CLASE 2

PARENTESCO Y CONSANGUINIDAD

DBT 792
GENÉTICA Y GENÓMICA EN PRODUCCIÓN ANIMAL

Profesor
Dr. José Gallardo

PLAN DE LA CLASE

REVISIÓN DE TAREA

CONCEPTOS: PARENTESCO Y ENDOGANIA

CALCULO MANUAL DE COEFICIENTES

INTROD. PROGRAMACIÓN CON R

ELABORACIÓN DE GENEALOGÍAS CON R

CONCEPTO DE PARENTESCO

Parentesco: Dos individuos son parientes si tienen ancestros en común o si uno es antecesor de otro.

Genealogía

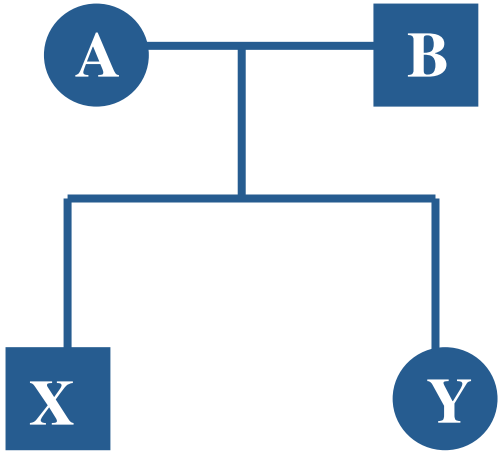
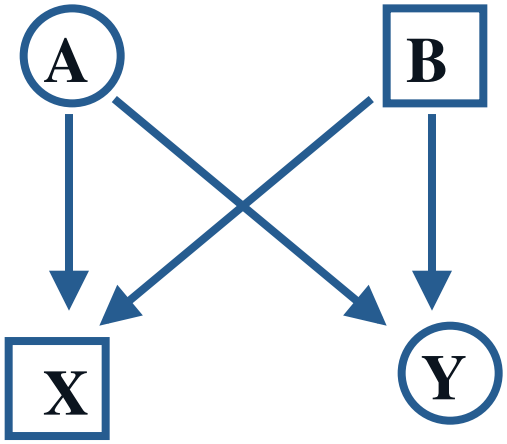
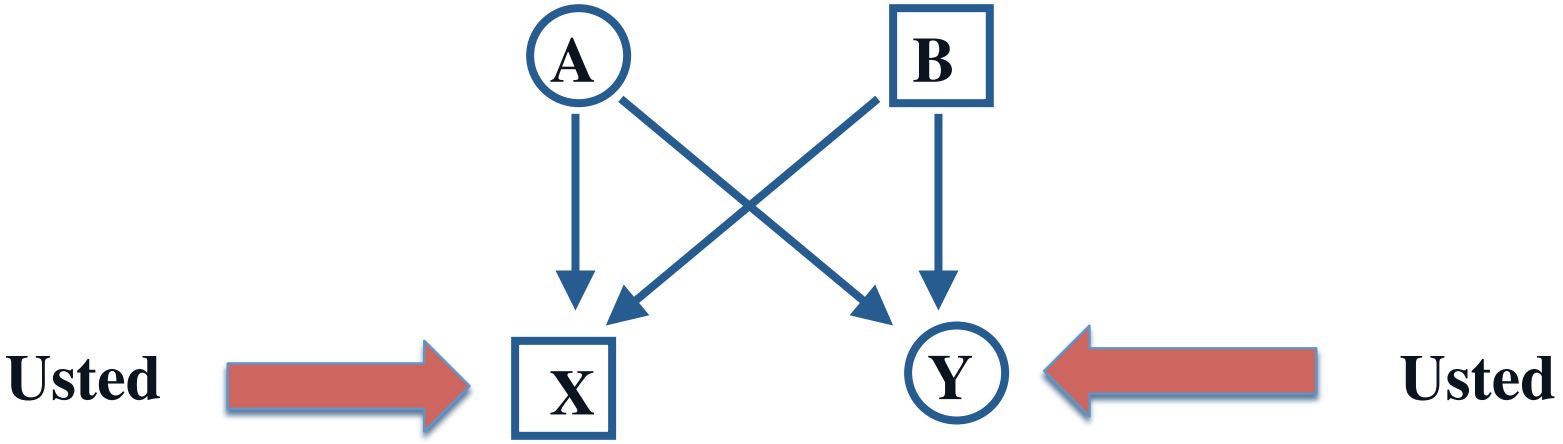


Diagrama de vías



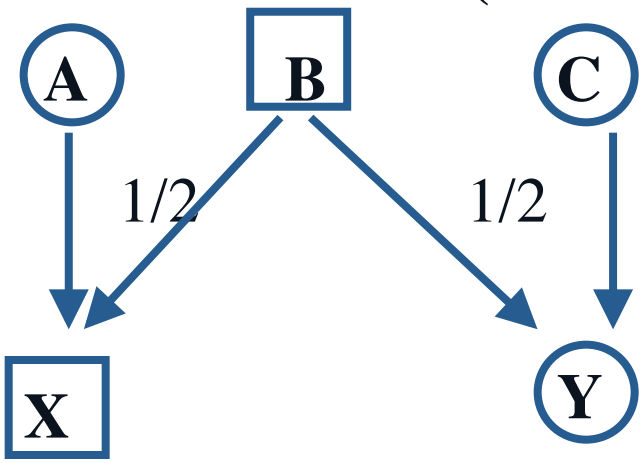
USANDO DIAGRAMA DE VÍAS
COMPLETE LA GENALOGÍA CON SUS ABUELOS



CALCULO COEFICIENTE DE PARENTESCO

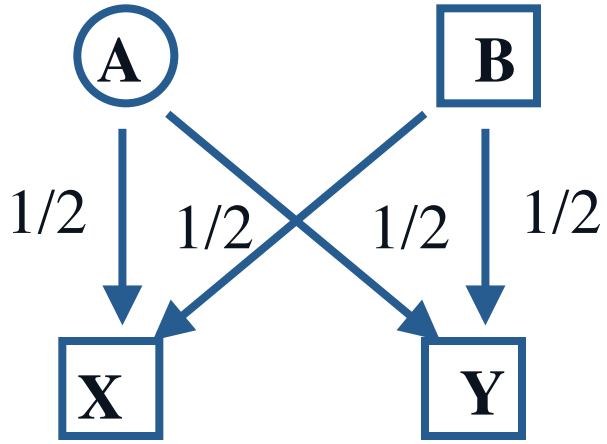
R_{xy}: Proporción de genes que comparten dos individuos emparentados.

