado

b - b

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

Locus 19

Entonces el genotipo del individuo 1 será : Aabb

Con fenotipo : pelo blanco-pelo largo

Realizar de la misma forma la lectura de cada uno de los genotipos y fenotipos de los demás individuos.

III.- Análisis estadístico

Determinar si se cumplen en el caso de monohibridismo las proporciones fenotípicas (3:1) y genotípicas (1:2:1) en F_2 y en dihibridismo las proporciones fenotípicas (9:3:3:1) en F_2 utilizando la prueba estadística X^2

IV.- Ejercicio.

1 - Utilizando el programa Gregor obtenga los genotipos para el siguiente ejercicio de monohibridismo:

Característica: forma de la pata en cerdos.

Cromosoma 1. Locus: 10

Alelos: G: pata de mula g.- pata hendida (normal).

2.- Obtenga una F_1 con 12 individuos y una F_2 con 100.

3.- Considerando las siguientes dos características en bovinos, obtener los genotipos para una F_1 con 32 individuos y una F_2 con 120.

Características color de la capa, localizado el gen en el cromosoma 1, locus 10.

B- Negro b.- rojo

Característica cuernos, localizado el gen en el cromosoma 2, locus 20

R.- ausencia de cuernos r.- presencia de cuernos.

4.- Utilizar la prueba estadística de χ^2 para comprobar si se cumplen o no las proporciones fenotípicas y genotípicas.

5.- Entregar reporte de la práctica.

Bibliografía consultada para esta práctica

1.- Bourdon, M. R. 1997. Understanding animal breeding. Ed. Prentice Hall. United States of America.

2.- Griffiths, A. 1998 An Introduction to Genetic Analysis. Ed. W.H Freeman and Company. 5a. Edition. . United State of America.

3.- Nicholas, F.W. 1990. Genética Veterinaria. Ed. Acribia.. España.

4.- Van Vleck, D.L. 1987. Genetics for the Animal Science. Ed. W.H. Freeman and Company. United State of America.

5.- Finker, N.A., 1993, Gregor 1.3.4 , Software for genetic simulation, McGill University

PRÁCTICA 3 GENÉTICA DE POBLACIONES

Introducción

Genética de poblaciones es el estudio del comportamiento de los genes de las poblaciones. Una población genética se define como un grupo de individuos que comparten un mismo grupo de genes. En consecuencia, entre dichos individuos existen relaciones genéticas que confieren a la población características propias que la hacen diferente (1).

Para definir una población es necesario determinar en ella los genes, los genotipos, los fenotipos y sus frecuencias(1).

La frecuencia genotípica o cigótica es la proporción de un genotipo dado con respecto al total de los individuos (genotipos) que componen la población.(1,2).

La frecuencia génica o gamética es la proporción que guarda un gen en relación a la totalidad de los genes de la población(1,2,3).

La frecuencia fenotípica es la proporción de individuos en una población que poseen un fenotipo particular. Esta es la frecuencia que podemos observar y medir directamente(3).

La frecuencia genotípica es probablemente la más útil, puesto que es usualmente muy fácil calcular la frecuencia de los genes y la fenotípica a partir de la frecuencia genotípica (3).

En una población de individuos diploides, refiriéndose con esto a un solo locus autosómico A , en el que hay solamente dos alelos por locus A y a , se pueden encontrar tres genotipos en la población: AA , Aa y aa . El número de cada uno de los genotipos equivale al número real de individuos de las tres clases de fenotipos si no hay dominancia, es decir, que cada genotipo sea fenotípicamente distinguible(1,2,3).

El número total de individuos de la población se considera N y el número de cada genotipo se considera: N₁= AA, N₂= Aa y N₃= aa. Partiendo de la estructura de una población, para un solo par de genes alelomórficos: AA x aa, la frecuencia genotípica en F₁ es igual a Aa= 100%, la frecuencia génica en F₁ es igual a A= 50% y a= 50 %. Al realizarse el cruzamiento de F₁ x F₁ la frecuencia genotípica en F₂ es: AA= 25 %, Aa= 50% y aa=25%; la frecuencia génica en la F₂ es igual a: A=50% y a=50%(1,2,3).

En genes codominantes los porcentajes de AA, Aa y aa se pueden representar:

P = frecuencia de AA

H = frecuencia de Aa

Q = frecuencia de aa

Y el cálculo de las frecuencias génicas a partir del número de individuos se realiza a través de las siguientes fórmulas:

$$p = \frac{P + \frac{1}{2} H}{N}$$

$$q = \frac{Q + \frac{1}{2} H}{N}$$

El cálculo de las frecuencias genotípicas se hará con el desarrollo del binomio:

$$(p + q)^2 = p^2 + 2pq + q^2$$

Donde:

P² = AA

2pq = Aa q² = aa

En genes codominantes la obtención de las frecuencias génicas se efectúa a partir del genotipo recesivo con la fórmula siguiente:

$$q = \frac{Q}{N} \quad \text{Por lo tanto el valor de P será:}$$

$$p+q=1$$

$$p=1-q$$

Ley del equilibrio de Hardy-Weinberg

La observación de que para cualquiera de los valores de f_A y f_a las frecuencias genotípicas permanecen constantes a partir de la primera generación de apareamiento aleatorio, llevó a Hardy en Inglaterra y en forma independiente a Weinberg en Alemania, ambos en 1908, a establecer el principio básico de la genética de poblaciones conocida como "ley de Hardy-Weinberg", la cual establece que en poblaciones grandes o teóricamente de tamaño infinito, cuyos individuos se aparean siempre al azar, cualquiera que sean el genotipo y la frecuencia génica con que se parta, una población alcanzará un equilibrio génico y genotípico después de una generación de apareamiento aleatorio, contando con la ausencia de fuerzas ajenas a la población como son: selección, mutación, migración, deriva genética y apareamiento no aleatorio (3).

A través del desarrollo del binomio $(p+q)^2 = p^2 + 2pq + q^2$ En donde p y q son las frecuencias de los genes A y a y los genotipos son representados por $p^2 (AA), 2pq (Aa), q^2 (aa)$, a través de esta fórmula se pueden calcular las frecuencias aproximadas de diferentes alelos y las frecuencias genotípicas determinando si se encuentra en equilibrio la población(3).

Objetivos:

- Demostrar que en una población de tamaño grande las frecuencias génicas se mantienen constantes de generación en generación y el equilibrio Hardy-Weinberg se establece en una sola generación de apareamiento aleatorio (en ausencia de migración, mutación y selección).
- Determinar el valor de las frecuencias génicas y genotípicas en cada una de las generaciones de apareamiento aleatorio en una población grande.

Metodología:

1 Metodología a seguir en la computadora:

1. Seguir el procedimiento empleado en la práctica "Leyes de Mendel" para la creación de las siguientes poblaciones:

- a) Progenitor 1 : P1, 1 individuo
- b) Progenitor 2 : P2, 1 individuo
- c) Padres : 2 individuos
- d) F1 : 1 población de 20 individuos

2.- A partir de esta F1, crear una nueva población F2 (al azar)

- a) A partir del submenú de cruzamiento, elegir la opción "random" asignándole 100 individuos a esta población.
- b) Repetir el mismo procedimiento para F3 y F4, cada una de 100 individuos.

3.- Visualizar gráficamente las poblaciones creadas. Considerando cuantificar en el cromosoma 2 locus10, la frecuencia génica y genotípica de cada población tomando en cuenta como ejemplo que en el ganado Shorthorn:

GENOTIPO : RR ES ROJO
Rb ES ROANO
Bb ES BLANCO

Localizando en el cromosoma 2 locus 10 el gen que codifica el color de pelo en bovinos cuyos alelos son A - Rojo a - Blanco y siendo este un caso de herencia codominante.

Anotar los genotipos de los 100 individuos considerando los siguientes:

Genotipo - Fenotipo

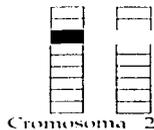
AA - Rojo

Aa - Ruano

aa - Blanco

Cromosoma: 2 Locus 10

Alelos A.- (Sólido "solid") a.- (sombreado "dotted")



Cromosoma 2

Locus 10

Sólido - sombreado

Alelo A a

Genotipo del individuo I: Aa

Fenotipo del individuo I: Ruano. Así para cada uno de los individuos.

5 -Resultados: Determinar el valor de las frecuencias génicas y genotípicas en cada una de las generaciones creadas.

6.- Entregar reporte de la práctica

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

Bibliografía consultada para esta practica

- 1.-Falconer, D.S. 1978. **Introducción a la Genética Cuantitativa**. C.I.C.S.A.
- 2.-Nicholas. F.W. 1990. **Genética Veterinaria**. Ed. Acribia.. España.
- 3.-Spide, P. Rothschild; M; Wundor, W. 1984. **Genética Aplicada**. Facultad de Medicina veterinaria y Zootecnia. U.N.A.M.
- 4.-Tinker N.A., 1993, **Gregor 1.3.4** , Software for genetic simulation, McGill University copyright 1993

PRACTICA 4. FACTORES DE AJUSTE

Introducción

Los datos que se generan en una explotación pueden hacerse más útiles para ser usados en selección si se remueven los efectos de los ambientes permanente y temporal que se conozcan, como son: sexo, edad, peso del animal, edad de la madre, tipo de nacimiento o cría, época de parto, entre otros. Lo anterior se logra mediante una manipulación estadística de los datos en función de una base común o estándar, llamada ajuste de datos(2).

Por ejemplo en una explotación comercial de ganado porcino el peso del animal a una cierta edad es un carácter de importancia económica que está influido por muchos factores ambientales como el efecto del mes y del año de nacimiento del animal. Estos datos de peso a una edad estándar no están ajustados para algunos factores importantes. Para eliminar estas influencias se deberá proceder a estimar la magnitud de los efectos de estos factores sobre un determinado peso. Esta estimación se puede realizar mediante programas estadísticos elaborados para tal finalidad. Si se desea comparar jóvenes reproductores de una misma temporada, posiblemente solo se necesitará obtener los factores de ajuste para número de parto y para un peso estándar pero, si la evaluación es de sementales, se necesitará disponer de factores de ajuste para sexo de los hijos, año de nacimiento, mes de nacimiento, número de parto de la madre etc.(3).

El ajuste más simple que se puede hacer es ver las desviaciones de los promedios del hato o usar razones relativas al promedio del hato(2,3).

Desviación = (Dato - Media del hato) o Razón = (Dato / media del hato) x100

Esto evita muchos de los efectos de manejo, sin embargo es necesario ajustar por otros efectos dependiendo de la especie, la función zootécnica y de la base o estándares de la característica que se ajusta(1,2,3).

Dos tipos de ajuste de datos son utilizados usualmente. Estos son Aditivos y multiplicativos. Los ajustes Aditivos se usan cuando los cambios en respuesta son curvilíneos y los multiplicativos cuando los cambios son lineales, en muchos casos suelen combinarse los dos tipos de ajuste(1,2,3).

Ajuste Aditivo: Dato Ajustado = Dato + Factor de Ajuste.

Ajuste Multiplicativo: Dato Ajustado = Dato x Factor de Ajuste.

Como en todo proceso en estadística los datos ajustados pueden ser inexactos si no se utilizan apropiada y cuidadosamente. Todos los ajustes tienen rangos efectivos de utilidad para los cuales son buenos, por lo que se debe tener cuidado en su uso. Es deseable que los ajustes sean sencillos y seguros. Si uno calcula los factores de ajuste, entonces se debe asegurar de tener suficiente cantidad de datos de tal manera que el ajuste sea cercano al valor real, como ejemplo en la especie ovina, supongamos que se desea ajustar el peso de cuatro corderos de la raza Suffolk a 120 días. Los datos se muestran en el cuadro 1 (1,2,3).

Dado que la velocidad de crecimiento varía de una región a otra o de un país a otro, el tipo de ajuste deberá ser multiplicativo y que permita corregir en este caso: por sexo, tipo de parto y madre madura. La ecuación respuesta por Spide y et al., (1984), es la siguiente:

$$P_A(120D) = \frac{P \times 120}{E} \times FA$$

Donde: $P_A(120D)$ es, Peso Ajustado a 120 Días; P es el peso en kilogramos en la E edad en días; FA significa Factor de Ajuste.

Cuadro 1. Peso, sexo, edad, tipo de parto y edad de la madre de cuatro corderos de la raza Suffolk

CORDERO	PESO (KG)	SEXO	EDAD (DÍAS)	TIPO DE PARTO	EDAD MADRE
A	35	H	112	Sencillo	< 2 años
B	36	M	114	Doble	2 años
C	32	H	110	Triple	3 a 6 años
D	38	M	118	Doble	> 6 años

Así se tiene que para el cordero A, su peso ajustado a 120 días es:

$$P:A(120D) = \frac{35 \times 120}{112} \times (1.22) = 45.7 \text{ Kg}$$

En el cuadro 2, se muestran los resultados de los pesos ajustados a 120 días de los cuatro corderos y se incluye los valores de los factores de ajuste usados para corregir por edad de la madre, tipo de parto y sexo del cordero.

Cuadro 2. Peso, sexo, edad, tipo de parto y edad de la madre de cuatro corderos de la raza Suffolk, factores de ajuste y peso ajustado a 120 días.

CORDERO	PESO (KG)	SEXO	EDAD (DÍAS)	TIPO DE PARTO	EDAD MADRE	FACTOR DE AJUSTE*	PESO AJUSTADO
A	35	H	112	Sencillo	< 2 años	1.22	45.7
B	36	M	114	Doble	2 años	1.09	41.3
C	32	H	110	Triple	3 a 6 años	1.22	42.6
D	38	M	118	Doble	> 6 años	1.09	42.1

*Los factores de ajuste fueron tomados de Spide y col. (1984).

En la especie bovina, el ganado lechero normalmente debe ser ajustado para producción de leche y grasa en función de la duración de la lactación, edad de la vaca y número de ordeños por día. En la raza Holstein los ajustes se hacen con base a 305 días de duración de la lactación, 2 ordeños por día y a un equivalente maduro, en ocasiones se ajusta a un porcentaje

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

determinado de grasa. Los datos del cuadro 3. corresponden a cinco vacas Holstein con dos ordeños diarios.

Cuadro3. Edad, días en producción, producción de leche, producción de grasa y % de grasa de 5 vacas Holstein a 2 ordeños diarios.

VACA	EDAD (AÑOS)	DIAS EN PRODUCCIÓN	PRODUCCIÓN DE LECHE (KG)	PRODUCCIÓN DE GRASA (KG)	% DE GRASA
A	4	300	7856	287	3,7
B	2,5	290	6768	243	3,6
C	3	295	7112	273	3,8
D	3,5	298	7285	277	3,8
E	5	301	8949	314	3,6

La ecuación modificada, para hacer el ajuste contiene factores multiplicativos y aditivos (Laslev, 1970)

Calculo del valor de leche corregido de grasa

$$LCG(4\%) = \frac{305((PL \times FA_L) + (PG \times FA_G))}{DP} \times FA_{EM}$$

Donde: LCG(4 %) es leche corregida de grasa al 4 %; PL, PG y DP son producción de leche, producción de grasa y días en producción respectivamente; FA_L es el factor de ajuste para leche; FA_G es el factor de ajuste para grasa y FA_{EM} es el factor de ajuste para equivalente maduro.

Así para la vaca A, el valor de leche corregida de grasa al 4 %, 305 días, dos ordeños y equivalente maduro sería:

$$LCG(4\%) = \frac{305((7856 \times 0,4) + (287 \times 15))}{300} \times 1,08 = 8177,2$$

Los demás resultados se muestran en el Cuadro 4.

Cuadro4. Edad, días en producción, producción de leche, producción de grasa, % de grasa, factores de ajuste y leche corregida de grasa al 4% de 5 vacas Holstein a 2 ordeños diarios

Vaca	Edad (años)	Días en Prod.	Prod. de Leche (Kg)	Prod. de Grasa (Kg)	% de Grasa	Factor de ajuste* Leche	Factor de ajuste* Grasa	Factor Ajuste EM	Leche Corregida Grasa 4% (Kg)
A	4	300	7856	287	3,7	0,4	15	1,08	8177,2

B	2.5	290	6768	2.13	3.6	0.4	15	1.24	8284.1
C	3	295	7112	273	3.8	0.4	15	1.18	8466.6
D	3.5	298	7285	277	3.8	0.4	15	1.12	8103.3
E	5	301	8919	314	3.5	0.4	15	1.02	8567.8

*Laisley, (1970).

Los factores de ajuste sirven para remover los efectos ambientales que el criador conoce y que pueden afectar la comparación de registros entre animales. Los mejores ajustes se logran cuando se remueven, precisamente esos efectos, lo que implica un amplio conocimiento de todos los factores ambientales que influyen y como lo hacen. Para ello debe contarse con una gran cantidad de información útil; de no existir esta información para desarrollar sus propios factores de ajuste, la alternativa de usar los publicados por otros autores pueden ser de utilidad a sabiendas que no son los mejores ajustes(1,2,3).

Objetivos:

- * Aprender el manejo de archivos con diferentes tamaños
- * Efectuar el ajuste de datos con el uso de Excel y NWA

Metodología

1.-, En este ejercicio se trabajará simultáneamente con el programa de Excel en el que se creará un archivo con dos formatos, el formato regular Excel (.xls) y el formato para importar a NWA (.prn) y NWA para el análisis de los datos, por ello en el primer programa (Excel) crear un archivo exclusivamente numérico con los datos proporcionados en la siguiente tabla.

*Nota. Los datos en esta tabla aparecen en dos secciones la sección sombreada es continuación de la "no sombreada" y esta colocada de esta forma por cuestiones de espacio.

