

FUENTES DE INFORMACIÓN EN LA SELECCIÓN GENÓMICA

Toro¹, M.A., Villanueva², B. y Fernández², J.

¹Departamento de Producción Agraria, Universidad Politécnica de Madrid, Spain. ²Departamento de Mejora Genética Animal, INIA, Spain; miguel.toro@upm.es

INTRODUCCIÓN

Es un lugar común asumir que el progreso genético debido a la selección genómica se debe al desequilibrio de ligamiento (LD) que existe entre los marcadores y los genes causales: si ambos segregan de forma independiente la selección genómica no tendrá respuesta. Sin embargo, esto no es del todo correcto como ya han señalado algunos autores (Habier *et al.*, 2013). Los marcadores moleculares proporcionan información sobre los genes causales de tres formas: 1) proporcionando información sobre las relaciones de parentesco; 2) proporcionando información sobre la co-segregación entre marcadores y genes causales debido al ligamiento; 3) proporcionando información sobre la asociación gamética entre marcadores y genes causales debido al desequilibrio de ligamiento. El objetivo de este estudio es evaluar, a través de simulaciones por ordenador, el impacto de estas fuentes de información.

TEORÍA

En una población panmictica en desequilibrio de ligamiento la varianza aditiva explicada por un marcador en desequilibrio de ligamiento (D) con un gen causal es proporcional a $D^2/(2*p1*q1*p2*q2)$, es decir, que un marcador solo es informativo si está en desequilibrio de ligamiento con el gen causal. Sin embargo, si la población está en equilibrio (LE) pero hay parentesco, el parentesco en el marcador es informativo respecto al parentesco en el gen causal ya que ambos son reflejo del parentesco de identidad por descendencia. Con muchos marcadores independientes la matriz de parentesco genómica convergería con la matriz de parentesco genealógica. En este último caso, cabe conjeturar que la respuesta a la selección genómica nunca sería superior a la respuesta con el BLUP tradicional. La precisión de la matriz genómica es mayor en presencia de ligamiento aunque no haya LD. Además el ligamiento permite calcular el parentesco condicional en los marcadores como ya propusieron Fernando y Grossman (1989). Utilizando este enfoque Villanueva *et al.* (2005) mostraron que se pueden obtener beneficios de la selección genómica incluso bajo el modelo infinitesimal.

SIMULACIÓN

Se asume un genoma compuesto por 400 marcadores que se utilizan para la evaluación y posterior selección genómica y 400 genes causales codifican para un carácter de heredabilidad = 0.5 (y varianza fenotípica = 1). La población consiste en 100 familias de 20 hermanos cada uno de los que se seleccionan 100 machos y 100 hembras.

Si todos los genes (tanto marcadores como QTLs) están en cromosomas distintos y en equilibrio de ligamiento la respuesta a selección es 0.7671. Si están en equilibrio de ligamiento pero situados en 10 cromosomas de un Morgan la respuesta es 0.7997. Si además la población se hubiera generado en desequilibrio de ligamiento (con un $r^2 = 0.1584$ entre loci adyacentes) la respuesta sería 0.9794.

CONCLUSIÓN

Existen tres fuentes de información en la selección genómica: parentesco, ligamiento y desequilibrio de ligamiento aunque esta última es la más importante para obtener beneficios sustanciales.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Fernando, R.L. & Grossman, M. 1989. Genet. Sel. Evol. 21: 467-477. • Habier, D., Fernando, R.L. & Garrick, D.J. 2013. Genetics 194: 597-607. • Villanueva, B., Pong- Wong, R., Fernández, J. & Toro, J. 2005. Anim. Sci. 83: 1747-1752.

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