Medios hermanos (hermastros)



$$Rxy = (\tfrac{1}{2})^2 = 1/4$$

Hermanos completos



$$Rxy = (\tfrac{1}{2})^2 + (\tfrac{1}{2})^2 = 1/2$$

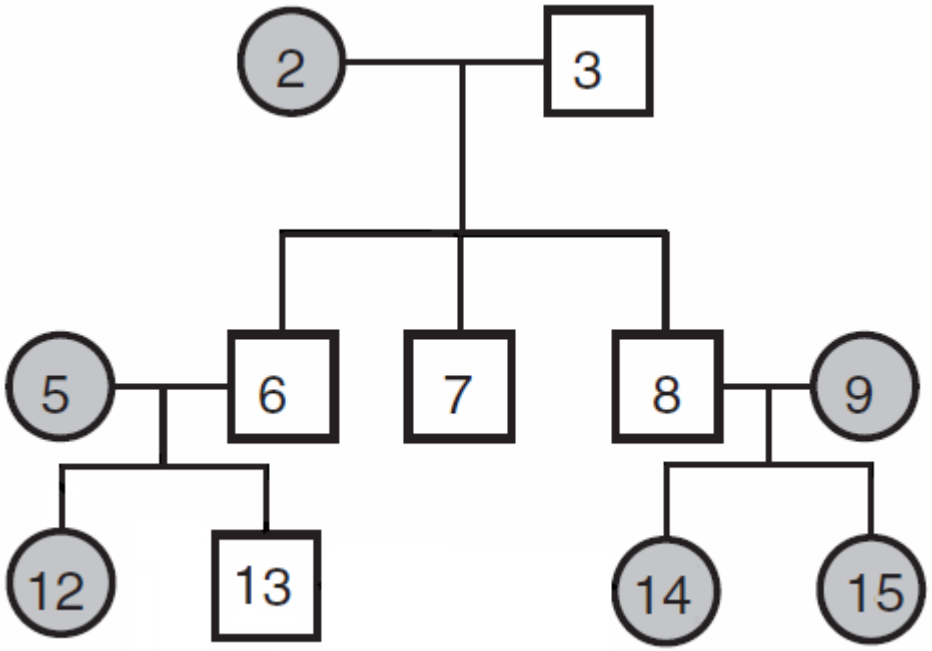
$$\boxed{Rxy = \Sigma\,(\tfrac{1}{2})^{n1+n2}}$$

EJERCICIO PARENTESCO

Para la siguiente genealogía calcule el coeficiente de parentesco entre los individuos:

A) Individuo 2 – individuo 12

B) Individuo 12 – individuo 14.



ENDOGAMIA Y ANTROPOLOGÍA

Endogamia: Práctica de contraer matrimonio entre personas de ascendencia común, naturales de una misma localidad o comarca, o de un grupo social.

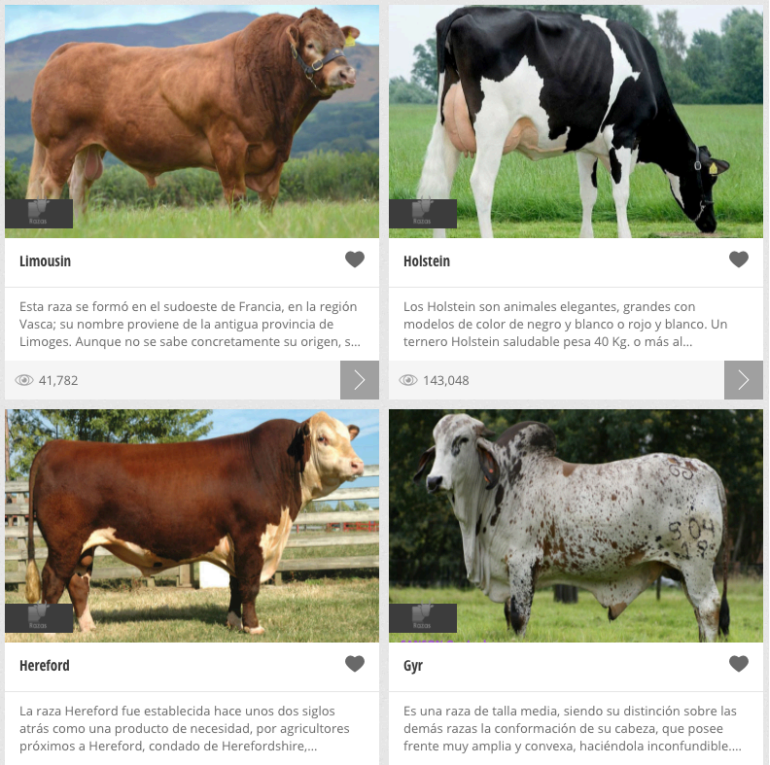
Charles Darwin se casa con su prima Emma Wedgwood el 29 de Enero de 1839.

Amish: grupo etnorreligioso protestante conocidos por su estilo de vida sencilla, vestimenta modesta y tradicional.