Recuerden anotar los nombres de las variables y a que columna pertenecen cada una.

ejemplo: (8255)(espacio)(1)(espacio)(4)(espacio)(185) —► por lo que quedará: 8255 1 4 187

Nombres de las variables de las cuatro columnas:

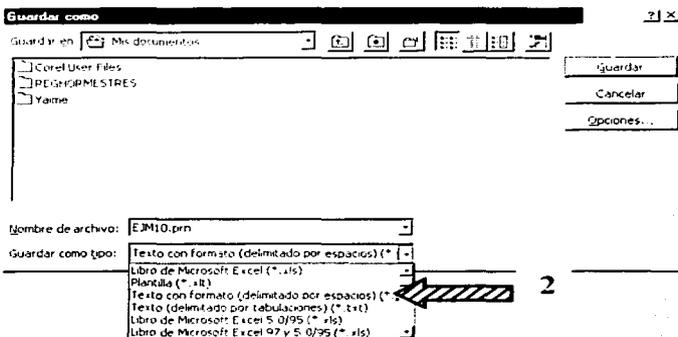
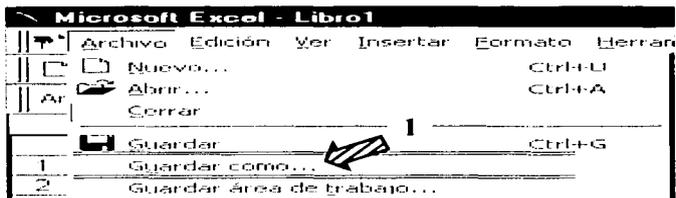
Producción total	Parto	Época	Días de producción
------------------	-------	-------	--------------------

PROD. TOTAL	PAR TO	EPO CA	DIAS EN PROD.	PROD. TOTAL	PAR TO	EPO CA	DIAS EN PROD.
8255	1	4	185	9191	4	3	340
8410	1	4	287	9215	5	2	300
8417	1	3	187	9244	5	1	369
8450	1	2	241	9289	5	4	298
8530	1	1	223	9330	5	3	305
8558	2	4	219	8276	1	2	195
8578	2	3	193	8302	1	4	196
8614	2	1	225	8438	1	4	190
8701	3	4	262	8513	1	3	198
8736	3	3	190	8555	2	2	213
8796	3	2	193	8576	2	1	196
8863	3	1	159	8592	2	3	183
8954	4	4	237	8648	2	2	206
9017	4	3	243	8714	3	1	203
9058	4	2	325	8774	3	4	204
9156	4	1	330	8830	3	3	270
9203	5	4	288	8928	3	2	294

9241	5	3	281
9284	5	2	317
9329	5	1	339
8263	1	3	333
8289	1	1	290
8418	1	2	184
8471	1	1	201
8542	2	4	196
8559	2	3	195
8582	2	2	182
8617	2	4	201
8708	3	3	225
8737	3	2	211
8813	3	1	193
8909	3	4	272
8963	4	3	305
9029	4	2	287
9073	4	1	295
9179	4	4	308
9207	5	3	293
9244	5	2	310
9287	5	1	287
9330	5	4	300
8361	1	1	306
8588	2	1	184
8420	1	1	201
8498	1	4	194
8552	2	3	202
8567	2	2	189
8591	2	4	191
8640	2	3	196
8710	3	2	182
8761	3	1	187

8986	4	1	311
9044	4	4	271
9116	4	3	302
9195	4	2	281
9215	5	1	314
9264	5	4	277
9292	5	3	298
9334	5	2	301
8341	1	2	318
8327	1	3	189
8444	1	3	195
8514	1	2	206
8556	2	1	133
8577	2	4	232
8612	2	2	184
8660	2	1	190
8725	3	4	193
8795	3	3	240
8843	3	2	186
8935	3	1	251
9001	4	4	283
9053	4	3	286
9130	4	2	313
9200	4	1	311
9235	5	4	297
9284	5	3	295
9293	5	2	290
9342	5	1	305
8920	3	3	313
8981	4	2	309
9043	4	1	312
9089	4	4	294
8823	3	4	294

2.-Guardar el archivo 2 veces : la 1)guardar del modo usual para Excel, una vez guardado 2) se ejecuta la opción GUARDAR COMO del menú ARCHIVO, al abrir el cuadro de diálogo de esta opción, activar GUARDAR COMO TIPO: donde se buscará el listado: TEXTO CON FORMATO (DELIMITADO POR ESPACIOS) (*.PRN) y dar ACEPTAR. Los pasos antes mencionados se muestran gráficamente a continuación:



recordar que el archivo con el formato .prn se debe de guardar en el directorio de NWA, ya sea en el disquete o en el disco duro dependiendo de en que estas trabajando.

TESIS CON
FALLA DE ORIGEN

3.- Salir de Windows y entrar a NWA donde se procederá a importar el archivo creado en Excel y guardado como *.prn. (práctica 1 uso del programa NWA en el laboratorio de genética animal – apartado Importación de archivos.)

- Archivo de entrada: EJM10.prn
- Archivo de salida: EJM10.DAT

NOTA: Debe tenerse cuidado con las extensiones de trabajo, recordando que si no se le asigna la extensión .dat al archivo, el programa no lo podrá encontrar.

4.-Una vez realizada la importación, el archivo puede trabajarse normalmente en NWA. El siguiente paso es llevar a cabo una regresión lineal múltiple por lo que se recurrirá al CAPITULO VIII: CORRELACIÓN Y REGRESION LINEAL apartado C) REGRESION LINEAL MULTIPLE en la pág: 120. Considerando:

- ¿Número de variables independientes? 3

5.-De los resultados mostrados por el programa copiar los correspondientes a los coeficientes: B0, B1, B2 y B3 . (en NWA se le asignan los B0,B1,B2,B3 a los coeficientes por lo que al pasarlos a Excel solo apuntar el valor numérico para no confundir con la asignación de celdas que da Excel).

Si el procedimiento se efectúa correctamente el programa desplegará una pantalla, como la que se muestra a en la pagina siguiente:

Del cual se anotarán los coeficientes de B0,B1,B2,B3, recordando que las terminaciones B0,B1,...etc no significan que sean la identificación de las celdas en Excel, pero si para identificar a que variable pertenecen.

TERM	COEFFICIENT	STD. ERROR	T-STATISTIC	PART. CORR	CONTR. R-SQ
B 0	8214.333	58.35723	140.7595	---	---
B 1	192.6395	9.68303	19.89455	0.9706	0.6746
B 2	-50.58559	9.056171	-5.58589	0.7222	0.8532
B 3	-615.1198	.2346379	2.621571	0.3642	0.0117
	SUM SQ	DEG FR	MEAN SQ		
DUE TO REGRESSION	1012389	3	337463		
ABOUT REGRESSION	21140.31	12	1761.692		
TOTAL	1033529	15	68901.96		
R-SQUARED:	.9795456	CORRECTED R-SQUARED:	.9746319		
F-T STAT:	191.5562	STD ERROR OF REG:	41.97252		
<input type="checkbox"/> Output <input type="checkbox"/> S(screen), P(printer), or Q(quit)?					

Nota : Los datos en las pantallas solo son de ejemplo.

6.- Salir de NWA, y regresar a Excel para trabajar en el archivo guardado con la extensión *.xls

7.-La fórmula para llevar a cabo el ajuste de datos es la siguiente:

$$Y_{ijkl} = (b_0 + b_1X_1 + b_2X_2 + b_3X_3)$$

DONDE:

Y_{ijkl} = Producción total ajustada a 305 días

b_0 = Coef. de producción total

b_1 = Coef. de regresión del n° de parto (variable independiente)

b_2 = Coef. de regresión de la época (variable independiente)

b_3 = Coef. de regresión de días en producción (variable independiente)

X_1 = N° de parto

X_2 = N° de época

X_3 = Días en producción

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

FA = 305 días

8.- En base a la fórmula antes citada se agregará al archivo una columna más donde se escribirá la siguiente notación matemática que nos permitirá llevar a cabo el ajuste de datos:

$$Y_{ijkl} = (((b_0) + (b_1 \cdot B1) + (b_2 \cdot C1) + (b_3 \cdot D1)) / D1) \cdot 305$$

donde : b_0, b_1, \dots etc. Corresponden a los datos numéricos obtenidos en NWA y $B1, C1, D1$ corresponden a las variables independientes que en este caso serán, parto, época y días en producción respectivamente (recordando que las letras mayúsculas y números de cada variable dependerán de en donde están trabajando las columnas en Excel).

Por lo que la fórmula en la columna que se creará deberá de ser similar a la siguiente:

$$Y_{ijkl} = (((\text{Coef. prod total}) + (\text{Coef. parto} \cdot \text{1er celda colum. parto}) + (\text{Coef. época} \cdot \text{1er celda colum época}) + (\text{Coef. Días prod.} \cdot \text{1er celda colum. días prod.})) / \text{1er celda colum. días prod.}) \cdot 305$$

$$\text{EJEMPLO: } = (((8214.333) + (192.6295 \cdot B1) + (-50.58559 \cdot C1) + (0.6151198 \cdot D1)) / D1) \cdot 305$$

9.- Una vez obtenidos estos resultados efectuar el análisis de la practica

10.- Entregar un resumen de la misma .

Bibliografía consultada para esta práctica :

- 1.-Lasley, J. 1970. Genética del mejoramiento del ganado. 2ª Ed. UTEHA. México.
- 2.-Lopez, B. 2000. Apuntes de Mejoramiento Genético Animal. Facultad de Estudios Superiores Cuautitlan. U.N.A.M México.
- 3.-López, B. 2002 "Tres ensayos " Factores de ajuste ""Repetibilidad""Interacción Genotipo Ambiente" Facultad de Estudios Superiores, UNAM. México.
- 4.-Spide, P. Rothschild; M; Wundor, W. 1984. Genética Aplicada. Facultad de Medicina veterinaria y Zootecnia.

PRACTICA 5. HEREDABILIDAD
(Modelo de regresión lineal)

Introducción

La heredabilidad es la fracción de la varianza fenotípica observada, que resulta de las diferencias en herencia entre los genes y las combinaciones de éstos en los genotipos individuales como unidad. Este es el concepto de heredabilidad en el sentido amplio, en el cual se considera la varianza hereditaria como la suma de las varianzas genéticas aditivas que se deben a la dominancia, y las epistáticas (3).

$$h^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2}$$

En sentido estrecho la heredabilidad se define como el cociente de la varianza genética aditiva sobre la varianza fenotípica:

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2}$$

La varianza asociada con los efectos aditivos promedio, cuya suma incluye todos los loci que determinan un cierto carácter, se denomina varianza genética aditiva. La definición de heredabilidad, como una proporción de la varianza fenotípica causada por efectos aditivos de genes, es de gran importancia en la estimación del progreso genético logrado en los programas de selección. Este concepto de heredabilidad es el empleado en las investigaciones, ya que está dada en función de la varianza aditiva y los efectos aditivos de genes que se transmiten a la

progenie y no así las combinaciones o interacciones de genes, las cuales desaparecen en el proceso de meiosis y aparecen nuevas combinaciones aleatorias en la progenie (2).

La definición de heredabilidad en sentido estricto requiere la estimación de la varianza aditiva y la varianza fenotípica. La varianza aditiva debe ser estimada de la correlación entre animales agrupados por parentesco y la varianza fenotípica directamente de la población. Estos métodos se basan en agrupaciones de parentesco tales como los padres e hijos, hermanos carnales, medios hermanos y gemelos idénticos(1).

El proceso estadístico para estimar la heredabilidad a través de la regresión de la progenie sobre los progenitores empieza por la obtención de medidas de los caracteres, tanto en los progenitores, como en los hijos. Se hacen las correcciones de las medidas que se relacionan con influencias como la edad, o el sexo, cuando existe la probabilidad de que éstas afecten las mediciones. La suma de los productos de las observaciones pareadas x para los padres, y y para la descendencia, se divide por los grados de libertad $(n-1)$ para obtener una estimación de la covarianza entre los progenitores y los hijos. La descendencia recibe la mitad de su material genético a partir del padre, y se espera que la covarianza entre el padre y su descendencia incluya la mitad de la variación genética aditiva del carácter en cuestión. Se obtiene la varianza de las mediciones hechas sobre los padres, y la regresión de la progenie sobre los padres representa un medio de la heredabilidad. Dado que la relación sólo se da con uno de los padres, se necesita multiplicar por dos para calcular la heredabilidad(1,2,3).

$$h^2_{\text{A}} = \frac{\text{Cov}_{\text{yx}}}{\sigma^2_{\text{A}}} = \frac{\sum V_i Y_i - (\sum V_i)(\sum Y_i)}{\sum V_i^2 - \frac{(\sum V_i)^2}{n}} = h^2 = b \text{ y}^* x$$

En la estimación de la Heredabilidad a través de la regresión de la progenie sobre el promedio de los progenitores, la información se obtiene de la población promedio de la característica observada en los padres de un animal y en sus descendientes (1,2,3).

La estimación del Error estándar (E.E) se realiza con la siguiente fórmula:

Progenie - Progenitor

$$E.E.(f\hat{h}^2) = \frac{4}{n-2} \left[\frac{VarY}{VarX} - b_{yx}^2 \right]$$

Progenie - Promedio de los progenitores

$$E.E.(f\hat{h}^2) = \frac{1}{n-2} \left[\frac{VarY}{VarX} - b_{yx}^2 \right]$$

Objetivos

- Estimar el valor de heredabilidad a través del método de regresión para una característica común a los dos sexos y para una característica limitada a un solo sexo usando el programa estadístico NWA.

Metodología :

1.- En el programa NWA crear 2 archivos los cuales corresponderán:

- 1) una característica de interés zootécnico común a los 2 sexos, como es el peso del ganado raza Hereford, el cual se llamará EJM2.DAT así como una característica limitada a un solo sexo, siendo ésta la producción de leche, el cual se denominará EJM3.DAT. En el primer caso la información corresponde al peso promedio de los progenitores y la progenie y en el segundo ejemplo a la información de progenie - progenitor(madre) .

CARACTERISTICA COMUN A 2 SEXOS	CARACTERISTICA LIMITADA A UN SOLO SEXO
PESO RAZA HEREFORD A LOS 24 MESES DE EDAD. (Kg)	PRODUCCION TOTAL DE LECHE RAZA BROWN SUIZO (Kg)/305 días

	PADRES	HIJOS
1	477	474
2	476	476
3	478	478
4	479	480
5	481	479
6	480	482
7	480	473
8	481	473
9	483	476
10	483	480
11	479	477
12	477	475
13	480	479
14	481	474
15	478	480
16	481	480
17	480	477
18	479	478
19	479	475
20	481	473
21	481	479

	MADRE	HIJA
1	5804	5191
2	7366	7164
3	7421	5816
4	6548	5887
5	6637	6701
6	7933	6155
7	7308	5996
8	6762	6323
9	8790	7344
10	7033	7003
11	6106	5435
12	8757	7332
13	8720	6454
14	7817	6631
15	7454	5527
16	7604	6359
17	8555	5639
18	7424	6066
19	6307	5286
20	6091	6777
21	6664	6558

22	481	476
23	480	475
24	479	477
25	477	473
26	481	473
27	479	474
28	479	479
29	484	477
30	485	479
31	482	476
32	476	475
33	478	474
34	482	480
35	481	475
36	479	478
37	482	482
38	481	478
39	481	479
40	483	478
41	479	478
42	481	478
43	482	475
44	479	478
45	483	473
46	483	476
47	482	476
48	481	475
49	480	476
50	482	480

22	8982	8247
23	7027	6283
24	8674	6234
25	5899	5524
26	7314	7082
27	7469	6588
28	7881	6689
29	6100	6359
30	8497	6554
31	8528	6723
32	7585	6713
33	6143	5801
34	7405	7405
35	8467	6927
36	8747	7530
37	8857	7107
38	6863	6362
39	7030	5914
40	6670	6917
41	7204	6335
42	7613	5890
43	8006	6332
44	8354	5194
45	8784	6994
46	7128	6085
47	7363	6033
48	7073	7161
49	7521	6530
50	7832	5746

2.-Efectuar el análisis de regresión conforme lo indica el capítulo VIII del manual de uso del paquete estadístico "NWA Statpak", específicamente en el apartado B) REGRESIÓN LINEAL (pag. 115) teniendo cuidado de trabajar archivo por archivo. Las variantes a considerar corresponden a:

- ¿Máximo nº de pares de datos ? 50 ↴
- Seleccionar regresión . Lineal (Y/N) Y ↴ (las demás N)
- ¿Omitir datos detallados? (Y/N) Y ↴

3.- Interpretar los resultados obtenidos

4.- Entregar Reporte de la practica

Bibliografía consultada para esta práctica

1.- Falconer, D.S. 1978. Introducción a la Genética Cuantitativa. C.E.C.S.A.

2.- Herrera, H. 1986. Introducción al Mejoramiento Genético Animal. Colegio de Postgraduados, Centro de Ganadería, Chapingo, México.

3.- Warwick, E; Legates, J. 1980. Cría y Mejora del ganado. 3ª ed. Ed. Mc Graw Hill, México.

PRÁCTICA 6. HEREDABILIDAD

(MODELO DE ANDEVA)

Introducción

La estimación del índice de herencia o heredabilidad se calcula utilizando la similitud observada en productividad de parientes y al comparar ésta con la similitud que esperamos porque ellos tienen algunos genes iguales(1).

Los medios hermanos tienen sólo una cuarta parte de sus genes en común. Por lo general, se utilizan los medios hermanos que descienden de padres en común, debido a que los que descienden de madre común pueden presentar influencia de efectos maternos (2).

En la estimación de la heredabilidad usando medios hermanos paternos, la información es obtenida cuando un número s de machos es apareado en forma aleatoria a h hembras y se obtiene un descendiente por cada hembra, cuyo modelo estadístico es:

$$Y_{ij} = \mu + S_i + E_{ij} \quad i = 1, 2, \dots, s$$

$$j = 1, 2, \dots, p$$

donde:

Y_{ij} = Observación de la j -ésima prole del i -ésimo macho.

μ = Media poblacional.

S_i = Efecto del i -ésimo macho.

E_{ij} = Error aleatorio.

Se realiza el análisis de varianza por medio del cual la varianza fenotípica se divide en componentes observables atribuibles a diferencias entre machos (σ_s^2) y a diferencias entre la

progenie, dentro de machos (σ_f^2). Observar el Cuadro 1 en el cual se muestra la forma del análisis de varianza correspondiente al modelo anterior(1,2,3).

Cuadro 1. Forma de análisis de familias de medios hermanos y de hermanos carnales			
Fuente	Grados de libertad	Cuadrado Medio	Composición del cuadrado Medio
Entre machos	s-1	CM_s	$= \sigma_E^2 + k \sigma_s^2$
Dentro de progenies	s(p-1)	CM_E	σ_E^2

s= número de machos
 p= número de descendientes por macho
 k= número de descendientes por hembra

(Falconer, 1978)

Para estimar k se usa la siguiente ecuación: $k = \frac{1}{s-1} (n_{..} - \sum \frac{n_i^2}{n_{..}})$

donde:

$n_{..}$ = numero total de progenie

n_i = numero de progenie por macho

s = numero de machos

El paso siguiente consiste en deducir las conexiones existentes entre las componentes observables que han sido estimadas usando los datos y las componentes causales, en particular la varianza aditiva. La estima de la varianza fenotípica se da por la suma (σ_f^2) de las tres componentes observables: $V_p = \sigma_f^2 = \sigma_s^2 + \sigma_E^2$.

