

EFICIENCIA DE LA UTILIZACIÓN DE MARCADORES EN PROGRAMAS DE CONSERVACIÓN

Jesús Fernández¹, Beatriz Villanueva², Ricardo Pong-Wong³, Miguel Ángel Toro¹
¹Departamento de Mejora Genética Animal. Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria. Madrid
²Sustainable Livestock Systems Group, Scottish Agricultural College. Edimburgo.
³Genetics and Genomics. Roslin Institute (Edinburgh). Roslin.

jmj@inia.es

INTRODUCCIÓN

Habitualmente, los objetivos principales en un programa de conservación son mantener niveles altos de variabilidad genética y minimizar el incremento de la consanguinidad. Con apareamiento aleatorio tanto la pérdida de información genética (alelos) en poblaciones pequeñas como el aumento de la consanguinidad dependen de la deriva genética de dicha población, por lo que cualquier estrategia que minimice el efecto de la deriva será eficiente en el control simultáneo de la variabilidad genética y la consanguinidad.

Cuando sólo se dispone de las relaciones genealógicas, se ha demostrado que la mejor manera de controlar el incremento en consanguinidad es determinar el conjunto de contribuciones que minimiza el parentesco global de los padres ponderado por dichas contribuciones (ver, por ejemplo, Fernández y col. 2003). Puesto que actualmente existe una creciente disponibilidad de marcadores moleculares, se ha sugerido su uso para sustituir o complementar la información genealógica a través del cálculo del parentesco molecular o el parentesco condicional a los marcadores, respectivamente (Toro y col 1999, Wang 2001).

El objetivo del presente estudio es evaluar la eficiencia para el mantenimiento de la diversidad genética y el control de la consanguinidad del uso de la información molecular y genealógica en poblaciones de conservación, cuando ambas fuentes de información (por separado o en combinación) se tienen en cuenta para optimizar las contribuciones de los reproductores a la siguiente generación.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se simularon poblaciones compuestas por $s = 9$ machos y $d = 9$ hembras. El genoma de los individuos constaba de $c = 1$ o 20 cromosomas de 1 Morgan de longitud, con 100 loci (completamente polimórficos en la población base) distribuidos homogéneamente. Adicionalmente, se simularon $m = 1, 5$ y 10 loci marcadores por cromosoma. El número de alelos por marcador fue $a = 2$ y 10 para todos los marcadores, asignándose aleatoriamente en la población base. Cada simulación se replicó 50 o 100 veces (dependiendo del tamaño del genoma) y se calcularon los valores de diversidad génica (DG, heterocigosidad esperada) y consanguinidad (F) a partir de los datos de todos los loci no marcadores, promediando entre réplicas en cada una de las 10 generaciones. El censo efectivo (N_e) se calculó a partir del promedio de ΔF entre las generaciones 5 y 10.

El método de manejo simulado fue la minimización del parentesco promedio, usando en cada caso la matriz de parentescos genealógicos (f_P), la molecular (f_M) o la condicional a los marcadores (f_{PM}), respectivamente. Como puntos de comparación, se pasaron casos en los que la contribución era aleatoria (R) y otros

en el que el parentesco se calculaba a partir del genotipo para los 100 loci no marcadores (f_G).

Se consideraron dos situaciones: (i) las decisiones se tomaban basadas en la información de los padres potenciales y sólo se generaban el número exacto de hijos que se iban a mantener (PG); (ii) cada apareamiento generaba cuatro hijos que son genotipados para los marcadores y se decide cuáles de ellos mantener usando esa información (HG).

RESULTADOS

Las Tablas 1 y 2 muestran los resultados para DG y Ne cuando las decisiones se toman basadas en los datos de los parentales (PG) o en la de varios hijos por reproductor (HG; cuatro hijos como promedio). Los datos de dichas tablas corresponden a poblaciones de $s = d = 9$ inicialmente no emparentados, pero los resultados en otros escenarios son similares y por ello no se presentan. El censo efectivo en los casos en los que no se usa información genealógica, no aparece porque, en estas situaciones, el parámetro no alcanza un valor asintótico, sino que va aumentando según aumentan las generaciones.

