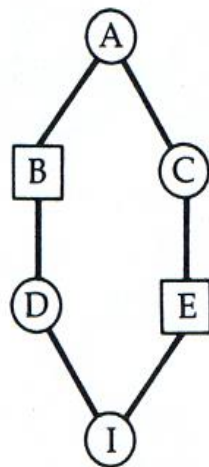


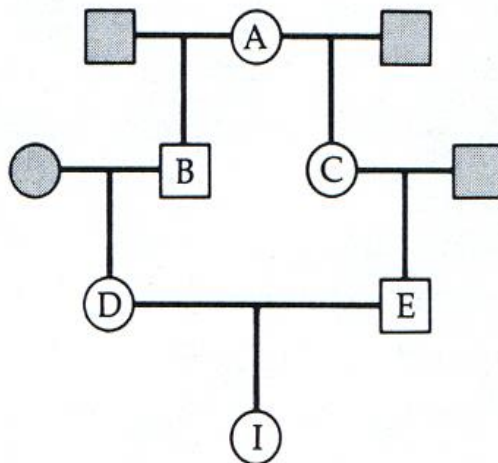
CALCULO DEL COEFICIENTE DE ENDOGAMIA A PARTIR DE GENEALOGÍAS: ANÁLISIS DE VEREDAS

Sea la genealogía que se muestra en la figura (b). En este caso, la genealogía muestra el cruzamiento entre dos **medios primos**. B y C son medios hermanos, comparten la misma madre (A), pero tienen diferente padre. D y E son medios primos, comparten la misma abuela (A) pero tienen diferente abuelo. El individuo problema (I) es, por tanto, descendiente de un cruzamiento entre medios primos. Réplicas de un mismo alelo presente en A (antecesor común de D y E) pueden haber llegado a I a través de D (su madre) y también a través de E (su padre). Por tanto, I puede ser **autocigótico**, es decir, llevar dos alelos idénticos por ascendencia. **El coeficiente de endogamia F** es la probabilidad de que los dos alelos de un gen en un individuo sean idénticos por ascendencia.

1.- El primer paso para calcular F, es **simplificar la genealogía** en la forma indicada en la figura (a), donde las líneas representan gametos transmitidos por los padres a sus descendientes. Al hacer esta simplificación, se eliminan todos aquellos individuos que no tienen antecesores en común - los individuos marcados en gris en la figura (a) -, ya que al no tener antecesores comunes no pueden contribuir a la endogamia del individuo problema (I).



(a)



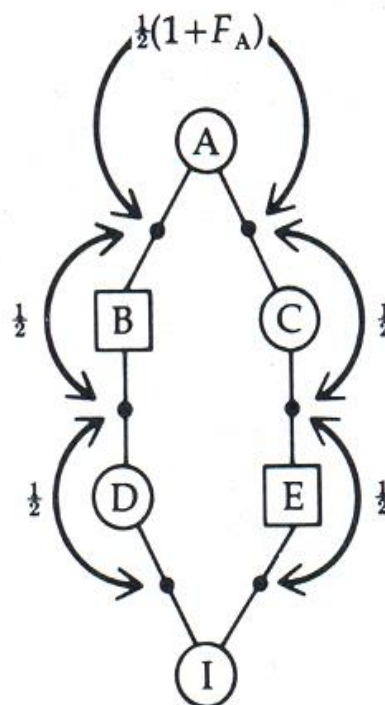
(b)

El coeficiente de endogamia F_I del individuo I es la probabilidad de que I lleve alelos idénticos por ascendencia para un locus. Es importante darse cuenta de que F_I es igual a la probabilidad de que los gametos que transmiten D y E lleven alelos idénticos por ascendencia. La probabilidad de que ambos gametos lleven alelos idénticos, es igual a la probabilidad de que si tomamos un alelo al azar de D y un alelo al azar de E, éstos sean idénticos por ascendencia. La probabilidad de que un alelo tomado al azar de D sea idéntico por ascendencia a un alelo tomado al azar de E, es el coeficiente de coancestro de D y E (F_{DE}). Por tanto, el coeficiente de endogamia de un individuo (en este caso F_I) es igual al coeficiente de coancestro de sus padres (F_{DE} en este caso).