La heredabilidad seria igual:

$$h^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_f^2}$$

La Heredabilidad puede tener valores de 0 a 1.0, y este valor en particular para un carácter es válido dentro de una población dada, y en un momento determinado. La varianza genética aditiva está asociada con la frecuencia génica de los genes que determinan el carácter. La importancia de la heredabilidad radica principalmente en los programas de mejoramiento genético, ya que cuando se elige a los mejores animales para que funcionen como padres, el avance o el cambio que se espere es la fracción heredable (la Heredabilidad en sentido estricto) de la superioridad de los padres sobre el promedio de la población a la que pertenecen (1,2,3,4).

Para estimar el Error Estándar del coeficiente de heredabilidad estimado a partir de la componente del macho, se puede usar la fórmula siguiente:

$$E.E.(h^2) = 4 \frac{2(1-t)[1+(\rho-1)t]^t}{\rho(\rho-1)(s-1)}$$

donde p es el número de descendientes por macho y t es la correlación intraclase

$$t = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma^2 F}$$

Objetivos

- Estimar el valor de Heredabilidad en una población de animales a través de la correlación intra clase entre medios hermanos.

Metodología:

1.- En el programa NWA crear 2 archivos los cuales corresponderán:

- 1) una característica de interés zootécnico con el registro de medios hermanos, diseño balanceado), el cual se llamará EJM4.DAT así como un diseño desbalanceado, que deberá capturarse en diferentes archivos acorde al número de individuos por columna, lo cual implica seccionar el archivo en 5 partes los cuales se denominarán: EJM5.DAT, EJM6.DAT, EJM7.DAT, EJM8.DAT, EJM95.DAT

Diseño Balanceado

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

Producción promedio diaria de leche de las hijas de 6 sementales

S1	S2	S3	S4	S5	S6
35.4	29.8	31.5	26.0	31.8	32.4
37.5	21.6	28.4	30.3	21.6	31.9
31.5	27.6	28.6	29.3	25.9	30.4
31.3	31.9	26.7	26.6	24.8	32.7
37.9	28.2	27.4	25.9	22.5	35.3
32.9	26.6	27.7	29.4	24.5	34.4
37.3	29.0	31.9	25.3	22.1	32.5
38.9	23.8	28.1	14.5	29.3	34.0
35.1	20.1	26.4	30.8	23.3	31.8
37.7	23.8	32.4	27.4	27.1	37.1
37.2	28.1	40.0	19.3	31.1	32.8
29.1	26.6	31.3	33.4	33.7	28.7
34.1	34.7	24.5	26.0	27.2	28.2
30.6	31.4	33.8	29.2	32.7	31.2
33.9	27.8	26.3	31.9	24.4	23.1
30.4	23.2	29.4	29.8	26.4	31.8
38.2	33.2	31.7	36.2	22.4	30.7
32.3	34.6	35.5	37.3	29.9	33.6

34.1	33.3	32.6	32.1	34.5	36.2
36.4	37.7	30.7	36.2	33.3	30.1
28.2	28.0	31.7	28.6	34.1	32.4
24.2	29.0	24.6	35.3	34.8	34.3
23.8	23.0	30.9	29.2	29.8	36.4
29.6	21.7	28.1	30.3	33.5	32.4
31.3	34.3	30.1	24.8	27.2	34.4
36.0	30.8	30.8	32.0	30.1	37.6
29.3	27.5	26.3	32.7	27.7	29.9
32.7	31.8	27.5	31.6	30.5	32.3
30.7	31.8	25.0	28.7	28.1	25.4
25.1	32.2	29.7	28.5	27.3	34.4
29.1	25.5	29.7	24.6	28.0	33.3
31.7	34.0	31.1	33.0	34.6	27.4
34.4	26.5	30.6	28.1	35.1	24.0
30.3	32.1	26.5	24.4	31.9	24.4
29.4	27.3	26.5	23.6	33.0	26.3
31.8	31.9	31.5	32.4	30.0	26.9
26.1	30.6	35.6	29.2	24.5	34.8
25.1	30.9	32.3	29.0	29.9	34.3
31.0	26.9	25.4	29.4	22.5	31.3
35.4	27.4	34.4	29.7	28.8	31.7
36.5	28.8	33.3	28.8	29.6	35.6
33.8	31.6	27.4	34.4	25.9	38.4
36.2	26.1	24.0	28.2	34.8	36.1
33.8	31.1	24.4	30.6	26.5	35.6
33.2	33.5	26.3	29.8	31.1	33.0
35.6	24.4	26.9	31.5	30.6	32.9
40.3	28.2	34.8	22.7	26.5	33.9
36.2	28.2	29.6	28.3	26.5	31.3
35.6	28.0	25.9	38.5	31.5	34.7
34.7	29.7	34.8	31.5	35.6	33.0

Solo se creará un archivo con las 6 columnas

Nota : recordar anotar el nombre de los archivos que se vayan creando tanto en diseño balanceado como en el desbalanceado.

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

Diseño Desbalanceado

Peso en Kg. de los hijos de 10 sementales a los 24 meses de edad

T1	T2	T3	T4	T5	T6	T7	T8	T9	T10
389.2	395.1	418.2	445.9	452.5	455.8	458.5	463.8	469.1	497.9
395.1	419.1	423.6	427.7	441.3	443.6	446.9	449.1	459.3	476.4
418.2	423.6	419.4	436.0	437.4	441.6	452.2	463.6	474.5	486.2
445.9	427.7	436.0	421.0	421.6	427.6	452.9	490.6	494.1	526.8
452.5	441.3	437.4	421.6	439.5	443.4	466.8	487.2	488.5	503.1
455.8	443.6	441.6	427.6	443.4	463.7	502.3	507.9	512.1	518.5
458.5	446.9	452.2	452.9	466.8	502.3	452.2	467.4	468.2	512.4
463.8	449.1	463.6	490.6	487.2	507.9	467.4	422.1	419.5	448.2
469.1	459.3	474.5	494.1	488.5	512.1	468.2	419.5	527.2	538.2
497.9	476.4	486.2	526.8	503.1	519.5	512.4	448.2	423.7	538.2
386.2	401.0	405.1	422.9	438.7	446.8	449.3	484.9	503.7	511.1
401.0	410.4	422.1	441.7	441.8	451.5	466.3	487.6	510.0	519.9
405.1	422.1	424.7	426.6	434.2	450.7	471.6	450.1	510.0	517.6
422.9	441.7	426.6	425.5	432.2	441.4	441.8	459.4	451.4	490.6
438.7	441.8	431.1	432.2	441.3	446.6	456.0	492.9	476.1	491.2
446.0	451.5	450.7	441.4	446.6	483.7	484.1	502.7	515.0	537.7
449.3	466.3	471.6	441.8	456.0	484.1	502.0	492.9	521.1	527.5
450.1	459.4	462.0	483.6	484.9	487.6	487.9	510.0	502.7	514.3
440.7	451.4	461.3	476.1	483.6	503.7	510.0	519.9	515.0	521.1
422.0	440.7	490.6	491.2	511.6	514.7	517.6	420.9	527.5	537.7
428.9	506.8	466.0	447.6	488.2	464.4	441.7	480.9	510.5	456.7
488.5	486.1	381.1	476.7	447.9	389.0	427.1	474.4	470.7	402.5
421.1	406.2	413.7	415.5	451.8	485.1	410.7	384.5	433.0	511.5
471.7	485.5	467.3	383.7	517.4	502.3	447.3	430.5	475.2	488.3
451.5	476.2	482.0	462.9	450.1	466.4	453.8	450.4	439.4	451.4
426.2		474.2		431.0	417.3	448.7	453.7	455.2	449.0
416.6		480.6		475.5	474.4	465.1	515.7		
522.9		402.4		464.4	424.6	482.3	469.0		
500.0		512.4		536.0	481.9	418.3	495.6		
425.8		463.8		380.5	418.4	421.4	493.1		
		409.6				461.3	412.7		
		504.1				408.5	424.0		
		450.8				518.1	397.4		
		420.7				390.4	430.1		
		421.9				449.3	444.0		
							421.7		
							450.2		
							465.9		

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

Nota : se crearán los archivos tomando las columnas que tengan el mismo número de datos.

2.-Efectuar el análisis de varianza conforme lo indica el capítulo IX del manual de uso del paquete estadístico "NWA Statpak", pág. 130 teniendo cuidado de trabajar archivo por archivo.

Las variantes a considerar corresponden a:

- Número de grupos 10.-
- El nombre del archivo de entrada se repite para el archivo 1 tantos grupos se hallan marcado
- Para el modelo Desbalanceado el número de grupos es el total de columnas del archivo
- El nombre del archivo cambia conforme se vaya avanzando en la lectura de los archivos (5) de tal forma que los resultados en pantalla correspondan a 1 solo archivo aunque estos se hallan capturado por separado

3.- Interpretar los resultados obtenidos

4.- Entregar reporte de la practica

Bibliografía consultada para esta práctica

1.- Falconer, D.S. 1978. Introducción a la Genética Cuantitativa. C.E.C.S.A. México.

2.-López, B. 2000. Apuntes de Mejoramiento Genético Animal. Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán. U.N.A.M México.

3.-López, B. 2002. Tres ensayos " Factores de ajuste ""Repetibilidad""Interacción Genotipo Ambiente". Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán. U.N.A.M México.

4.- Warwick, E; Legates, J. 1980. Cría y Mejora del ganado. 3ª ed. Ed. Mc Graw Hill. México.

PRACTICA 7. REPETIBILIDAD

Introducción

La repetibilidad o índice de constancia, está muy ligado a la heredabilidad, y es útil en los casos de genes que se expresan varias veces durante la vida de un animal, como el rendimiento en leche por lactancia para vacas lecheras; número de hijos por camada y peso total en los cerdos o conejos; y el peso al destete de los corderos o los becerros(2).

En términos generales la repetibilidad (R) se define como la correlación entre medidas (repetidas sobre un mismo individuo, es decir, entre medidas realizadas en dos momentos diferentes de su vida)(1).

Es necesario considerar algunos aspectos sobre la variación ambiental y su subdivisión para comprender el significado de la Repetibilidad. La variación ambiental es toda aquella de origen no genético. Si se realiza más de una observación sobre la misma característica de un animal, una parte de la varianza ambiental es permanente (σ_{ip}^2) en el sentido de que permanece igual durante la vida del animal, afectando a todas las medidas de la misma manera (1,2). Otra parte de la varianza ambiental es temporal (σ_{it}^2) porque afecta a las medidas en forma diferente y con distinta intensidad. Por lo cual la Repetibilidad o correlación intraclase puede expresarse algebraicamente en términos de componentes de varianza como:

$$R = \frac{\sigma_G^2 + \sigma^2_{Ap}}{\sigma_G^2 + \sigma^2_{Ap} + \sigma^2_{At}} = \frac{\sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_E + \sigma^2_{Ap}}{\sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_E + \sigma^2_{Ap} + \sigma^2_{At}}$$

Donde: $\sigma^2_A, \sigma^2_D, \sigma^2_E$ son varianzas de efectos genéticos aditivos, de dominancia y epistáticos respectivamente. Las σ^2_{Ap} y σ^2_{At} son varianzas de efectos ambientales permanentes y temporales respectivamente(1).

La repetibilidad es por lo tanto, la fracción de la variación total del carácter que es debida al genotipo y el ambiente permanente, puede tener valores de 0 a 1. Existe una relación entre la repetibilidad y la heredabilidad de una característica: la primera marca el límite máximo que puede alcanzar la heredabilidad, tienen el mismo denominador y en el numerador esta la componente σ^2_{Ap} que no existe en la heredabilidad en sentido amplio, en sentido estrecho la heredabilidad no posee los componentes de varianza de dominancia, ni de epistasis. Por lo tanto, la heredabilidad de una característica no puede ser mayor que la repetibilidad de la misma, pues no se requiere una estructura familiar como para estimar la heredabilidad(1,2).

Para obtener una estimación de repetibilidad de una característica, se necesita tener datos del comportamiento de un grupo de animales en diferentes momentos de su vida en que expresaron la característica en estudio. Este tipo de datos se ajusta a un modelo lineal como el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + H_i + e_{ij}$$

$$i = 1, 2, \dots, n$$

$$j = 1, 2, \dots, k$$

Donde: Y_{ij} es el valor que expresa la i -ésima hembra H en su j -ésima observación; μ es la medida general; e_{ij} es el error aleatorio de la observación "ij" con respecto a la medida esperada de la hembra "i"(1,2).

La ecuación anterior representa un diseño experimental totalmente aleatorizado el cual puede descomponerse por análisis de varianza en los efectos principales que se muestra en el Cuadro I.

Cuadro 1.- Cuadro de ANDEVA para un modelo totalmente aleatorizado.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD (GL)	SUMA DE CUADRADOS (SC)	CUADRADO MEDIO (CM)	ESPERANZA DE CUADRADO MEDIO
Entre Hembras	n-1	SCH	CMH	$\sigma^2_e + k\sigma^2_H$
Dentro de Hembras (Error)	nk-n	SCE	CME	σ^2_e
Total	nk-1	SCT		

Así del Cuadro 1 se tiene:

$$\sigma^2_E = \text{CME} \quad \text{y} \quad \text{CMH} = \sigma^2_E + k\sigma^2_H$$

Desde el punto de vista genético:

$$\sigma^2_H = \sigma^2_G + \sigma^2_{Ap}$$

$$\sigma^2_E = \sigma^2_{Ar}$$

$$\sigma^2_F = \sigma^2_G + \sigma^2_{Ap} + \sigma^2_{Ar} = \sigma^2_H + \sigma^2_E$$

TESIS CON FALLA DE ORIGEN

Por lo cual la Repetibilidad (R) es:

$$R = \frac{\sigma^2_H}{\sigma^2_H + \sigma^2_E}$$

El Error estándar de la estimación de Repetibilidad (E.E (R)) se calcula mediante la ecuación siguiente:

$$E.E(R) = ((2(1-R)^2(1+(k-1)R)^2)/((k(k-1)(n-1))))^{1/2}$$

Donde: n es el número de hembras y, k el número de observaciones por hembra.

En un diseño balanceado.

Si el diseño no fuera balanceado, k se estimaría:

$$k = \frac{1}{H-1} \left(N - \left(\frac{\sum n_i^2}{N} \right) \right)$$

Donde: H es el número de hembras; N es la suma total de observaciones y n_i , el número de observaciones por hembra(1,2).

La correlación intraclase o repetibilidad es muy importante en la predicción de la producción futura de un animal basada en la información de sus registros actuales, lo cual permite al productor decidir sobre la permanencia de aquellos animales con mayor potencial productivo o en su caso desecharlos. Este índice de constancia o repetibilidad indica la ganancia en precisión en la estimación de una característica cuando se usan más de un registro en el mismo animal. Utilizando el valor de repetibilidad se puede estimar la aptitud probable de producción (MPPA), al obtener estos valores se pueden jerarquizar a los animales de un hato en forma precisa en los casos que se tienen distinto número de registros por animal. Este valor de MPPA de cierta manera corrige por diferencias ambientales entre hatos permitiendo la comparación de los mismos(1,2).

Objetivos

- Calcular el valor de Repetibilidad en una población de cerdas a través de un Análisis de varianza.
- Estimar la aptitud mas probable de producción (MPPA)(Most Probably Production Ability) para cada uno de los individuos.

Metodología:

1.- En el programa NWA crear 1 archivo con los datos que se muestran en el cuadro siguiente :

Modelo balanceado
Lechones nacidos por parto

No. Cerda No. Parto	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	
1o.	8	8	10	6	10		8	9	11	10	11	8	10
2o.	12	9	7	12	12	11	10	10	9	8	6	13	
3o.	10	8	11	13	13	11	10	8	8	11	6	10	
4o.	11	15	9	10	12	11	10	8	4	9	10		
5o.	10	13	1	7	12	7	9	4	11	8	10	11	
6o.	10	9	10	6	9	13	7	7	8	8	11	8	
7o.	12	16	8	7	8	10	7	8	12	13	6	10	
8o.	11	10	13	11	11	10	9	9	10	10	3	10	

Modelo desbalanceado
Lechones nacidos por parto

No. De lechones por parto No. Cerda	1	2	3	4	5	6	7	8
1	11							
2	10	4						
3	13	15	15					
4	14	15	9	13				
5	8	11	11	12	12			
6	12	8	14	12	12			
7	8	13	11	9	8	13		
8	12	6	6	8	6	9	11	
9	8	8	10	8		9	10	9
10	10	11	13	13	8			
11	8	9	9					
12	13	11	14	12	9			
13	12	12						
14	15							
15	8	9	8	9	9	9	11	
16	14							
17	13	9	12	10				
18	13	15	15	14	9			
19	14	14	13					
20	7	13	9	9				

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

2.- una vez creados los archivos:

para el modelo desbalanceado se procederá a realizar el análisis de varianza como se indica en el ejemplo 9-A de la página 129 del manual de NWA STATPAK.

Para el modelo balanceado se procederá a realizar el análisis de varianza como se indica en el ejemplo 9-B de la página 135 del manual de NWA STATPAK.

Nota: si el problema se desarrolla adecuadamente el programa desplegará una pantalla como la siguiente :

SC1	SUM SQUARES	DEG FREEDOM	MEAN SQUARE	SC2
TREATMENT	2.6875	3	.8958333	CM1
ERROR	57.0625	9	6.340278	CM2
TOTAL	59.75			

F-TEST RATIO: .1412924

Output: S(screen), P(printer), F(file), or Q(quit)?

Una vez obtenido estos datos procederán a determinar el indice de repetibilidad en base a las formulas en el cuadro siguiente.

Nota: los datos en esta pantalla solo son para fines didácticos

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

3.- de esta pantalla anotar los resultados en la suma de cuadrados para sustituir los datos en las siguientes formulas y así obtener el indice de repetibilidad.

