

# **MGA: Cálculo de coeficientes de parentesco**

**ASIGNATURA: MEJORA GENÉTICA VEGETAL Y ANIMAL**  
**GRADO EN BIOTECNOLOGÍA**

**Manuel Ramón Fernández – [manuel.Ramon@uclm.es](mailto:manuel.Ramon@uclm.es)**

# Coeficiente de parentesco

- El **coeficiente de parentesco** (*kinship coefficient*; Malecot, 1948) entre 2 individuos  $X$  e  $Y$  ( $r_{XY}$ ;  $\phi_{XY}$ ) es la probabilidad de que, para un gen dado, al extraer un alelo al azar de cada individuo, estos sea **idénticos por descendencia (IBD)**
- El **coeficiente de consanguinidad** (*inbreeding coefficient*) de un individuo  $X$  ( $F_X$ ) es la probabilidad de que los dos alelos de un mismo gen de ese individuo sean idénticos por descendencia (IBD). Indica la probabilidad de que un animal reciba el mismo alelo de ambos progenitores por estar emparentados dichos progenitores
- El coeficiente de consanguinidad de un individuo coincide con el coeficiente de parentesco de sus padres

# Coeficiente de parentesco

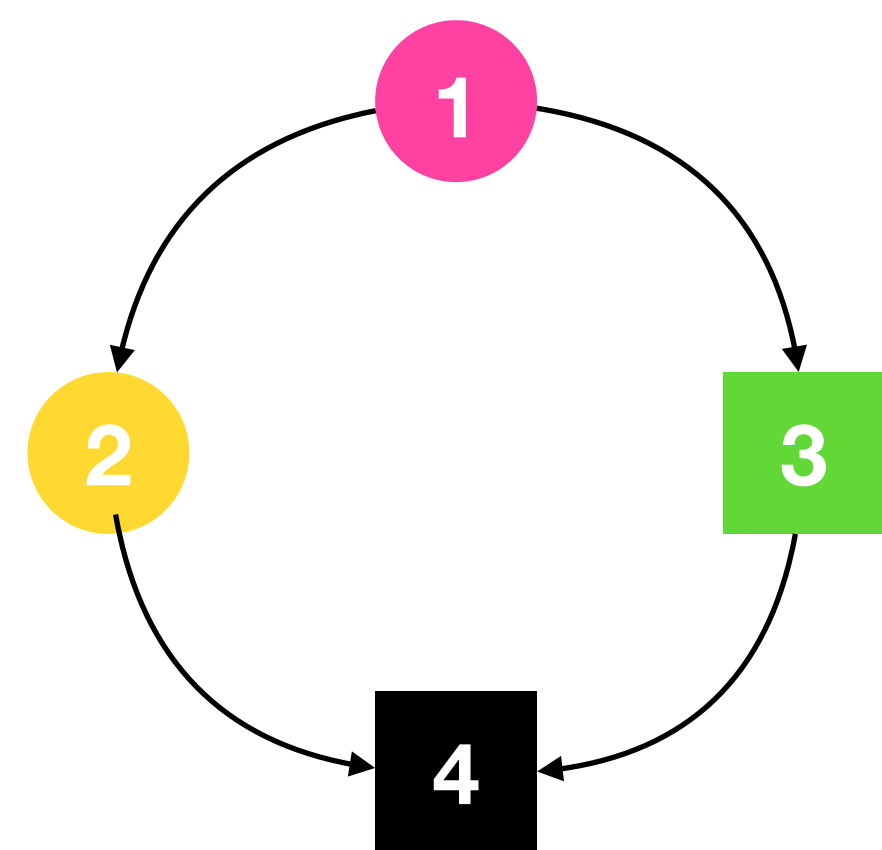
- Para un pedigrí dado, este **coeficiente de parentesco** ( $\phi$ ; ) se puede calcular de forma recursiva aplicando las 2 siguientes ecuaciones:

$$\phi_{x,x} = \frac{1}{2}(1 + F_{x,x}) = \frac{1}{2}(1 + \phi_{mx,fx})$$

$$\phi_{x,y} = \frac{1}{2}(\phi_{x,my} + \phi_{x,fy})$$

- Sí x e y pertenecen a la población base,  $\phi_{x,y}=0$
- Es requisito que el pedigrí esté ordenado, es decir, los progenitores siempre van antes de sus descendientes

