

LA ENDOGAMIA.

MODELO SIMPLE DE POBLACIÓN SUBDIVIDIDA



Sewall Wright



James F. Crow



Motoo Kimura

- [LA POBLACIÓN IDEAL DE WRIGHT](#)
- [DERIVA GENÉTICA](#)
 - [Varianza de la frecuencia génica](#)
 - [Proceso de fijación](#)
 - [Frecuencias genotípicas](#)
- [CONSANGUINIDAD](#)
 - [Relación entre F \(coeficiente de consanguinidad\) y N \(Censo de población\)](#)
 - [Cálculo de F en poblaciones de genealogía conocida](#)
 - [Método de Wright o de los coeficientes de sendero.](#)
 - [Método de Malecot o de los coeficientes de parentesco.](#)
- [EJEMPLOS](#)

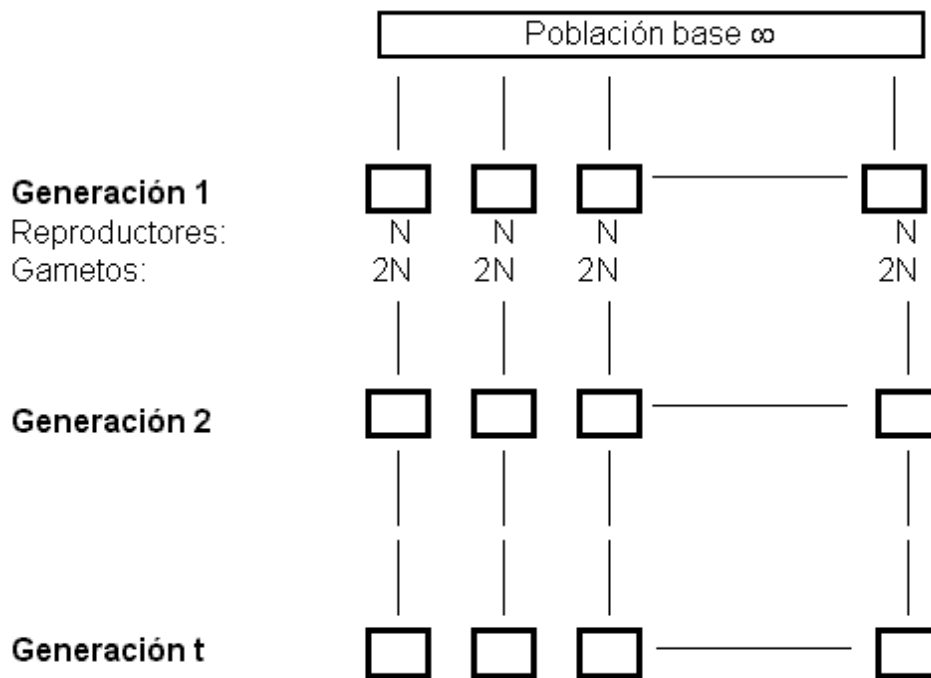
LA POBLACIÓN IDEAL DE WRIGHT

Consideremos una población infinita, panmíctica, que llamaremos población base, que se subdivide en infinitas líneas de tamaño N ; la subdivisión será por cualquier tipo de razón: geográfica, ecológica, etológica, etc.

Supongamos que:

1. No hay migración entre líneas.
2. No hay selección, en ningún momento.

3. La incidencia de la mutación es despreciable.
4. Dentro de cada línea hay panmixia, incluida autofecundación.
5. No hay solapamiento de generaciones.
6. El número de reproductores por línea y generación es constante.
7. El número de hijos por familia o individuo es Poisson.



El análisis de las transformaciones que sufre la población subdividida se puede hacer en términos de muchas líneas y un locus o de una sola línea y muchos loci independientes de las mismas características.

En una población infinita las frecuencias génicas son constantes y el efecto del muestreo al azar de gametos es despreciable.

En poblaciones finitas, el muestreo al azar de gametos es importante y las frecuencias génicas y genotípicas cambian en magnitud mensurable, aunque con dirección impredecible.

El primer modelo matemático para analizar esta situación fue el propuesto por Wright en 1931.

