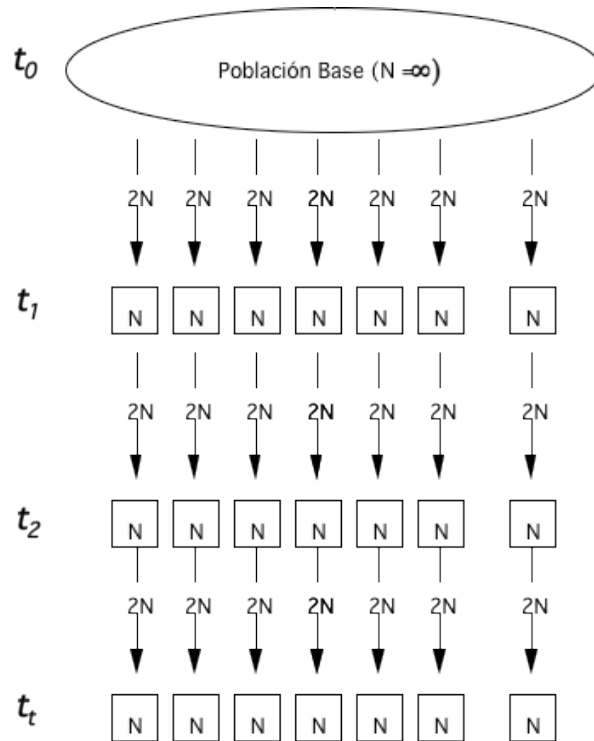


ENDOGAMIA EN LA POBLACIÓN

¿Cómo surgen los nuevos homocigotos?

Deduzcamos ahora el coeficiente de endogamia en la *población idealizada* entre generaciones, comenzando en la *Población base* y su progenie que constituye la generación 1.



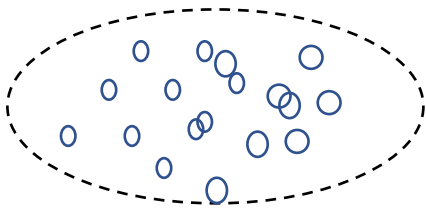
Pensemos nuevamente en un organismo que es capaz de **auto-fertilizarse** y de intercambiar gametos con otros organismos de la población (Figura).

Si hay **N individuos** que aportan igual número de gametos que se unen aleatoriamente, podemos considerar **que no son idénticos**. Considerando un solo locus, hay $2N$ alelos.

¿Cuál será la probabilidad de que un gameto cualquiera en un locus sea idéntico por descendencia? Esta probabilidad es el **coeficiente de endogamia** de la generación 1. Cada

gameto tiene una probabilidad igual a $\frac{1}{2N}$ de unirse a otro del mismo origen. De manera que este es el coeficiente de endogamia de la **generación 1**.

Población "idealizada" ($2N$)



$1/2N$

Para la **segunda generación**, el coeficiente de endogamia se compone de dos partes: primero, los homocigotos (con alelos del mismo origen) pueden formarse ya sea de

1. Replicación nueva de los genes, $1-(1/2N)$
2. Replicación previa $1/2N$

Los homocigotos idénticos formados por replicación nueva (gen. 1) tendrán una probabilidad de $\frac{1}{2N}$, mientras que el remanente $1 - \frac{1}{2N}$, son los cigotos que portan alelos que son independientes en su origen en la generación 1: Sin embargo, podrían ser idénticos en origen en la generación 0. Esa **probabilidad de ser idénticos** en la generación 0 es lo que hemos deducido para la generación 1, por lo tanto,

$$\text{Gen. 0: } F_0 = 0$$

$$\text{Gen. 1: } F_1 = \frac{1}{2N}$$

$$\text{Gen 2: } F_2 = \frac{1}{2N} + \left(1 - \frac{1}{2N}\right)F_1$$

Lo mismo se aplica a las generaciones subsecuentes; nótese que la endogamia de una generación particular toma en cuenta la ***F* de la generación anterior**, por lo tanto, el coeficiente de endogamia en la **generación *t*** será:

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

En síntesis, la endogamia en cualquier generación se integra de dos partes, una debida a la “**nueva**” **endogamia** y otra derivada de la **replicación previa**. En el caso de que los organismos no se autofertilicen, se “mueve” la replicación una generación más atrás.

