FUNDADORES O ANCESTROS EN EL ANÁLISIS GENEALÓGICO: APLICACIÓN A LA ESTIRPE GUADYERBAS DE CERDO IBÉRICO

M. Toro, J. Rodrigáñez, L. Silió y M.C. Rodríguez
Departamento de Mejora Genética y Biotecnología, INIA, Madrid

INTRODUCCIÓN

El mantenimiento de la diversidad genética es el objetivo primordial de los programas de conservación. En los últimos años ha existido un creciente interés tanto en el desarrollo de técnicas para el análisis genealógico (goteo de genes, por ejemplo) como en proponer parámetros que resuman la evolución de la variabilidad genética. Recientemente Caballero y Toro (1999) han descrito estos parámetros y su interrelación. En este artículo se presenta la evolución de estos parámetros en el programa de conservación de la estirpe *Guadyerbas* de cerdos ibéricos.

MATERIAL Y MÉTODOS

La población *Guadyerbas* fue establecida en 1945 a partir de 5 machos y 27 hembras que representaban el tipo negro lampiño de la vega del Guadiana y ha sido mantenida desde entonces como una piara cerrada. La gestión genética de la piara se llevó a cabo manteniendo una estructura familiar equilibrada y practicando apareamientos de mínimo parentesco (Rodrigañez *et al.*, 1997). En el presente análisis se considera una genealogía integrada por 237 verracos y 751 cerdas agrupadas en 18 cohortes, correspondientes a animales nacidos en los sucesivos trienios del período 1945-97.

Para el análisis genealógico se han calculado para cada cohorte las contribuciones, c_i de cada uno de los ancestros de la misma, definidas como la proporción de senderos que unen un ancestro con un grupo de descendientes (James, 1962), así como el parentesco medio de cada cohorte (incluyendo los recíprocos y el parentesco de los individuos consigo mismos). Este parámetro puede expresarse en función de las contribuciones de los M ancestros (de los que N_0 son fundadores) de la forma siguiente (Caballero y Toro, 1999),

$$\bar{f} = 0.5\sum_{i=1}^{N_0} c_i^2 + 0.25 \sum_{i=N_0+1}^{M} c_i^2 (1 - \frac{F_{Si} + F_{Di}}{2}) \qquad (1)$$

A partir de esta relación pueden definirse los siguientes parámetros:

Número efectivo de fundadores definido por Lacy (1989) como el número de fundadores que, si contribuyeran de forma uniforme, producirían la misma diversidad genética que la cohorte en estudio. Se calcula como $N_{ef} = 1/\sum_{i=1}^{N_0} c_i^2$, siendo c_i la contribución esperada de cada uno de los N_0 fundadores.

Número equivalente de genomas fundadores. El parámetro anterior no tiene en cuenta que, incluso si los fundadores contribuyen igualmente a la cohorte, la variabilidad genética puede perderse por deriva genética. Por ello Lacy (1995) definió este nuevo parámetro como $N_{ge} = 1/2\bar{f}$.

Numero efectivo de no fundadores definido por Caballero y Toro (1999) como $N_{enf} = 0.5 \sum_{i=N_0+1}^{M} c_i (1 - \frac{F_{Si} + F_{Di}}{2})$ y que refleja la contribución del resto de los individuos de la genealogía que no son fundadores corregido para evitar redundancias debidas al parentesco entre los no fundadores.

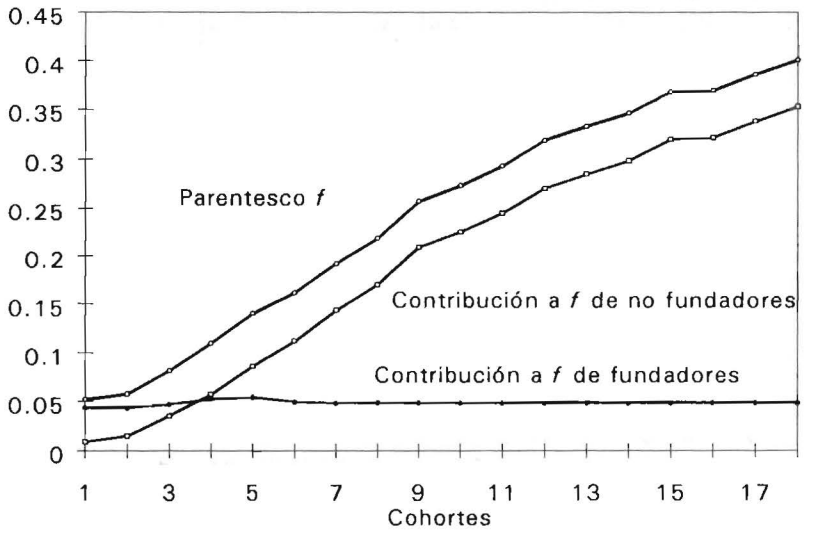
La relación entre los tres últimos parámetros es $1/2N_{ge} = 1/2N_{ef} + 1/2N_{enf}$

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

A partir de la relación (1) puede calcularse para cada cohorte la contribución al parentesco de cada uno de los individuos fundadores. Las contribuciones de cada fundador se estabilizan conforme avanza el tiempo. Sólo 14 de ellos han sobrevivido hasta la última cohorte, extinguíendose la mayoría de los restantes en la etapa inicial de la estirpe. El fundador que más contribuye al parentesco de la última cohorte es la cerda ***Ruperta*** (1,61%) y el que menos ***Gévora*** (0,00011%). La varianza de las contribuciones a largo plazo $V_{0,\infty}$ está directamente relacionada con el incremento asintótico del coeficiente de consanguinidad. Así, en una genelogía con un censo constante por generación N y un sistema de apareamiento regular es $\Delta F = (1+V_{0,\infty})/4N$ (Wray y Thompson, 1980).