Efectos del muestreo:

1. Diferenciación entre subpoblaciones. Si el área que ocupa una población es amplio se formarán grupos locales con migración escasa o nula y estos tenderán a diferenciarse. La magnitud de este fenómeno dependerá, en gran medida de la capacidad de dispersión de los individuos.
2. Reducción de la variación genética. La diferenciación entre subpoblaciones provoca una disminución de la variabilidad genética presente en cada subpoblación que, en el límite, conducirá a la fijación de todos los genes. Los individuos de una subpoblación se hacen más y más

parecidos entre sí.

3. Aumento de la homocigosis. A medida que se va completando el proceso de fijación.

Los procesos anteriores se pueden considerar de 2 maneras:

- Como un muestreo repetido de gametos, uno por generación. La descripción se realiza en términos de la varianza debida al muestreo.
- En términos de la consanguinidad que se produce. Descripción según los cambios genotípicos en la descendencia de individuos emparentados, en relación a una población panmíctica de gran tamaño.

La primera forma describe más sencillamente el funcionamiento del proceso y, la segunda, sus consecuencias.



DERIVA GENÉTICA

Diferenciación entre subpoblaciones: Varianza de la frecuencia génica

En poblaciones endógamas, en cada generación, se produce un muestreo de gametos que provoca un proceso llamado deriva genética que consiste en la fluctuación errática de las frecuencias génicas y la diferenciación entre líneas. La dirección del cambio en las frecuencias génicas es impredecible pero su magnitud depende de la varianza del cambio.

Supongamos una población infinita en la que las frecuencias génicas en un locus bialélico son p_0 y q_0

Al subdividirse en líneas de tamaño N , las frecuencias génicas medias serán p_0 y q_0

Si en la línea existen N reproductores, procedentes por muestreo aleatorio de una población panmíctica, infinita, en equilibrio de Hardy Weinberg, éstos serán equivalentes a una muestra al azar de $2N$ alelos, tomada de tal forma que:

- para cada alelo sólo existen dos tipos posibles: A_1 y A_2
- cada variante alélica se presenta con una probabilidad constante: p_0 para A_1 y q_0 para A_2
- los alelos, son independientes, sean o no del mismo genotipo.

En estas condiciones, la variable X = Número de alelos de un cierto tipo (digamos A_2) entre los $2N$ será una binomial con $2N$ pruebas y probabilidad del éxito = q_0 . Por tanto, en una línea i , la frecuencia q_i del alelo A_2 será x_i (número de alelos A_2) dividido por $2N$.

$$x_i \sim B(2N, q_0) \Rightarrow q = \frac{x_i}{2N} \sim \frac{B(2N, q_0)}{2N}$$

$$\left. \begin{array}{l} \bar{X} = 2N q_0 \\ \sigma^2(x_i) = 2N q_0 (1 - q_0) \end{array} \right\} \Rightarrow \left\{ \begin{array}{l} \bar{q} = \frac{\bar{X}}{2N} = q_0 \\ \sigma^2(q_i) = \frac{\sigma^2(x)}{(2N)^2} = \frac{q_0 (1 - q_0)}{2N} \end{array} \right.$$

Por tanto, después de la primera subdivisión, la frecuencia génica global no cambia pero aparece una varianza que no existía en la población base.

En la siguiente generación se produce otro muestreo, a partir de frecuencias diferentes; la distribución de q_i deja de ser binomial, la media se mantiene y la varianza aumenta. Al cabo de t generaciones:

$$\bar{q}_t = E[q_i] = q_0$$

$$\sigma^2(q)_t = p_0 q_0 \left[1 - \left(1 - \frac{1}{2N} \right)^t \right] \quad (\text{Crow 1955})$$

 Inicio

Reducción de la variabilidad genética: Proceso de fijación

El límite del cambio, para cada línea, es la situación en la que $q_i = 0$ (alelo A_2 perdido) ó $q_i = 1$ (alelo A_2 fijado).

La velocidad del proceso se expresa como la tasa de fijación o el porcentaje de líneas fijadas, al cabo de t generaciones.

El proceso dispersivo produce, primero una distribución de frecuencias génicas, binomial, luego una suma de binomiales (que no es una binomial) y esta tiende a una distribución uniforme (rectangular) si se hace omisión de los valores 0 y 1.

A partir del momento en que se alcanza la distribución rectangular la tasa de fijación por generación es constante y se fijan un $1/2N$ % de las líneas en cada generación (Kimura 1953).

