



RELACION ENTRE ESTIMADORES DE CONSANGUINIDAD OBTENIDOS A PARTIR DE INFORMACIÓN GENÓMICA Y DE PEDIGRÍ EN *Litopenaeus vannamei*

Karen E. Paez-Serralde¹, Thania Medrano-Mendoza¹, Psique V Rivero-Martinez², Alejandra Caballero-Zamora¹, Juan C. Quintana-Caseres^{2,3}, Gabriel R. Campos-Montes^{1*}

¹Universidad Autónoma Metropolitana - Xochimilco, ²Genética MarSel, ³Maricultura del Pacífico
gcampos@correo.xoc.uam.mx

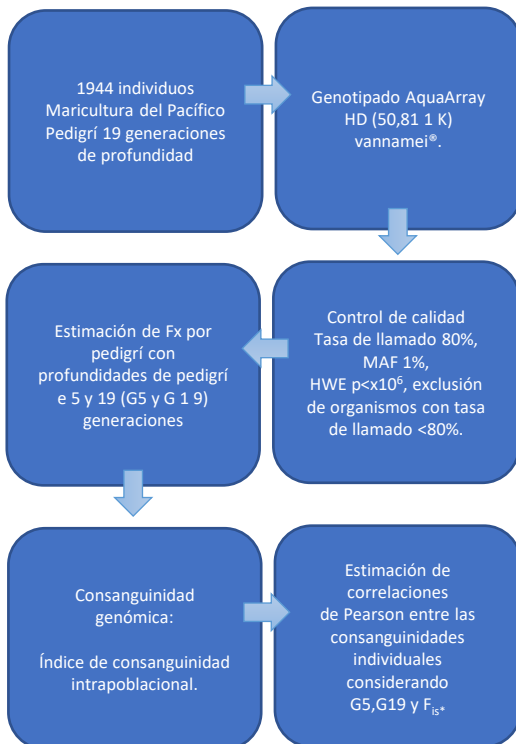
INTRODUCCIÓN

La consanguinidad (Fx) influye sobre características relacionadas con la reproducción y el crecimiento, por lo que es importante evaluarla constantemente. Generalmente, se calcula a partir de registros genealógicos, pero es susceptible a errores de registro y no considera parentescos desconocidos. El uso de Polimorfismos de Nucleótido Simple (SNPs), permite estimar la desviación de la homocigosidad de cada individuo con respecto a la media poblacional, lo cual es una forma de medir la Fx; sin embargo, su implementación es más costosa que la metodología tradicional.

OBJETIVO

Evaluar la relación entre consanguinidad obtenidos a genómica y de pedigrí en una población de *Litopenaeus vannamei*.

METODOLOGÍA



RESULTADOS Y CONCLUSIÓN

Cuadro 1. Correlaciones de Pearson para índices de consanguinidad con genealogías con profundidad de 5 y 19 generaciones e índice de consanguinidad (FIS).

	G5	G19	FIS
G5	1	0.9865	0.3461
G19		1	0.3513
FIS			1

G5 y G19: corresponden a información de pedigrí de 5 y 19 generaciones de profundidad, FIS: el índice de consanguinidad.

La Fx promedio (D.E.) para G5 y G19 fueron de 1.49 (1.7) y 2.25 (1.8) y la correlación entre ellas fue cercana a 1, lo que indicaría que la profundidad del pedigrí no afecta de manera importante la estimación de Fx con el método tradicional, mientras que las correlaciones de G5 y G19 con FIS fueron relativamente bajas. Lo anterior, podría estar relacionado a que la información de pedigrí considera que los individuos de la primera generación no están relacionados entre sí, ni considera los genes idénticos por ascendencia. Además, la estimación por pedigrí no considera las relaciones de parentesco en el grupo de fundadores o de nuevas inclusiones, además de posibles fallas en el registro de información, pero los costos de genotipado dificultan el uso generalizado de la FIS para el control de Fx.