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD (GL)	SUMA DE CUADRADOS (SC)	CUADRADO MEDIO (CM)	ESPERANZA DE CUADRADO MEDIO
Entre Hembras	c-1	SC1	SC1/g =CM1	$\sigma_w^2 + K_1(\sigma_g^2 + \sigma_{Eh})^2$
Entre datos (Error)	nc-c	SC2	SC2/g =CM2	σ_w^2

Donde :

c = el numero de hembras

K_1 = el numero de partos

n = el numero de animales nacidos

4.- una vez determinado el indice de constancia (R) se procederá a determinar el MPPA Aptitud mas probable de producción (Most Probably Production Ability) con la siguiente formula.

$$MPPA = H + \left[\frac{n(R)}{1+(n-1)R} (\bar{C} - \bar{H}) \right]$$

donde :

\bar{C} = promedio del animal en estudio

H = promedio del Hato

n = # de observaciones por animal

R = Repetibilidad

Para esto deberán determinar el promedio del hato y el promedio de cada animal a analizar.

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

Nota: el MPPA ayudará a hacer selecciones en base a la producción esperada de los descendientes, siempre y cuando los datos que se tengan sean lo mas exactos posibles y durante varios ciclos de producción .

Analizar resultados

Entregar reporte de la práctica.

Bibliografía consultada para esta practica :

- 1.- López, B. 2000. Apuntes de Mejoramiento Genético Animal. Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán. U.N.A.M
- 2.- Warwick,E; Legates,J. 1980. Cría y Mejora del ganado. 3^o ed. Ed. Mc Graw Hill. México.U.N.A.M.

PRACTICA 8. CORRELACIONES GENÉTICAS Y FENOTÍPICAS

Introducción

Existen caracteres de interés económico en los animales que guardan cierto grado de relación o asociación, pueden estar correlacionados positiva o negativamente. El conocimiento del grado o dirección en que dichos caracteres métricos están asociados, permiten al genetista definir los planes óptimos de mejoramiento genético y en particular de selección(1).

En los estudios genéticos se distinguen dos causas de correlación entre los caracteres, la genética y la ambiental. La causa genética es principalmente la pleiotropía, aunque el ligamiento es también una causa transitoria de correlación. La pleiotropía es la propiedad que tiene un gen de afectar a dos o más caracteres, de manera que si el gen se segrega, causa una variación simultánea en los caracteres que afecte. El grado de correlación producido por la pleiotropía expresa la magnitud por medio de la cual dos caracteres están influenciados por los mismos genes. Algunos genes pueden incrementar los valores de ambos caracteres, mientras que otros pueden incrementarlos en uno y disminuirlos en el otro: los primeros tienden a causar una correlación positiva y los segundos una negativa(1,2,3,4).

La asociación entre dos caracteres que puede ser observada directamente y que resulta de una combinación de efectos genéticos y ambientales se le denomina correlación fenotípica. La correlación genética es la correlación entre caracteres aditivos o valores reproductivos y cuya estimación entre dos características medidas en un mismo animal se basa en el establecimiento de agrupaciones de parentesco, las más comunes son: progenie-progenitor, medios hermanos, y

hermanos carnales. La correlación ambiental es la correlación entre desviaciones ambientales en conjunto con desviaciones genéticas no aditivas(1,2,3,4).

Estimación de correlaciones genéticas y fenotípicas utilizando agrupaciones de progenie y progenitores:

Considerando dos características X y Y medidas tanto en los padres (P) como en los hijos (O), entonces la correlación genética se estimará a través de la siguiente fórmula:

$$CORR_{Gen} = \frac{COV_{OxPy} \cdot COV_{OyPx}}{COV_{OxPx} \cdot COV_{OyPy}}$$

donde:

COV_{OxPy} COV_{OyPx} = Covarianza entre las medidas X, Y realizadas en los hijos (Ox) y en los padres (Py).

COV_{OxPx} = Covarianza progenie-progenitor para la característica X.

COV_{OyPy} = Covarianza progenie-progenitor para la característica Y.

Correlación fenotípica:

$$CORR_{Fen} = \frac{COV_{PxPy} + COV_{OxOy}}{\left(\frac{\sigma^2_{Px} + \sigma^2_{Ox}}{2} \right) \left(\frac{\sigma^2_{Py} + \sigma^2_{Oy}}{2} \right)}$$

Correlación ambiental:

$$CORR_{amb} = \frac{CORR_{Fen} - h_x h_y CORR_{Gen}}{(1 - h_x^2)(1 - h_y^2)}$$

Objetivos

- Estimar la correlación genética, fenotípica y ambiental de dos características de importancia económica en una población de animales a través del parentesco progenie-progenitor.

Metodología

- 1) Con los datos del siguiente cuadro crear un archivo en NWA que servirá para obtener las covarianzas que se necesitan para obtener las correlaciones genéticas, fenotípicas y ambientales

Datos de dos características en Madre e Hija en un harto de 30 vacas
Producción de leche y proteína en Kg. Ajustado a 305 días

P _x	P _y	O _x	O _y
MADRE	MADRE	HIJA	HIJA
Prod. leche	Proteína	Prod. leche	Proteína
6359	211.755	7604	272.984
5639	188.343	8555	307.980
6066	202.604	7424	268.006
5286	176.024	6307	227.052
6777	226.352	6091	219.276
6558	218.381	6664	239.238
8247	274.625	8982	321.556

6283	209,224	7027	251,567
6234	207,592	8674	309,662
5524	183,919	5899	210,004
7082	234,414	7314	261,110
6588	218,722	7469	268,137
6689	222,744	7881	282,928
6359	212,391	6100	219,600
6554	218,904	8497	306,742
5191	172,860	5804	208,944
7164	239,278	7366	265,176
5816	193,673	7421	266,414
5887	196,037	6548	234,418
6701	223,143	6637	237,605
6155	204,962	7933	283,208
5996	199,667	7308	260,165
6323	209,291	6762	241,403
7344	243,821	8790	313,591
7003	233,200	7033	252,485
5435	181,529	6106	219,816
7332	244,889	8757	316,128
6454	214,918	8720	313,920
6631	221,475	7817	281,412
5527	184,049	7454	267,599

Recordar en que orden se introducen los datos ya que es importante saber a que característica pertenece cada columna

2) El archivo creado deberá contener las cuatro columnas que son las dos características a estudiar tanto en la madre como en la hija . Una vez creado se procederá como lo indica el capítulo 8 del manual de NWA STATPAK

a) correlación lineal (pag. 109-112).

Si se a seguido adecuadamente las instrucciones del manual entonces el programa desplegará las siguientes pantallas:

GVWBASIC

Auto

Correlacion y Covarianza

How many Data Fields? 4

Input File (Q=Quit, <CR>=corr.dat):

4 Data Field(s)

4 File Columns in corr.dat

Field Assignment(s) (<CR>=1:1): 1 2 3 4

Working.....

Output: S(screen), P(printer), F(file), or Q(quit)? S

Nombre del archivo que se usara. Recordar introducir exactamente el directorio donde se encuentra el archivo, de otra forma el programa no lo encontrara

Cuales columnas vamos a relacionar, la 1,2,3,4 (Enter) separadas por espacios

Presionar "S" (Enter) esto desplegara la pantalla siguiente

NOTA: Recordar que los datos que aparecen en las pantallas solo son de ejemplo

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 47 48 49 50 51 52 53 54 55 56 57 58 59 60 61 62 63 64 65 66 67 68 69 70 71 72 73 74 75 76 77 78 79 80 81 82 83 84 85 86 87 88 89 90 91 92 93 94 95 96 97 98 99 100

GVWBASIC

Media de cada columna

Auto

A	MEAN	STD DEV	B	COVARIANCE	CORRELATION	T-TEST
1	6411.55	626.1449	2	13016.08	-.9995664	144.0294
			3	320949.5	-.5732464	2.960182
			4	11621.51	-.5730843	2.966932
2	213.4983	20.79666	3	10703.31	-.5755776	2.986215
			4	387.9779	-.5760285	2.989715
3	7385.85	894.1707	4	28945.08		
4	265.1386	32.3869				

OF ROWS = 20

Desviacion estandar de cada columna

Covarianzas. Copiar los datos que corresponden a las varianzas que se necesitan para la ecuacion.

Output: S(screen), P(printer), F(file), or Q(quit)? q

Exit Command: <CR>=SP, R(erun), S(ystem) PROGRAM -- s

Presionar Q. (Enter) para indicarle al programa que se quiere terminar esta operacion

Una vez copiados los datos Presionar S (Enter) para salir del programa y regresar al sistema

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 47 48 49 50 51 52 53 54 55 56 57 58 59 60 61 62 63 64 65 66 67 68 69 70 71 72 73 74 75 76 77 78 79 80 81 82 83 84 85 86 87 88 89 90 91 92 93 94 95 96 97 98 99 100

TESIS CON
FALLA DE ORIGEN

- 4) Ya que se han obtenido las covarianzas, se estimará la correlación genética y fenotípica, sustituyendo los valores en las respectivas ecuaciones.
- 5) para calcular la correlación ambiental se deberá calcular la Heredabilidad a través del modelo de Regresión Lineal (Progenie - Progenitor), como se indica en la Práctica 5 de este manual, donde las características "X" y "Y" para a determinar h^2_x serán las características P_x y O_x respectivamente y para determinar h^2_y serán P_y y O_y respectivamente. Una vez obtenidas las h^2_x y h^2_y se sustituyen los estimadores en la ecuación correspondiente.
- 6) Analizar resultados
- 7) Entregar reporte de la práctica .

Bibliografía consultada para esta práctica

- 1.- Falconer, D.S. 1978. Introducción a la Genética Cuantitativa. C.E.C.S.A.
- 2 - Herrera, H.J. 1986. Introducción al mejoramiento genético animal. Colegio de Postgraduados. Centro de Ganadería.México..
- 3 - Lopez, B. 2000. Apuntes de Mejoramiento Genético Animal. Facultad de Estudios Superiores Cuautitlan, México
- 4.- Warwick, E; Legates,J. 1980. Cría y Mejora del ganado. 3ª ed. Ed. Mc Graw Hill. México.

PRACTICA 9. INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE

Introducción

Usualmente es considerado el fenotipo de un animal en función de un modelo aditivo que incluye el genotipo más el ambiente; y el genotipo incluye los efectos de herencia aditiva, herencia de dominancia y herencia epistática; los efectos permanentes y temporales son considerados en la fracción ambiental(1,2,3).

Por lo anterior se supondría que en cualquier parte del mundo se puede realizar mejoramiento genético sin importar el medio ambiente al que se enfrente los animales seleccionados y que ante igualdad de circunstancias ambientales responderían expresando favorablemente y de la misma manera, su comportamiento productivo. Esta plasticidad en los seres vivos no se presenta; un ejemplo de ello es la raza Holstein, que en regiones templadas o de ambiente controlado, su capacidad de producción láctea es excelente, sin embargo cuando son trasladados a regiones de trópico húmedo su producción de leche es muy baja, no obstante, algunos animales de esta raza no manifiestan con tal severidad su reacción ante las condiciones climáticas, llegando incluso a ganar más peso que el promedio del hato compuesto por animales *Bos taurus* y *Bos indicus* adaptados a esas zona geográfica. Esta respuesta se atribuye al hecho de que algunos individuos, poseen genes que al interactuar con el ambiente, les permite expresar la característica en forma diferente a sus demandas(1,2,3).

Existe una interacción genotipo-ambiente cuando una diferencia específica de ambiente tiene diferente efecto sobre distintos genotipos. Esta interacción puede adoptar diversas formas, por ejemplo, una diferencia específica de ambiente puede tener un mayor efecto en algunos genotipos que en otros, o puede haber un cambio en el orden con respecto al mérito en una

serie de genotipos, cuando éstos se miden en diferentes ambientes. Esto significa, que el genotipo A puede ser superior al genotipo B en el ambiente X, pero inferior en el ambiente Y (1,2,3).

Si se considera que el comportamiento fenotípico (F_{ij}) es una relación aditiva entre los efectos genéticos (g_i) más los efectos ambientales (e_j) además de los efectos de interacción

(γ_{ij}) el modelo que puede utilizarse sería: $F_{ij} = \mu + g_i + \beta\gamma_{ij}(e_j)$

donde:

F_{ij} = la manifestación fenotípica del animal i-ésimo bajo el efecto ambiental j-ésimo.

μ = media general de la variable estudiada.

$\beta\gamma_{ij}$ = Pendiente de regresión de los efectos de interacción (γ_{ij}) sobre los efectos ambientales (e_j).

γ_{ij} = efecto de interacción genético ambiental del genotipo i en el ambiente j.

e_j = valor del efecto ambiental j.

(1,2,3).

Objetivos

- Demostrar a través del uso de una metodología estadística los efectos de interacción genotipo ambiente en una muestra de diferentes razas de bovinos productoras de leche.
- Obtener las gráficas de regresión que muestren el comportamiento interacción genotipo ambiente correspondiente a la producción láctea de bovinos de diferentes raza

Metodología

REGISTROS anuales (Kg) producción de Proteína y Grasa de 5 Razas de Bovinos productores de leche durante la primera lactación

Respectivamente

AYRSHIRE
BROWN SWISS
GUERNSEY
HOLSTEIN (and Red & White)
JERSEY

Producción de proteína promedio anualizada de la primera lactación por raza en 12 años

Año 1	Año 2	Año 3	Año 4	Año 5	Año 6	Año 7	Año 8	Año 9	Año 10	Año 11	Año 12
204 033	206 745	211 400	214 112	218 045	218 361	222 972	221 977	221 435	234 498	238 249	246 611
240 283	240 374	244 577	246 928	251 809	252 487	262 160	262 431	267 629	281 777	289 144	301 529
195 626	191 541	198 609	201 682	206 022	205 298	210 677	207 965	210 632	225 729	231 379	239 018
257 504	260 894	267 539	271 562	278 116	281 551	288 240	287 201	291 721	308 852	316 762	328 378
208 960	211 039	218 000	221 932	226 949	230 882	237 933	239 108	242 769	254 069	261 708	273 731

Producción de grasa promedio anualizada en la primera lactación por raza en 12 años

Año 1	Año 2	Año 3	Año 4	Año 5	Año 6	Año 7	Año 8	Año 9	Año 10	Año 11	Año 12
231 312	253 075	257 730	263 245	268 624	269 663	273 460	273 641	273 279	290 455	295 246	304 693
289 054	288 918	292 473	296 648	302 298	304 332	314 095	316 897	323 180	340 085	348 582	365 080
268 036	265 460	270 115	276 353	281 867	281 686	287 562	284 850	286 975	305 642	312 016	322 547
320 061	322 954	329 463	338 096	344 695	348 221	354 594	355 272	360 560	378 595	388 087	402 009
277 709	279 426	286 432	292 128	298 004	302 930	310 886	311 383	316 400	332 084	340 672	353 148

Para la realización de esta práctica utilizaremos el programa Excel de Microsoft y el programa NWA STATPAK.

De los cuadros anteriores seleccionar uno o ambos para realizar la práctica, ya sea grasa y/o proteína.

En Excel se creará un archivo con los datos como se presentan en las tablas anteriores, una vez capturados se les aplicará la siguiente metodologías.

- 1) Determinar el promedio general y las medias aritméticas(ambientales). El promedio general se calcula de los 60 registros, las medias se calculan por año, esto es sumando los datos de las cinco razas por año y dividiéndolas entre 5.
- 2) Obtener el efecto ecológico sustrayendo a cada media ambiental al promedio general.
- 3) Calcular la desviación estándar de los efectos ecológicos, procediendo a estandarizar cada efecto
- 4) La desviación se calcula con los valores de los efectos ecológicos de los 12 años
- 5) la estandarización de los efectos ecológicos se estima: dividiendo el efecto ecológico entre la desviación estándar de los efectos ecológicos (como se muestra en el siguiente cuadro).

Formulas

	Año1	Año2	Año3	Se obtiene:
Promedio ambiental	1.436	2.121	2.229	$X = \frac{\sum \text{datos por año}}{\text{Numero de razas}}$
Efecto ecológico	-0.244	0.442	0.549	$Ej.Ec = X.Amb - X.Gen$
Efect ecol. Estandarizado	-0.620	0.125	0.140	$Ejec.EcolSTAND = \frac{Etc.Ecol}{DevEST Eje.Ecol}$

Nota: Los datos presentados en esta tabla solo son de ejemplo.

- 6) Para calcular la regresion, se usará el programa NWA por lo que procederán a crear 5 archivos (uno por cada raza) de la siguiente manera :

en Excel se crearán 5 archivos alternos con dos columnas cada uno; dichas columnas serán una con los datos del efecto ecológico estandarizado y otra con los datos por raza. Para los 5 archivos los valores "X" serán los mismos (efecto ecológicos estandarizados) y para los datos "Y" si cambiarán por cada archivo (se usarán los datos de cada raza).

7) Una vez que se han creado los archivos se procederá a importarlos a NWA, recordando que cada archivo deberá contener solo datos numéricos y que será en dos columnas una con los efectos ecológicos estandarizados y otra con los datos de cada raza, ya que se han creado los archivos en NWA, seguir los pasos para determinar la regresión lineal como se muestra en el apartado B) Regresión Lineal en la pagina 115 del manual de NWA STATPAK

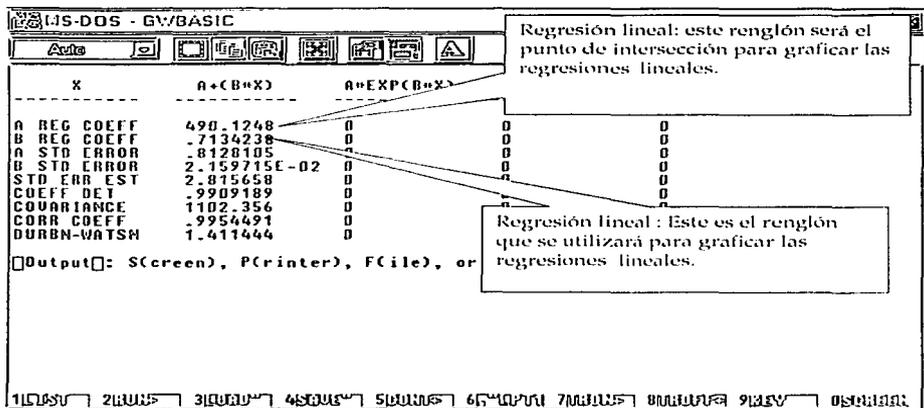
8) El formato que deberán de tener los archivos es como el del cuadro siguiente

No se usa	Columna (X)	Columna (Y)	Y
Año	Efecto Ecolo. Estand	Avrshire	Jersey
1	-48.498	451.400	451.400
2	-15.318	457.400	457.400
3	33.578	467.700	467.700
4	-26.458	473.700	473.700
5	-15.518	482.400	482.400
6	-12.138	483.100	483.100
7	2.642	493.300	493.300
8	1.182	491.100	491.100
9	8.042	489.900	489.900
10	39.342	518.800	518.800
11	53.642	527.100	527.100
12	76.662	545.600	545.600

Nota: Los datos presentados este cuadro solo son de ejemplo.

tomar en cuenta que se obtendrán 5 regresiones lineales donde X= efectos ecológicos estandarizados y Y= datos de la raza durante los 12 años

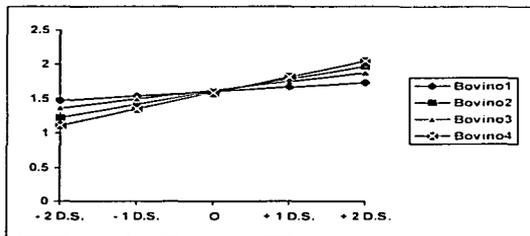
si se desarrolla adecuadamente los pasos para la obtención de la Regresión lineal, el programa desplegará una pantalla con la información de los resultados como la que se muestra a continuación:



Nota: recuerda que será una pantalla por cada archivo y que estos datos solo son de ejemplo.