https://breedingbusiness.com/definition-meaning-inbreeding-dogs/

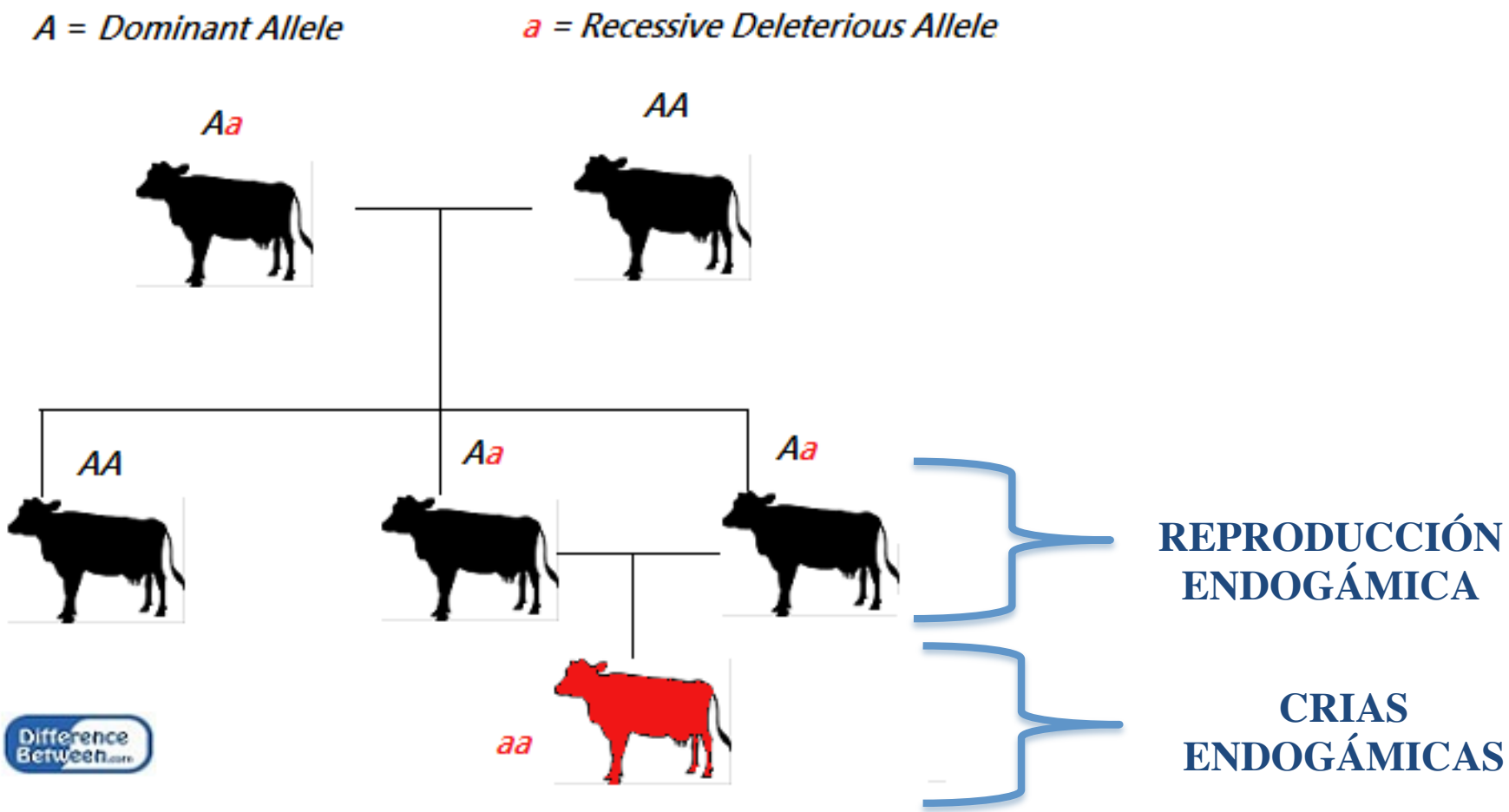
ENDOGAMIA Y DOMESTICACIÓN

Endogamia. Cruzamiento entre individuos emparentados de una raza, comunidad o población aislada genéticamente.



https://breedingbusiness.com/definition-meaning-inbreeding-dogs/

GENEALOGÍA CONSANGUÍNEA



DEPRESIÓN ENDOGÁMICA EN ANIMALES

DEF. 1. Aumento de malformaciones en los animales o aumento de enfermedades de tipo hereditarias producto de la consanguinidad (Tave, 1996).

DEPRESIÓN ENDOGÁMICA EN ANIMALES

DEF. 2. Disminución del valor fenotípico promedio de rasgo cuantitativo en una población (Lynch y Walsh, 1998).

Reducción tamaño poblacional → Reducción eclosión de huevos

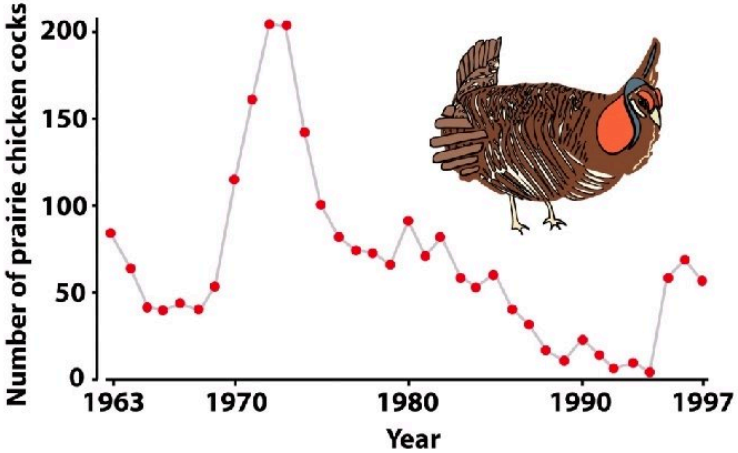
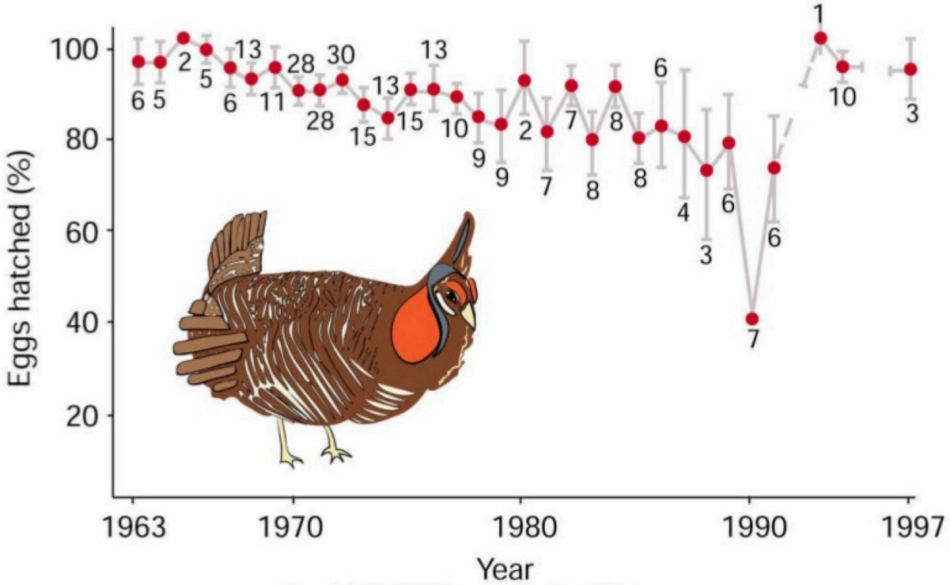
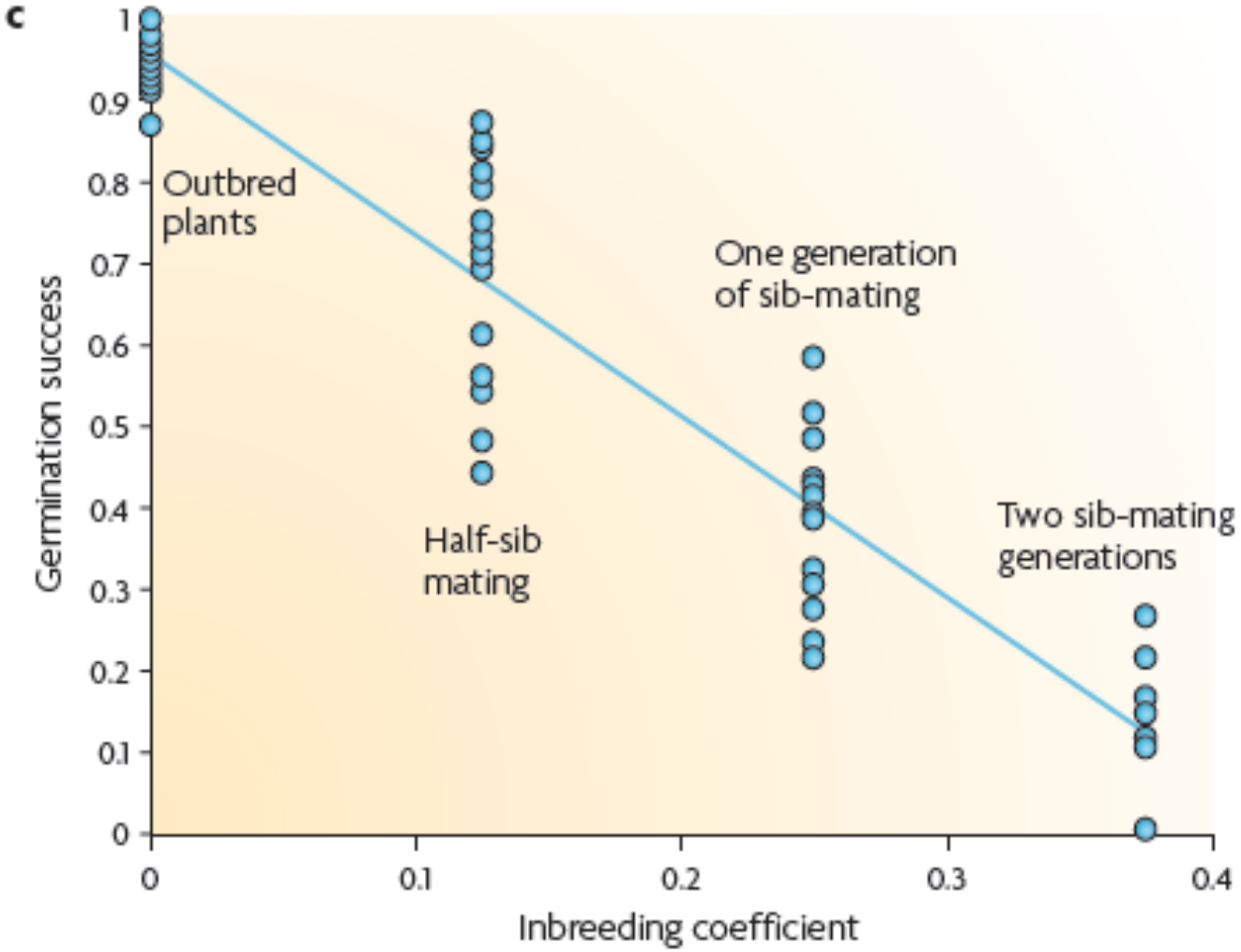