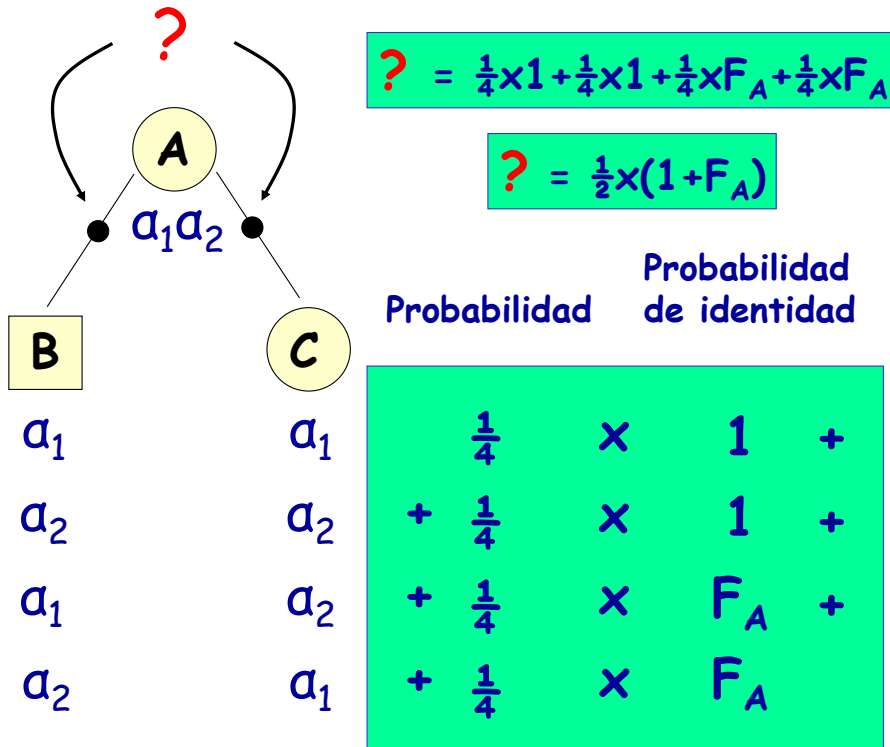
2.- El siguiente paso para calcular F es **localizar todos los antecesores comunes a los padres del individuo problema (I)**, porque un alelo sólo puede hacerse autocigótico en I si fue heredado de ambos parentales a partir de un antecesor común. En este caso, sólo hay un antecesor común – el individuo A de la genealogía.

3.- El siguiente paso para calcular F , que hay que llevarlo a cabo para cada antecesor común, es trazar todas las posibles **rutras o veredas de gametos** que van desde uno de los parentales de I, hacia atrás hasta el antecesor común, y de vuelta hasta el otro parental de I. Estas veredas representan las rutas por las que un alelo presente en el antecesor común puede llegar a hacerse autocigótico en el individuo problema I. En la presente genealogía (ver figura a) sólo hay una de estas veredas: DBACE (se subraya el antecesor común de la vereda; resulta especialmente útil en genealogías complejas, con más de una vereda).

4.- El siguiente paso para calcular F , es determinar la probabilidad de autocigosis en I debida a cada una de las posibles rutas o veredas de gametos. Para la ruta DBACE, el razonamiento implicado en dicho cálculo se ilustra en la siguiente figura:



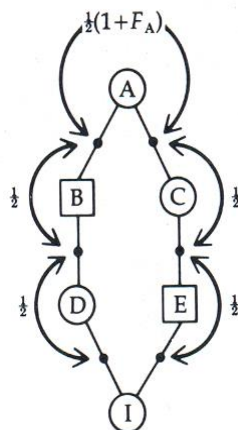
Los puntos negros, representan alelos transmitidos por los gametos, y el número asociado con cada bucle indica la probabilidad de que los dos alelos que se señalan sean idénticos por ascendencia. Para todos los individuos excepto el antecesor común, la probabilidad es $\frac{1}{2}$ porque, por segregación mendeliana, la probabilidad de que un individuo transmita a su descendiente el mismo alelo que ha recibido de uno de sus parentales es $\frac{1}{2}$. Para ver porqué $(\frac{1}{2})(1+F_A)$ es la probabilidad asociada al bucle alrededor del antecesor común, designemos los alelos del antecesor común como α_1 y α_2 .



El par de gametos con los que podría haber contribuido A a sus descendientes B y C, podrían contener α_1 y α_1 , α_2 y α_2 , α_1 y α_2 , α_2 y α_1 ; cada uno de estos sucesos con probabilidad $\frac{1}{4}$ dada la segregación mendeliana. En los dos primeros casos, los alelos son claramente idénticos por ascendencia. En los dos segundos casos, los alelos son idénticos por ascendencia sólo si α_1 y α_2 son idénticos por ascendencia, y α_1 y α_2 son idénticos por ascendencia sólo si el individuo A es autocigótico, lo cual, tiene una probabilidad F_A (el coeficiente de endogamia de A). Teniendo todo ello en cuenta, la probabilidad que buscamos para el bucle alrededor del antecesor común A es:

$$\frac{1}{4} + \frac{1}{4} + (\frac{1}{4}) F_A + (\frac{1}{4}) F_A = \frac{1}{2} + (\frac{1}{2}) F_A = (\frac{1}{2}) (1 + F_A)$$