- 9) Finalmente ya que se han copiado los resultados de cada archivo se grafican las rectas de regresión como se muestra a continuación:

Líneas de regresión del comportamiento de interacción genotipo ambiente en la producción de leche de cuatro bovinos



Nota: Este cuadro solo es de ejemplo

TESIS CON
FALLA DE ORIGEN

- 10) Entregar reporte de la práctica .

Bibliografía consultada para esta práctica :

- 1.- López, B. 2000. Apuntes de Mejoramiento Genético Animal. Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán. U.N.A.M, México.
- 2.-López, B. 2002 Tres ensayos “ Factores de ajuste “”Repetibilidad””Interacción Genotipo Ambiente”Facultad de Estudios Superiores Cuautitlan, UNAM. México.
- 3.- Warwick,E; Legates,J. 1980. Cría y Mejora del ganado. 3ª ed. Ed. Mc Graw Hill. México.

GENÉTICA APLICADA

Introducción

El mejoramiento genético es la aplicación de la Genética a los rendimientos de los animales domésticos. Para realizar este mejoramiento nos serviremos de la Genética Cuantitativa que estudia las propiedades genéticas de las poblaciones en la transmisión de caracteres productivos o cuantitativos. La genética aplicada al mejoramiento genético de la producción animal trata del análisis de los caracteres de interés económico, métodos de selección y valoración de reproductores, bases genéticas de los métodos de cruzamiento, aplicaciones genéticas a programas de producción, eliminación de factores letales y subletales para la resistencia a la enfermedad(7, 8, 16, 18, 36, 42).

Para lograr la mejora del carácter productivo o de interés en este objetivo, se necesita plantear previamente una serie de conocimientos básicos que nos servirán para realizar este objetivo:

- La naturaleza genética de los caracteres de interés económico
- El valor genético de los candidatos a reproductores
- Elección de los reproductores de mayor valor genético
- Predicción de la respuesta a diferentes métodos de mejora
- Utilización de los reproductores seleccionados en reproducción consanguínea o en cruzamiento.

Para lograr esto necesitamos poner en práctica los conocimientos adquiridos a través de las prácticas que hemos venido realizando en el semestre. Al seleccionar los reproductores necesitamos determinar la parte de la variabilidad fenotípica que es genética (heredabilidad);

que ocurre cuando se selecciona un carácter con los caracteres con él relacionados (correlación genética); y la fiabilidad de las decisiones tomadas en base a los primeros registros cuando el carácter se repite en un tiempo dado (repetibilidad). Estimar el valor genético (Aditivo) de los candidatos a reproductores con la mayor precisión posible, consiste en construir el agregado económico-genotípico del índice de selección a partir de sus propias producciones o de animales emparentados, para uno o varios caracteres(60, 66, 68, 74).

La elección de los progenitores provoca cambios en las frecuencias génicas de los genes que participan en la expresión del carácter considerado y se manifiestan con cambios en la media poblacional y en el rango de expresión del carácter (varianza). La estructura familiar, la variabilidad genética de la población y la intensidad y criterios de selección para uno o varios caracteres determinarán la elección del método de selección con el que obtenga un progreso genético óptimo(60, 66, 68, 74).

La aplicación práctica de la Genética y el mejoramiento genético de cada una de las especies domésticas comienza con la organización de controles de rendimientos, la definición de los objetivos de selección y caracteres a mejorar, el conocimiento de la estructura poblacional y de los parámetros genéticos de los caracteres de interés económico para llegar a conocer los esquemas de mejora más empleados(7, 8, 16, 18, 36, 42, 60, 66, 68, 74).

PRACTICA 10.- USO DEL PROGRAMA COWGAME PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE UN HATO DE CARNE

Introducción

El mejoramiento genético de las especies se ha determinado por las características del medio ambiente que las rodean y por las diferentes duraciones de cada ciclo reproductivo de cada especie por lo que los métodos de selección hasta mediados del siglo pasado estaban restringidos por el tiempo de los ciclos a mejorar es decir que si teníamos que mejorar una especie en el que su ciclo reproductivo es muy largo se tenían que esperar varios años para determinar si era factible que la selección hecha ayudaría a mejorar la raza o especie , sin embargo este método a pesar de ser una forma adecuada para su época tenía sus problemas, y una era que si después de estos ciclos los animales no rendían como se esperaba para entonces ya se habían perdido varios años de investigación(12).

Gracias a los avances tecnológicos en computación el mejoramiento genético se ha desarrollado enormemente de manera que ahora el mejoramiento animal se apoya de los programas de simulación genética que han surgido con los avances de esta tecnología(12).

Cowgame es un programa que crea modelos genéticos simulados que proporcionan información de un hato productor de carne a través de la selección de los mejores animales para incrementar el mejoramiento genético en varias generaciones(6).

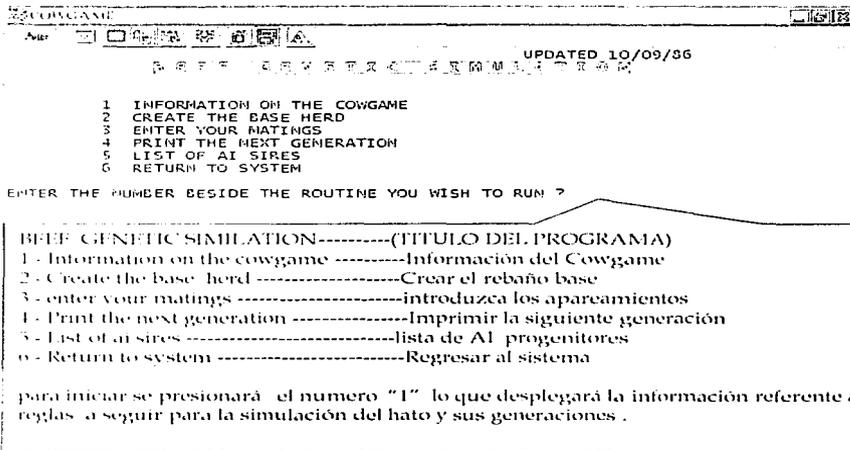
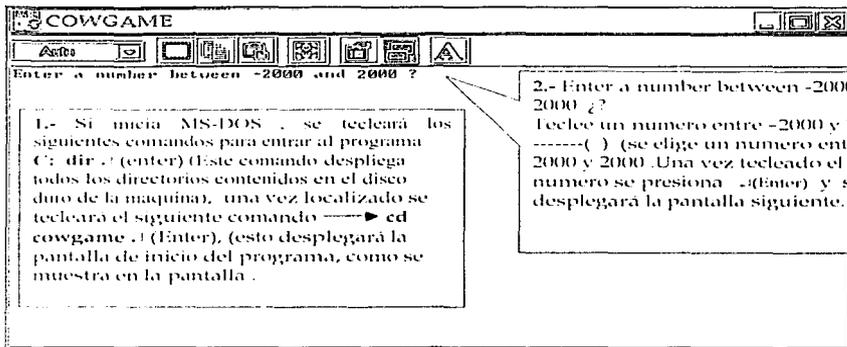
Objetivo:

Emplear el programa Cowgame para seleccionar a los mejores animales a través de 5 ciclos reproductivos.

Material y método

Se utilizará un modelo de simulación genética (Cowgame) para un hato de carne, el cual proporcionará un hato simulado al azar en el cual la misión es la de seleccionar a los progenitores de la siguiente generación en base a los resultados de producción, de esta forma se deberá elegir a los progenitores de la siguiente generación, así sucesivamente hasta completar 5 generaciones como mínimo.

Uso del programa Cowgame



TESIS CON
FALLA DE ORIGEN

COWGAME

The basic assumptions for the population of cattle in the cowgame program are as follows:

	Population average (lbs)	Heritability()
Weaning weight	450	20
Post-weaning daily gain	2.5	55
Yearling weight	850	40

An average death loss of 10% is assumed, this includes losses due to low fertility, calving losses and general death losses.

Rules for cowgame are as follows:

- * A minimum of 2 bulls must be used but no more than 5 bulls (including A.I. bulls) can be used in each set of matings
- * Each bull used must be mated to a minimum of 5 cows but not more than 25 cows (not more than 15 cows to an A.I. sire).
- * A maximum of 2 A.I. Bulls can be used in each set of matings.

A minimum of 4 calf crops should be generated. This can be done in one session on the computer, or several sessions may be used to allow time to fully evaluate the data and make mating decisions. Cowgame should be run as a group or county project with 2 or 3 players per herd.

Press ENTER to continue ?

Los datos asignados para poblacion de ganado en el programa Cowgame es como sigue:

Poblacion promedio	(libras)	Hereditabilidad ()
Weaning weight	450	20
(peso al destete)		
post-weaning daily gain	2.5	55
(ganancia diaria post-destete)		
yearling weight	850	40
(peso al año)		

se supondra un porcentaje de perdidas del 10 %, esto incluye perdidas debido a baja fertilidad , perdida de becerras y perdidas por muerte en general

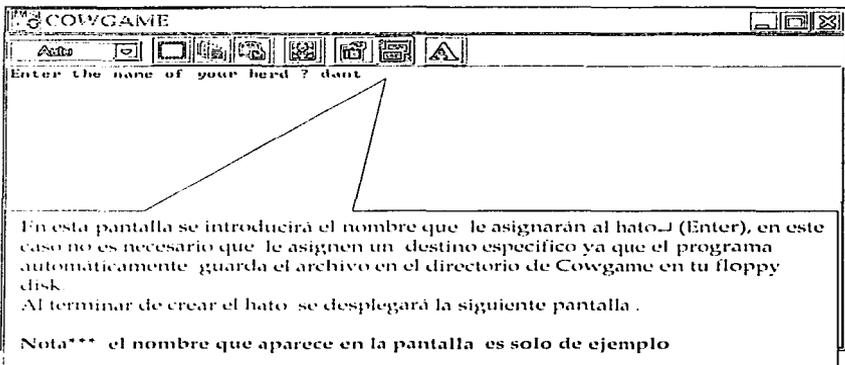
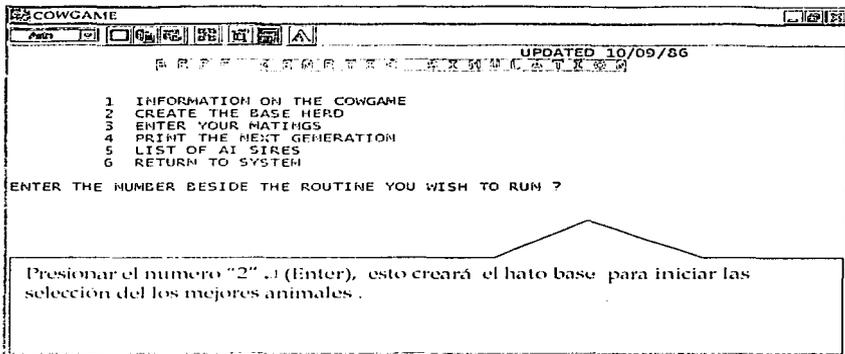
Las reglas para el cowgame son las siguientes :

- Un minimo de dos toros serán utilizados pero no mas de cinco (incluyendo A.I: toros) podran ser usados en cada juego de apareamientos .
- Cada toro usado debiera ser apareado con un minimo de cinco hembras pero no mas de 25 hembras (en progenitores A.I: no mas de 15 hembras).
- Un maximo de dos toros A.I: podrán ser usados en cada juego de apareamientos .

Un minimo de cuatro generaciones deberán ser generadas . esto podrá ser realizado en una sesion del juego o bien en diferentes sesiones para tener tiempo de una completa evaluacion de los resultados y hacer las decisiones de apareamientos. Cowgame deberá ser jugado por un grupo o por equipos de dos o tres jugadores por hato .

Presione (Enter) para continuar ¿? (esto desplegará la pantalla con las funciones que se pueden seleccionar para iniciar la simulación).

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**



TESIS CON
FALLA DE ORIGEN

Resumen de las vacas disponibles en la primera generación

FARM	NO. OF DAUGHTERS	DAM GROUPS		TOTAL		TOTAL	NO. OF CALVES	NO. OF DAUGHTERS
		1ST	2ND	1ST	2ND			
1	1	144	49	193	193	193	193	193
2	1	144	49	193	193	193	193	193
3	1	144	49	193	193	193	193	193
4	1	144	49	193	193	193	193	193
5	1	144	49	193	193	193	193	193
6	1	144	49	193	193	193	193	193
7	1	144	49	193	193	193	193	193
8	1	144	49	193	193	193	193	193
9	1	144	49	193	193	193	193	193
10	1	144	49	193	193	193	193	193
11	1	144	49	193	193	193	193	193
12	1	144	49	193	193	193	193	193
13	1	144	49	193	193	193	193	193
14	1	144	49	193	193	193	193	193
15	1	144	49	193	193	193	193	193
16	1	144	49	193	193	193	193	193
17	1	144	49	193	193	193	193	193
18	1	144	49	193	193	193	193	193
19	1	144	49	193	193	193	193	193
20	1	144	49	193	193	193	193	193
21	1	144	49	193	193	193	193	193
22	1	144	49	193	193	193	193	193
23	1	144	49	193	193	193	193	193
24	1	144	49	193	193	193	193	193
25	1	144	49	193	193	193	193	193
26	1	144	49	193	193	193	193	193
27	1	144	49	193	193	193	193	193
28	1	144	49	193	193	193	193	193
29	1	144	49	193	193	193	193	193
30	1	144	49	193	193	193	193	193
31	1	144	49	193	193	193	193	193
32	1	144	49	193	193	193	193	193
33	1	144	49	193	193	193	193	193
34	1	144	49	193	193	193	193	193
35	1	144	49	193	193	193	193	193
36	1	144	49	193	193	193	193	193
37	1	144	49	193	193	193	193	193
38	1	144	49	193	193	193	193	193
39	1	144	49	193	193	193	193	193
40	1	144	49	193	193	193	193	193
41	1	144	49	193	193	193	193	193
42	1	144	49	193	193	193	193	193
43	1	144	49	193	193	193	193	193
44	1	144	49	193	193	193	193	193
45	1	144	49	193	193	193	193	193
46	1	144	49	193	193	193	193	193
47	1	144	49	193	193	193	193	193
48	1	144	49	193	193	193	193	193
49	1	144	49	193	193	193	193	193
50	1	144	49	193	193	193	193	193

Hoja de trabajo para el registro de apareamientos

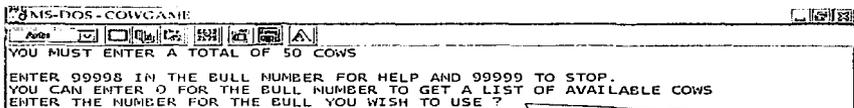
DAM THIS GENERATION TO MATING		MATING GENERATION		MATING GENERATION	
NO.	NAME	NO.	NAME	NO.	NAME
1	144	193	193	193	193
2	144	193	193	193	193
3	144	193	193	193	193
4	144	193	193	193	193
5	144	193	193	193	193
6	144	193	193	193	193
7	144	193	193	193	193
8	144	193	193	193	193
9	144	193	193	193	193
10	144	193	193	193	193
11	144	193	193	193	193
12	144	193	193	193	193
13	144	193	193	193	193
14	144	193	193	193	193
15	144	193	193	193	193
16	144	193	193	193	193
17	144	193	193	193	193
18	144	193	193	193	193
19	144	193	193	193	193
20	144	193	193	193	193
21	144	193	193	193	193
22	144	193	193	193	193
23	144	193	193	193	193
24	144	193	193	193	193
25	144	193	193	193	193
26	144	193	193	193	193
27	144	193	193	193	193
28	144	193	193	193	193
29	144	193	193	193	193
30	144	193	193	193	193
31	144	193	193	193	193
32	144	193	193	193	193
33	144	193	193	193	193
34	144	193	193	193	193
35	144	193	193	193	193
36	144	193	193	193	193
37	144	193	193	193	193
38	144	193	193	193	193
39	144	193	193	193	193
40	144	193	193	193	193
41	144	193	193	193	193
42	144	193	193	193	193
43	144	193	193	193	193
44	144	193	193	193	193
45	144	193	193	193	193
46	144	193	193	193	193
47	144	193	193	193	193
48	144	193	193	193	193
49	144	193	193	193	193
50	144	193	193	193	193

La selección se hará en base a alguna de las columnas que se muestran en las hojas ya sea ganancia de peso al año o al destete o post-destete

Nota: la sección de asignación de apareamientos puede ser de gran utilidad para llevar el control de animales la siguiente práctica, por lo que se recomienda una vez que han sido impresas, sacar fotocopias de esta hoja de trabajo.