En la generación t tendremos:

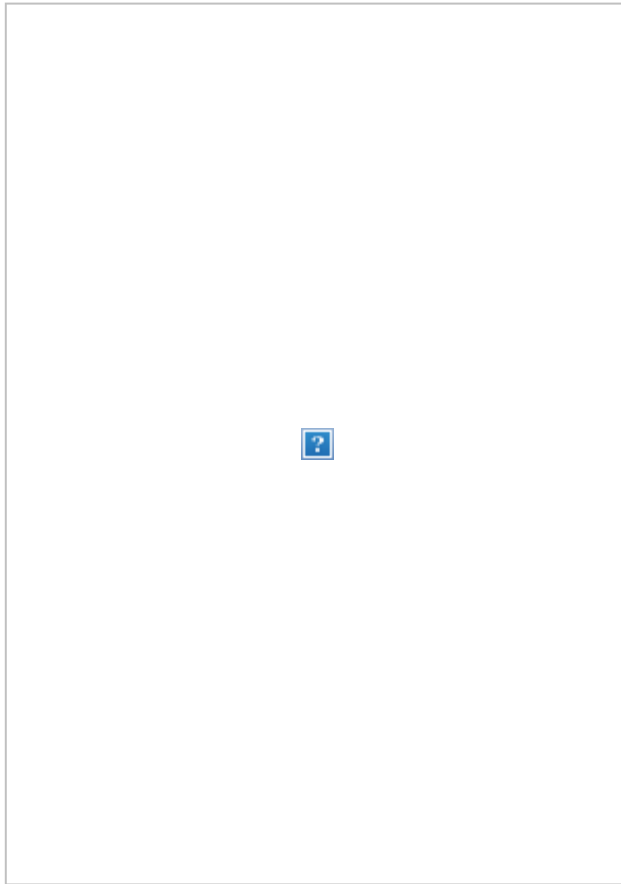
Tipo de líneas	Frecuencia
Fijadas para A_2	$q_0 - 3p_0 q_0 \left(1 - \frac{1}{2N} \right)^t$
Fijadas para A_1	$p_0 - 3p_0 q_0 \left(1 - \frac{1}{2N} \right)^t$
Segregando	$6p_0 q_0 \left(1 - \frac{1}{2N} \right)^t$

El número de generaciones necesario para alcanzar la distribución rectangular depende de la

frecuencia génica inicial y del tamaño de la población:

$$q = 0.5 \Rightarrow t \cong 2N$$

$$q = 0.1 \Rightarrow t \cong 4N$$



El gráfico de la izquierda muestra la evolución de la distribución de frecuencias génicas en 107 líneas de *Drosophila* sometidas a endogamia durante 19 generaciones. Las frecuencias alélicas de partida eran $p = q = 1/2$



Frecuencias genotípicas: Aumento de la homocigosis

Dentro de cada línea, los individuos se reproducen en panmixia, es decir, si el censo es razonablemente alto, las frecuencias genotípicas estarán en equilibrio de Hardy-Weinberg (salvo alguna pequeña desviación por las posibles diferencias en frecuencias alélicas entre machos y hembras)

En el conjunto de las líneas, la frecuencia promedio de homocigotos es mayor que el cuadrado de la frecuencia alélica media debido a la existencia de una varianza de la frecuencia alélica.

$$\sigma_q^2 = \overline{q_i^2} - \overline{q_i}^2 \Rightarrow \overline{q_i^2} = \overline{q_i}^2 + \sigma_q^2 = q_0^2 + \sigma_q^2$$

y, análogamente:

$$\overline{p_i^2} = p_0^2 + \sigma_p^2$$

luego,



Genotipo	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂
Frecuencia	p ₀ ² + σ _q ²	2p ₀ q ₀ - 2σ _q ²	q ₀ ² + σ _q ²

En la generación 0 el valor de la varianza de la frecuencia génica será:

$$\sigma_{q_0}^2 = p_0 q_0 \left[1 - \left(1 - \frac{1}{2N} \right)^0 \right] = p_0 q_0 (1 - 1) = 0$$

y la población está en equilibrio.

