

TÉCNICAS BAYESIANAS EN LA CONSTRUCCIÓN DE MAPAS 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, UMH

En mejora genética asistida por marcadores es necesario disponer de mapas genéticos correctos ya que de ellos depende los resultados de estudios como el análisis de QTL. Generalmente, las técnicas más frecuentes para la ordenación genética se basan en las estimas de las fracciones de recombinación entre marcadores, empleando métodos estadísticos clásicos como el método de la máxima verosimilitud, el algoritmo EM, etc. Sin embargo, los métodos bayesianos pueden aportar ventajas adicionales como la asignación de probabilidades a cada mapa genético.

El objetivo de este trabajo es ensayar técnicas bayesianas que permitan obtener el mapa genético más probable para poblaciones derivadas de un cruce entre líneas consanguíneas, empleando marcadores dominantes y codominantes. En el caso de mapas densos y marcadores contiguos dominantes en fase de repulsión se requieren modelos más elaborados. Utilizaremos una estrategia multipunto para estimar el mapa completo en vez de ubicar un marcador en cada paso. Introduciremos la información de los grupos de ligamiento para mejorar las inferencias. Estas estrategias las desarrollaremos bajo algoritmos MCMC para simular eficientemente de las distribuciones posteriores implicadas.