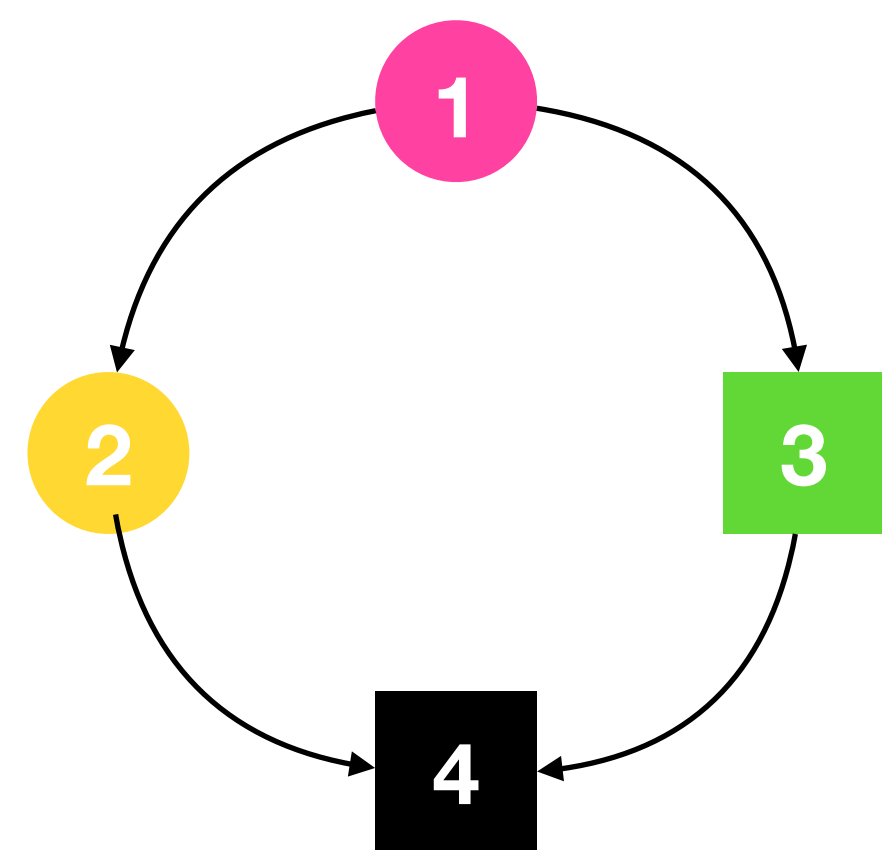
# Coeficiente de parentesco



| $\varphi$ | 1   | 2 | 3 | 4 |
|-----------|-----|---|---|---|
| 1         | 0.5 |   |   |   |
| 2         |     |   |   |   |
| 3         |     |   |   |   |
| 4         |     |   |   |   |