Figure 7-3 Evolutionary Analysis, 4/e
© 2007 Pearson Prentice Hall, Inc.

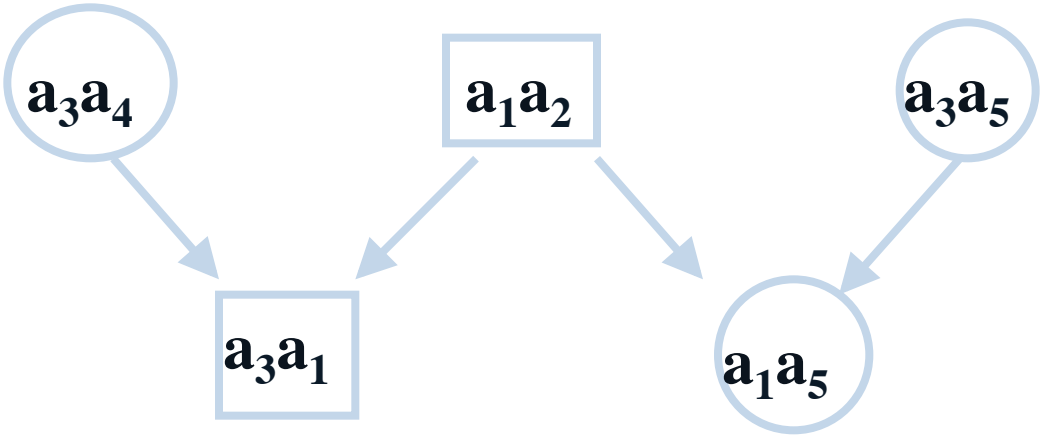


Copyright © 2004 Pearson Prentice Hall, Inc.

DEPRESIÓN POR CONSANGUINIDAD PLANTAS



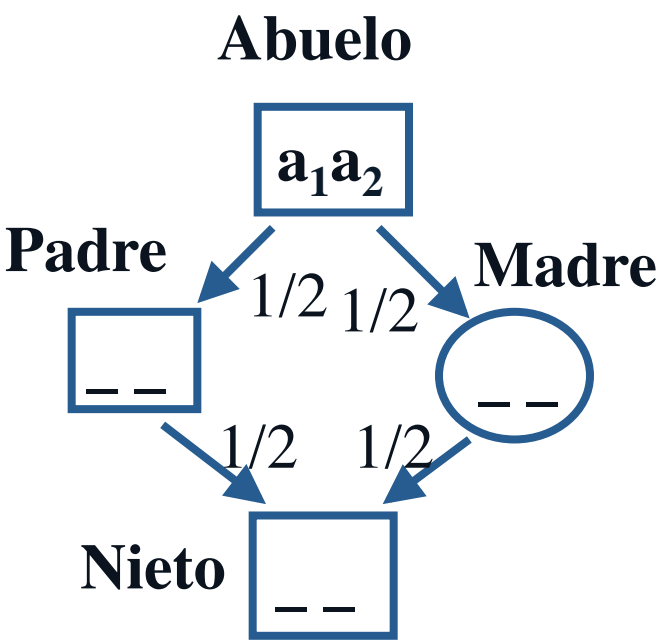
CONCEPTO DE IDENTIDAD POR DESCENDENCIA.



Son alelos idénticos en estado aquellos alelos que tienen igual función pero no provienen de un ancestro común.

Son alelos idénticos por descendencia aquellos que son réplica de un mismo gen de un ancestro común.

CÁLCULO DEL COEFICIENTE DE ENDOGAMIA (*F*).



El coeficiente de endogamia (*F*) de un individuo es la probabilidad de que dos alelos presentes en él sean idénticos por descendencia.