Al final del proceso de endogamia, después de infinitas generaciones,

$$\sigma_{q_\infty}^2 = p_0 q_0 \left[1 - \left(1 - \frac{1}{2N} \right)^\infty \right] = p_0 q_0 (1 - 0) = p_0 q_0$$

es decir, las líneas se fijan para uno u otro alelo en una proporción igual a la frecuencia alélica original.

Genotipo	A ₁ A ₁	A ₁ A ₂	A ₂ A ₂
Frecuencia inicial	p ₀ ²	2p ₀ q ₀	q ₀ ²
Frecuencia final	p ₀	0	q ₀



CONSANGUINIDAD

La consanguinidad procede del apareamiento y reproducción de individuos emparentados.

El grado esperado de parentesco entre los individuos de la población depende del tamaño de ésta, debido a que, cuanto menor sea este tamaño, menor será el máximo número posible de antepasados independientes. En organismos con sexos separados un individuo tiene 2 padres, 4 abuelos, 8 bisabuelos, en general, 2^t antepasados hace t generaciones. Es decir, todos estamos emparentados en mayor o menor grado dependiendo del tamaño de nuestra población.

Dos individuos emparentados pueden llevar copias exactas de uno de los genes de un antepasado común y, si aparean, pueden pasar ambos genes a alguno de sus hijos que sería homocigoto para genes idénticos por descendencia.

Los genes idénticos (indistinguibles) se pueden clasificar como:

Idénticos en función (estado), es decir, genes de secuencia diferente que producen el mismo fenotipo.

Idénticos por descendencia, es decir, copias idénticas de un mismo gen ancestral.

La identidad por descendencia es la base de la medida del proceso dispersivo a través del parentesco entre los individuos que aparean.

La consanguinidad acumulada en una población se mide a través de un parámetro, el Coeficiente de consanguinidad (F) que es la probabilidad de que 2 genes, en un locus de un individuo

de la población, sean idénticos por descendencia. Este coeficiente se puede utilizar como una medida del parentesco de los padres. Si los padres aparean al azar (panmixia), el coeficiente de consanguinidad es la probabilidad de que dos gametos de la generación parental lleven genes idénticos por descendencia. F fue definido por Wright como la correlación entre parejas de gametos; ambas definiciones no son exactamente idénticas, aunque los valores coinciden, en poblaciones naturales.

F refiere a una población base explícita o implícita pues, si no se especifica, todos los genes en un locus serían copias de un gen ancestral suficientemente remoto.

En la población base, $F = 0$. En generaciones posteriores, F expresa el cambio ocasionado por el proceso de endogamia.



Relación entre F (Coeficiente de consanguinidad) y N (Censo de población)

En una población formada por N individuos, en la generación 0, existen $2N$ alelos independientes por descendencia.

Un gameto A_i se unirá a otro idéntico con probabilidad $1/2N$ (si existen fertilización cruzada y autofecundación). Por tanto,

$$F_1 = \frac{1}{2N} \Rightarrow \begin{cases} \text{Homocigotos por descendencia} = \frac{1}{2N} \\ \text{Heterocigotos por descendencia} = 1 - \frac{1}{2N} \end{cases}$$

En la generación 2, los homocigotos por descendencia pueden proceder de dos orígenes distintos:

1. Producidos por replicación de un alelo de la generación 1 (Probabilidad = $1/2N$)
2. Producidos por replicación de un alelo de la generación 0, es decir, genes idénticos que en la generación 1 fueron a individuos distintos y, por tanto, no influyeron en el cálculo anterior (Probabilidad = $(1 - 1/2N) F_1$)

Así, F_2 se calculará como:

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

En general,

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

- $1/2N$ = Endogamia nueva, atribuible a muestreo y censo finito en

la generación t

- $(1 - 1/2N) F_t =$ Endogamia vieja, atribuible a muestreo y censo finito en la generación anterior (t - 1)

La endogamia nueva se puede reducir al aumentar N pero no la vieja que permanece acumulada en la población.

$$\text{Si } N = \infty \Rightarrow \frac{1}{2N} = 0 \Rightarrow \left\{ \begin{array}{l} \text{Endogamia nueva} = 0 \\ \text{Endogamia vieja} = (1-0)F_{t-1} = F_{t-1} \end{array} \right\} \Rightarrow F_t = F_{t-1}$$

