



Deriva genica

deriva.

Artículo enmendado

(De *derivar*).

1. f. *Mar*. Abatimiento o desvío de la nave de su verdadero rumbo por efecto del viento, del mar o de la corriente.

~ continental.

1. f. *Geol*. Desplazamiento lento y continuo de las masas continentales sobre un magma fluido en el curso de los tiempos geológicos.

~ genética.

1. f. *Biol*. Evolución del genoma de una población a lo largo de sucesivas generaciones.

a la ~.

1. loc. adv. Sin dirección o propósito fijo, a merced de las circunstancias.

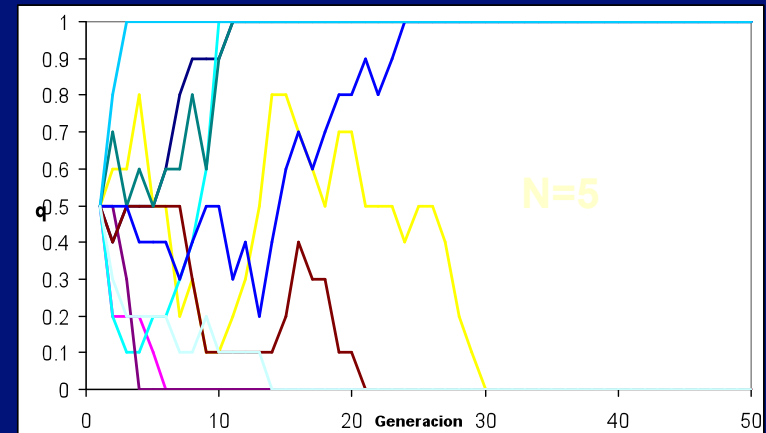
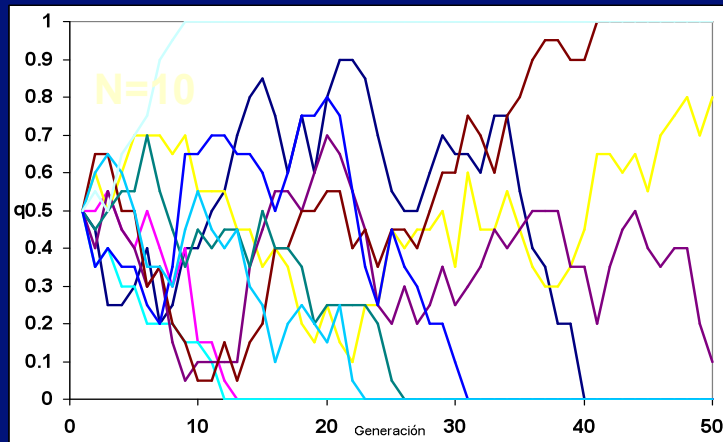
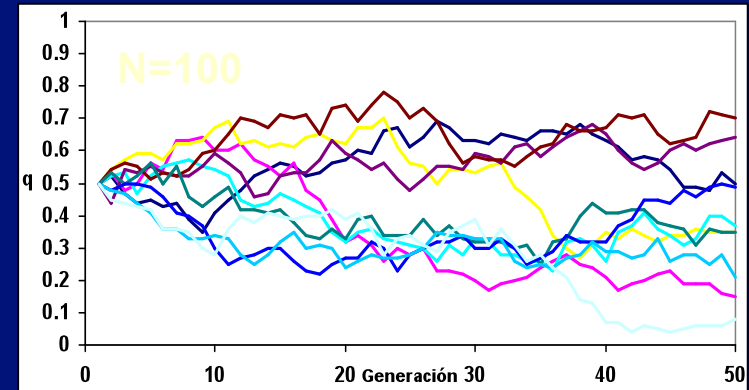
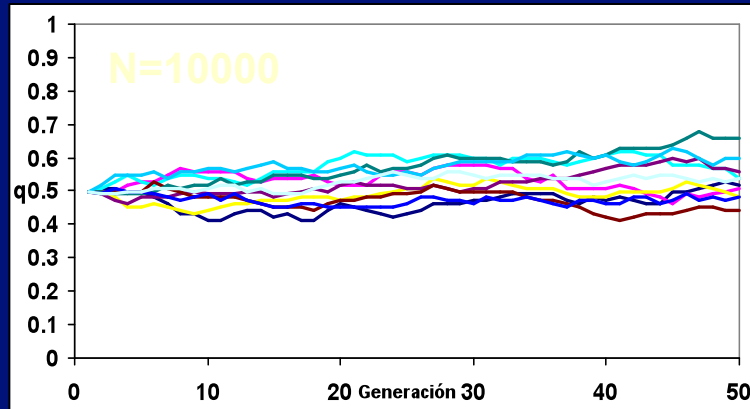
2. loc. adv. *Mar*. Dicho de navegar o de flotar: A merced de la corriente o del viento.