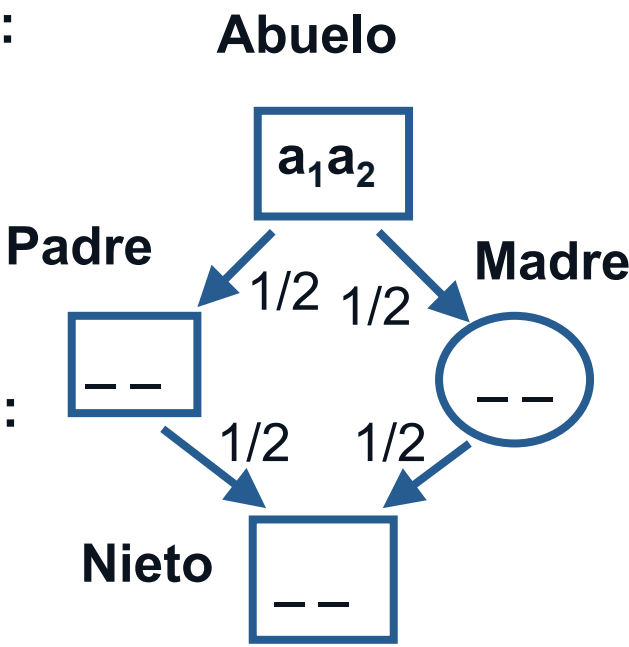
CÁLCULO DEL COEFICIENTE DE ENDOGAMIA (*F*).

a) Probabilidad de que el nieto tenga dos alelos a_1:

a. A través de la madre = ½ * ½ = ¼.
b. A través del padre = ½ * ½ = ¼
c. Total = ¼ * ¼ = 1/16.

b) Probabilidad de que el nieto tenga dos alelos a_2:

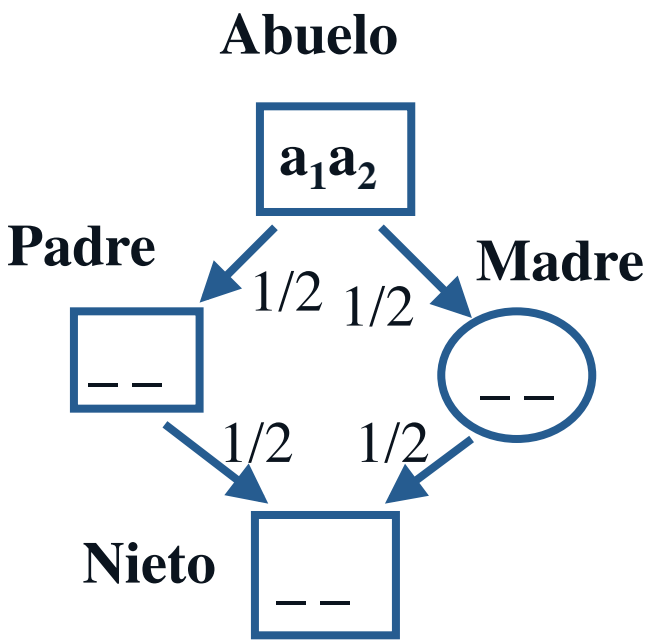
a. A través de la madre = ½ * ½ = ¼.
b. A través del padre = ½ * ½ = ¼
c. Total = ¼ * ¼ = 1/16.



c) Probabilidad de que dos alelos en el nieto sean idénticos por descendencia

***F* x = 1/16 + 1/16 = 1/8 = 0,125.**

¿QUÉ SUCEDE SI EL ABUELO YA ES ENDOGÁMICO?



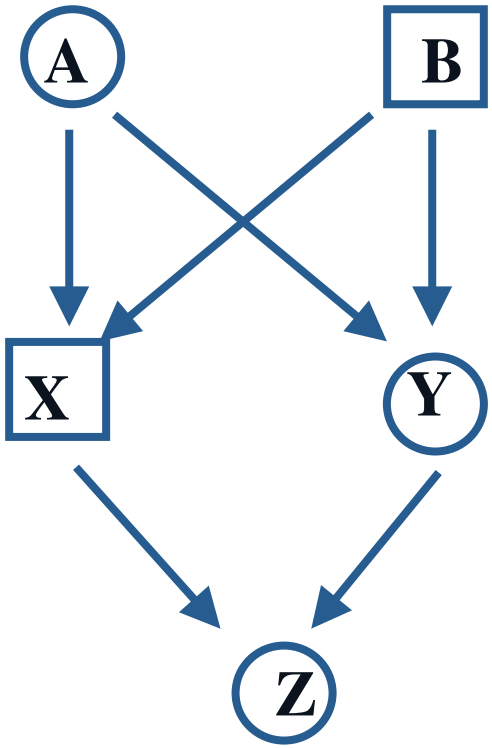
$$Fx = 0.125\ (1 + F_A)$$

Generalizando, el coeficiente de consanguinidad es

$$F_x = \sum (1/2)^{n+n'+1} (1 + F_A)$$

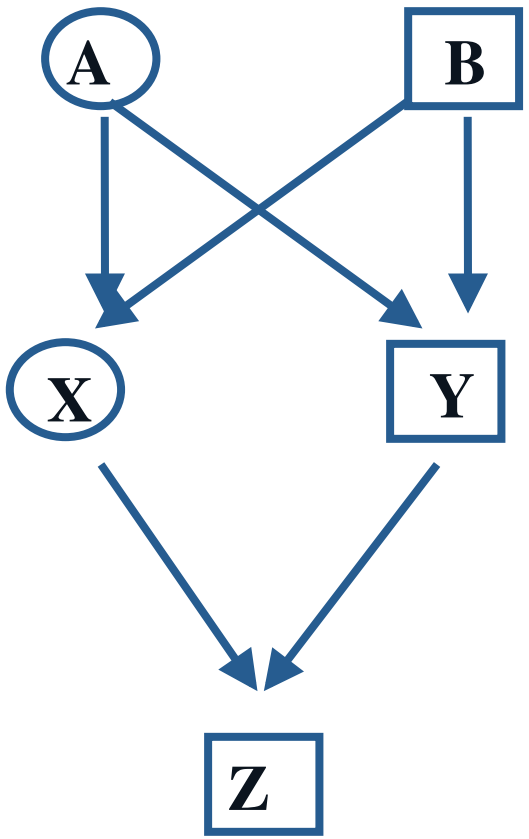
n = número de generaciones entre el padre y el antecesor común.
n' = número de generaciones entre la madre y el antecesor común.

