

OPTIMATE: UN PROGRAMA PARA EL DISEÑO DE APAREAMIENTOS

Cantín, F. J.¹, Díaz, C.², Piedrafita, J.³, Luque, M.⁴, Varona L.¹

¹Universidad de Zaragoza, 50013, Zaragoza

² INIA. 28040. Madrid

³Universitat Autònoma de Barcelona, 08193, Barcelona

⁴FEAGAS. 28001. Madrid

Las herramientas de diseño de apareamientos son una herramienta útil para la toma de decisiones en el día a día de la gestión de explotaciones comerciales y/o experimentales así como en la conservación de poblaciones en riesgo de extinción. Además, la información genómica ha proporcionado una herramienta de indudable valor, aunque, en la mayoría de las poblaciones, la disponibilidad de genotipado en todos los candidatos a la reproducción es una utopía. El objetivo de este programa es proveer de una herramienta útil y sencilla para la gestión genética de poblaciones que permita combinar la información genómica y genealógica.

Programa Principal

El programa principal, desarrollado en FORTRAN90, se estructura en 6 módulos:

Módulo 1: Lee el fichero PARAMETER.TXT, que incluye la siguiente información:

1. El tipo de análisis a realizar con 3 opciones: a) Maximizar la diversidad genética; b) Maximizar el mérito genético con restricciones en la diversidad genética y c) Maximizar el mérito genético a partir de selección de apareamientos con un límite en la co-ascendencia media de la generación siguiente.
2. La fuente de información para calcular las relaciones genéticas entre individuos con 3 opciones: a) Genealógica, b) Molecular y c) Mixta. La primera opción calcula la matriz de parentesco aditivo entre los candidatos a la selección, la segunda utiliza la matriz de parentesco genómico (Van Raden, 2008) y la tercera utiliza la matriz **H** que combina individuos genotipados y no genotipados (Aguilar et al., 2010).
3. El nombre de los ficheros de información genealógica, molecular (Formato PLINK, Purcell et al., 2007) y de mérito genético.
4. El nombre de los ficheros de los machos y hembras candidatos con la información del máximo número de descendientes para cada uno de los candidatos.
5. El número de apareamientos a generar
6. El nivel máximo de coascendencia permitido en la próxima generación.

Módulo 2: Lee los ficheros necesarios para el cálculo, definidos a partir de los parámetros especificados en el módulo 1 (Tabla 1).

Módulo 3: Este módulo calcula las contribuciones de cada macho y cada hembra que minimiza la coascendencia entre los individuos de la próxima generación, a partir de las restricciones impuestas por el usuario. Este proceso se realiza mediante *simulated annealing* (Kirkpatrick et al., 1983).

Tabla 1. Información requerida para la ejecución del programa OPTIMATE.

Tipo de Análisis		Fuente de Información		Ficheros		
				Genealogía	Candidatos	Mapa genético
Variabilidad	Genealógica	X	X	-	-	-
Variabilidad	Molecular	-	X	X	X	-
Variabilidad	Ambas	X	X	X	X	-
Mérito genético	Genealógica	X	X	-	-	X
Mérito genético	Molecular	-	X	X	X	X
Mérito genético	Ambas	X	X	X	X	X

Módulo 4: Maximiza el mérito genético con las restricciones impuestas. Se ejecuta solo cuando el usuario activa esta opción.

Módulo 5: Calcula los apareamientos con mínima consanguinidad a partir de los resultados de los módulos 3 y 4.

Módulo 6: Finalmente, este módulo escribe los siguientes ficheros:

1. **Sire Contributions:** Contiene el número de descendientes recomendado para cada macho.
2. **Dam Contributions:** Presenta el número descendientes recomendado para cada hembra.
3. **Mating Output:** Contiene la recomendación de apareamientos que minimiza la consanguinidad.
4. **Relation:** Incluye la coascendencia entre todos los candidatos a la selección.
5. **Breeding:** Presenta el mérito genético de todas las combinaciones entre macho y hembra.

Interfaz Gráfico

El interfaz gráfico se ejecuta en Windows (y próximamente en Mac y Linux) , prepara los ficheros de parámetros, de entrada y finalmente ejecuta el programa en FORTRAN90 para preparar los ficheros de salida y algunas representaciones gráficas. Como ejemplo se presenta la pantalla de inicio (Figura 1) y los resultados de apareamientos (Figura 2).

Agradecimientos

Los autores agradecen los comentarios de Miguel Ángel Toro, Juan Altarriba y Carlos Moreno, a la Federación Española de Asociaciones de Ganado Selecto (FEAGAS) y a la financiación del proyecto GENE2FARM (FP7-KBBE-2011-5)

Referencias

- Aguilar, I., et al. 2010. J. Dairy Sci. 93:743-752.
Kirkpatrick, S., Gelatt, C. D., Vecchi, M. P. 1983. Science 220:671-680.
Purcell, S. et al. 2007. Am. J. Hum. Genet., 81:559-575.
Van Raden, P. M. 2008. J. Dairy Sci. 91:4414-4423.

Figura 1. Pantalla de inicio.

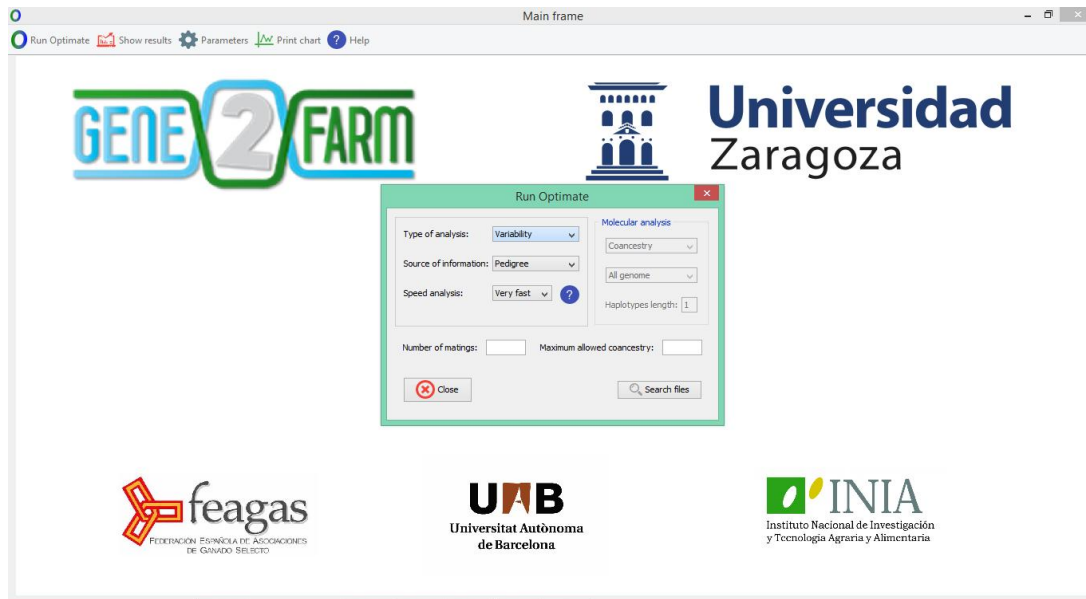


Figura 2. Pantalla de resultados recomendados de apareamiento.