Dam Summary (Through calf crop 1) = Resumen de vacas después de la primera generación
 Dam Id. = Identificación de la vaca
 No. Of Calves = numero de hijas o hijos en esta generación

TESIS CON FALLA DE ORIGEN



You must enter a total of 50 cows —► debes de introducir un total de 50 vacas . por generacion

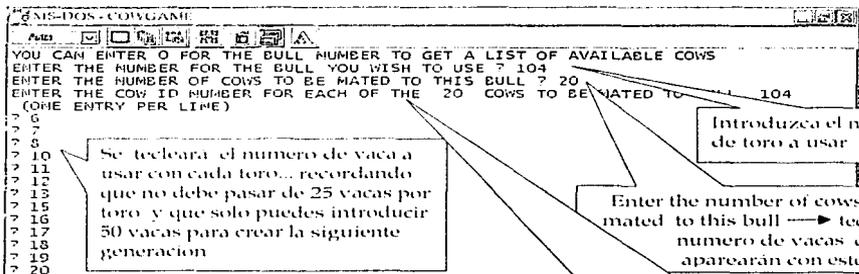
Enter 99998 in the bull number for help and 99999 to stop —► teclear 99998 en lugar del numero de toro para desplegar la pantalla de ayuda y 99999 para detener la selección de animales .

You can enter "0" for the bull number to get a list of available cows—► puedes teclear el numero "0" para obtener una lista de las vacas disponibles (como se muestra en las siguientes pantallas).

Enter d the number for the bull you wish to use —► teclea el numero de toro que deseas usar

Si tecleas el numero 99998 se desplegará en pantalla las instrucciones del programa para la generacion de los hatos.

Nota: recuerda que la información referente a los toros y vacas disponibles, también viene en las hojas que se imprimen en cada generación.



Se tecleara el numero de vaca a usar con cada toro... recordando que no debe pasar de 25 vacas por toro y que solo puedes introducir 50 vacas para crear la siguiente generacion

Introduzca el numero de toro a usar

Enter the number of cows to be mated to this bull —► teclea el numero de vacas que se aparearán con este toro.

NOTA: Estos pasos se repetirán hasta que se haya completado el numero de vacas que se utilizarán para crear la siguiente generacion, y recuerda que es una vaca por linea.

Recuerda tratar de no equivocarte al introducir los datos ya que el programa podría mandar avisos de error, y para corregirlos tendrás que cerrar el programa y empezar otra vez. Por eso es importante usar la hoja de apareamientos.

Enter the cow id number for each of the 20 cows to be mated to bull (one entry per line)—► teclea el numero de identificación para cada una de las vacas que se aparearán con este toro (una vaca por linea). Obviamente se deberá presionar -(Enter) cada vez que se teclee un numero ya sea vaca o toro.

```
MS-DOS - COWGAME
? 45
? 46
? 47
? 48
? 49
ENTER 99998 IN THE BULL NUMBER FOR HELP AND 99999 TO STOP.
YOU CAN ENTER 0 FOR THE BULL NUMBER TO GET A LIST OF AVAILABLE COWS
ENTER THE NUMBER FOR THE BULL YOU WISH TO USE ? 114
ENTER THE NUMBER OF COWS TO BE MATED TO THIS BULL ? 10
ENTER THE COW ID NUMBER FOR EACH OF THE 10 COWS TO BE MATED TO BULL 114
(COME ENTRY PER LINE)
? 101 Se deberá tener cuidado de teclear las vacas disponibles, ya que de equivocarse el
? 102 programa te informará que el numero erróneo es un animal que murió o que es un
? 103 toro.
? 104 Cow 104 requested is dead or a bull. Please re-enter the correct id and
? 105 continue -> vaca requerida esta muerta o es un toro. por favor re-introduzca el
? 107 numero correcto y continúe
? 110
? 111
? 112
? 113
COW 104
REQUESTED IS DEAD OR A BULL. PLEASE RE-ENTER THE CORRECT ID AND CONTINUE.
```

Nota: en caso de que el programa envíe la señal de error muchas veces, se recomienda cerrar el programa y comenzar con la introducción de los apareamientos otra vez ya que el hato esta creado y no se borrará.

```
MS-DOS - COWGAME
? 101
? 102
? 103
? 104
? 105
? 107
? 110
? 111
? 112
? 113
DO YOU WANT TO RUN, LIST THE MATINGS, RESTART, STOP OR HELP
PLEASE USE ALL CAPITAL LETTERS WHEN ENTERING THE OPTION
? RUN

Do you want to RUN, LIST THE MATINGS, RESTART, STOP or
HELP -> Deseas correr el programa, un listado de los apareamientos,
recomenzar el programa , detenerlo o ayuda .
Please use all capital letters when entering the option -> por favor introduzca
el comando con la palabra completa (en ingles) con letras mayúsculas.
Ejemplo: RUN
```

Bibliografía usada en esta práctica :

Burditt, Buchanan. Cowgame <http://www.ansi.okstate.edu/software/genogame.zip>

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

PRACTICA 11.- USO DEL PROGRAMA MILK PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE UN HATO PRODUCTOR DE LECHE

Introducción

La selección natural ha sido en la naturaleza el método de mejoramiento genético que ha influido en el desarrollo de las especies que existen en el mundo, así como el medio ambiente ha determinado algunas características de los animales. La herencia genética es la forma de determinar que animales son adecuados para la producción y en base a esa selección mejorar los registros productivos de un hato, debido a la duración de cada ciclo reproductivo de cada especie el mejoramiento genético resultaba casi imposible de controlar por lo que los métodos de selección hasta mediados del siglo pasado estaban restringidos por el tiempo de los ciclos de reproducción es decir que si teníamos que mejorar una especie en la que su ciclo reproductivo es muy largo se tenían que esperar varios años para determinar si era factible que la selección hecha nos ayudaría a mejorar la raza o especie, sin embargo este método a pesar de ser una forma adecuada para su época tenía sus problemas, gracias a los avances tecnológicos en computación y desarrollo de software el mejoramiento genético ha avanzado a grandes pasos por lo que ahora el mejoramiento genético de una especie se basa en el uso de programas de simulación que nos ayudan a acelerar estos procesos y de una manera mas exacta.

Con el programa Milk se generarán modelos genéticos simulados que proporcionarán información de un hato productor de leche del cual se analizarán los resultados a través de cinco generaciones.

TESIS CON
FALLA DE ORIGEN

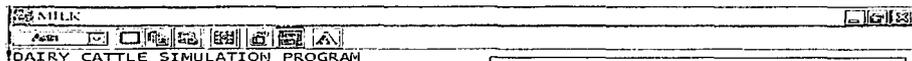
Objetivo:

Emplear el programa Milk para seleccionar a los mejores animales a través de 5 ciclos reproductivos.

Material y método

Para simular un hato lechero utilizarán el programa Milk. Este programa genético generará un hato productor de leche simulado así como sus datos de producción, promedios y ganancias de cada animal y en los cuales se basarán para realizar la selección de los mejores animales, al igual que en la práctica anterior, este proceso se repetirá hasta obtener 5 generaciones como mínimo.

Uso del programa Milk



Se recomienda tener cuidado al introducir los datos ya que si el programa registra un error será muy difícil corregirlo así que de presentarse ese problema se tendrá que cerrar el programa y reiniciar para introducir los datos correctamente.

ENTER THE NUMBER IN FRONT OF THE OPTION YOU WISH TO USE ?

1.- Si inicia MS-DOS, se tecleará los siguientes comandos para entrar al programa

C: dir ↵(Enter) (Este comando despliega todos los directorios contenidos en el disco duro de la maquina, una vez localizado se tecleará el siguiente comando → ed milk ↵(Enter), esto desplegará la pantalla de inicio del programa, como se muestra en la pantalla .

Al igual que el programa Cowgame, Milk proporciona un hato base para iniciar la selección de los mejores animales.

1 setup base herd → establecer hato base
2 enter matings → teclear apareamientos
3 output printed → mandar a impresora
4 return to system → regresar al sistema de inicio (este comando termina el programa).

Para iniciar la simulación se deberá teclear el numero "1" ↵(enter), esto desplegará la pantalla siguiente .



You have already created the base herd → ya existe un hato base

Press enter to continue or enter "Y" to delete the current herd → presione ↵(Enter) para continuar o teclee "Y" para borrar el hato existente

En este caso se presionará "Y" ↵(Enter) esto borrará el archivo existente y desplegará la pantalla siguiente.

Recordar que una vez que se ha creado el hato base para tu trabajo, la próxima vez que se abra el programa y pregunte si se borra el hato base se deberá teclear ↵(Enter) para continuar usando este hato, ya que cada vez que se cree una generación se guardará como el hato existente.

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

Enter a number between -2000 and 2000 ?

Enter a number between -2000 and 2000 ?

Teleece un número entre -2000 y 2000 -----() (se introduce un número cualquiera para que no se repita la base de datos que se creará en el programa, una vez teclado el número, se desplegará la pantalla siguiente.

La siguiente pantalla desplegará el paso ulterior que es asignarle un nombre al hato "enter the name for your herd". (Enter), ya que se ha creado el hato el programa mandará la impresión de los resúmenes del hato para iniciar la selección, en este caso serán cuatro hojas como las que se muestran a continuación en este manual. Después de esto el programa regresa al menú principal donde seleccionaran el número "2" que es el comando "enter matings" (introduzca los apareamientos) por lo que se desplegará la pantalla para este paso (pantalla siguiente).

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

resumen de toretes y vaquillas

TRANS ID	HEEP	HEEP	HEEP	HEEP	HEEP	HEEP	HEEP
NO.	SIRE	DAM	HEEP	AGE	SEX	WEIGHT	DATE
1	100	100	100	100	100	100	100
2	100	100	100	100	100	100	100
3	100	100	100	100	100	100	100
4	100	100	100	100	100	100	100
5	100	100	100	100	100	100	100
6	100	100	100	100	100	100	100
7	100	100	100	100	100	100	100
8	100	100	100	100	100	100	100
9	100	100	100	100	100	100	100
10	100	100	100	100	100	100	100
11	100	100	100	100	100	100	100
12	100	100	100	100	100	100	100
13	100	100	100	100	100	100	100
14	100	100	100	100	100	100	100
15	100	100	100	100	100	100	100
16	100	100	100	100	100	100	100
17	100	100	100	100	100	100	100
18	100	100	100	100	100	100	100
19	100	100	100	100	100	100	100
20	100	100	100	100	100	100	100
21	100	100	100	100	100	100	100
22	100	100	100	100	100	100	100
23	100	100	100	100	100	100	100
24	100	100	100	100	100	100	100
25	100	100	100	100	100	100	100
26	100	100	100	100	100	100	100
27	100	100	100	100	100	100	100
28	100	100	100	100	100	100	100
29	100	100	100	100	100	100	100
30	100	100	100	100	100	100	100
31	100	100	100	100	100	100	100
32	100	100	100	100	100	100	100
33	100	100	100	100	100	100	100
34	100	100	100	100	100	100	100
35	100	100	100	100	100	100	100
36	100	100	100	100	100	100	100
37	100	100	100	100	100	100	100
38	100	100	100	100	100	100	100
39	100	100	100	100	100	100	100
40	100	100	100	100	100	100	100
41	100	100	100	100	100	100	100
42	100	100	100	100	100	100	100
43	100	100	100	100	100	100	100
44	100	100	100	100	100	100	100
45	100	100	100	100	100	100	100
46	100	100	100	100	100	100	100
47	100	100	100	100	100	100	100
48	100	100	100	100	100	100	100
49	100	100	100	100	100	100	100
50	100	100	100	100	100	100	100

Sección para control de ganado

HEEP MANAGEMENT SECTION	NO. OF HEEP	NO. OF COWS	NO. OF CALVES	NO. OF HEIFERS	NO. OF STAMPS	NO. OF BULLS	NO. OF SIRS
TOTAL	100	100	100	100	100	100	100
HEEP	100	100	100	100	100	100	100
COWS	100	100	100	100	100	100	100
CALVES	100	100	100	100	100	100	100
HEIFERS	100	100	100	100	100	100	100
STAMPS	100	100	100	100	100	100	100
BULLS	100	100	100	100	100	100	100
SIRS	100	100	100	100	100	100	100

La selección se hará en base a las columnas de producción de leche o el porcentaje de grasa o la cantidad total de grasa

Nota: El programa MILK no imprime hojas para llevar control de los apareamientos, por lo que la pagina de apareamientos de Cowgame puede ser de gran utilidad para llevar el control de los apareamientos en el programa MILK.

PROGRAM MILK
Page 1 of 1

```

HOW MANY SIRS *****? 100
ENTER THE SIRE ID NUMBER *****? 100
HOW MANY COWS ARE YOU MATING TO THIS BULL ? 11
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 1
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 2
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 3
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 4
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 5
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 6
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 7
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 8
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 9
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 10
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 11
ENTER THE SIRE ID NUMBER *****? 129
HOW MANY COWS ARE YOU MATING TO THIS BULL ? 11
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 12
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 13
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 14
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 15
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 16
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 17
ENTER THE COWS ID NUMBER ? 18
ENTER THE COWS ID NUMBER ?
    
```

How many sirs → cuantos toros se usarán

Enter the sire id number → introduzca el numero del toro a usar

How many cow are you mating to this bull → cuantas vacas se aparearán con este toro

Nota: Recordar que es una vaca por linea.

Enter the cow id number → introduzca el numero de identificación de la vaca. Una vez que se ha terminado de introducir los números correspondientes el programa desplegará la siguiente pantalla.

MILK

MATINGS ROUTINE OPTIONS

- 1 REDO THESE MATINGS
- 2 RETURN TO THE MAIN MENU WITHOUT SAVING THE MATINGS
- 3 RETURN TO THE MAIN MENU AND SAVE THESE MATINGS

ENTER THE NUMBER BESIDE THE OPTION YOU WISH TO DO ?

Matings routine options → opciones de rutina de apareamiento
 1 redo these matings → rehacer estos apareamientos
 2 return to the main menu without saving the matings → regresar al menú principal sin salvar los apareamientos
 3 return to the main menu and save these matings → regresar al menú principal y salvar los apareamientos

si se desea cambiar los apareamientos se seleccionará el número "1"
 se seleccionará el número "3" para pasar al menú principal donde presionarán el número "3" (output printed) lo que mandará la información de los respectivos resúmenes del hato generado a la impresora.
 una vez impresos los resúmenes se analizarán y se iniciará la selección de los animales para la siguiente generación.
 Al igual que en la práctica anterior se realizarán 5 generaciones.

Recordar que una vez que se ha creado el hato base para tu trabajo, la próxima vez que se abra el programa y pregunte si se borra el hato base se deberá teclear (Enter) para continuar usando este hato, ya que cada vez que se cree una generación se guardará como el hato existente.

Bibliografía consultada para esta práctica:

Buchanan, D., Burditt, L., 1982. Milk, Dairy cattle simulation program, Oklahoma State University, USA.

**TESIS CON
FALLA DE ORIGEN**

DISCUSIÓN

El código genético es universal, y a un nivel celular hay sustanciales similitudes, en todos los seres vivos de este planeta, un buen ejemplo de esto son los experimentos que realizó Mendel en plantas, esto solo fue en parte el principio de la ciencia de la Genética, ya que Mendel no se imaginó la trascendencia que tendrían sus descubrimientos desde ese momento hasta nuestros días en que la selección genética es muy importante para la producción de alimentos(56, 59, 67).

Sin embargo desde los inicios de la humanidad ya se realizaban selecciones sobre la base de los mejores productores, de hecho la tan mencionada ley del más fuerte es una forma de mejoramiento genético que es el principio de la evolución(28, 33).

En este marco, la selección genética tradicional en la producción animal a partir de cruzamientos entre distintas razas de una misma especie ha sido transformada enormemente en los últimos decenios, lo cual ha generado diferentes puntos de vista por parte de diversas personalidades del medio científico, social, económico etc.(32, 34, 35, 62,28).

Los cuales han propuesto ideas concernientes al tipo de ética que se debe seguir en esta área ya que la información genética que se ha decodificado en los últimos 50 años han hecho pensar en el futuro de una manera más imaginativa, esto ha contribuido a volar la imaginación al grado de que el panorama fantástico está más cercano de la realidad de lo que imaginamos, las discusiones son muchas y de forma radical para algunos sin embargo esta solo es la punta del iceberg que nos falta por descubrir(34, 12, 23, 62, 76, 45).

Los adelantos que se han tenido en esta materia se deben en gran medida a los especímenes que se han utilizado para estas investigaciones, desde las plantas de chícharos que utilizó Mendel para sus investigaciones, hasta los más sofisticados programas computacionales

de hoy en día y que han servido para acelerar los resultados, como en el caso del proyecto del genoma humano, así como las animales transgénicos, y el acercarnos más a la creación de la mítica quimera como los productos transgénicos, los cuales son una realidad(12, 34, 38, 69).

La idea de esta generación de información, es que se mejore la calidad de vida del ser humano el cual a pesar de todos los adelantos científicos y dichos descubrimientos están sujetos a la naturaleza humana(34, 62).

En estas discusiones los ecologistas y los científicos clásicos discuten la importancia de tener un control sobre la información y la finalidad de esta(32,45, 61, 62, 73, 75).

De estos cambios la tecnología ha tenido que ver en gran medida ya que la genética ha estado ligada a la tecnología desde que se creó la primera computadora en 1947(12,29, 53,54).

De esto se resume que las computadoras así como el desarrollo de software se han revelado como la herramienta más importante de esta materia en los últimos 50 años, claro sin dejar de lado a los especímenes clásicos de investigación como son las moscas que han sido parte importantísima también de estos avances, como es el caso del descubrimiento de los genes homeóticos(5, 12, 75).

Estos programas computacionales generan modelos, gráficos, diagramas, o las ecuaciones matemáticas necesarias para generar resultados en dichas investigaciones con una rapidez asombrosa esto ha llevado a muchos investigadores a reflexionar sobre la diferencia que existe entre hacer investigación clásica y la de los modelos computacionales donde el hecho de trabajar con moscas o parásitos o especímenes vivos se puede ver arrollado por la rapidez de los programas de computación que nos dan un acercamiento casi exacto a los modelos genéticos que se necesitan para obtener los resultados deseados en la vida real(6,7, 34, 58, 66, 76,72).

CONCLUSIÓN

La carrera de Medicina Veterinaria y Zootecnia es una de las áreas en las que estos modelos genéticos son altamente útiles para el desarrollo de hatos que nos produzcan mejores resultados en menos tiempo(39, 41, 42).

Sin embargo es importante prestar atención a estos avances tecnológicos, ya que son de gran ayuda para el avance en el mejoramiento de la producción de alimentos, mejoras en la producción animal o bien en la investigación, los cuales son todas áreas de trabajo en el que el Médico Veterinario puede incidir de manera importante(8, 39,58,42).