$$\phi_{1,1} = \frac{1}{2}(1 + F_{1,1}) = \frac{1}{2}(1 + 0) = \frac{1}{2}$$

# Coeficiente de parentesco

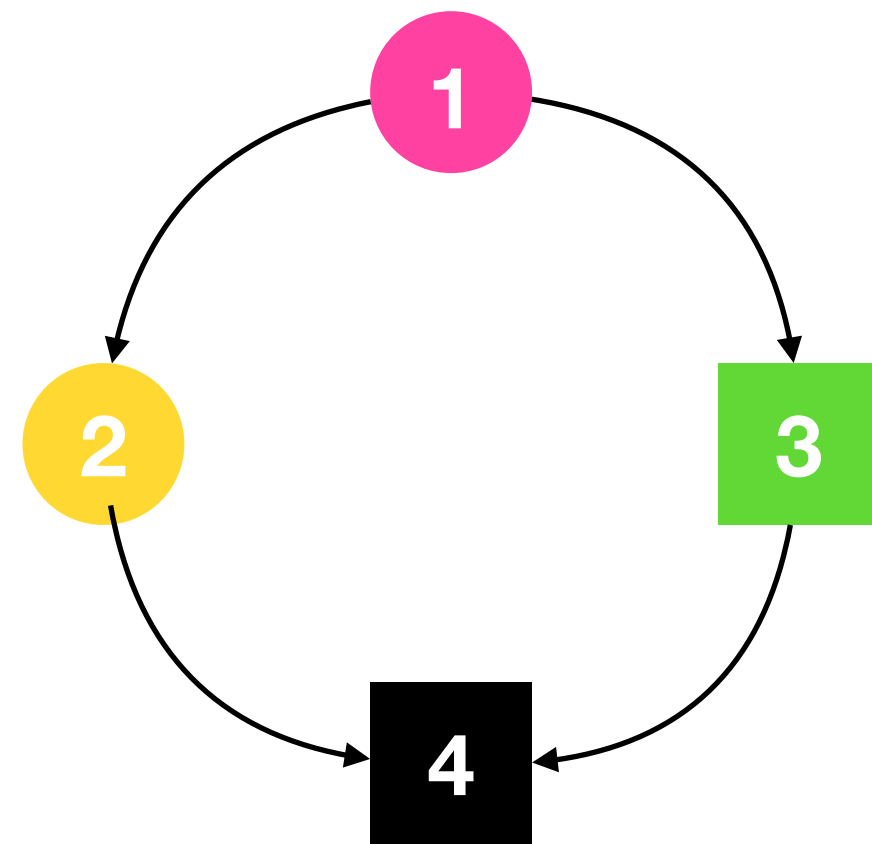


| $\varphi$ | 1   | 2    | 3 | 4 |
|-----------|-----|------|---|---|
| 1         | 0.5 | 0.25 |   |   |
| 2         |     | 0.5  |   |   |
| 3         |     |      |   |   |
| 4         |     |      |   |   |

$$\phi_{2,2} = \frac{1}{2}(1 + F_{2,2}) = \frac{1}{2}(1 + 0) = \frac{1}{2}$$

$$\phi_{1,2} = \frac{1}{2}(\phi_{1,1} + \phi_{1,?}) = \frac{1}{2}(\frac{1}{2} + 0) = \frac{1}{4}$$

# Coeficiente de parentesco



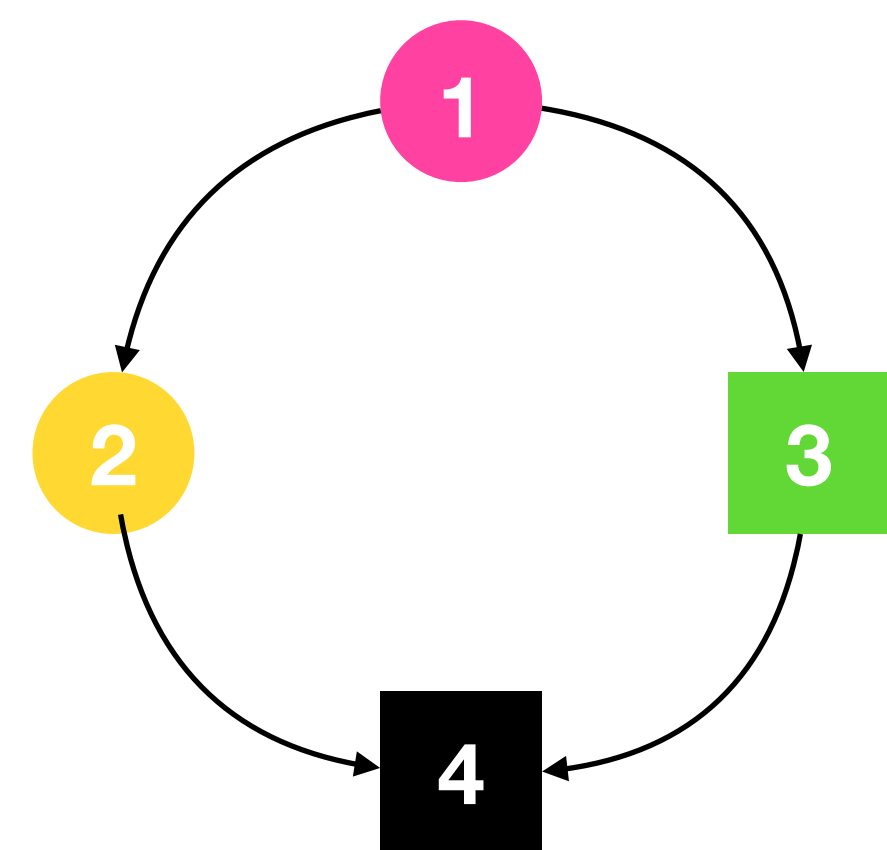
$$\phi_{3,3} = \frac{1}{2}(1 + F_{3,3}) = \frac{1}{2}(1 + 0) = \frac{1}{2}$$