COEFICIENTE DE COASCENDENCIA (K_{XY} = KINSHIP)



$$F_Z = K_{XY}$$

A PARTIR DE LA SIGUIENTE GENEALOGÍA DETERMINE EL NIVEL DE ENDOGAMIA DEL INDIVIDUO Z (F_Z)



$$F_x = \sum (1/2)^{n+n'+1} (1 + F_A)$$

PROGRAMACIÓN CON R

Clase 2 – Elaborar una genealogía con R

OBJETOS EN R

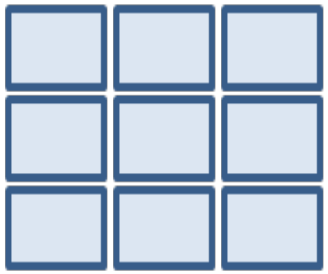
R es un lenguaje de programación orientado a objetos.

Tipos de objeto

Vector

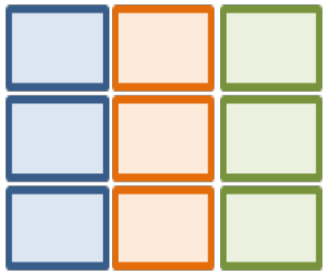
- 1 column or row of data
- 1 type (numeric or text)

Matrix



- multiple columns and/or rows of data
- 1 type (numeric or text)

Data Frame



- multiple columns and/or rows of data
- multiple types

CREAR OBJETOS EN R

Elaborar y visualizar un vector

vector <- c()

```
alumnos        < - c ("Maria", "Jose", "Valeria", "Carlos", "Luz")
sexo           < - c (2, 1, 2, 1, 2)
alumnos
```

Elaborar una tabla y visualizar una tabla

tabla <- data.frame()

```
curso          <- data.frame(alumnos, sexo)
curso
```

Imprimir tabla con formato y leyenda

knitr::kable(tabla, caption = "")

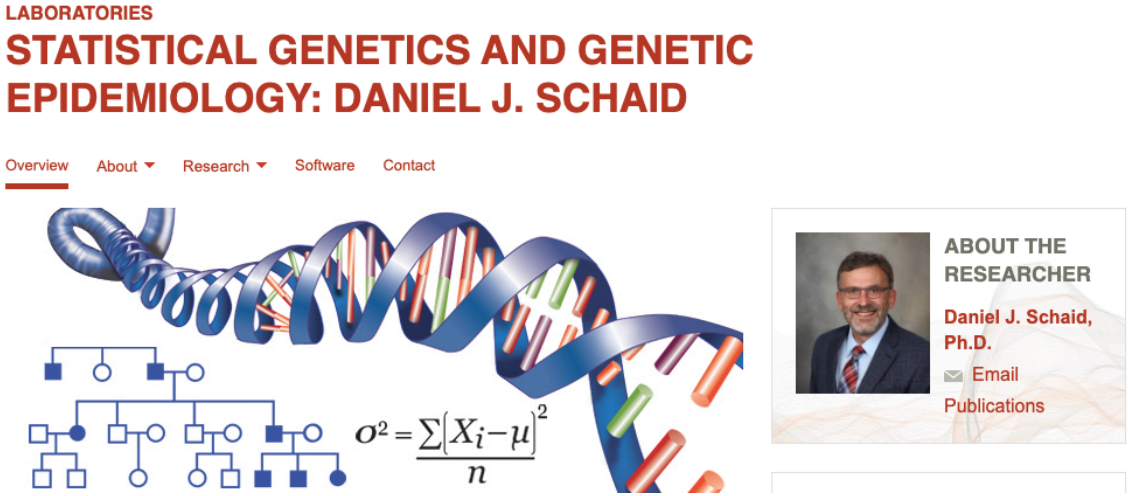
```
knitr::kable(curso, caption = "Alumnos inscritos en el curso")
```

LIBRERÍA KINSHIP2

Kinship2 es una librería open source que permite crear y manipular datos de genealogía. Desarrollado por el laboratorio de genética estadística y genética epidemiológica de la Clínica Mayo, USA, en el año 2014

Habilitar una librería

library(kinship2)



https://www.mayo.edu/research/labs/statistical-genetics-genetic-epidemiology/overview

TABLA GENEALOGÍA PROFESOR

id	padres	madres	sexo	afectado	estado
Ana	NA	NA	2	0	0
Aliro	NA	NA	1	0	1
Elba	NA	NA	2	0	0
Santiago	NA	NA	1	0	1
Jose	Aliro	Ana	1	0	0
Edith	Santiago	Elba	2	0	0
Profesor	Jose	Edith	1	0	0
David	Jose	Edith	1	0	0

NA = sin nombre

1 = varón
2 = mujer

0 = sano
1 = enfermo

0 = vivo
1 = muerto

CREAR VECTORES DE GENALOGÍA EN R

```
Id <-c("Ana","Aliro","Elba","Santiago","Jose","Edith","Profesor","David")
padres <-c (NA,NA,NA,NA,"Aliro","Santiago","Jose","Jose")
madres <-c (NA,NA,NA,NA,"Ana","Elba","Edith","Edith")
sexo <-c (2,1,2,1,1,2,1,1)
afectado <-c (0,0,0,0,0,0,0,0)
estado <-c (0,1,0,1,0,0,0,0)
```

Values	
afectado	num [1:8] 0 0 0 0 0 0 0 0
estado	num [1:8] 0 1 0 1 0 0 0 0
id	chr [1:8] "Ana" "Aliro" "Elba" "Santiago" "Jose" "Edith" ...
madres	chr [1:8] NA NA NA NA "Ana" "Elba" "Edith" "Edith"
padres	chr [1:8] NA NA NA NA "Aliro" "Santiago" "Jose" "Jose"
sexo	num [1:8] 2 1 2 1 1 2 1 1

CREAR TABLA DE GENALOGÍA EN R

Genealogia <- **data.frame**(id,padres,madres,sexo,afectado,estado)

Script_Pedigree_profesor.Rmd | Genealogia

Filter

	id	padres	madres	sexo	afectado	estado
1	Ana	NA	NA	2	0	0
2	Aliro	NA	NA	1	0	1
3	Elba	NA	NA	2	0	0
4	Santiago	NA	NA	1	0	1
5	Jose	Aliro	Ana	1	0	0
6	Edith	Santiago	Elba	2	0	0
7	Profesor	Jose	Edith	1	0	0
8	David	Jose	Edith	1	0	0