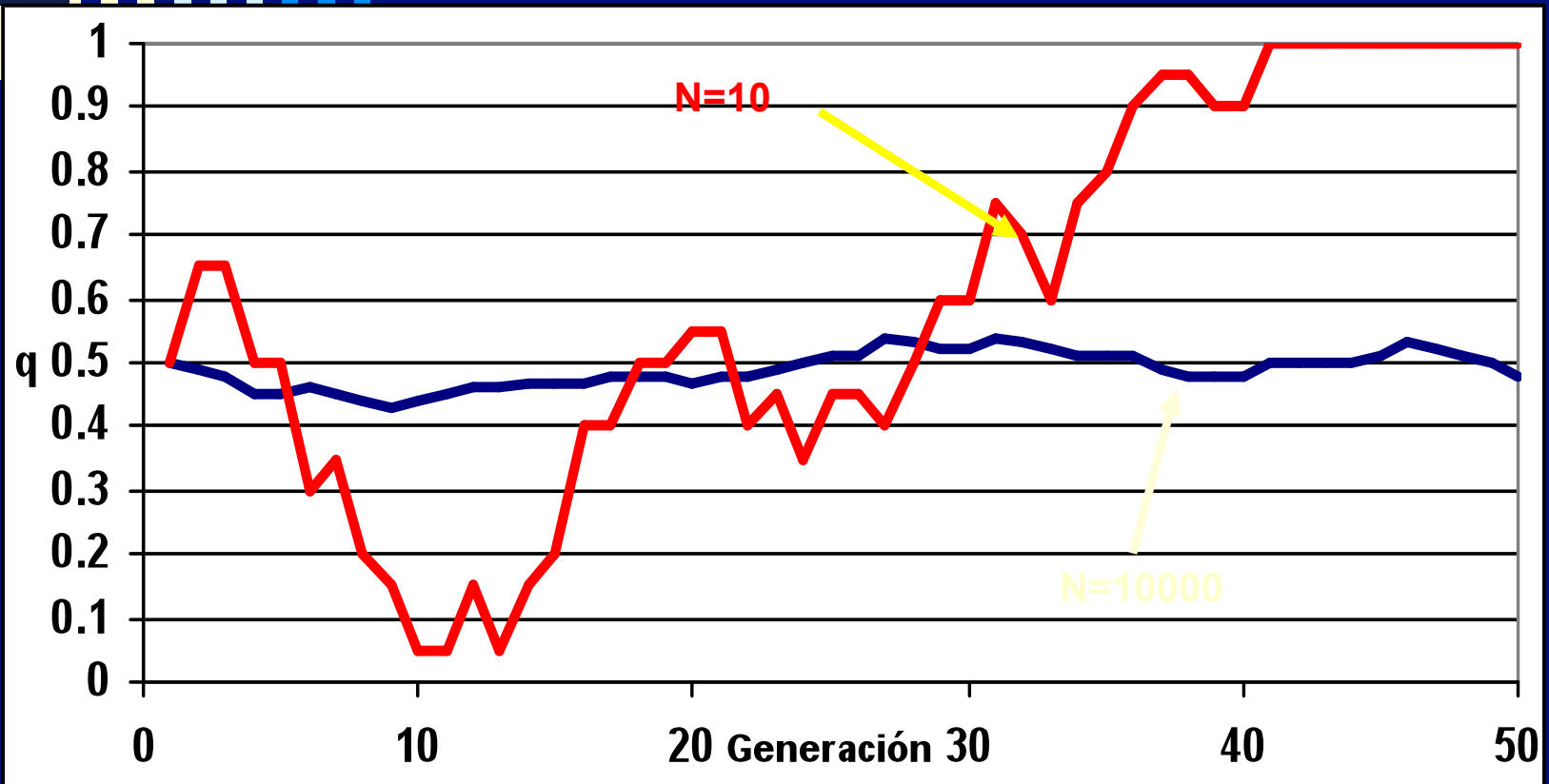
Ejemplo en Drift

Cambio en las frecuencias génicas en una población subdividida



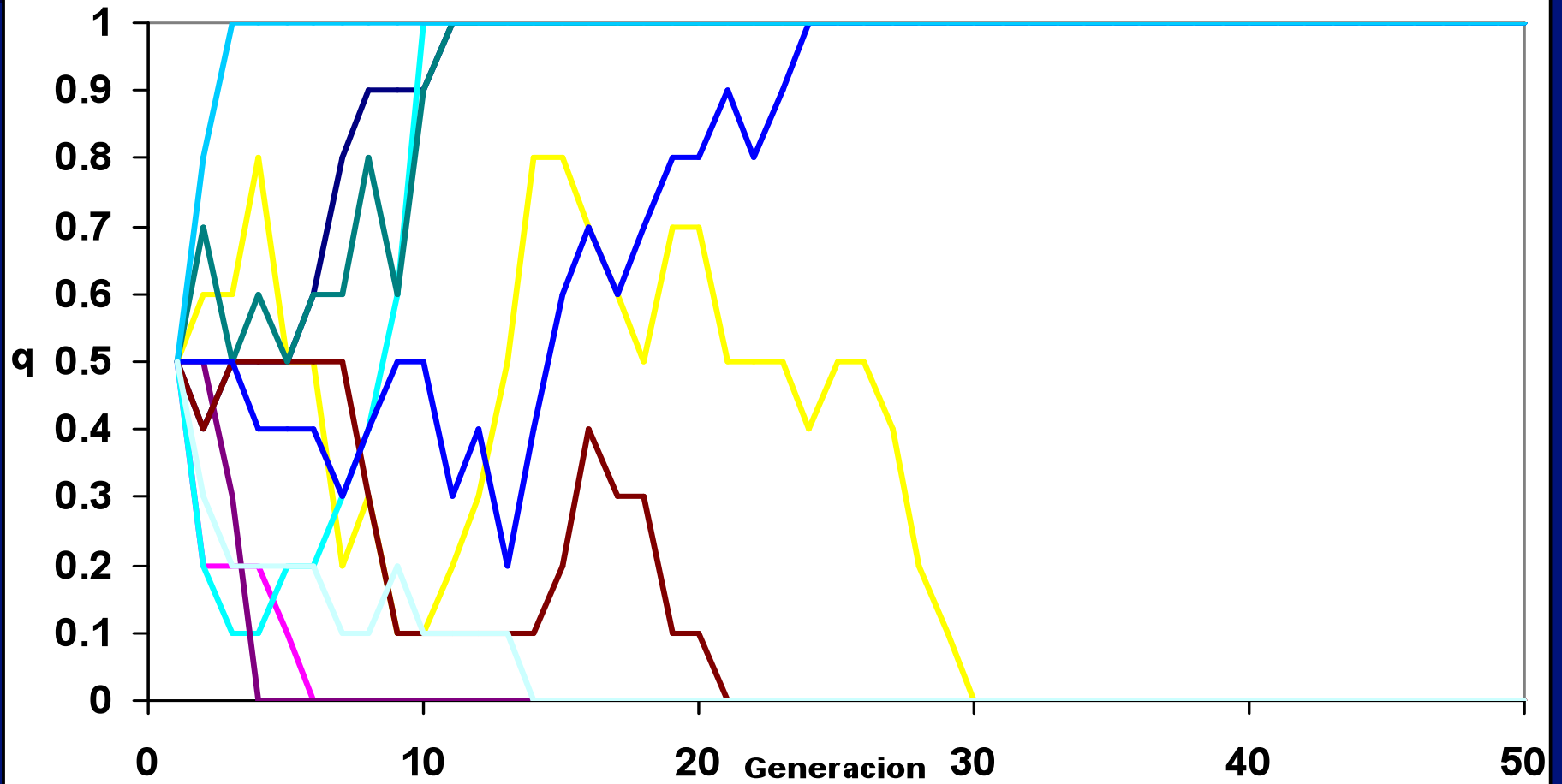


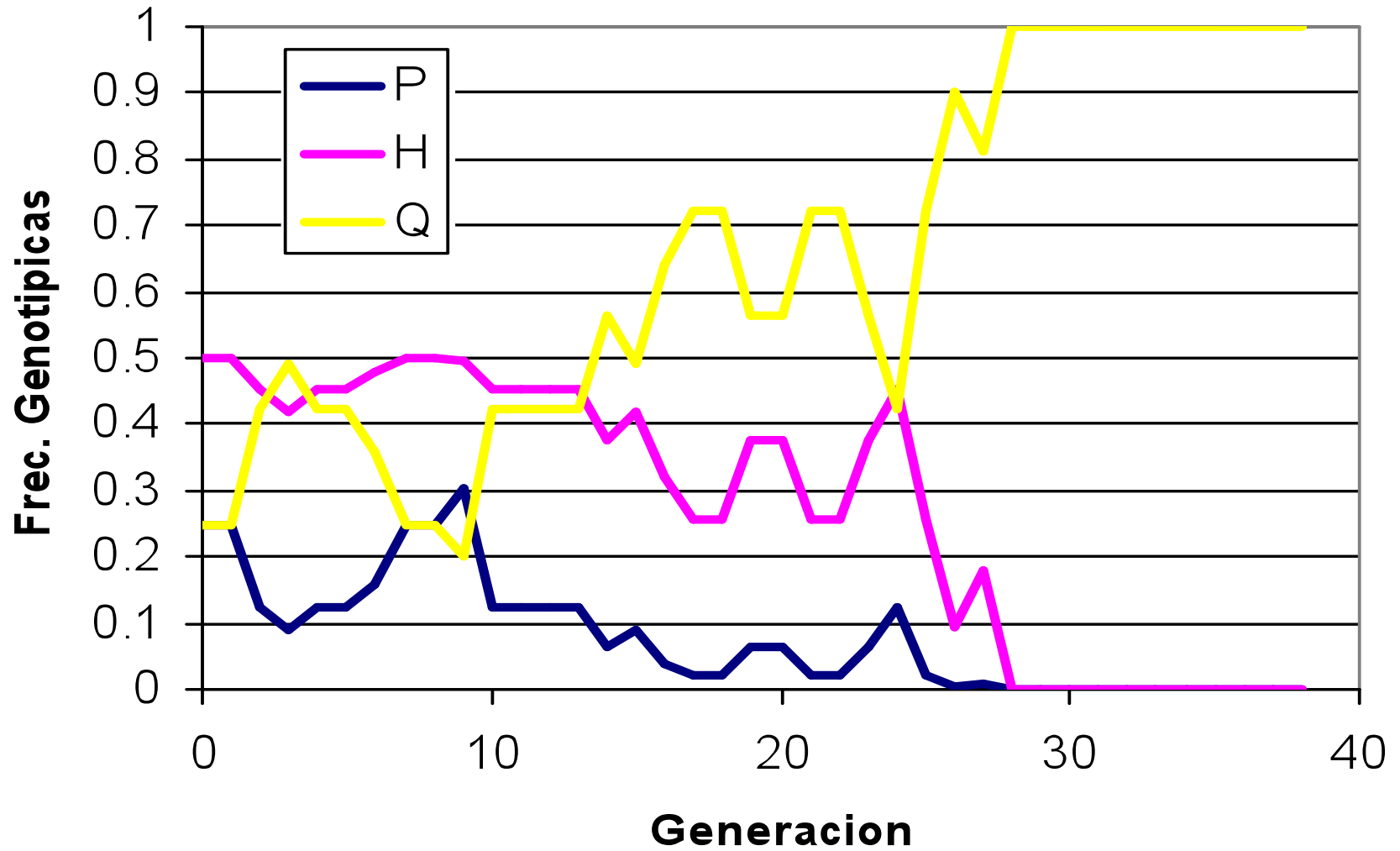
Procesos dispersivos





Frecuencias génicas en poblaciones pequeñas







☐ Intencional

- ☐ Creación de líneas uniformes
- ☐ Utilización de la heterosis

✓ No intencional

- ✓ Poblaciones pequeñas
 - ✓ Poblaciones seleccionadas
-



Consecuencias del proceso dispersivo

1. Deriva Génica
2. Diferenciación entre sub-poblaciones
3. Uniformidad dentro de sub-poblaciones
4. Mayor proporción de homocigotos.