$$\phi_{1,3} = \frac{1}{2}(\phi_{1,1} + \phi_{1,?}) = \frac{1}{2}\left(\frac{1}{2} + 0\right) = \frac{1}{4}$$

| $\varphi$ | 1   | 2    | 3    | 4 |
|-----------|-----|------|------|---|
| 1         | 0.5 | 0.25 | 0.25 |   |
| 2         |     | 0.5  | .125 |   |
| 3         |     |      | 0.5  |   |
| 4         |     |      |      |   |

$$\phi_{2,3} = \frac{1}{2}(\phi_{2,1} + \phi_{2,?}) = \frac{1}{2}\left(\frac{1}{4} + 0\right) = \frac{1}{8}$$

# Coeficiente de parentesco



| $\varphi$ | 1   | 2    | 3    | 4      |
|-----------|-----|------|------|--------|
| 1         | 0.5 | 0.25 | 0.25 | 0.25   |
| 2         |     | 0.5  | .125 | 0.3125 |
| 3         |     |      | 0.5  | 0.3125 |
| 4         |     |      |      | 0.5625 |

$$\phi_{4,4} = \frac{1}{2}(1 + F_{4,4}) = \frac{1}{2}(1 + \phi_{2,3}) = \frac{1}{2}(1 + \frac{1}{8}) = \frac{9}{16}$$

$$\phi_{1,4} = \frac{1}{2}(\phi_{1,2} + \phi_{1,3}) = \frac{1}{2}(\frac{1}{4} + \frac{1}{4}) = \frac{1}{4}$$

$$\phi_{2,4} = \frac{1}{2}(\phi_{2,2} + \phi_{2,3}) = \frac{1}{2}(\frac{1}{2} + \frac{1}{8}) = \frac{5}{16}$$

$$\phi_{3,4} = \frac{1}{2}(\phi_{3,2} + \phi_{3,3}) = \frac{1}{2}(\frac{1}{8} + \frac{1}{2}) = \frac{5}{16}$$



# Coeficiente de parentesco

## ¿Por qué es tan importante?

- Los genotipos de caracteres monogénicos puede ser inferidos a partir del fenotipo, pero no así los de los caracteres poligénicos
- Al no disponer de información genómica, los análisis de los caracteres cuantitativos se basaron en la teoría de la **covarianza entre parientes** introducida por Fisher (1918), y desarrollada posteriormente por Cotterman, 1940; Malecot, 1948; Kempthorne, 1954.
- Bajo la acción génica aditiva, la **covarianza genética entre los individuos x e y** puede expresarse en términos de su coeficiente de parentesco como  $2 \cdot \phi_{x,y} \cdot \sigma_a^2$ , donde  $\sigma_a^2$  es igual a la varianza genética aditiva
- La otra parte de la expresión,  $2 \cdot \phi_{x,y}$ , es lo que se incluye en la matriz de relaciones genéticas aditivas (A)