Las prácticas realizadas en este manual deben de dar la noción clara de lo que se puede realizar en la investigación o la producción o la Medicina o la Zootecnia, que a pesar de parecer un tema alejado de nuestras capacidades debido al miedo que todavía se presenta ante el uso de las computadoras y el acercamiento a los programas de simulación debe de ser fácil y sin complicaciones para un óptimo aprovechamiento de dichas tecnologías para el mejoramiento genético en las distintas especies y con la confianza de que nos servirá en el futuro en nuestra vida profesional(42, 56, 58).

De estos análisis o prácticas el objetivo del manual es que los alumnos aprendan las bases de la genética a la vez que se inician en el uso de diversos programas que a aunque son muy básicos son adecuados para el mejor entendimiento de la materia en el área médica social económica y zootécnica(42, 56, 58).

Dada la importancia de la interacción genotipo ambiente es necesario que tengamos un programa que nos acerque a los modelos genéticos esperados para obtener los resultados deseados con la mayor brevedad posible. Gracias al Internet se han abierto posibilidades para

realizar estas tareas con programas gratuitos que se consiguen vía Internet o por contacto con otras universidades(58, 66).

Hay que recordar que estos resultados no son 100 % exactos y que solo son acercamientos a la realidad y a un mejor entendimiento de los genes y sus secretos, por lo que debemos concluir que la respuesta de estos programas de simulación genética son solo formas de entender las leyes básicas de la genética, de igual forma se debe de entender que para empezar a aprovechar las ventajas que nos brinda la información obtenida a través de los años con todas estas investigaciones y con toda esta tecnología debemos empezar por aprender el uso básico de estas herramientas y su aplicación para dar los primeros pasos en esta área que puede ser un área de trabajo de gran importancia para el MVZ, estos hechos deben hacernos entender que la investigación genética o de cualquier clase se ve beneficiada de los avances tecnológicos y de los avances en los programas de modelos computacionales, estos se desarrollan como una herramienta que nos sirve para mejorar los resultados así como la rapidez en la obtención de los mismos(9, 29, 32, 34, 35, 37, 55, 66, 67, 71,72, 73,75).

APÉNDICES

Recursos de Internet

Apéndice A Pag.134

Programas disponibles en la Oklahoma State University

Apéndice B Pag.139

Sitios de interés (Paginas web y diferentes programas en genética y biología molecular)

Apéndice C Pag.144

(Ligas a paginas web en Genética Cuantitativa)

Apéndice D Pag.145

Genomas

(diferentes paginas web con información especializada sobre genomas)

Apéndice E Pag.146

(Miscelaneos)

Apéndice F Pag.150

Revistas especializadas en genética

Apéndice A Programas disponibles en la Oklahoma State University

Recursos de Internet

Lista de software proporcionada por la Universidad del estado de Oklahoma en su pagina web.

OSU Animal Extension (Oklahoma State University)

Computer Software

Muchas de estas publicaciones están disponibles en archivos pdf y requieren de el programa Acrobat para ser visualizadas y pueden ser obtenidas via on-line directamente en el departamento de ciencia animal OSU.(Oklahoma State University)

Instrucciones Titulo /Pág. web / autor/ Descripción

Publicación

- CR-3027 OSUNRCAF <http://www.ansi.okstate.edu/software/OSUNRCAF.xls>
Autor: Gill, Lalman Programa revisado 10/30/01
Programa de hoja de calculo para calcular las dietas para Ganado de carne checando el balance de nutrientes y la ganancia de peso. Escrito para aquellos que desean formular raciones y evaluar el aprovechamiento de los nutrientes.
- CR-3027 OSUNRCDM <http://www.ansi.okstate.edu/software/OSUNRCDM.xls>
Autor: Gill, Lalman Programa Revisado 10/30/01 Programa de hoja de calculo para calcular las dietas para Ganado de carne, verificando el balance de nutrientes y la ganancia de peso Escrito para aquellos que

desean formular raciones y evaluar el aprovechamiento de los nutrientes en base seca.

BEEFGAIN BEEFGAIN <http://www.ansi.okstate.edu/software/beefgain.zip>

Autor: Gill, Burditt Programa de simulación de ganancia de carne en un lote de animales de carne. OSU FEEDLOT es un programa que simula el comportamiento de un lote de animales de carne útil para los dueños de ganado productores de alimento y científicos interesados en el desarrollo de alimentos para ganado, el programa esta basado en dos sistemas de ecuaciones: (1) un sistema de ecuaciones que predice la absorción del alimento basado en la descripción del ganado y (2) las ecuaciones de energía netas que predicen la ganancia. El programa calcula el alimento y ganancia diaria y los acumulados de la ganancia de peso en el lote esta técnica hace posible usar raciones múltiples que puedan cambiar las ganancias de peso dependiendo de los requerimientos de nutrientes, financieros y de peso para obtener determinados pesos y ganancias otra ventaja es que los factores que afectan el desarrollo o mantenimiento de los requerimientos del ganado pueden variar por mes o por año.

CR-3280 Cowculator OSU <http://www.ansi.okstate.edu/exten/cowculator/>

Autor: Lalman, Gill Programa Revisado 4/20/01.

OSU Cowculator es un programa basado en Windows diseñado para asistir a los ganaderos a hacer decisiones basadas en la nutrición de los

animales y criterios animales como son peso, condición corporal, etapa de producción y raza .

No Cowgame <http://www.ansi.okstate.edu/software/genegame.zip>
instructions Autor: Burditt, Buchanan. Cowgame es un programa de simulación
available genética en Ganado de carne donde el jugador comienza con 50
animales y tiene que hacer la selección de los animales subsecuentes
en base a los resultados de producción para la siguiente generación,
que se equipara al resultado en un año para cada una de ellas toda la
información se guarda para análisis posteriores y para hacer la
selección

No Inbreeding Calculator
instructions <http://www.ansi.okstate.edu/software/inbreed.zip>
available Autor: Buchanan, Burditt . Calcula la endogamia de todos los
individuos en un pedigrí dado que puede ser guardado como un
archivo de datos o directamente en la porción del programa que calcula
la endogamia

CR-304 FEEDLOT_CALC http://www.ansi.okstate.edu/software/FEEDLOT_CALC.xls Programa para estimar el costo de ganancia por
alimentación en un hato.
Autor: Gill, Lalman Programa Revisado 4/20/01 Este programa
estima la ganancia de peso y los aspectos financieros de la
alimentación del ganado en un hato, usando una hoja de calculo

electrónica

No MASTER <http://www.ansi.okstate.edu/software/Master.zip>
instructions Autor: Burditt, Gill . Calculador de raciones . Este es un calculador y
available sistema de manejo de archivos para el desarrollo y evaluación de
raciones para todas las especies (poligástricos y monogástricos). Ha
sido diseñado para hacer cálculos de raciones fácilmente, esto
permitirá hacer costos por ración además este programa te permite
ajustar las raciones

CR-3507 NEWSWINE <http://www.ansi.okstate.edu/software/newswine.zip>
Autor: Luce, Gill Permite calcular dietas completas para cerdos y
calcular el balance de nutrientes. NEWSWINE tiene dos funciones:
La primera es calcular la composición nutricional de la mezcla de
alimento. La segunda es checar algunos requerimientos nutricionales
para cerdo. Por usar estas dos funciones juntas se puede hacer raciones
correctamente balanceadas, específicas para peso corporal y tipo de
cerdo.

CR-3024 OSURATION <http://www.ansi.okstate.edu/software/OSURATION.xls>
Autor: : Lalman, Gill Programa Revisado 10/30/01 Hoja de calculo
para raciones de Ganado estabulado . Simple calculador de raciones
con lista de requerimientos nutricionales

No XBREEDING <http://www.ansi.okstate.edu/software/xbreed.zip>
instructions Autor: Burditt Simulación de cruzas para cría. De datos

available proporcionados por el usuario. Este programa simula la generación de ganancia o pérdida en el segmento de la industria de animales de raza, es capaz de usar hasta 14 diferentes razas de ganado.

Apéndice B

Sitios de interés (Paginas web y diferentes programas en genética y biología molecular)

Animal Science, Oklahoma State University <http://www.ansi.okstate.edu>

Consejo Nacional de Mastitis

<http://www.nmconline.org/home.htm>

Medline <http://www.nlm.nih.gov/databases/freeemedl.html>

Food and Agriculture Organization <http://www.fao.org>

Manejo de Ganado Lechero <http://www.dairyherd.com>

Varios programas para genética

1.- GenoSketch http://www.netaxs.com/~farmer/gsketch.ahForgetIt/gsk_t6.exe Programa de diseño de pedigrí (gratis)

2.- Progeny <http://www.progeny2000.com/> Programa de diseño de pedigrí (versión disponible 30 días gratis).

3.- Cyrillic <http://www.cyrillicsoftware.com/> Programa de diseño y análisis de pedigrí (versión disponible 30 días gratis).

4.- Oligo <http://turbogene.uach.mx/oligo.zip> Primer programa diseñado basado en protocolos PCR (gratis)

5.- DNAprobe <http://www.simtel.net/pub/simtelnet/win3/science/dnaprobe.zip> Asistente para diseño de oligonucleótidos (gratis)

6.- Esee <http://www.simtel.net/pub/simtelnet/msdos/biology/esec109e.zip> Editor de secuencias múltiples de proteínas / DNA.

Molecular Biology Freeware for Windows (Software gratis para biología molecular)

Buenos lugares para empezar son [Genamics SoftwareSeek](http://genamics.com/software) (<http://genamics.com/software>) y [BioExchange](http://www.bioexchange.com/tools/software.cfm) (<http://www.bioexchange.com/tools/software.cfm>) y [eBioinfogen](http://www.ebioinfogen.com/pesoft.htm) (<http://www.ebioinfogen.com/pesoft.htm>)

-  [Genomic XML Viewer](http://www.labbook.com/products/xmlbrowsers.asp) <http://www.labbook.com/products/xmlbrowsers.asp> convierte archivos GenBank al formato xml el cual es un formato para visualización vale la pena bajarlo de la red requiere registrarse.

-  [pDRAW32](http://www.geocities.com/acaclone/) <http://www.geocities.com/acaclone/> Programa de análisis de DNA de AcaClone software (Kjeld Olesen). pDRAW te permite meter los nombres DNA y coordinar los elementos genéticos como son los genes para ser ploteados en tu DNA ploter.

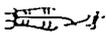
-  [BioEdit v1.8.8](http://www.mbio.ncsu.edu/BIOEDIT/bioedit.html) <http://www.mbio.ncsu.edu/BIOEDIT/bioedit.html> es un manejador de ratones, editor y alineador de secuencias fácil de usar y programa de análisis de secuencias diseñado y escrito por Tom Hall (North Carolina State University)

-  [FreeView](http://taxonomy.zoology.gla.ac.uk/rod/treeview.html) <http://taxonomy.zoology.gla.ac.uk/rod/treeview.html> provee una manera simple de ver los contenidos de NEXUS, PHYLIP, u otro formato de archivo ramificado. Este programa puede acoplarse con un paquete de análisis llamado [FreeTree](http://www.natur.cuni.cz/~flegr/programs/freetree/) <http://www.natur.cuni.cz/~flegr/programs/freetree/> escrito por el Dr. Jaroslav Flegr (Charles University, Praga, Republica Checa).

-  GeneTree <http://taxonomy.zoology.gla.ac.uk/rod/genetree> , es un programa experimental para comparar genes .

-  ANTHEPROT (ANalyse THE PROTEins)
http://pbil.ibcp.fr/ANTHEPROT/ns_sommaire.html es el resultado actividad biocomputacional en el instituto de Biología y química de proteínas (Lyón, Francia)

-  Artemis: <http://www.sanger.ac.uk/Software/Artemis/> un visualizador de secuencias de DNA y herramienta de anotaciones (Sanger Centre)

-  DNATools. <http://www.crc.dk/phys/dnatools.htm> es un programa para manejo de rutinas y análisis de DNA y análisis de secuencias de proteínas. el paquete incluye facilidades generales para secuencias, edición de secuencias, mapeo de restricción de enzimas, translación e identificación repetida.

-  DNA Club <http://www.mbsshortcuts.com/software/~> Programa de análisis de DNA , incluye removedor de vectores de secuencias, localizador, localizador ORF, editor de secuencias traslado a secuencia de proteínas editor de secuencias de proteínas, mapas RE, mapas RE con translación.

-  PHYLLIP <http://evolution.genetics.washington.edu/phyllip.html> (the PHYLogeny Inference Package) es un paquete de programas para inferir filogenia (árboles de evolución).

-  AnnHyb <http://annhyb.free.fr/> entre las funciones de este programa incluye edición de secuencias, conversión de formato, translación, estadística de secuencias, diseño de prueba y análisis.

-  Octopus <http://www.multimania.com/pdurand/HtmlDoc/software/octopus/> es una interfaz grafica de fácil uso diseñada para la rápida interpretación de BLAST, BLAST-2 y FASTA.

-  DNA for Windows <http://website.lineone.net/~molbio/> es un programa de análisis de DNA fácil de usar y compacto, ideal para proyectos de secuenciación de pequeña escala

- Clustal X <http://www-igbmc.u-strasbg.fr/BioInfo/ClustalX/Top.html> es una nueva interfase basada en Windows para el programa de alineamientos de secuencias múltiple CLUSTALW.

- IalnView <http://pbil.univ-lyon1.fr/software/ialnview.html> es un programa grafico para visualizar alineamientos locales entre dos secuencias (proteínas o aminoácidos). Las secuencias son representadas por rectángulos coloreados para dar una imagen completa de las similitudes entre dos secuencias. Los bloques similares entre dos secuencias son coloreados de acuerdo al grado de similitud entre dos segmentos.

-  RNA draw: <http://rnadraw.base8.se/> es un programa integrado para calculo y analisis de estructuras de RNA secundario diseñado por Ole Matzura and Anders Wennborg,

●  loopDloop

<http://iubio.bio.indiana.edu/1UBioSoftware+Data/molbio/loopdloop/java/loopDloop-doc.html> es una herramienta para dibujar estructuras de RNA secundario en biología molecular.

●  RasMol

<http://www.umass.edu/microbio/rasmol/> programa para visualizar estructuras moleculares. Es un programa excelente para pasar las proteínas o moléculas de DNA a su forma en 3D.

● Visualize <http://www.compbio.net/downloads/visualize/index.html> permite la visualización de superficies y de moléculas pequeñas en computadoras Pentium sin tarjeta grafica de 3D.

● WebLab ViewerLite <http://www.msi.com/life/products/weblab/viewer/index.html>
(programa similar)



● Deep View (Swiss-PdbViewer) <http://ca.expasy.org/spdbv/> es un programa que provee una interfase amigable que le permite analizar varias proteínas al mismo tiempo. las proteínas pueden ser sobrepuestas para comparar alineamientos o comparar sus sitios activos u otras partes relevantes, mutación de aminoácidos, uniones-H, ángulos y distancias entre átomos son fáciles de obtener.



● CarboDraw <http://www.glyko.com/free/free.html> este programa fue específicamente diseñado para crear estructuras de carbohidratos, y hacer el rendereo de estas fácilmente.

Apéndice C (Ligas a paginas web en Genética Cuantitativa)

Notas de clases (Algunas de estas ligas están activas solo cuando se esta dando el curso respectivo)

1. Biometrical Genetics and Plant Breeding, (Genética Biométrica y cruzamiento de plantas) Chris Cramer, New Mexico State University. <http://soil-physics.nmsu.edu/onion/NonF/BGPB.html>
2. Statistical Methods in Quantitative Genetics. (Métodos estadísticos en genética cuantitativa) Stephanie Monks, University of Washington. <http://www.biostat.washington.edu/~steph/biostat578/index.html>
3. Animal Models. (Modelos Animales) L. R. Schaeffer, University of Guelph. <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/Animals/>
4. PLYS 455 / ANSC 442; Animal Genetics (Quantitative Genetics and Animal Breeding). (Genética cuantitativa) G. F. Barbato, Penn State University. <http://gfb.cas.psu.edu/ANSC455/>
5. ANSC 442; Quantitative Genetics. (Genética Cuantitativa) G. F. Barbato, Penn State University <http://gfb.cas.psu.edu/anse442/>.
6. EEB 348: Population Genetics. (Genética Poblacional) Kent Holsinger, Univ. Conn. <http://darwin.eeb.uconn.edu/eeb348/eeb348.html>
7. ANSI 3433: Animal Breeding. David Buchanan, Oklahoma State University. <http://www.ansi.okstate.edu/course/3433/>

8. PS 756: Quantitative Genetics. Scott Haley, Plant Science Department. South Dakota State University. <http://www.sdstate.edu/~wpls/http/ps756/ps756.html>

Apéndice D Genomas

(diferentes paginas web con información especializada sobre genomas)

1. AnimalGenome Size Database (base de datos de genomas de mas de 2,100 especies y subespecies de vertebrados y 800 invertebrados) <http://www.genomesize.com/>
2. Human (Bases de datos sobre genoma Humano)
 - o Nature site <http://www.nature.com/genomics/human/>
 - o Science site <http://www.sciencemag.org/content/vol291/issue5507/>
3. Mouse (base de datos sobre genoma de ratón) <http://www.informatics.jax.org/>
4. Fugu (Puffer fish) <http://fugu.hgmp.mrc.ac.uk/>
5. Arabidopsis <http://www.arabidopsis.org/>
6. Flybase (Drosophila) (Base de datos de Drosophila) <http://flybase.bio.indiana.edu/>
7. Mosquito <http://klab.agsci.colostate.edu/>
8. Wormbase (C. elegans) <http://www.wormbase.org/>
9. Dictyostelium <http://www.uni-koeln.de/dictyostelium/>

Apendice E (Miscelaneos)

1. Genética

1. Software for Animal Breeding

http://www.math.usu.edu/~vukasino/ANSCI/soft_anbr.htm

2. National Biotechnology Information Facility General list of genetic-analysis

software http://www.nbif.org/software/software.html#genetic_analysis

3. Pedigree drawing software

<http://www.kumc.edu/gec/prof/genecomp.html#pedigree>.

4. Pedigree tools. <http://www.stat.wisc.edu/biosci/linkage.html#pedigree>

5. Genetic Analysis Software, lista masiva (largely human genetic) de

Rockerfeller University. <http://linkage.rockefeller.edu/soft/list.html>

6. Linkage & QTL Mapping

<http://www.stat.wisc.edu/biosci/linkage.html#linkage>.

