

DESEQUILIBRIO DE LIGAMIENTO, SELECCIÓN Y EL ÁLGEBRA DE VECTORES

Gomez-Raya^{1*}, L., Peiró¹, R. y Rauw¹, W.M.

¹Carretera de la Coruña Km 7,5 20940 Madrid; *gomez.luis@inia.csic.es

INTRODUCCIÓN

El desequilibrio de ligamiento es un parámetro indispensable para entender los cambios que se producen en los genomas de poblaciones bajo selección artificial o natural. Bulmer (1971) fue el primero en investigar el desequilibrio de ligamiento en poblaciones seleccionadas asumiendo un modelo infinitesimal con genes de efecto pequeño. Gomez-Raya et al. (2022) propuso el desequilibrio de ligamiento angular definido como el ángulo entre dos vectores construidos con valores genotípicos desviados de la media. El desequilibrio de ligamiento es total con estimas de ángulos de cero grados mientras ortogonalidad significa carencia de desequilibrio. El objetivo de este trabajo es investigar si el álgebra de vectores permite estimar el desequilibrio para SNPs de efecto grande dentro y entre cromosomas para individuos seleccionados para un carácter cuantitativo o para expresión de ARN. La motivación de este trabajo es saber si un número pequeño de individuos seleccionados para un carácter cuantitativo o de expresión de ARN puede utilizarse para estimar el desequilibrio de ligamiento angular.

MATERIAL Y MÉTODOS

En primer lugar, se construyen vectores de registros fenotípicos para un carácter cuantitativo. A continuación, y con el mismo orden de los individuos, se construyen vectores de SNPs de valores genotípicos desviados de la media. Se define el desequilibrio angular como el ángulo entre esos dos vectores y se calcula como el \arccos de su producto escalar. Realizamos la siguiente simulación: 1) simulamos producción del peso del huevo para 20 gallinas de la raza Castellana Negra con secuencias alineadas al mapa de referencia g6a y con 25.211 SNPs en el cromosoma 22; 2) se escogen dos SNPs a frecuencias intermedias alejados entre sí y se añade y resta una desviación típica fenotípica a los homocigotos para alelos alternativos, respectivamente, y 3) se calcula el desequilibrio angular entre los SNPs en el grupo seleccionado del 20% (4 individuos). Este número tan bajo se hace pensando en las posibilidades de utilizar este sistema con datos de array expresión en los que el número de individuos es pequeño. La simulación se repite 1.000 veces.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El valor medio del desequilibrio estimado entre el vector de valores peso del huevo y un SNP fue $80,5^\circ$ (SD = 2,85). Estos resultados muestran que el desequilibrio angular ocurre entre vectores de valores fenotípicos y SNPs y que puede ser fácilmente estimado. El uso de vectores facilita la computación del desequilibrio angular al ser posible utilizar las mismas matrices que se usan en selección genómica para SNPs. Sin embargo, el vector de valores fenotípicos debe ser preajustado para efectos fijos. En individuos seleccionados, el desequilibrio angular entre los dos SNPs con efectos fenotípicos sobre el carácter de una desviación estándar fue ortogonal en algo menos del 40% de las réplicas. En dos de las réplicas el desequilibrio fue completo. Para un 37,5% de las réplicas el desequilibrio angular fue entre 60° y 0° . Para aplicaciones de este método con arrays de expresión de ARN, el número de individuos debe ser mayor. Un número bajo de individuos seleccionados resulta en una gran variabilidad en el muestreo de genotipos y consecuentemente en las estimas del desequilibrio angular.

CONCLUSIÓN

El desequilibrio angular de dos SNPs con efectos fenotípicos sobre el carácter y sujetos a selección fenotípica es detectable, pero requiere un número grande de individuos.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

□ Bulmer, M. Am. Nat. 1971: 201-211 □ Gomez-Raya, L., Rauw, W.M. & Hess, A. WCGALP 2022. Rotterdam, The Netherlands. DOI: 10.3920/978-90-8686-940-4_816.

Agradecimientos: Agradecemos al personal de la finca El Encín su trabajo en el mantenimiento de las gallinas de razas españolas.