# Matriz de relaciones genéticas aditivas

## ¿Por qué es tan importante?

- La otra parte de la expresión,  $2 \cdot \phi_{x,y}$ , es lo que se incluye en la **matriz de relaciones genéticas aditivas (A)**
- Describe la relaciones genéticas aditivas entre los individuos de una población
- Su inversa se usa en la predicción de valores genéticos aditivos
- En la práctica 1 vamos a ver como se calcula, y en la práctica 2 como se usa para la estima de valores genéticos

# Coeficiente de consanguinidad

- El **coeficiente de consanguinidad** (*inbreeding coefficient*) de un individuo X ( $F_X$ ) es la probabilidad de que los dos alelos de un mismo gen de ese individuo sean idénticos por descendencia (IBD). Indica la probabilidad de que un animal reciba el mismo alelo de ambos progenitores por estar emparentados dichos progenitores
- La consanguinidad es una medida de la proporción de homocigotos en la población
- Al igual que para el parentesco, podemos calcular la consanguinidad a partir de la información de la genealogía (**consanguinidad estimada**), o haciendo uso de información genómica (**consanguinidad realizada**)

# Coeficiente de consanguinidad

## Cálculo a partir de información genealógica

- Recordemos que el coeficiente de parentesco de un individuo I,  $\phi_I$ , era igual a  $1/2 \cdot (1+F_I)$ , es decir, se puede expresar en función de su consanguinidad
- A partir de la **diagonal de la matriz de parentesco** podemos calcular la consanguinidad

$$\phi_{x,x} = \frac{1}{2}(1 + F_{x,x})$$

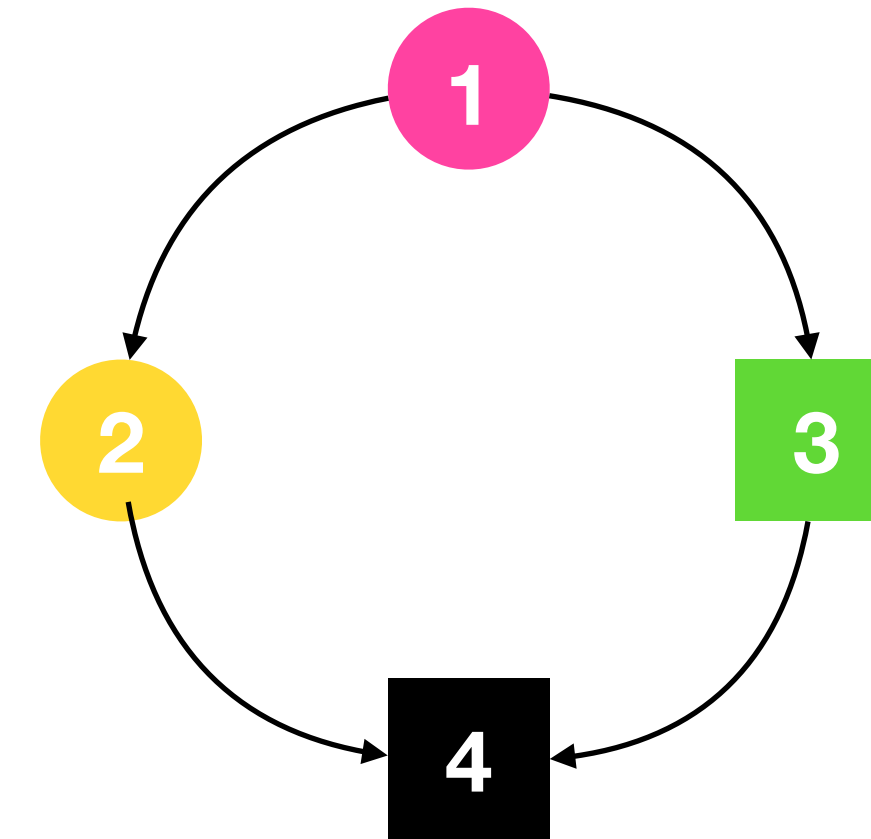
$$F_{x,x} = 2 \cdot \phi_{x,x} - 1 = a_{x,x} - 1$$

- Existe métodos más directos para el cálculo de la consanguinidad (**path method**)