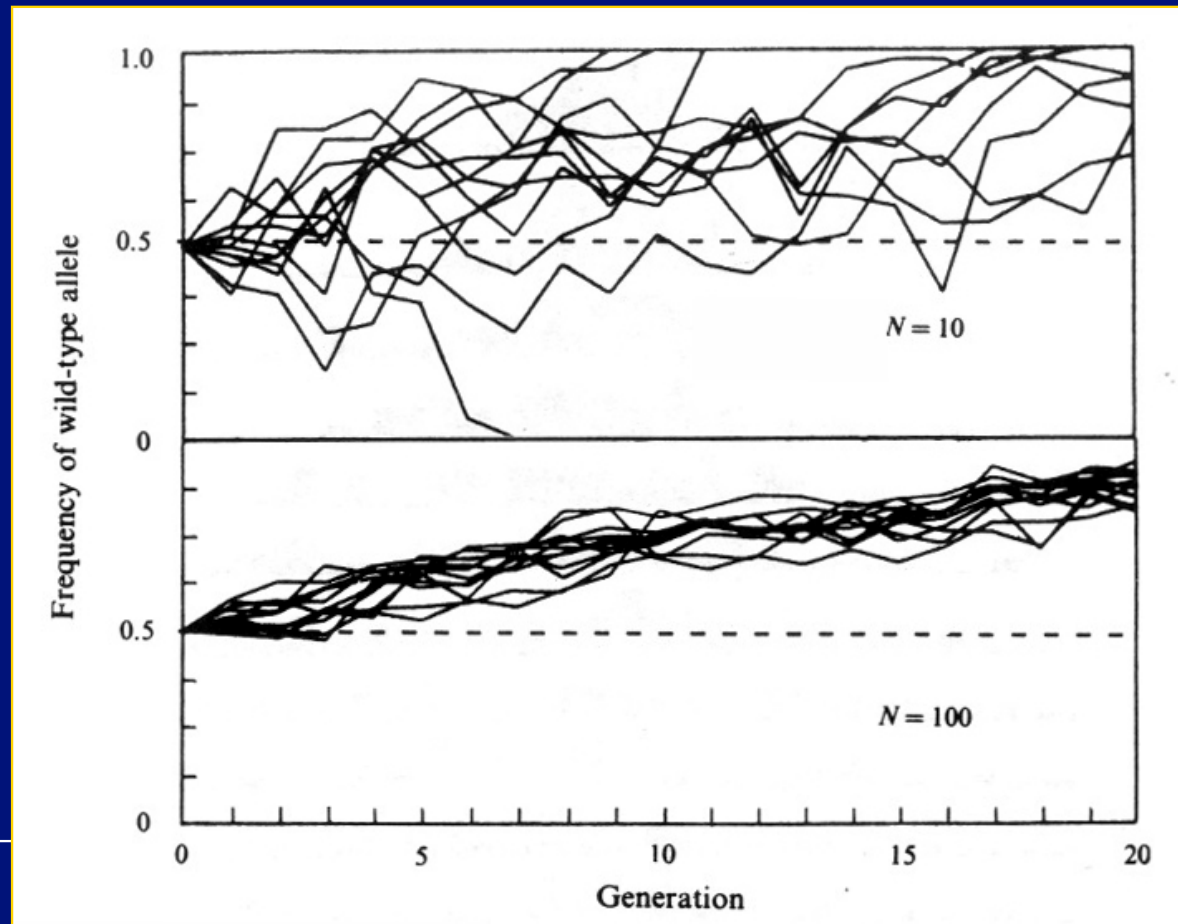


Efectos de la consanguinidad.

- Fitness
 - Creación de líneas uniformes
 - Utilización de la heterosis.
-



Deriva génica de un gen para color en *Tribolium*





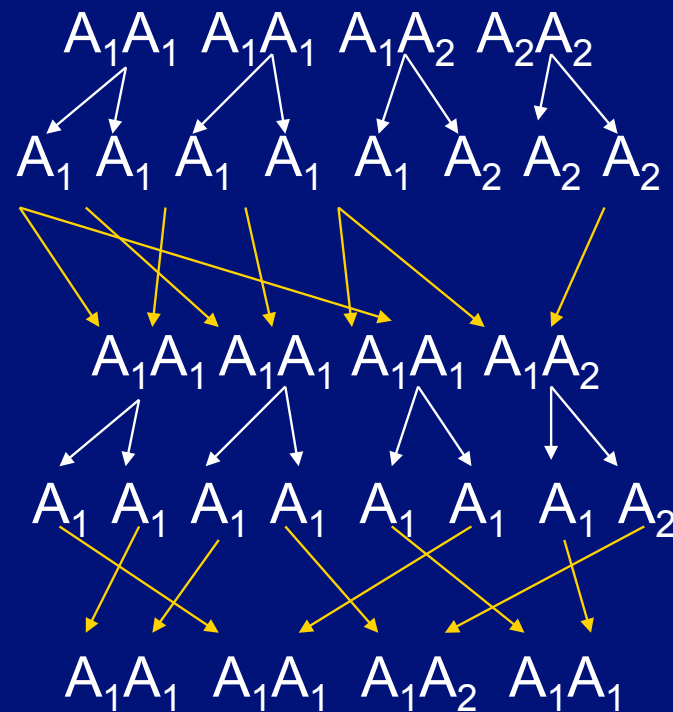
Poblaciones pequeñas “Deriva Génica”

2. Consanguinidad, endogamia o inbreeding



Un ancestro común

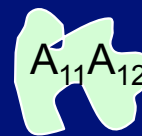
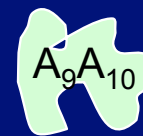
1. Población pequeña
2. Formación gametos
3. Cruzamiento aleatorio
4. Generación 1
5. Formación gametos
6. Cruzamiento aleatorio
7. Generación 2



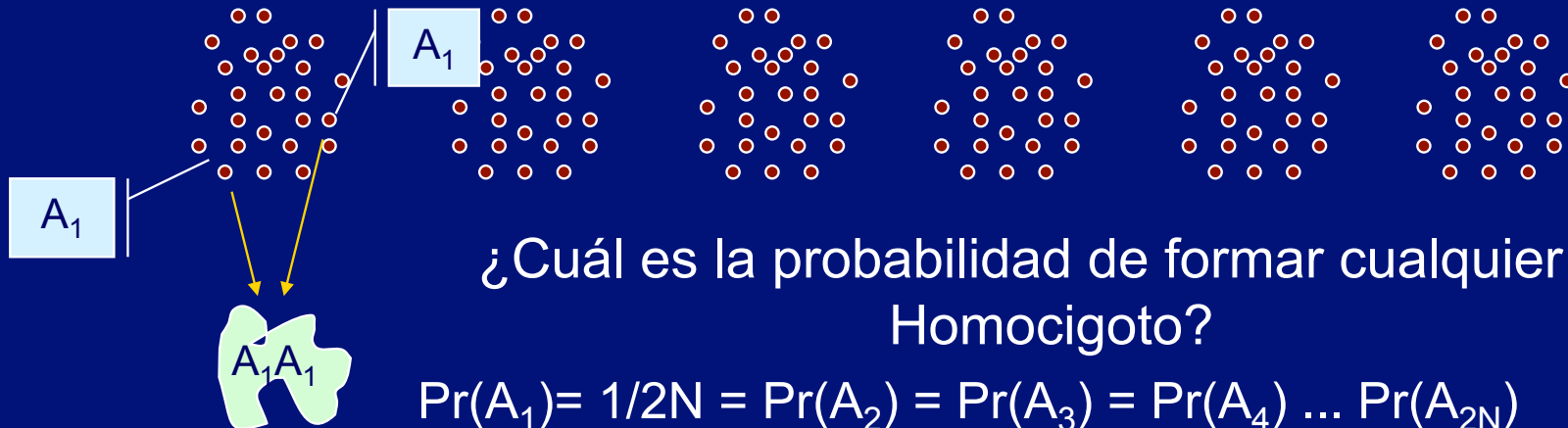


Consanguinidad en la población ideal

N



2N



¿Cuál es la probabilidad de formar cualquier Homocigoto?

$$\Pr(A_1) = 1/2N = \Pr(A_2) = \Pr(A_3) = \Pr(A_4) \dots \Pr(A_{2N})$$

$$\Pr(A_1A_1) = (1/2N)^2$$

$$\begin{aligned}\Pr(A_iA_i) &= (1/2N)^2 + (1/2N)^2 + (1/2N)^2 + \dots (1/2N)^2 \\ &= (1/2N)^2 \cdot 2N = 1/2N\end{aligned}$$



Consanguinidad en la población ideal

$$F_1 = \frac{1}{2N}$$

$$F_2 = \frac{1}{2N} + \left[1 - \frac{1}{2N} \right] F_1$$



Consanguinidad en la población ideal

$$F_t = \frac{1}{2N} + \left[1 - \frac{1}{2N} \right] F_{t-1}$$



Incremento o nueva Consanguinidad

$$\Delta F = \frac{1}{2N}$$

$$F_t = \Delta F + (1 - \Delta F)F_{t-1}$$

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$



$$P = 1 - F$$

$$\frac{P_t}{P_{t-1}} = 1 - \Delta F$$

$$\frac{P_t}{P_{t-2}} = (1 - \Delta F)^2$$

$$P_t = (1 - \Delta F)^t P_0$$

$$F_t = 1 - (1 - \Delta F)^t$$



Varianza de frecuencias génicas

$$\sigma^2_{\Delta q} = \frac{p_o q_o}{2N} = p_o q_o \Delta F$$

$$\sigma^2_q = p_o q_o F_t = p_o q_o \left[1 - \left(\frac{1}{2N} \right)^t \right]$$



Promedio de frecuencias genotípicas

$$\overline{(q^2)} = q_o^2 + \sigma_q^2 = q_o^2 + p_o q_o F$$

$$f(A_1A_1) \text{ idénticos} = p_o F$$

$$f(A_2A_2) \text{ idénticos} = q_o F$$



Promedio de frecuencias genotípicas

	Frecuencias originales	Cambio por consanguinidad	Origen	
			Independiente	Idéntico
A_1A_1	p_o^2	$+ p_oq_oFt$	$= p_o^2(1 - Ft)$	$+ p_oFt$
A_1A_2	$2p_oq_o$	$- 2p_oq_oFt$	$= 2p_oq_o(1 - Ft)$	
A_2A_2	q_o^2	$+ p_oq_oFt$	$= q_o^2(1 - Ft)$	$+ q_oFt$



Condiciones menos simplificadas

- Las poblaciones en términos generales no se ajustan a las condiciones de una población ideal en deriva, en especial en relación al número de machos y hembras
 - No obstante lo anterior un proceso de consanguinidad puede ser estudiado considerando estas variaciones.
-



Tamaño efectivo poblacional N_e

- Es el numero de individuos que dará origen a una tasa de consanguinidad, si se hubiesen mantenido bajo las condiciones de una población ideal.

$$\Delta F = 1/2N$$

$$N = 1/2\Delta F$$

$$N_e = 1/2\Delta F$$



Ejemplos

- Número desigual de machos y hembras.

$$N_e \approx \frac{4N_m N_f}{N_m + N_f}$$



Distribución del tamaño familiar

$$Ne \approx \frac{4N}{V_k + 2}$$

$$Ne \approx \frac{8N}{V_{km} + V_{kf} + 4}$$



Como se puede medir el grado de parentesco entre los individuos de una población?