CREAR UN OBJETO PEDIGREE CON KINSHIP2

Creación de objeto pedigree de nombre: Ped

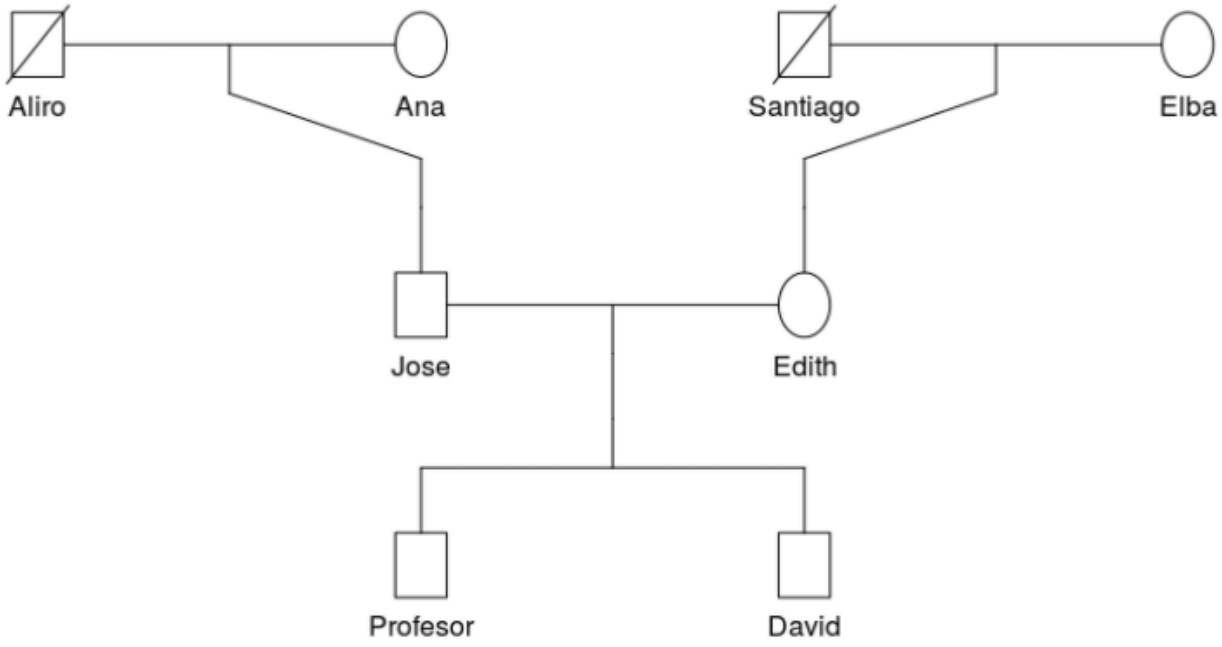
Ped <- with(familia, pedigree(id=id, dadid=padres, momid=madres, sex=sexo, affected=afectado, status=estado))

```
Ped                    List of  6
    $ id      : chr [1:8] "Ana" "Aliro" "Elba" "Santiago" ...
    $ findex  : int [1:8] 0 0 0 0 2 4 5 5
    $ mindex  : int [1:8] 0 0 0 0 1 3 6 6
    $ sex     : Factor w/ 4 levels "male","female",..: 2 1 2 1 1 2 1 1
    $ affected: num [1:8] 0 0 0 0 0 0 0 0
    $ status  : num [1:8] 0 1 0 1 0 0 0 0
    - attr(*, "class")= chr "pedigree"
```

GRAFICAR UNA GENELOGIA CON KINSHIP2

Graficar objeto Ped con un tamaño de 1x (cex=1)

plot(Ped, cex = 1)



CALCULAR PARENTESCO CON KINSHIP2

Calcular matriz de parentesco del objeto Ped

kinship(Ped)*2

Matriz de coeficientes de parentesco Profesor Gallardo

	Ana	**Aliro**	**Elba**	**Santiago**	**Jose**	**Edith**	**Profesor**	**David**
Ana	1.00	0.00	0.00	0.00	0.5	0.0	0.25	0.25
Aliro	0.00	1.00	0.00	0.00	0.5	0.0	0.25	0.25
Elba	0.00	0.00	1.00	0.00	0.0	0.5	0.25	0.25
Santiago	0.00	0.00	0.00	1.00	0.0	0.5	0.25	0.25
Jose	0.50	0.50	0.00	0.00	1.0	0.0	0.50	0.50
Edith	0.00	0.00	0.50	0.50	0.0	1.0	0.50	0.50
Profesor	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.5	1.00	0.50
David	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.5	0.50	1.00

CREAR DOCUMENTO MARKDOWN .Rmd

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Genealogia profesor Jose Gallardo.... *

Knit Insert Run

```
---
title: "Genealogia profesor Jose Gallardo"
author: "José Gallardo"
date: "5/1/2021"
output: pdf_document
---

```{r setup, include=FALSE}
knitr::opts_chunk$set(echo = FALSE)
library(kinship2)
library(knitr)
library(pander)
```

INTRODUCCIÓN LIBRERÍA KINSHIP2

La librería **kinship2** (Sinwell et al. 2014) manipula datos de pedigree y calcula diferentes parámetros genéticos incluyendo una medida simple del coeficiente de parentesco denominada **kinship**. Este coeficiente mide la probabilidad de que un alelo tomado al azar de un individuo i, y otro alelo tomado al azar de un individuo j sean identicos por descendencia.

DATOS FAMILIA GALLARDO

```{r, echo=TRUE}
## Construcción de vectores genealogía profesor José Gallardo

id<-c("Ana","Aliro","Elba","Santiago","Jose","Edith","Profesor","David")
fatherid<-c(NA,NA,NA,NA,"Aliro","Santiago","Jose","Jose")
motherid<-c(NA,NA,NA,NA,"Ana","Elba","Edith","Edith")
sex<-c(2,1,2,1,1,2,1,1)
affected<-c(0,0,0,0,0,0,0,0)
status<-c(0,1,0,1,0,0,0,0)
```

17:369 INTRODUCCIÓN LIBRERÍA KINSHIP2 R Markdown

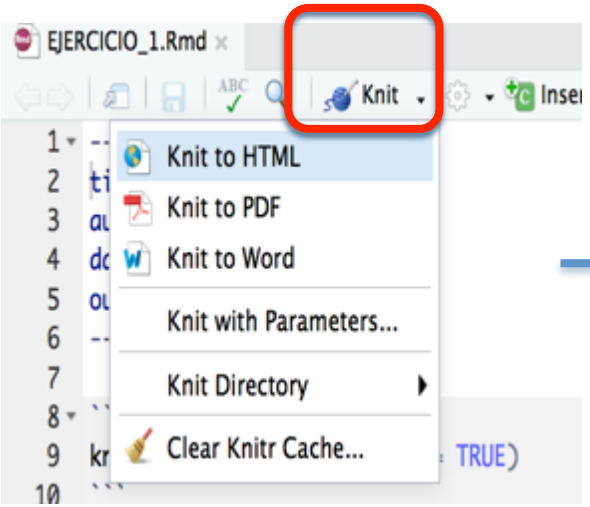
Título, autor, formato del reporte (pdf)

Instalar librerías

Markdown: Texto libre con formato.

Escribir códigos
```

COMPILAR Y PUBLICAR CON LIBRERÍA KNIT.