Todos los pasos de la vereda que se muestran en la figura son independientes:



y, por tanto, la probabilidad de autocigosis en el individuo I atribuible a esta ruta de gametos es:

$$\left(\frac{1}{2}\right) \times \left(\frac{1}{2}\right) \times \left(\frac{1}{2}\right)(1 + F_A) \times \left(\frac{1}{2}\right) \times \left(\frac{1}{2}\right) = \left(\frac{1}{2}\right)^5(1 + F_A)$$

Véase que el exponente sobre el $\left(\frac{1}{2}\right)$ es simplemente el número de individuos contenidos en la vereda (excluyendo el individuo problema). En general, si la vereda a través de un antecesor común (AC) contiene i individuos, la probabilidad de autocigosis atribuible a esta vereda es:

$$\left(\frac{1}{2}\right)^i(1 + F_{AC})$$

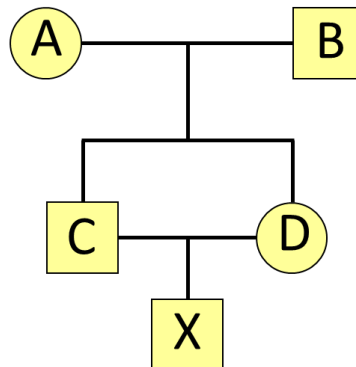
Por tanto, el coeficiente de endogamia del individuo I es $F_I = \left(\frac{1}{2}\right)^5(1 + F_A)$, o asumiendo que $F_A = 0$, simplemente $F_I = \left(\frac{1}{2}\right)^5 = 1/32$.

En genealogías más complejas, hay más de una vereda de gametos. Las veredas son mutuamente excluyentes, ya que si un individuo es autocigótico para un alelo heredado a través de una vereda, el individuo no puede ser al mismo tiempo autocigótico en el mismo locus para un alelo heredado a través de otra vereda. Por tanto, el coeficiente de endogamia total es la suma de las probabilidades de autocigosis atribuibles a todas las posibles rutas o veredas de gametos. En general, para cualquier gen autosómico, la fórmula para calcular el coeficiente de endogamia F_I de cualquier individuo I es:

$$F_I = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^i(1 + F_{AC})$$

donde la suma se establece para todas las posibles rutas o veredas de gametos a través de todos los antecesores comunes, i es el número de individuos en cada vereda y AC es el antecesor común en cada vereda.

Veamos ahora el caso de un descendiente de un **cruzamiento entre hermanos**. La genealogía completa del individuo X se muestra en la siguiente figura. X es descendiente de dos hermanos, C y D, que son descendientes de A y B. Los padres de A y B son desconocidos. Queremos calcular el coeficiente de endogamia de X.

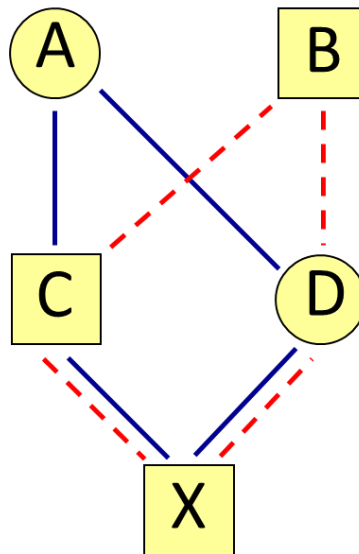


Páginas de docencia de Joaquina de la Torre Escudero

Paso 1. A y B son ambos antecesores comunes, ya que están emparentados con los dos progenitores de X (los individuos C y D).

Paso 2. Puesto que se desconocen los progenitores de los antecesores comunes A y B, se asume que ninguno de ellos es endógamo y, por tanto, F_A y F_B son 0.

Paso 3. Como se muestra en la siguiente figura, sólo se puede trazar un lazo a través de cada antecesor común (línea azul y línea roja discontinua). Ambos lazos (a través de A y a través de B) tienen cuatro pasos, e incluyen a 3 individuos (excluyendo el individuo problema X).



Paso 4. La contribución a la endogamia por parte de cada lazo (o vereda) será:

<u>Vereda</u>		<u>F_{AC}</u>	<u>i</u>	<u>Contribución a F_x</u>
C - <u>A</u> - D	●	0	3	$(\frac{1}{2})^3(1+0) = 1/8$
C - <u>B</u> - D	●	0	3	$(\frac{1}{2})^3(1+0) = 1/8$

$F_x = (1/8) + (1/8) = 2/8 = 1/4$

Paso 5. La suma de todos los lazos es $F_x = 0.250$. El coeficiente de endogamia del individuo X (descendiente de un cruzamiento entre hermanos) es 0.25.

Si quieres leer más, [pincha en este enlace](#), y encontrarás una práctica acerca del efecto de la endogamia en poblaciones pequeñas y la gestión genética en parques zoológicos, con varios ejemplos para el cálculo de coeficientes de endogamia en individuos de genealogía conocida.