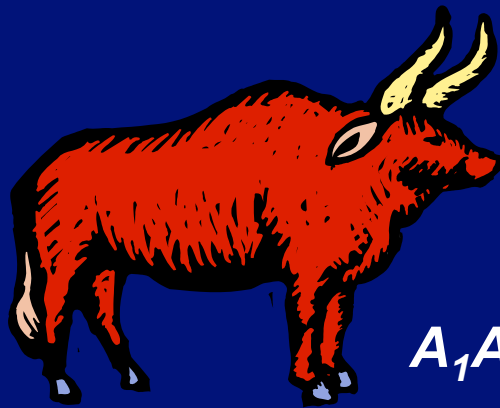
- Tomar aleatoriamente 2 alelos en 2 parientes, x e y .
 - Cual es la probabilidad de que estos 2 parientes compartan alelos (1 por cada individuo) idénticos por descendencia ?
 - Inbreeding de la progenie producto del cruzamiento de estos 2 parientes.
-



Coeficiente de coancestria

- Es la probabilidad de que individuos de una población compartan alelos idénticos por descendencia (IBD) ?
- Poblaciones animales, medios o propios hermanos, primos etc.

Coef. coancestria entre propios hermanos



A_1A_2

A_1A_3

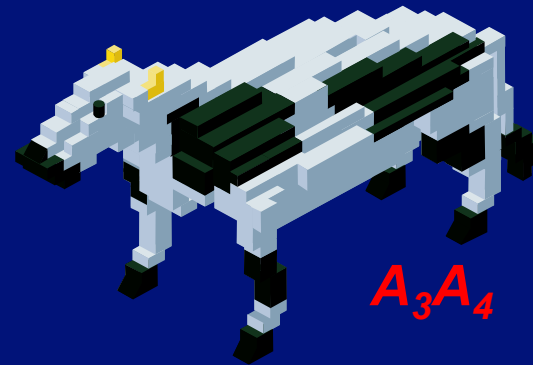
A_1A_4



$\frac{1}{4}$



$\frac{1}{4}$



A_3A_4

A_2A_3

A_2A_4



$\frac{1}{4}$



$\frac{1}{4}$



	♂ A1	♀ A3	$P\{A_i(x)=A_i(y)\}= \quad 1/2$
A1	1	0	
A3	0	1	

	♂ A1	♀ A4	$P\{A_i(x)=A_i(y)\}= \quad 0$
A2	0	0	
A3	0	0	

	♂ A1	♀ A3	$P\{A_i(x)=A_i(y)\}= \quad 1/4$
A1	1	0	
A4	0	0	

		1/4	1/4	1/4	1/4
		A1A3	A1A4	A2A3	A2A4
1/4	A1A3	1/2	1/4	1/4	0
1/4	A1A4	1/4	1/2	0	1/4
1/4	A2A3	1/4	0	1/2	1/4
1/4	A2A4	0	1/4	1/4	1/2

$$4\left(\frac{1}{2}\right)\left(\frac{1}{16}\right) + 8\left(\frac{1}{4}\right)\left(\frac{1}{16}\right) + 4\left(\frac{0}{4}\right)\left(\frac{1}{16}\right) = \left(\frac{1}{4}\right)$$

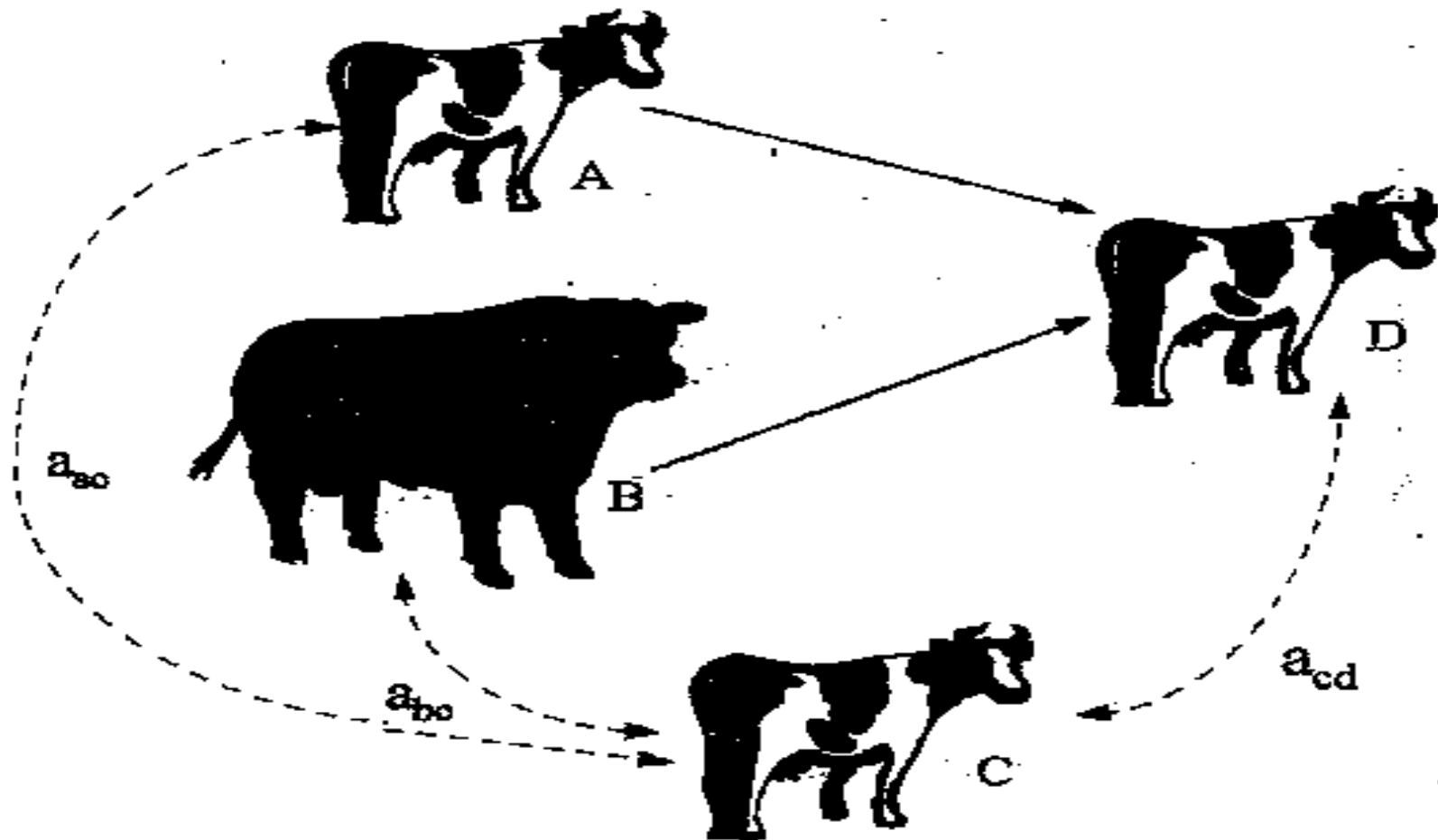
Coeficiente de Coancestria entre propios hermanos o

$$\Theta_{xy} = 1/4$$



Calculo de la Matriz de parentesco aditivo.

Describiendo la
genealogía completa de
una población



$$a_{cd} = \frac{1}{2} a_{ca} + \frac{1}{2} a_{cb} = \frac{1}{2} (a_{ca} + a_{cb})$$



- Otro aspecto importante de considerar, es que el parentesco aditivo de un individuo consigo mismo es igual a uno (1) como valor mínimo, sin embargo, si el individuo es consanguíneo aumenta la probabilidad de identidad, por lo tanto debe ser sumado si el valor es conocido.

$$a_{dd} = 1 + F_d$$



Por otra parte el coeficiente de consanguinidad de un individuo utilizando el método tabular corresponde a la mitad del parentesco entre sus padres:

$$F_d = \frac{1}{2} a_{ab}$$



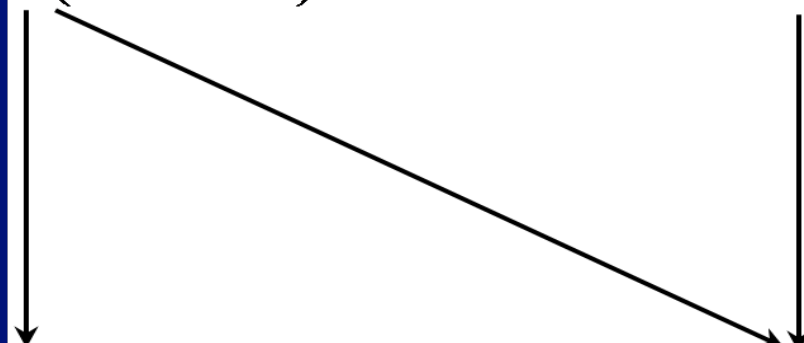
Ind	padre	madre	Fecha Nac
A	?	?	ene-80
B	?	?	feb-80
C	A	?	jun-83
D	A	B	ago-83

A (Enero 1980)

B (marzo 1980)

C (Junio 1983)

D (Agosto 1983)





A-?

A-B

A

B

C

D

A

B

C

D



A-?