# Coeficiente de consanguinidad

## Cálculo a partir de información genealógica

- El método de las trayectorias (path method) permite calcular la consanguinidad de los individuos de una población de manera directa.
- El método se basa en **contar el número de generaciones desde los progenitores de un individuo hasta su antecesor común**



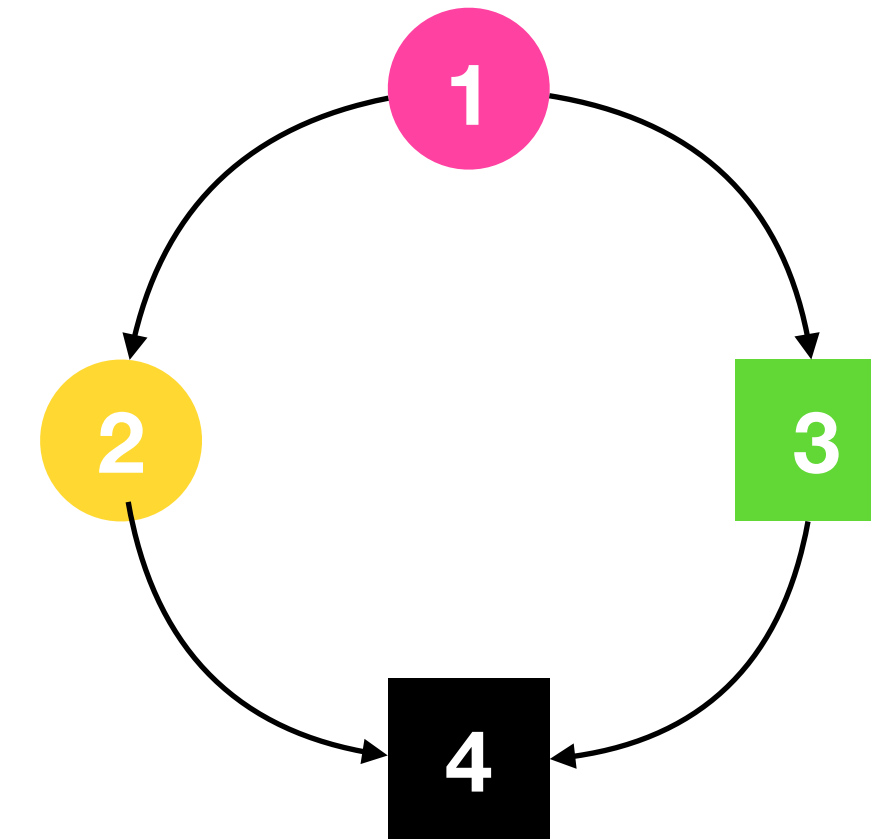
4 – > 2 – > 1 – > 3 – > 4

# Coeficiente de consanguinidad

## Cálculo a partir de información genealógica

$$F_i = \left(\frac{1}{2}\right)^n \cdot [1 + F_c]$$

donde n es el sumatorio del número de generaciones del individuo i al antecesor común por vía paterna/materna