Como puede verse de las ecuaciones, el cambio en el coeficiente de endogamia, o el “nuevo ***inbreeding***” es:

$\Delta F = \frac{1}{2N}$, por tanto, la ecuación de F_t puede reescribirse como:

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

Re-arreglando la ecuación:

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

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

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

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

Esta ecuación muestra que el incremento en ΔF mide la *tasa de endogamia* como un **incremento proporcional**, es decir, es el incremento en endogamia en una generación **relativo a la distancia que necesita moverse para que la endogamia sea total**. Esta medida se aplica a otras condiciones no sólo a aquellas de la población idealizada. Por tanto, es útil para comparar el efecto de la endogamia en distintos sistemas reproductivos, cuando la endogamia se expresa en **términos de ΔF** , aunque sólo en la población idealizada $\Delta F = \frac{1}{2N}$

Aunque tenemos la relación entre el coeficiente de endogamia en dos generaciones, éste puede **extenderse hasta la población base** y expresarlo en términos del número de generaciones.

Para ello, definimos el *coeficiente de panmixia* como $P = 1 - F$, y es el complemento del coeficiente de endogamia.

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

$$\Delta F - \left(\frac{1}{P_{t-1}} \right) - \left(\frac{P_{t-1}}{P_{t-1}} \right) = \left(\frac{1}{P_{t-1}} \right) - \left(\frac{P_t}{P_{t-1}} \right)$$

$$\Delta F - \left(\frac{1}{P_{t-1}} \right) - \left(\frac{P_{t-1}}{P_{t-1}} \right) = \left(\frac{1}{P_{t-1}} \right) - \left(\frac{P_t}{P_{t-1}} \right)$$

$$1 - \Delta F = \left(\frac{P_t}{P_{t-1}} \right).$$

Esta ecuación muestra que el **índice de panmixia se reduce una cantidad constante cada generación**. Pero podemos ver la generación presente con la de hace dos generaciones atrás:

$$(1 - \Delta F)^2 = \left(\frac{P_t}{P_2} \right), \text{ o bien hasta la población base:}$$

$(1 - \Delta F)^t = \left(\frac{P_t}{P_0} \right)$, donde P_0 es el **índice de panmixia de la población base**, que es igual a **cero**. Por tanto, el coeficiente de endogamia, referido a cualquier generación es:

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

Varianza muestral

Veamos ahora el resultado del proceso dispersivo desde el **punto de vista de la varianza muestral**, aplicando la tasa de endogamia y el coeficiente de endogamia como medidas del proceso (nos referimos a la población idealizada).

Varianza en la frecuencia de los genes:

Recordemos que la varianza muestral en **la generación 1** era igual a

$$\sigma_{\Delta q}^2 = \frac{p_0 q_0}{2N},$$

por tanto podemos expresarla en términos de **cambio en la endogamia**:

$$\sigma_{\Delta q}^2 = p_0 q_0 \Delta F$$

Podemos reescribir la ecuación para cualquier generación:

$$\sigma_{\Delta q}^2 = p_0 q_0 F_t$$

Si reemplazamos F_t por su valor en términos de endogamia, encontraremos que la expresión es equivalente a la varianza en las frecuencias alélicas después de t generaciones (obtenidas para poblaciones pequeñas con $2N$ alelos):

$$\sigma_{\Delta q}^2 = p_0 q_0 [1 - (1 - \Delta F)^t]$$

$$\sigma_{\Delta q}^2 = p_0 q_0 \left[1 - \left(1 - \frac{1}{2N} \right)' \right].$$

$$\sigma_{\Delta q}^2 = p_0 q_0 F$$

Veamos las frecuencias genotípicas de la población como un todo. Ya vimos su expresión en términos de las **varianzas en las frecuencias alélicas**, veamos ahora en términos de la endogamia.

Por ejemplo, la frecuencia de q en la población idealizada será:

$$\overline{(q^2)} = q_0^2 + \sigma_q^2 = q_0^2 + p_0 q_0 F$$

Nótese el origen de los homocigotos, idénticos y no idénticos.