A-B

A

B

C

D

A

1

0

B

0

1

C

1

D

1



$$a_{ca} = a_{ac} = \frac{1}{2}, \text{ y } a_{da} = a_{ad} = \frac{1}{2}$$

	---	---	A-?	A-B
	A	B	C	D
A	1	0	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$
B	0	1		
C	$\frac{1}{2}$		1	
D	$\frac{1}{2}$			1



	---	---	A-?	A-B
	A	B	C	D
A	1	0	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$
B	0	$(1+0)$	$\frac{1}{2}(0+0)$	$\frac{1}{2}(0+1)$
C	$\frac{1}{2}$	0	1	
D	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$		1



	---	---	A-?	A-B
	A	B	C	D
A	1	0	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$
B	0	1	0	$\frac{1}{2}$
C	$\frac{1}{2}$	0	1	$\frac{1}{4}$
D	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{4}$	1



Pedigree_View



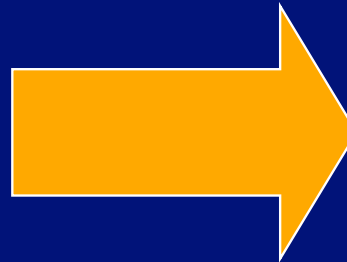
Importancia de la mantención de la variabilidad genética

- Conservación de poblaciones
 - Permite responder a cambios en las condiciones medio ambientales
 - Consanguinidad
 - Selección
-



Poblaciones Finitas

- Deriva génica
- Perdida de alelos
- Coancestria
- Consanguinidad



**Disminución
de la
variabilidad
genética**



Análisis de variabilidad genética

- Consanguinidad
 - Coancestria
 - Contribuciones genéticas:
 - Woolliams, Wray y Thompson (1990, 1994.
Lacy (1995).
-



Consanguinidad

- No describe la representación de los genotipos que pertenecen a la población base en una generación futura (fundadores).
- No permite explicar cual es el cambio esperado en el tamaño efectivo en las generaciones futuras.



Coancestria poblacional ($\Phi_{i,j}$).

- Probabilidad que en un locus cualquiera 2 individuos presenten alelos idénticos por descendencia.
- $\Phi_{i,j} = F$
- Determina el potencial para manejar las tasas de consanguinidad en una población.



Contribuciones genéticas, r

- *James and McBride (1958)*
- r , Proporción de genes en j que provienen por descendencia de un antecesor en i .
- Describe la distribución de los genes de los fundadores en una generación dada.
- Permite determinar la tendencia de consanguinidad y los efectos de la selección y cuellos de botella y el numero efectivo de fundadores.



Estudios de conservación de poblaciones animales en Chile

□ “EVOLUCIÓN GENÉTICA EN EL LARGO PLAZO DE
CRIADEROS DE CABALLOS CHILENOS”



El Caballo Chileno

- Registros desde 1893
 - 270 fundadores; 13 familias (julio 2005, 185.900).
 - 1910 inscripción por inspección
 - El Rodeo y la topografía
 - Federación de criadores de caballos Chilenos.
 - FICCC/ Registro nacional de reproductores.
-



MEASURING GENETIC VARIABILITY IN THE CHILEAN HORSE (“CABALLO CHILENO”) BREED USING PEDIGREE ANALYSIS

Lara, F and V. Martinez
Faculty of Veterinary Sciences
and BIOVETEC
Universidad de Chile
vmartine@uchile.cl





Chilean Horse Breed

- Close population since 1893
- Stud book 186,000 records
- “Breeding objective”:
 - “Rodeo” Performance.
 - Morphological traits.



Objectives

The aim of this work is to determine the population structure and the genetic variability of the most important studs of this breed using parameters derived from the genetic contribution theory (Lacy, 1989).



Pedigree records

Stud 1:

- Founded in 1861
- 2510 individuals

Stud 2:

Founded in 1945
1008 individuals

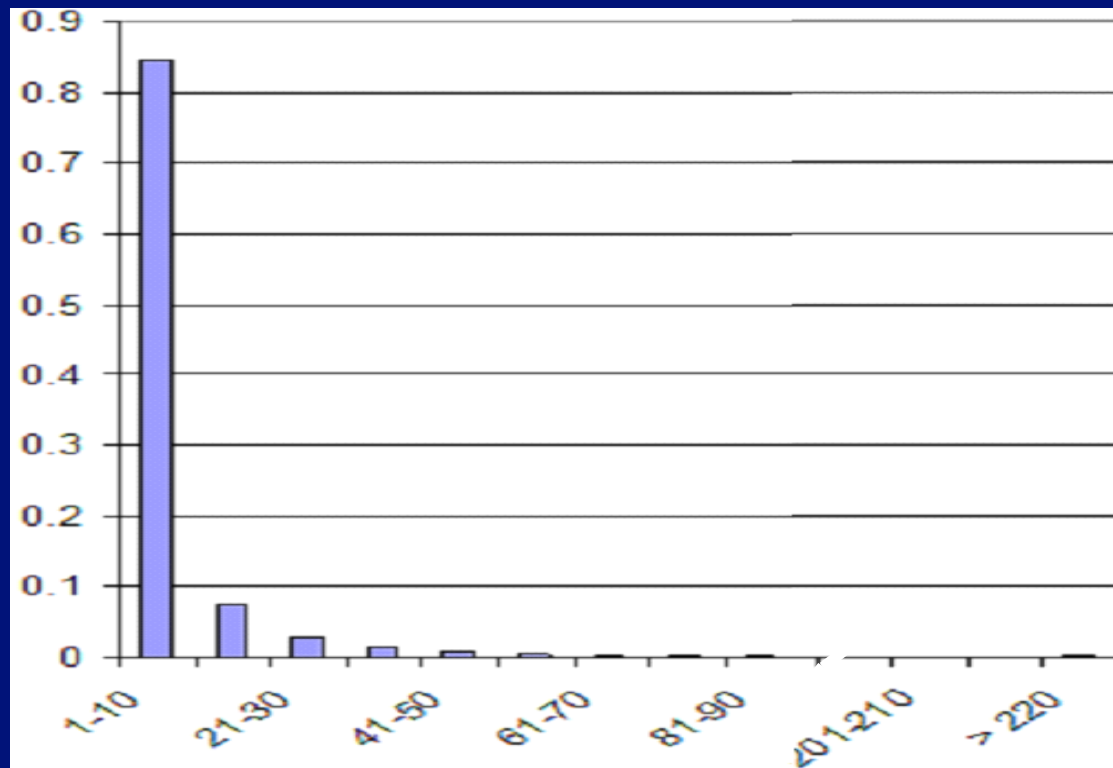
Others:

- 3618 individuals

Chilean Horse Breed



Distribution of individuals across studs

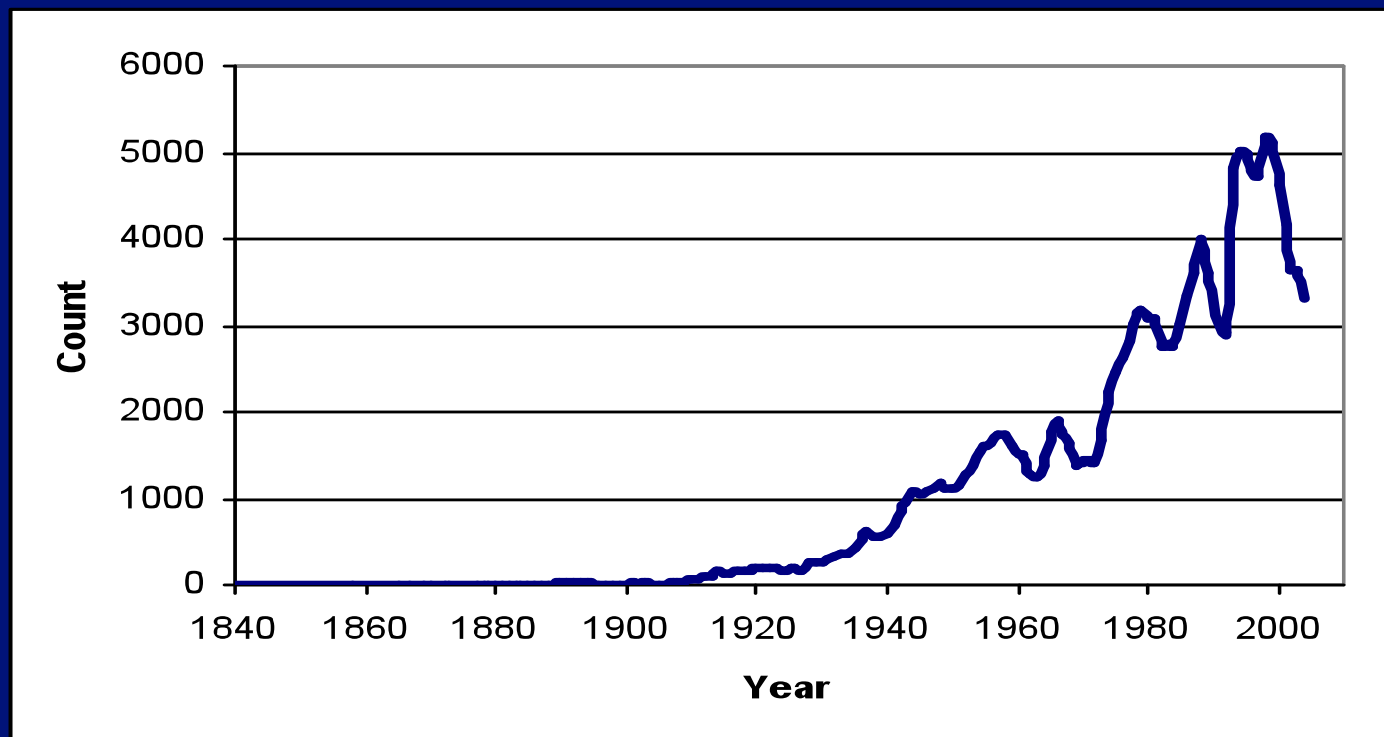


34% a single horse



Chilean Horse Breed

Number of individuals entering the STUD book of the breed.





