

CAMBIOS EN FRECUENCIAS ALÉLICAS CUANDO SE UTILIZAN DIFERENTES MATRICES DE PARENTESCO GENÓMICO PARA MANTENER DIVERSIDAD GENÉTICA

Morales-González¹, E., Fernández¹, J., Pong-Wong², R., Toro³, M.A. y Villanueva¹, B.

¹Departamento de Mejora Genética Animal, INIA, España. ²Genetics and Genomics Division, The Roslin Institute and R(D)SVS, University of Edinburgh, Reino Unido. ³Departamento de Producción Agraria, Universidad Politécnica de Madrid, España; morales.elisabeth@inia.es

INTRODUCCIÓN

Un objetivo común en los programas de conservación genética es minimizar la pérdida de variabilidad genética. Esto se puede lograr utilizando el método de Contribuciones Óptimas (CO) que optimiza las contribuciones de los candidatos a la siguiente generación minimizando el parentesco global. Un objetivo diferente en dichos programas puede ser mantener las frecuencias alélicas dado que cambios en dichas frecuencias pueden ser indeseables, particularmente cuando se trata de programas ex situ donde el objetivo final es la reintroducción de individuos en la naturaleza. Se han propuesto diferentes matrices de parentesco genómico para su uso en CO y la elección de la matriz genómica tendrá un impacto, no solo en la variabilidad genética mantenida, sino también en el cambio en las frecuencias alélicas. El objetivo de este estudio fue evaluar, a través de simulaciones estocásticas, tanto la variabilidad genética mantenida como la trayectoria de las frecuencias alélicas cuando se utilizan diferentes matrices de parentesco genómico en CO.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se supuso un genoma compuesto por 20 cromosomas de 1 Morgan cada uno. Se simularon 500.000 SNPs (utilizados en el manejo) y 500.000 loci dialélicos no marcadores (utilizados para medir las consecuencias de usar cada matriz) por cromosoma. El manejo se realizó utilizando el método CO a lo largo de 50 generaciones con tamaño poblacional constante ($N = 100$ individuos). Se compararon dos matrices de parentesco genómico calculadas a partir SNPs: i) la matriz basada en desviaciones del número observado de alelos compartidos entre dos individuos del valor esperado bajo equilibrio de Hardy-Weinberg ($\Theta_{L\&H}$, Li y Horvitz, 1953) y ii) la matriz obtenida a partir la matriz de relaciones genómicas de VanRaden (2008) (Θ_{VR2}). La variabilidad genética se midió como la heterocigosis esperada (He) y el cambio en las frecuencias alélicas se midió utilizando el criterio de divergencia de Kullback-Leibler (KL) (Kullback, 1997), ambos calculados con los loci no marcadores.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El uso de $\Theta_{L\&H}$ en CO dio lugar a una mayor He retenida que cuando se utilizó Θ_{VR2} y la diferencia entre ambas estrategias aumentó a lo largo de las generaciones. El uso de $\Theta_{L\&H}$ incluso llevó a un aumento de He en las generaciones iniciales mientras que con Θ_{VR2} He disminuyó a lo largo de todas las generaciones. Por otra parte, con Θ_{VR2} las frecuencias alélicas se mantuvieron más cercanas a las de la población base que con $\Theta_{L\&H}$ (es decir, se obtuvieron valores más altos de KL con $\Theta_{L\&H}$ que con Θ_{VR2}). El uso de ambas matrices en CO también llevó a diferentes números de individuos seleccionados como padres de la siguiente generación. En particular, con $\Theta_{L\&H}$ se seleccionaron entre un 10% y un 30% menos individuos que con Θ_{VR2} . Esta diferencia implicó una diferencia en el número de loci que permanecieron segregando a lo largo de las generaciones, que fue mucho mayor al usar Θ_{VR2} que al usar $\Theta_{L\&H}$.

CONCLUSIÓN

Cuando se usa $\Theta_{L\&H}$ en CO, se mantiene más He que cuando se usa Θ_{VR2} . Sin embargo, Θ_{VR2} mantiene las frecuencias alélicas más cercanas a las de la población base y mantiene más loci segregando que $\Theta_{L\&H}$.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Li, C. & Horvitz, D. 1953. Am. J. Hum. Genet. 5: 107–117 • VanRaden, P.M. 2008. J. Dairy Sci. 91: 4414–4423 • Kullback, S. 1997. Courier Dover Publications.

Agradecimientos: Este trabajo fue financiado por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, España (CGL2016-75904-C2-2-P).