7. Genetic calculation applets, de Knud Christensen en The Royal Veterinary & Agricultural University, Dinamarca

<http://www.husdyr.kvl.dk/htm/kc/genetik/applets/0.htm>.

2. Estadística

1. StatLib---General Archive Carnegie Mellon University.

<http://lib.stat.cmu.edu/general/>

Statistical power analysis. <http://sustain.forestry.ubc.ca/cacb/power/>

Directorios para encontrar personas relacionadas al tema.

1. Evolution and population genetics <http://statgen.ncsu.edu/statgen/email.html>
2. Animal Breeders and Geneticists <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/>
3. Animal Gene Mapping Community Directory
<http://www.genome.iastate.edu/community/mappers.html>

Cría Animal y Genética

- Online Mendelian Inheritance in Animals (OMIA)
<http://www.angis.su.oz.au/Databases/BIRX/omia/>
- Animal Geneticists Discussion Group. <http://chuck.agsci.colostate.edu/>
- ANGENMAP Discussion Group (Animal Gene Mappers).
<http://www.genome.iastate.edu/community/discuss.html>
- Animal Breeding and Genetics Group Wageningen University .
<http://www.zod.wageningen-ur.nl/vf>
- Animal Genetics and Breeding Unit University of New England (Armidale, New South Wales, Australia). <http://agbu.une.edu.au/>
- Domestic Animal Diversity Information System. <http://www.fao.org/dad-is/>
- The Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics
<http://metz.une.edu.au/~lbrash/aaa.html>

- AAABG (The Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics Inc)
Genetic parameter site for traits in Pigs and beef cattle <http://www.gparrm.csiro.au/>
- American Society of Animal Science. <http://www.asas.org/>
- American Dairy Science Association (ADSA). <http://orion.animal.uiuc.edu/~adsa/>
- FABA, FABA - Finnish Animal Breeding Association.
<http://www.mloy.fi/faba/FABA.html>
- Institute for Animal Science and Health (ID-DLO), en Payses Bajos.
<http://www.id.dlo.nl/>
- Animal Breeding and Genetics at University of Illinois (ADSA).
<http://orion.animal.uiuc.edu/>
- Animal Improvement Programs Laboratory (AIPL), (Beltsville, Maryland)
<http://aipl.arsusda.gov/>
- CGIL, Centre for genetic improvement of livestock (Canada)
<http://www.aps.uoguelph.ca/cgil/>
- The South African Stud Book and Livestock Improvement Association
<http://studbook.co.za/>
- STAGES Swine Testing and Genetic Evaluation System
<http://www.ansc.purdue.edu/stages/>

Cría de Plantas

- Plant Genome information <http://probe.nalusda.gov:8000/plant/index.html>
- WWW Pages of Agronomic Information
<http://info.aes.purdue.edu/agronomy/othragry.html>
- Forest Genetics and Tree breeding <http://www.metla.fi/~haapanen/breeding.htm>
- Institute of Plant Breeding, Wageningen Agricultural University
<http://www.spg.wau.nl/pv/nindex.htm>

Evolución

- Lista de paginas web relacionadas a evolución.
<http://golgi.harvard.edu/biopages/evolution.html>
- EVOL message homepage <http://life.biology.mcmaster.ca/~brian/evoldir.html>

Departamentos y Programas

- NCSU Program in Statistical Genetics (USA) <http://statgen.ncsu.edu/>
- Quantitative Genetics and Genome Analysis en la Universidad de Edinburgo (UK).
http://www.gradlife.ed.ac.uk/mse_quan/mse_quan.htm
- Genetics for Animal Breeding En la universidad de Nueva Inglaterra (Armidale, Australia). http://www-personal.une.edu.au/~jvanderw/pg_gen.htm

Apéndice F. Revistas especializadas en genética

Revistas

- The Journal of Quantitative Trait Loci (JQTL), una revista electrónica patrocinada por la Crop Science Society of America.
<http://probe.nalusda.gov:8000/otherdocs/jqtl/index.html>
- Genome <http://www.cisti.nrc.ca/cisti/journals/rjgen.html>
- Nature Genetics <http://genetics.nature.com/>
- Journal of Animal Science <http://www.asas.org/jas.html>
- Journal of Dairy Science <http://www.adsa.uiuc.edu/jds/jds.html>
- Crop Science <http://link.springer.de/link/service/journals/10088/index.htm>
- Proceedings of the National Academy of Sciences <http://www.pnas.org/>
- Evolution <http://lsvl.la.asu.edu/evolution/>
- Genetics <http://www.genetics.org/>
- History of Genetics Web Pages (University of California, Davis)
<http://pubweb.ucdavis.edu/Documents/hps/Histgen.html>
- Quantitative Genetics Resources (University of Arizona)
<http://nitro.biosci.arizona.edu/zbook/book.html>
- MendelWeb <http://www.netspace.org/MendelWeb/>

- Classic Papers in Genetics <http://www.gdb.org/rjr/history.html> estos archivos pueden descargarse en formato Adobe.
- Mendelian Genetics
<http://www.blc.arizona.edu/marty/181/181Lectures96/Courseoverview/mendgen.html> (Bio 181 at the University of Arizona) notas, tutorial de genética, y algunas graficas.
- Monohybrid Problem Set
http://www.biology.arizona.edu/mendelian_genetics/problem_sets/monohybrid_cross/monohybrid_cross.html (The Biology Project, U of AZ) Tutorial on single-trait crosses.
- Dihybrid Problem Set
http://www.biology.arizona.edu/mendelian_genetics/problem_sets/dihybrid_cross/dihybrid_cross.html (The Biology Project, U of AZ) Tutorial on two-trait crosses.
- The Virtual Fly Lab
<http://vflylab.calstatela.edu/edesktop/VirtApps/VflyLab/IntroVflyLab.html> realice cruzamientos genéticos en línea con *Drosophila virtuales*. Un excelente sitio de genética.
- MIT Hypertextbook Chapter on Mendelian Genetics <http://esg-www.mit.edu:8001/esgbio/mg/mgdir.html>
- The History of Genetics
<http://www.whitman.edu/Departments/Biology/classes/B205/B205HistoGen.html> (Whitman College) .
- Course Outline in Genetics <http://www.mcgill.ca/nrs/outline.htm> (McGill University)

Excelente curso con graficas y animaciones..

- [Interactive Pea Experiment](#)

<http://zippy.sonoma.edu/~kendrick/projects/anthro201/esper/> (Bill Kendrick)

Selecciona chicharos para cruza. Excelente introducción a los experimentos genéticos .

- [Glossary of Genetics Terms](#)

<http://www.bis.med.jhmi.edu/Dan/DOE/prim6.html>

Glosario de términos genéticos

BIBLIOGRAFIA

- 1 - Aldrich, J., Pearson K. 2002. A Reader's Guide, University of Southampton, Southampton, UK (<http://www.economics.soton.ac.uk/staff/aldrich/kpreader.htm>)
- 2 - Barahona, A., Piñero D., 1994. Genética: La continuidad de la vida, Fondo de cultura económica, México.
- 3 - Bateson, W., Saunders E. R., 1902. Experimental studies in the physiology of heredity, Newnham College, Cambridge, Royal Society. Reports to the Evolution Committee, <http://www.psych.ucsb.edu/research/cep/index.html>
- 4 - Bateson, W., MacDougal D. T., 1902. A Cytological Basis for the Mendelian Laws, Proceedings of The International Conference on Plant Breeding and Hybridization opened on September 30th 1902 in New York. USA, <http://www.psych.ucsb.edu/research/cep/index.html>
- 5 - Brook, W., 1998. Control of Segmental Identity in Drosophila: Homeotic Genes Department of Medical Biochemistry University of Calgary, Canada, <http://www.ucalgary.ca/UofC/eduweb/virtualembryo/homeotics.html>
- 6 - Buchannan, D., Burditt, L., 1982. Cowgame , Beef genetic simulation program, Oklahoma State University,
- 7 - Buchannan, D., Burditt, L., 1982. Milk, Dairy cattle simulation program, Oklahoma State University, USA.
- 8 - Burns, G.W., Bottino, P. J., 1989. The science of genetics 6th ed. Macmillan Publishing Company, USA.

- 9.- Clarke, J., 1999. Hominid Evolution, Chap. 5.1 The two worlds of genetics, Dental Anthropology, and Human Variation, Oral Biology and the Department of Orthodontics UIC College of Dentistry.
- 10.- Clavería, A., 2001. | Francis Galton, el ideólogo de la eugenesia, 2001.
<http://www.galeon.com/afm> ©Alex Fernández Muerza.
- 11.- Colby, C., 1997. Introduction to Evolutionary Biology USA.
- 12.- Darden, L., 1997. Recent Work in Computational Scientific Discovery, Department of Philosophy University of Maryland, Mahwah, New Jersey: Lawrence Erlbaum, pp. 161-166
- 13.- Demerec, M., Kaufmann, B.P., 1962. Introducción a la Genética y citología de Drosophila melanogaster, Comisión Nacional de Energía Nuclear, México.
- 14.- DeMille, M., Lovell, J., 2002. The Dog Genome Project. University of California, Berkeley
<http://www.berkeley.edu/>
- 15.- De Vries H. 1910. *Intracellular Pangenesis* (Gager, C. S., translator).. Chicago: Open Court. pp. 18-19. <http://www.psych.ucsb.edu/research/cep/index.html>
- 16.- Drakos, N., 2001. Introduction to quantitative genetics, Computer Based Learning Unit, University of Leeds.
- 17.- Encyclopedia of Life Sciences, Nature Publishing Group ©2001,
[/www.els.net](http://www.els.net), Macmillan Publishers Ltd.
- 18.- Facultad de Veterinaria, Universidad de Extremadura, (Curso 2000/2001), Unidad de Genética y mejora animal, Programa de Genética cuantitativa y mejora animal, España
<http://veterinaria.unex.es/indice.html>.
- 19.- Falconer, D.S. 1986. Introducción a la Genética Cuantitativa. 2a. ed. CECSA, México.

- 20.- Farabee M.J., 2001 Introduction to Genetics
<http://www.psych.ucsb.edu/research/cep/index.html>
- 21.- Fisher R. A., 1936. Has Mendel's Work Been Rediscovered?, 1 *Gullton Professor of Eugenics, University College, London*. <http://www.psych.ucsb.edu/research/cep/index.html>
- 22.- Forsdyke, D. R., 2002. Homepage Full-text of original papers, nineteenth century onwards, <http://post.queensu.ca/~forsdyke/>
- 23.- Fred Hutchinson Cancer Research Center., 2002. a non-profit organization,
<http://tiberius.fhcre.org/home/dog.html>
- 24.- Genética Cuantitativa. Apuntes de clase. Curso de Genética, 2001. Departamento de Extensión educativa, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales de La Universidad de la Frontera España.
- 25.- Gutiérrez, C., 2000. La química de la vida, <http://cariari.uer.ac.cr/~claudiog/vitae.html>
- 26.- Haldane, J. B. S. 1922. Sex ratio and unisexual sterility in hybrid animals. *J. Genet.*
<http://post.queensu.ca/~forsdyke/>
- 27.- Haldane, J. B. S. 1957. The theory of evolution before and after Bateson. *J. Genet.*
<http://post.queensu.ca/~forsdyke/>
- 28.- Henz, D. C., 1995. Natural Selection: Mechanism and Kinds.
<http://post.queensu.ca/~forsdyke/>
- 29.- Hewlett M., 1997. From Mendel to Biotechnology: A Critical Look at the Historical Development and Philosophical Foundations of Modern Biology Department of Molecular and Cellular Biology University of Arizona. Paper presented at the 1997 Summer Thomistic Institute, University of Notre Dame, July 19-27, 1997.
- 30.- Historia del Computo en la UNAM, DGSCA, 2002., pagina Web , Marzo 2002

- 31.- History of Computer, 2002. www.computer.org
- 32.- Howard Hughes Medical Institute, ©2002. Genes Can Answer to More than One Master, Published May 5, 2000
- 33.- Hunger, P. K. 1995. 1999, The art of algebra from Al-Khwarizmi to viete: A study in the natural selection of ideas.
- 34.- Iañez, P. E., 1998. Proyecto Genoma Humano Departamento de Microbiología, Instituto de Biotecnología, Universidad de Granada, España
- 35.- Iañez P. E. 1997. Portada de Biotecnología y Sociedad, <http://www.ugr.es/~ciañez/biotecono.htm>
- 36.- Kinghorn B. ,van der Werf, J., 1999. Quantitative Genetics, Course Notes 8th ed. Animal Science Department School of Rural Science and Natural Resources University of New England
- 37.- Ladd S.R., 1999-2000 *Genetic Algorithm in C++*, . Downloadable book. <http://www.coyotegulch.com>
- 38.- Lane J. A., 1994. History of Genetics Timeline, Woodrow Wilson Collection. www.accessexcellence.org
- 39.- Lasley J. F. 1982. Genética del Mejoramiento del ganado 2^a ed. UTEHA Pág. 1-7
- 40.- Lömig, W. E., © 1998, 1999, 2000, 2001 Die reaktion des darwinismus auf die
- 41.- Lopez B. B., Chávez G. E. , 1994. Manual de uso del Paquete estadístico "NWA STATPAK" un enfoque a la medicina. Facultad de Estudios Superiores, UNAM. Cuautitlan Edo. Mex. Mexico
- 42.- Mayo, O. 2000, Animal Improvement CSIRO Division Of Animal Production, Blacktown. NSW © The University of Western Australia <http://www.research.uwa.edu.au/schols/vac/csirosv.html>

- 43.- Mendel, G., 1865. Experiments in Plant Hybridization *Read at the meetings of February 8th, and March 8th, 1865.* MendelWeb by Roger B. Blumberg,
<http://www.stg.brown.edu/webs/MendelWeb/>
- 44.- Mendelian Genetics 7.01, Hypertextbook, 2002 <http://www.gene.com/gene/index.jsp>
- 45.- Moo-Young, 1981. Advances in Biotechnology., Pergamon Pr
<http://nitro.biosci.arizona.edu>
- 46.- Morgan T.H., 1911. Random segregation versus coupling in Mendelian inheritance. Science
<http://post.queensu.ca/~forsdyke/>
- 47.- Morgan T.H., Sturtevant ,A.H., Muller H.J. Bridges C.B., 1915. The Mechanism of Mendelian Heredity. New York: Holt. <http://post.queensu.ca/~forsdyke/>
- 48.- Morgan, T.H., 1919. The Physical Basis of Heredity. Philadelphia: JB Lippincott..
<http://post.queensu.ca/~forsdyke/>
- 49.- Muller, H.J., 1922. Variation due to change in the individual gene. American Naturalist 56.
<http://post.queensu.ca/~forsdyke/>
- 50.-Muller, H.J., 1927. Artficial transmutation of the gene. Science 66.
<http://post.queensu.ca/~forsdyke/>
- 51 -Muller, H.J., 1949. The Darwinian and modern conceptions of natural selection. Proceedings of the American Philosophical Society 93. <http://post.queensu.ca/~forsdyke/>
- 52 -Muller, H.J., 1973. Man's Future Birthright. Essays on Science and Humanity. Albany: State University of New York Press. <http://post.queensu.ca/~forsdyke/>
- 53 - Murphy A., Perrella J., 1994, Overview and Brief History, Woodrow Wilson Biology Institute. www.accessexcellence.org

- 54 - Murphy A., Perrella J., 1993, Evolution of Technology Timeline, Woodrow Wilson Biology Institute. www.accessexcellence.org
- 55 - Nielsen, B. C., 2000-2002, Advanced Genetics Wizard "G. Wiz" <http://www.vgl.ucdavis.edu>
- 56 - Olby, R. C., 1997. Mendel, Mendelism and Genetics Department of the History and Philosophy of Science, University of Pittsburgh.
- 57 - Organización de Educación de Excelencia 2002, www.accessexcellence.org
- 58 - OSU Oklahoma State University, Animal Extension Computer Software 1994-2002, www.ansi.okstate.edu Oklahoma Cooperative Extension Service and the Oklahoma State University Department of Animal Science.
- 59 - Pelozo, C. E., 2001, Historia de la Genética, Curso Genética, Universidad Nacional de Formosa, Argentina
- 60 - Peters, P. 1993. The Storage and Transmission of Hereditary Information, Wm. C. Brown Publishers, Inc.
- 61 - Pilgrim, L. 1984. The Too-Good-to-be-True Paradox and Gregor Mendel The Journal of Heredity.
- 62 - Pinalts, O., 2002, Biotopías (2). La manipulación genética de las especies animales
- 63 - Polsson K., 2002, Chronology of Personal Computers copyright 1995-2002
- 64 - Punnett, R. C., Bateson, W. 1908. The heredity of sex. *Science* 27, 785-787
<http://post.queensu.ca/~forstdyke/>
- 65 - Rennard J.-P., Ph.D., May 2000, Introduction to genetic algorithms.
<http://www.rennard.org/alife>
- 66 - Rosenberg R., 1967, Simulation of Genetic Populations with Biochemical Properties. PhD Thesis, University of Michigan. USA.

- 67.- Sapp, J., 1990. The Nine Lives of Gregor Mendel, Department of Science and Technology Studies, York University Ontario, Canada
- 68.- Seashore, G. 1997. Population and Quantitative Genetics, New York, USA.
- 69.- Stanford University © 2002 Ernst Mayr, Prologue: Some Thoughts on the History of the Evolutionary Synthesis* <http://www.stanford.edu/class/history133/Mayr/Synthesis.html>
- 70.- Sutton, W.S., 1903. The Chromosomes in Heredity. *Biological Bulletin*.
<http://post.queensu.ca/~forsdyke/>
- 71.- Thinkquest Team, © 1995-2002, The History of Evolutionary Theory, Part Two: Darwin and Beyond, <http://www.thinkquest.org>
- 72.- Tinker, N.A., 1993. Gregor 1.3.1, Software for genetic simulation, McGill University
- 73.- Tooby, J., 1998. Evolutionary Psychology: An Integrative Approach, Freely from at the Center for Evolutionary Psychology. <http://www.psych.ucsb.edu/research/cep/index.html>
- 74.- Wicks Z. W., 1997. Principles of Crop Improvement, Course notes, Department of Plant Science South Dakota State University. 4th ed. Iowa State University Press. Ames IA.
<http://www.abs.sdstate.edu/plntsci.htm>
- 75.- Willingham, A., 1999. Software that writes software, Genetic programming is the new frontier. A human creates the environment, and a computer hacks the code.