Material and Methods

- Generation interval
- Coancestry and Inbreeding coefficients



Genetic variability

□ ΔF :

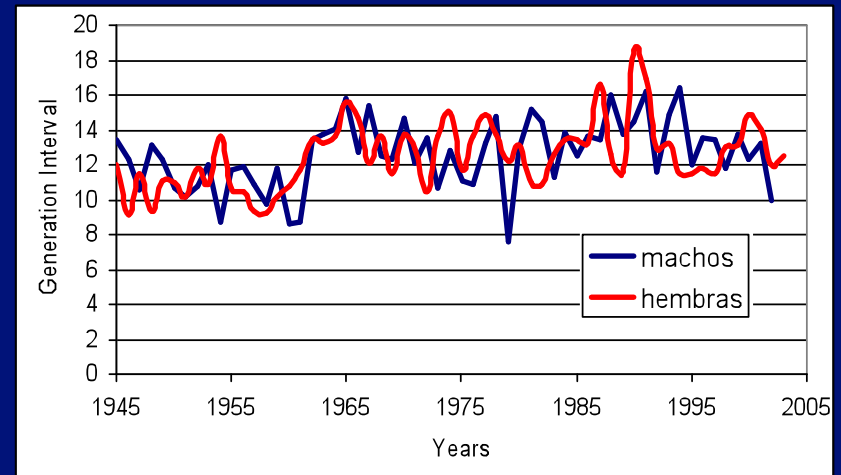
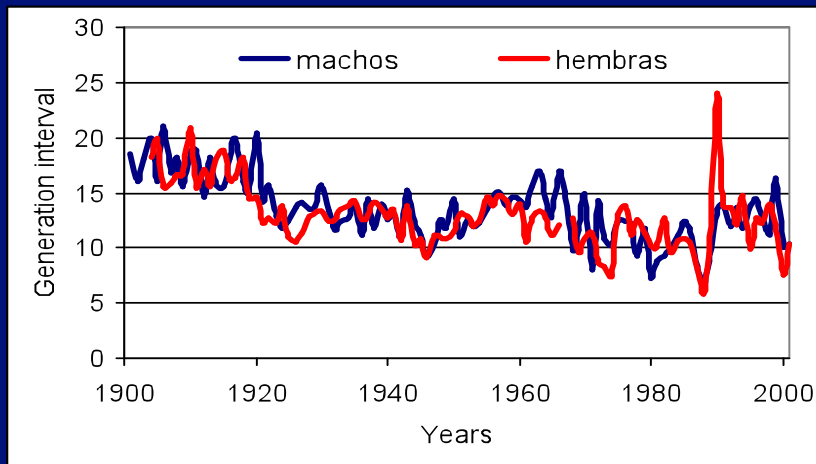
- Linear regresion
- Genetic contribution theory (Woolliams and Thompson, 1994)

□ Effective number of founders (Lacy, 1998)

□ PEDIG (Boichard, 2002)



Generation Interval



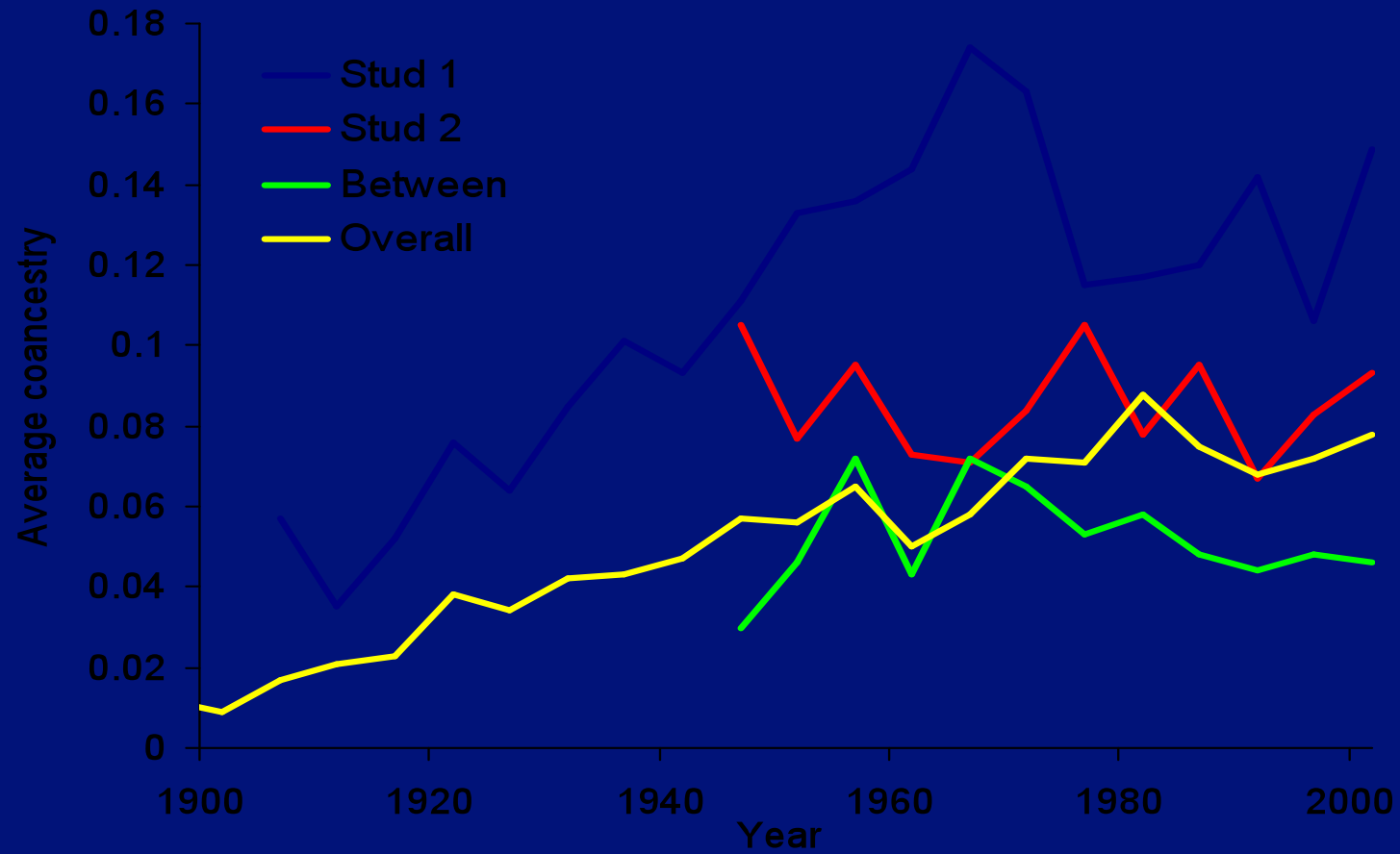


Generation Interval

	Males	Females	M y F
Stud 1			
Generation Interval-I	12.8	13.6	13.2
Generation Interval-II	12.6	12.8	13.4
Stud 2			
Generation Interval-I	13.2	14.4	13.8
Generation Interval-II	12.3	13.9	15
Overall Population			
Generation Interval-I	13.1	14	13.6
Generation Interval-II	11.8	15.8	15