GENEALOGÍA Y PARENTESCO FAMILIA GALLARDO SEPULVEDA

```
## Elaboración de objeto de pedigree
Ped <- with(Genealogia, pedigree(id=id,dadid=fatherid,momid=motherid, sex=sex, affected=affected,
## Elaboración de genealogía con leyenda
plot(Ped, cex = 1)
```

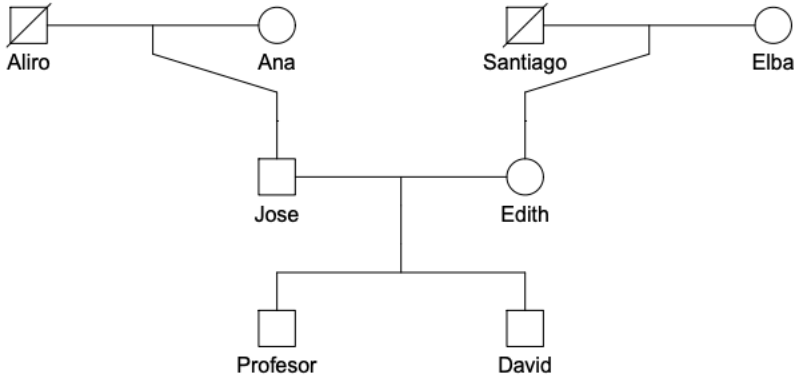


Figure 1: Genealogía familia Gallardo Sepulveda

TRABAJANDO COMO GENETISTA

Clase 2 – Elaborar la genealogía de mi familia con R

TAREA 1

Objetivo

El objetivo del trabajo práctico es elaborar y manipular la genealogía de su propia familia usando la librería Kinship2.

Guía y ejemplo profesor en

https://rstudio.cloud/spaces/132848/project/2391478

01 - Parentesco y Endogamia

ELABORAR TABLA GENEALOGÍA DE TU FAMILIA

id	padres	madres	sexo	afectado	estado

NA = sin nombre

1 = varón
2 = mujer

0 = sano
1 = enfermo

0 = vivo
1 = muerto

CREAR DOCUMENTO EXTENSIÓN .Rmd

```
1  ---
2  title: "Clase 3 - Ejercicio genealogía familiar"
3  author: "José Gallardo"
4  date: "24/4/2020"
5  output: pdf_document
6  ---
7
8  ```{r setup, include=FALSE}
9  knitr::opts_chunk$set(echo = TRUE)
10 library(kinship2)
11 library(knitr)
12 library(pander)
13 ```
14
15 ## INTRODUCCIÓN LIBRERÍA KINSHIP2
16
17 La librería **kinship2** (Sinwell et al. 2014) manipula datos de pedigree y calcula d
   simple del coeficiente de parentesco denominada **kinship**. Este coeficiente mide la
   individuo i, y otro alelo tomado al azar de un individuo j sean identicos por descend
   (Wright, 1922) se puede calcular facilmente como 2 veces el coeficiente de kinship. E
   genealogías completas o parciales de manera muy robusta.
18
19 ### DATOS FAMILIA GALLARDO MATUS
20
21 ```{r , echo=FALSE}
22 Genealogia <- read.csv(file = "Genealogia_profesor.csv", header = TRUE, sep = ";")
23
24 Ped <- with(Genealogia, pedigree(id=id,dadid=fatherid,momid=motherid, sex=sex,
25                                 affected = affected, status= status))
26
27 knitr::kable(
28   Genealogia,
29   caption = " Tabla de genealogía familia Gallardo Matus")
30
31 ```
```

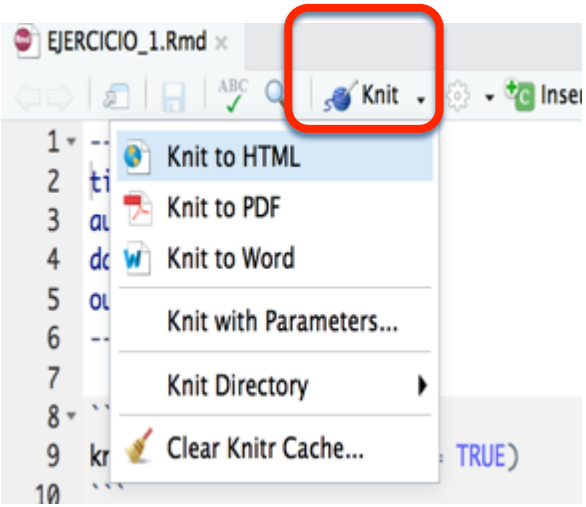
Título, autor, formato del reporte (pdf)

Instalar librerías

Markdown: Texto libre con formato.

Escribir códigos

COMPILAR Y PUBLICAR REPORTE DINÁMICO CON LIBRERÍA KNIT.



Clase 3 - Ejercicio genealogía familiar

José Gallardo

24/4/2020

INTRODUCCIÓN LIBRERÍA KINSHIP2

La librería **kinship2** (Sinwell et al. 2014) manipula datos de pedigree y calcula diferentes parámetros genéticos incluyendo una medida simple del coeficiente de parentesco denominada **kinship**. Este coeficiente mide la probabilidad de que un alelo tomado al azar de un individuo i, y otro alelo tomado al azar de un individuo j sean identicos por descendencia. El **coeficiente de parentesco aditivo** (Wright, 1922) se puede calcular facilmente como 2 veces el coeficiente de kinship. Esta librería permite además generar gráficas de genealogías completas o parciales de manera muy robusta.

DATOS FAMILIA GALLARDO MATUS

Table 1: Tabla de genealogía familia Gallardo Matus

id	fatherid	motherid	sex	affected	status
Ana	NA	NA	2	0	0
Aliro	NA	NA	1	0	1
Elba	NA	NA	2	0	0
Santiago	NA	NA	1	0	1
Jose	Aliro	Ana	1	0	0
Edith	Santiago	Elba	2	0	0
Profesor	Jose	Edith	1	0	0
David	Jose	Edith	1	0	0

TAREA 2

Objetivo

Importar, elaborar y manipular genealogías de animales calculando parámetros genéticos como el coeficiente de parentesco, de coascendencia y el nivel de endogamia individual.

Guía en

https://rstudio.cloud/spaces/132848/project/2391478

01 - Parentesco y Endogamia

¿QUÉ APRENDIMOS HOY?

1.- Parentesco y coeficiente de parentesco

2.- Endogamia y depresión endogámica

3.- Identidad por descendencia

4.- Coeficiente de consanguinidad

5.- Coeficiente de coascendencia

6.- Práctica de construcción y análisis de genealogías con R.