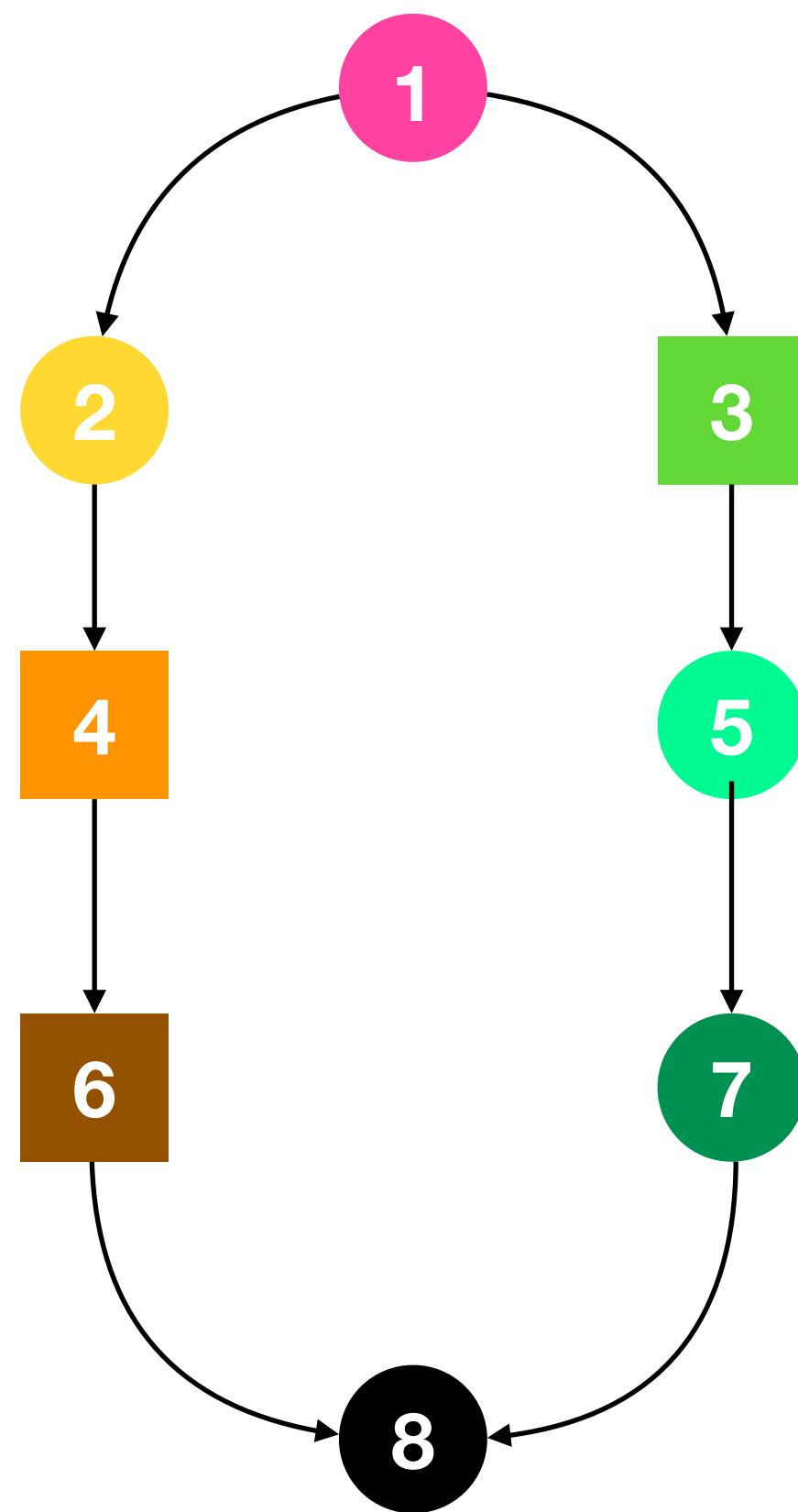


$$F_4 = \left(\frac{1}{2}\right)^3 \cdot [1 + F_1] = \frac{1}{8} + (1 + 0) = 0.125$$

$$4 - > 2 - > 1 - > 3 - > 4$$

# Coeficiente de consanguinidad

## Cálculo a partir de información genealógica



$$F_4 = \left(\frac{1}{2}\right)^7 \cdot [1 + F_1] = \frac{1}{8} + (1 + 0) = \frac{1}{128} = 0.0078$$

8 – > 6 – > 4 – > 2 – > 1 – > 3 – > 5 – > 7 – > 8



# Coeficiente de parentesco

- Para un pedigrí dado, este **coeficiente de parentesco** ( $\phi$ ; ) se puede calcular de forma recursiva aplicando las 2 siguientes ecuaciones:

$$\phi_{x,x} = \frac{1}{2}(1 + F_{x,x}) = \frac{1}{2}(1 + \phi_{mx,fx})$$

$$\phi_{x,y} = \frac{1}{2}(\phi_{x,my} + \phi_{x,fy})$$

- Sí x e y pertenecen a la población base,  $\phi_{x,y}=0$
- Es requisito que el pedigrí esté ordenado, es decir, los progenitores siempre van antes de sus descendientes