GENOTIPO		FRECUENCIA		FRECUENCIAS ORIGINALES	CAMBIO POR ENDOGAMIA	ORIGEN	
$A_1 A_1$	=	$p_0^2 + \sigma_q^2$		p_0^2	$+p_0 q_0 F$	$p_0^2 (1 - F)$	$p_0 F$
$A_1 A_2$	=	$2p_0 q - 2\sigma_q^2$		$2p_0 q_0$	$-2p_0 q_0 F$	$2p_0 q_0 (1 - F)$	
$A_2 A_2$	=	$q_0^2 + \sigma_q^2$		q_0^2	$+p_0 q_0 F$	$q_0^2 (1 - F)$	$q_0 F$

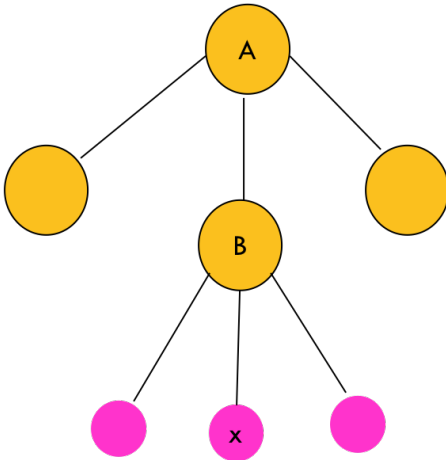
Los heterocigotos pueden expresarse en términos del **índice de panmixia (P_t)**:

si H_0 es la frecuencia de heterocigotos en la **población base** ($H_0 = 2p_0 q_0$)

y H_t la frecuencia en la **población subdividida**, $H_t = 2p_0 q_0 (1 - F) = H_0 (1 - F)$, entonces

$$P_t = 1 - F_t = \frac{H_t}{H_0}$$

Uno podría relacionar el **coeficiente de endogamia de un grupo de individuos** con relación a la **población base**, no sólo en pedigrís o en la población local, no importa lo remoto que pueda ser en la ancestría. Por ejemplo, un individuo producido por la cruce de dos hermanos **tiene 25% de endogamia** con respecto a sus padres; sus progenitores, a la vez podrían tener endogamia con relación a un ancestro más remoto. Por lo tanto, es pertinente preguntarse **sobre el coeficiente de endogamia de un individuo, respecto de la población base**. La pregunta implica una **población estructurada** con una subdivisión jerárquica en líneas y sublíneas (**X** individuo, **B** subpoblación, **A** población base).



La solución deriva de conocer la frecuencia relativa de heterocigotos, que serían H_X , H_B y H_A , respectivamente. De la ecuación del **índice de panmixia** recién obtenida, podemos relacionar las heterocigosis de la siguiente manera:

$$H_X / H_A = (H_X / H_B)(H_B / H_A).$$

Por tanto,

$$P_{XA} = P_{XB}P_{BA}$$

ó

$$(1 - F_{XA}) = (1 - F_{XB})(1 - F_{BA})$$

donde $P_{XA} = 1 - F_{XA}$,

siendo F_{XA} la endogamia de X referida a A . Esto se puede extender para un número mayor de niveles en la jerarquía. Se conocen como **estadísticos de Wright** empleados para describir las poblaciones estructuradas.

En la terminología de Wright, F_{IS} describe la endogamia del individuo, con respecto a su propia subpoblación, y es equivalente a

$$P_{XA} = 1 - F_{XB}$$

F_{ST} es la endogamia promedio de la sub-población o línea con respecto a la población total y es equivalente a

$$1 - P_{BA} = F_{BA}.$$

Y F_{IT} es la endogamia individual relativa a la población total. De manera que:

$$(1 - F_{IT}) = (1 - F_{IS})(1 - F_{ST})$$

Los estadísticos se estiman de la siguiente manera:

$$F_{IT} = \frac{H_T - H_I}{H_T} = 1 - \frac{H_I}{H_T}$$

$$F_{IS} = \frac{H_S - H_I}{H_S} = 1 - \frac{H_I}{H_S}$$

$$F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$$

\bar{H}_0 = heterocigocis individual promedio (i.e., observada)

$$H_S = 2\bar{pq}$$

$$H_T = 2\bar{pq}$$

Ejercicio: Calcule los estadísticos F con la base de datos proporcionada.