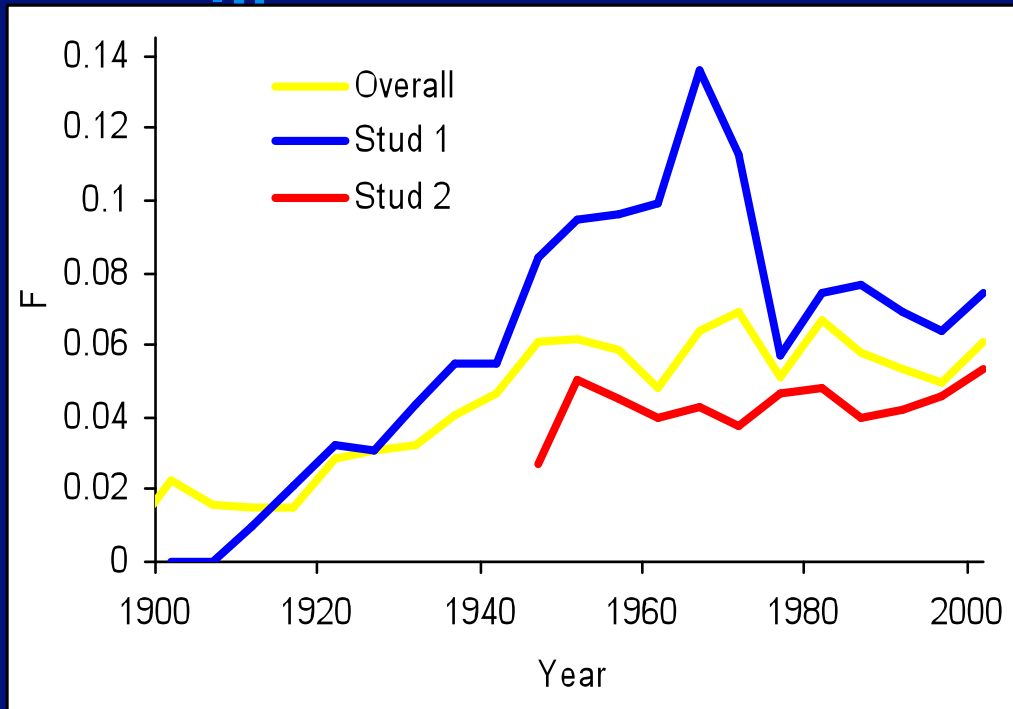


Relationship





Average Inbreeding



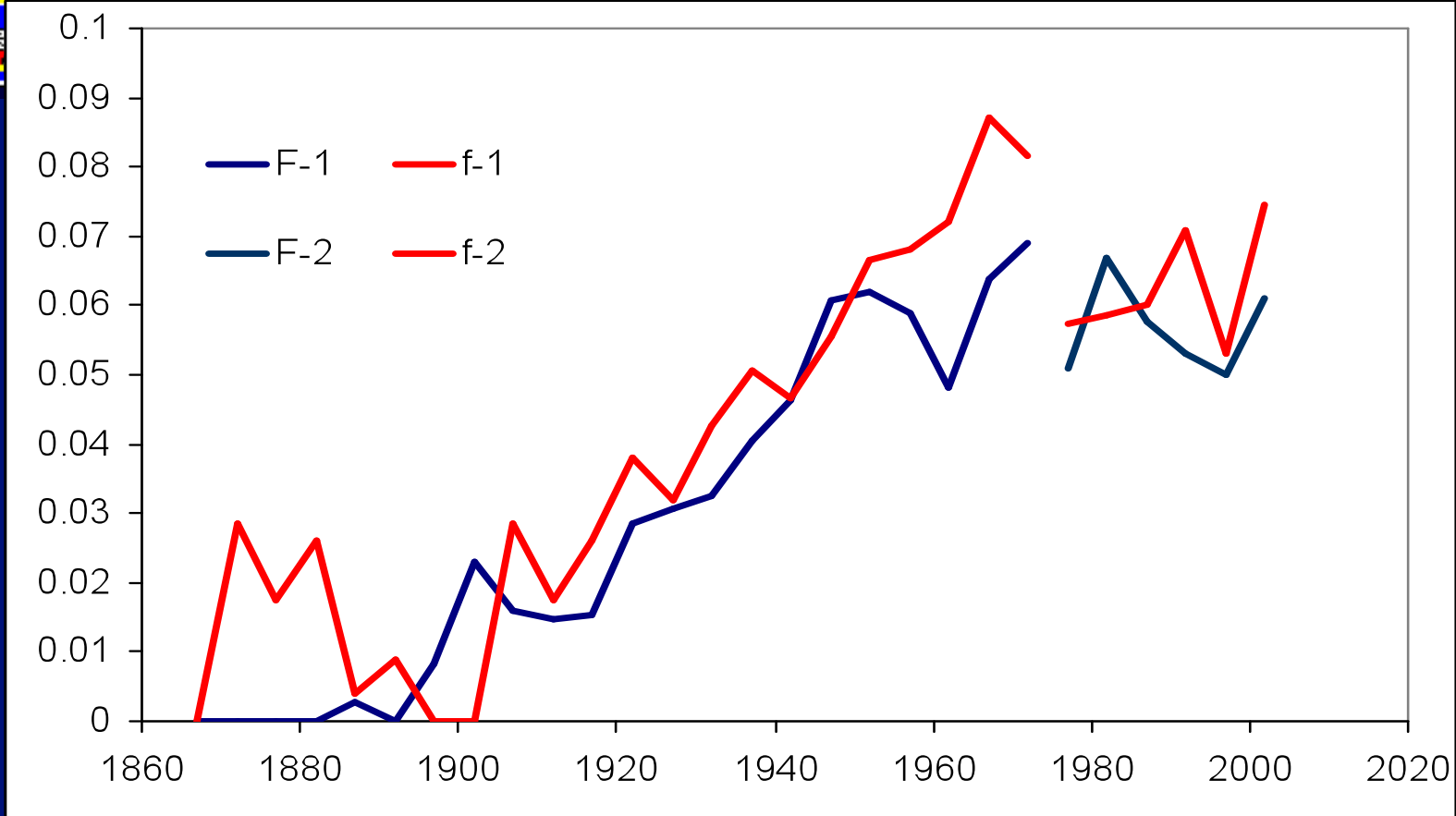
	Realized	Δ
Stud 1	0,086%	0,044%
Stud 2	0,018%(NS)	0,029%
Overall	0,042%	0,041%

	N_e	* $N_e (r)$
Stud 1	43	83
Stud 2	185	114
Overall	85	85

* Calculated using genetic contribution theory.

