

INFLUENCIA DE LA TOLERANCIA DEL ALGORITMO EM EN LA ESTIMA DE FRACCIONES DE RECOMBINACIÓN ENTRE MARCADORES GENÉTICOS

M. Alacreu¹, A. M. Mayoral², J. Morales², E. A. Carbonell¹ y M. J. Asíns¹

¹Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias.

²Centro de Investigación Operativa, Unidad de Aplicaciones Estadísticas,
Universidad Miguel Hernández.

En la mejora genética asistida por marcadores se necesita elaborar un mapa genético, identificando los grupos de ligamiento y definiendo la ordenación genética más probable. Esta ordenación viene influida por las distancias entre los marcadores y está relacionada con la proporción de descendientes genótipicamente diferentes a los padres o fracción de recombinación.

La primera etapa en la elaboración de un mapa genético es la correcta estimación de las fracciones de recombinación entre marcadores. Para ello, se evaluó mediante simulación la influencia de la tolerancia en el algoritmo EM sobre estas estimas. Se emplearon marcadores en los que al menos uno de ellos era dominante ya que, por su falta de información, producen estimas poco fiables.

Las simulaciones se efectuaron para marcadores que distaban 1, 2, 5 y 10 centiMorgans y las tolerancias ensayadas fueron 10^{-3} , 10^{-4} , 10^{-5} y 10^{-6} . En general, las estimas fueron poco sensibles a variaciones en la tolerancia empleada así como a la distancia entre marcadores por lo que 10^{-3} es suficiente. Sin embargo, para marcadores próximos dominantes en repulsión, la tolerancia óptima se sitúa en 10^{-5} . Con tolerancias menores que 10^{-5} las estimas tendieron a cero por lo que los resultados eran sesgados.