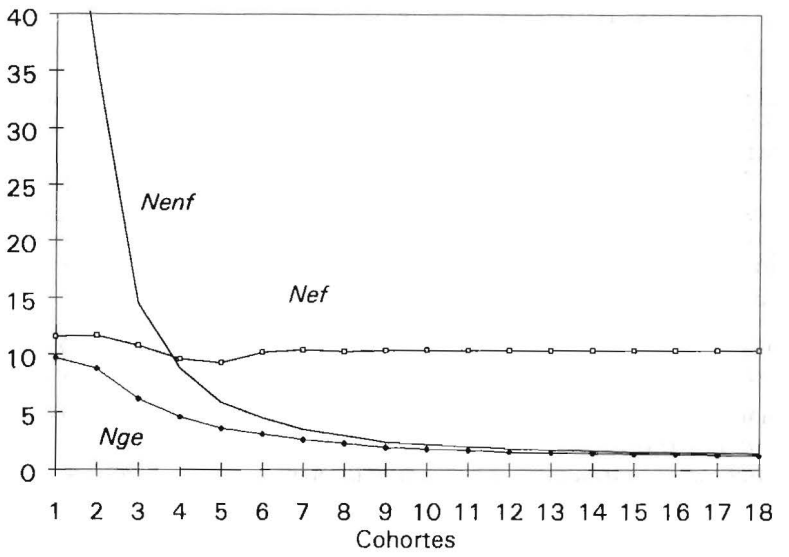
En la Figura 1 se presenta la evolución del parentesco $\bar{f}$ a lo largo de los sucesivos trienios del período analizado, así como la contribución al mismo de los animales fundadores y no fundadores. El valor de $\bar{f}$ en la última cohorte es 0,401, siendo 0,048 y 0,353 la contribución respectiva de fundadores y no fundadores. La contribución de los primeros se estabilizó en ese valor en el trienio 7, desde el que el aumento del parentesco debe atribuirse a la contribución de los no fundadores.

Figura 1



Por otra parte en la Figura 2 se presenta la evolución de los parámetros N_{ge}, N_{ef} y N_{enf}. Como se ha explicado previamente N_{ef} se estabiliza con el tiempo, mientras que el N_{enf} disminuye de forma progresiva, desde un valor de 60 hasta un valor de 1,42 del primer al último trienio, lo que refleja que la contribución al parentesco de los individuos no fundadores va aumentando conforme transcurre el tiempo. Por último, N_{ge}, relacionado directamente con el coeficiente de parentesco también disminuye como consecuencia del aumento progresivo de éste.

Figura 2



En génetica de poblaciones se ha utilizado, clásicamente, los conceptos de censo efectivo de consanguinidad (N_{ec}) y censo efectivo de deriva (N_{ev}) definidos como el censo de una población ideal que produjera la misma tasa de aumento de consanguinidad (ΔF) o la misma tasa de aumento de parentesco (Δf) que la población considerada. Por otra parte, en la literatura conservacionista es más habitual el uso de los términos N_{ge}, N_{ef} y N_{enf}. En una población de censo constante y un sistema de apareamiento más o menos regular que garantice una aproximación asintótica, $N_{ec} = N_{ev}$, $N_{ef} = N_e/2$ y $N_{ge} = N_e/t$, siendo t el número de generaciones. Así, cuando el programa se estabiliza, N_{ef} expresa la tasa de cambio de la consanguinidad por generación mientras que N_{ge}, que disminuye de forma progresiva y continua, expresa la pérdida acumulada de variabilidad genética.

Otros parámetros utilizados en la literatura conservacionista, el número efectivo de ancestros y el de genomas fundadores, propuestos por Boichard *et al.* (1997), no parecen ser de interés ya que recurren a aproximaciones que no tienen en cuenta de forma correcta la deriva genética, subestimando la pérdida de genes. Ello se ha confirmado en este análisis, donde los valores calculados del número efectivo de ancestros y de genomas fundadores superan a los de N_{ge}. Así para la última cohorte los respectivos valores son 6,81 y 1,38 frente al 1,25 obtenido por el procedimiento exacto aquí descrito.

REFERENCIAS

Boichard et al. 1997. *Genetics Selection Evolution* 29 : 5-23.

Caballero A. y M. Toro 1999. *Genetical Research* (enviado)

James J.W. 1962. *Genetical Research* 3 : 1-19.

Rodrigáñez *et al.* 1997. En *International symposium on Mediterranean animal germplasm and future human challenges* (Ed. D. Matassino, J. Boyazoglu y A. Cappuccio) pp : 183-186, EAAP Publication 85.

Wray N. y R. Thompson 1990. *Genetical Research* 55 : 41-54