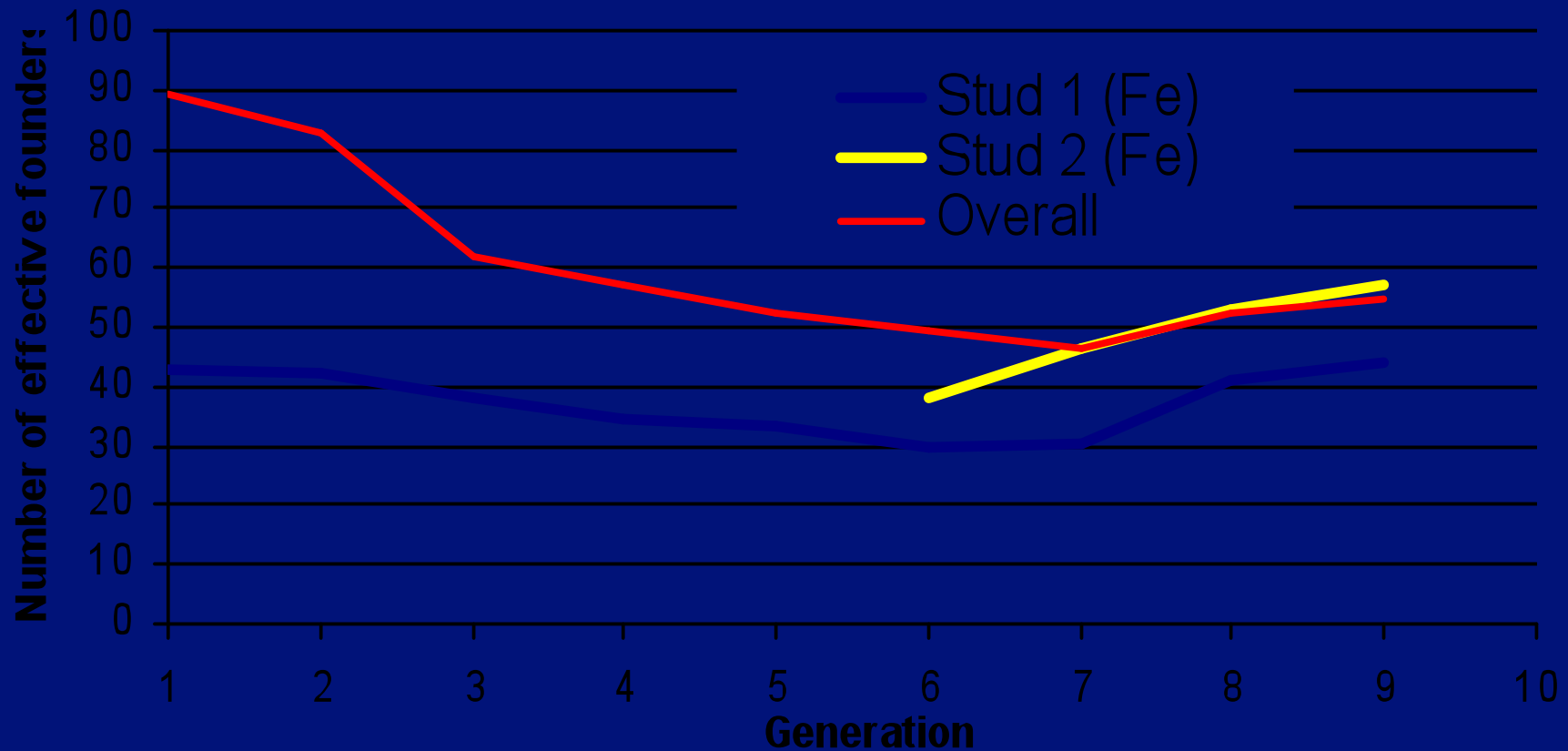


Inbreeding vs Coancestry





Effective number of founders





STUD 1

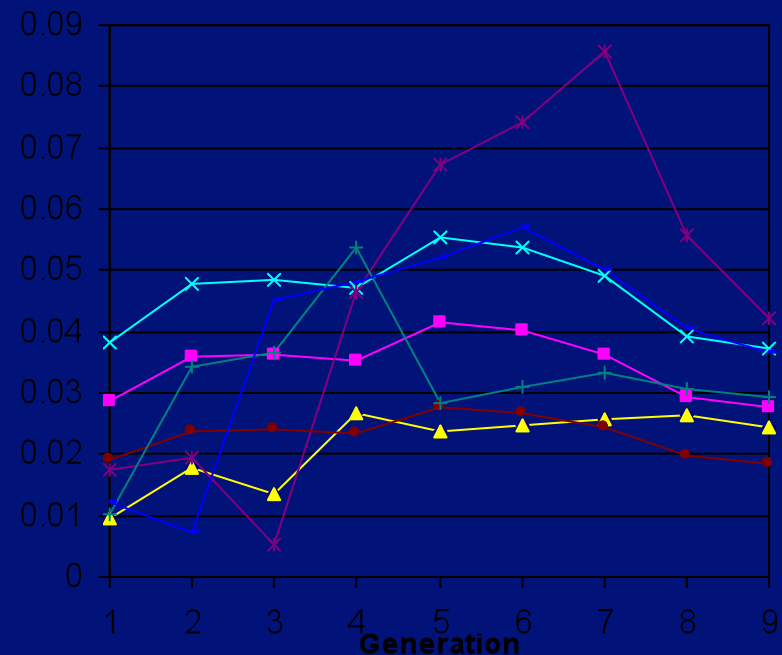
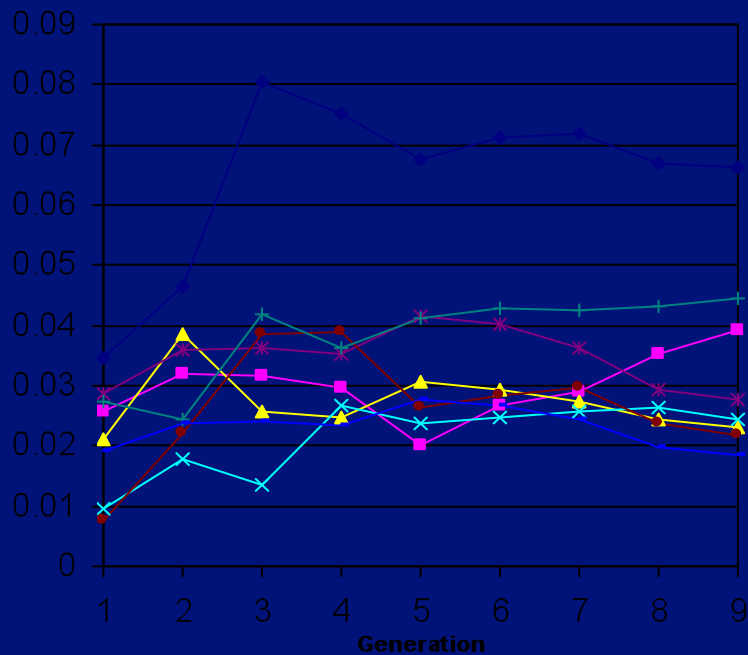
Nombre	Contribution	N offspring
NARANJO	0,054	2
CODICIA	0,038	16
ELQUEBRADO	0,033	1
BOTIN	0,027	15
BURRO	0,025	2
GUANTEI	0,024	6
ELCHINO	0,022	1
CUERVO	0,022	1
Sum	0,253445	44
36	0,046	3
CHINA	0,044	2
BANDURRIA	0,041	5
RABICANADET	0,033	1
MEZCLA	0,030	6
BAYALARGA	0,022	1
PALOMA	0,022	1
ABEJA	0,022	1
Sum	0,258119	20

STUD 2

ID	contribution	N offspring
NARANJO	0,054	2
GUANTEI	0,044	6
CODICIA	0,031	16
GACHO	0,028	57
BOTIN	0,023	15
ELQUEBRADO	0,022	1
CUERVO	0,021	1
BURRO	0,020	2
PETIZO	0,015	19
Sum	0,257971	119
OBLEA	0,040	1
MEZCLA	0,035	6
EULALIA	0,030	1
CHINA	0,030	2
PEPITA	0,026	1
RABICANADE	0,022	1
BANDURRIA	0,021	5
PALOMA	0,021	1
ABEJA	0,021	1
Sum	0,247994	19

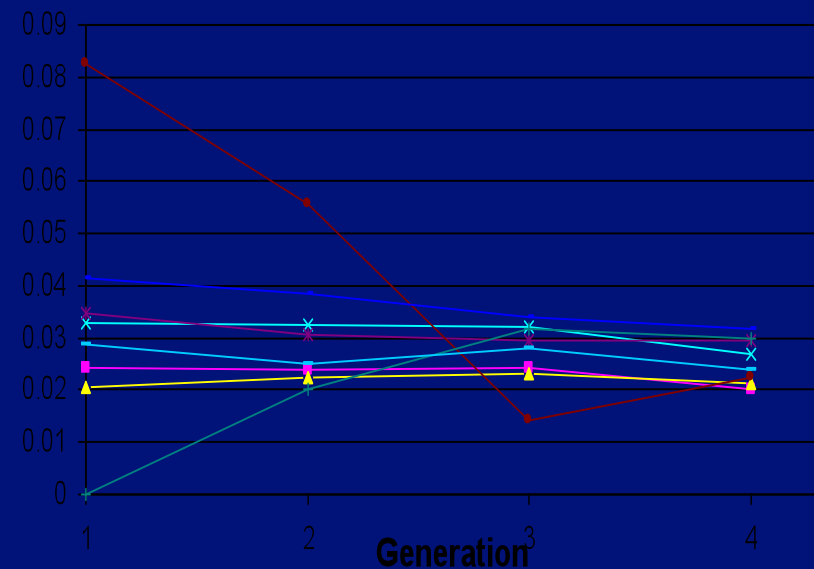
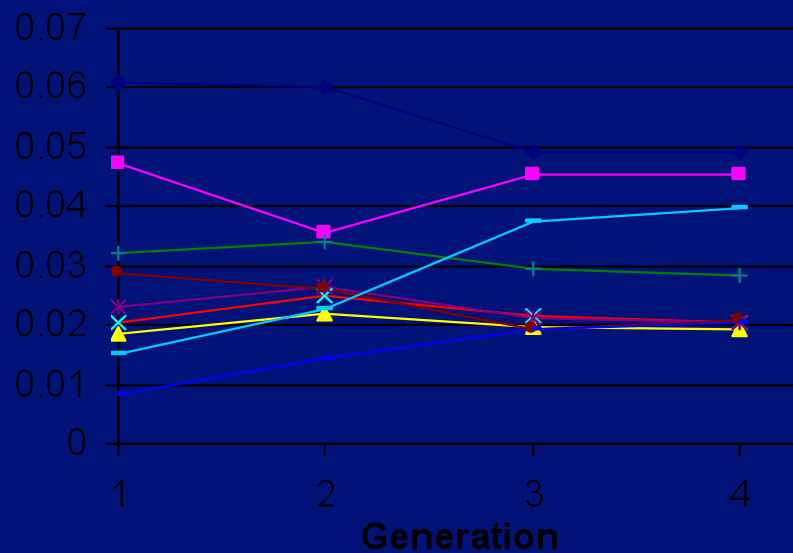


Evolution of the genetic contributions (STUD-1)



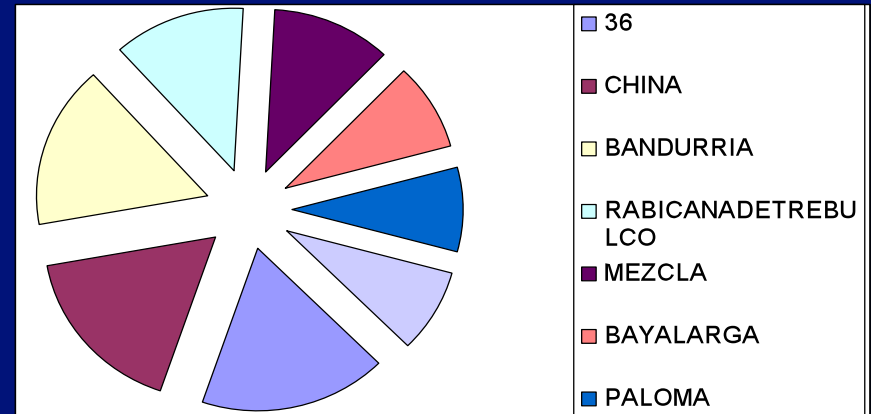
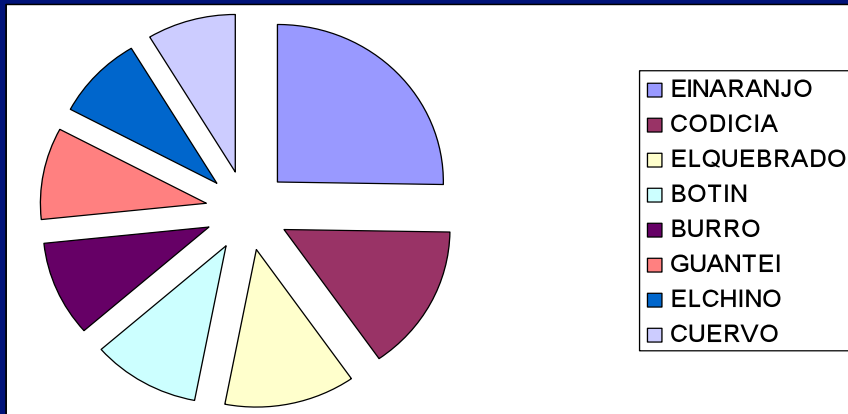


Evolution of the genetic contributions (STUD-2)





Genetic Contributions





Conclusion

- Mating policy
- Recommended N_e (Sorensen *et. al.* 2005; Franklin & Frankham, 1998)
- Further investigation: what is the impact of the within stud variability when increasing the use of stallions from other unrelated.