Tabla 1. Heterocigosidad esperada (GD , en %) en la generación 10 y censo efectivo (Ne), cuando las decisiones se basan en la información de los reproductores. Significado de las abreviaturas en el texto.

	c	a	R	f_P	f_G	f_M			f_{PM}		
						$m = 1$	$m = 5$	$m = 10$	$m = 1$	$m = 5$	$m = 10$
GD	1	2	73.93	84.09	87.22	71.72	69.53	68.51	84.01	84.91	85.09
		10				73.99	82.75	84.45	84.44	86.58	86.84
	20	2			84.09	68.08	77.97	80.39	84.00	83.98	84.00
		10				80.28	83.24	83.76	84.02	83.99	84.12
Ne	1	2	18.61	35.67					33.14	39.10	49.97
		10							41.66	45.14	56.49
	20	2							35.27	34.94	35.66
		10							34.03	34.87	34.15

Tabla 2. Heterocigosidad esperada (GD , en %) en la generación 10 y censo efectivo (Ne), cuando las decisiones se basan en la información de cuatro hijos por reproductor (como promedio). Significado de las abreviaturas en el texto.

	c	a	R	f_P	f_G	f_M			f_{PM}		
						$m = 1$	$m = 5$	$m = 10$	$m = 1$	$m = 5$	$m = 10$
GD	1	2	73.93	84.09	95.11	74.90	74.04	76.45	84.82	88.67	90.46
		10				78.12	87.84	90.35	87.75	91.82	92.71
	20	2			86.46	74.99	81.89	83.15	83.52	84.26	84.82
		10				83.35	85.27	85.72	84.17	85.55	85.94
Ne	1	2	18.61	35.67					38.02	48.69	69.31
		10							45.01	103.31	181.83
	20	2							33.57	33.37	39.91
		10							36.03	44.28	47.19

La efectividad del parentesco genealógico (f_P) a corto y medio plazo se hace evidente en los valores de GD mantenidos, que son muy próximos a los máximos

posibles (representados por f_G), especialmente para genomas grandes y cuando no se pueden evaluar más individuos de los que se van a mantener.

Cuando sólo se usa información molecular (f_M), el número de marcadores necesario para alcanzar los mismos niveles de GD que sólo con información genealógica (f_P) es muy alto, aunque éste disminuye con la posibilidad de evaluar a los hijos.

La inclusión de información molecular en la estrategia de manejo, a través del parentesco condicional (f_{PM}), apenas produce ganancia extra, con respecto a usar exclusivamente la genealogía, cuando sólo tenemos información de los padres (Tabla 1). Sin embargo, para genomas pequeños y usando información de los hijos, se observan aumentos importantes de N_e (y, por tanto, mejor comportamiento a largo plazo) cuando se combinan los dos tipos de información, en consonancia con los resultados de Toro y col. (1999) y Wang (2001). De cualquier manera, para genomas grandes ($c = 20$) los valores de N_e obtenidos con f_{PM} no son significativamente diferentes de aquellos obtenidos con f_P con una información molecular escasa (por ejemplo $a = 2$ y $m = 1$ o 5 ; Tabla 2).

DISCUSIÓN

Se ha estudiado la eficacia de usar la información genealógica y la molecular (conjuntamente o por separado) para el control de la diversidad genética y la consanguinidad en una población en conservación por medio de simulación en computador. Como conclusión general, se podría sugerir a los gestores de programas de conservación que evaluaran críticamente la conveniencia de incluir información molecular en sus políticas de manejo, excepto para tareas más específicas como el control de paternidad o la resolución de incertidumbres en la genealogía, dado que los costes de estas técnicas son todavía muy elevados y el número de marcadores disponibles puede no ser muy abundante excepto para especies domésticas.

Los resultados del presente estudio sugieren que, para especies poco prolíficas y, por tanto, basando las decisiones solamente en datos de los reproductores, sería más eficiente usar información genealógica, si tal información está disponible. Cuando más hijos de los necesarios se pueden generar y genotipar, la ventaja de usar información molecular puede ser mayor, especialmente en combinación con los datos genealógicos en especies con genomas pequeños. Sin embargo, en situaciones realistas (especies con genomas grandes y un número limitado de marcadores abordable), probablemente sería más eficiente destinar los recursos disponibles a aumentar el censo o a realizar un registro de la genealogía fiable, dejando el uso de marcadores. De cualquier manera, estas consideraciones deben ser estudiadas para cada caso en particular.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Fernández, J., Toro, M. A., Caballero, A. 2003. *Genetics* **165**: 885-894.
Toro, M. A., Silió, L., Rodríguez, M. C., Rodriganez, J., Fernández, J. *Genetics Selection Evolution* **31**: 255-261.
Wang, J., 2001. *Genetics* **157**: 867-874.