F_t es un parámetro no decreciente:

A la endogamia nueva también se le llama incremento en consanguinidad

$$\Delta F = \frac{1}{2N}$$

$$\begin{aligned} F_t &= \Delta F + (1 - \Delta F)F_{t-1} = \Delta F + F_{t-1} - \Delta F \cdot F_{t-1} \Rightarrow \Delta F(1 - F_{t-1}) = F_t - F_{t-1} \Rightarrow \\ &\Rightarrow \Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}} \end{aligned}$$

Es un incremento proporcional porque se calcula como el incremento en el coeficiente de consanguinidad, en una generación, en relación a lo que faltaba para que se complete el proceso de consanguinidad y se llegue a $F = 1$.

Esta ecuación es general y sirve para cualquier población, ideal o no.

Otra medida del proceso de endogamia es el Índice de Panmixia, P_t , que es la probabilidad de que dos alelos en un locus no sean idénticos por descendencia: $P_t = 1 - F_t$.

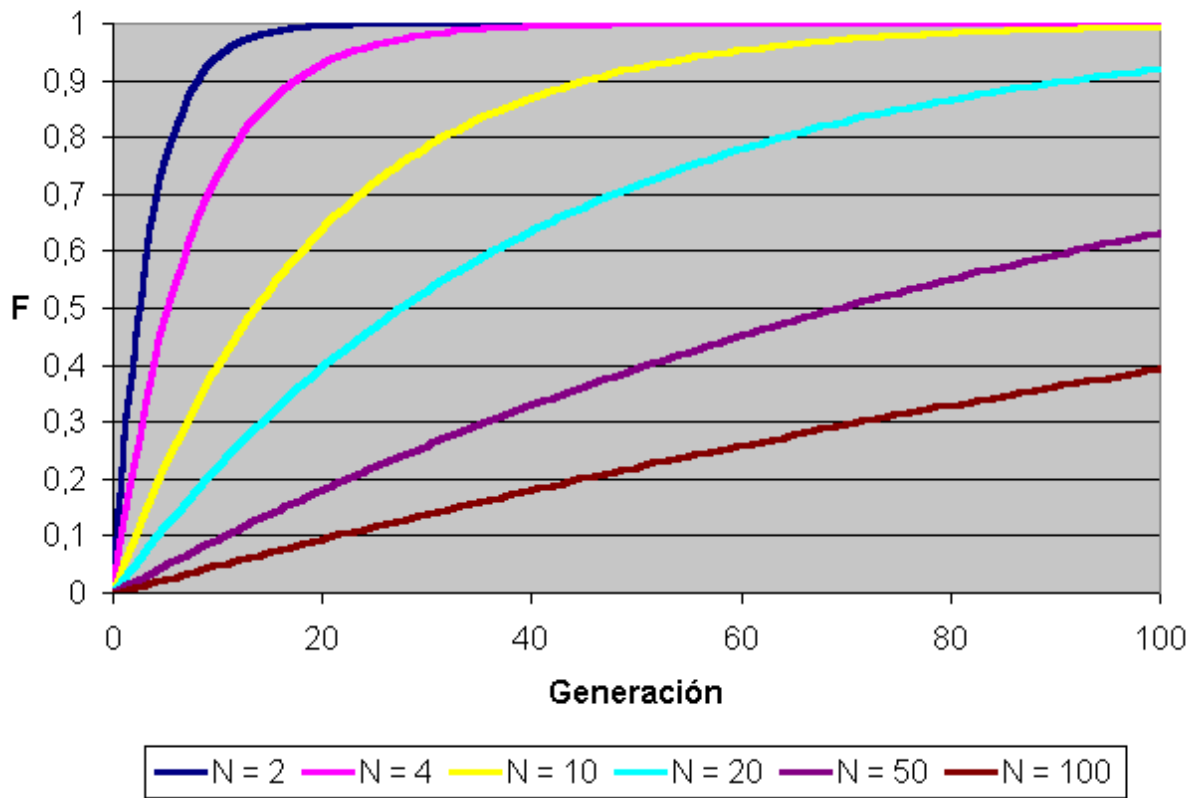
El índice de panmixia mide la heterocigosidad esperada en la población

Sustituyendo en la ecuación anterior se puede deducir fácilmente que:

$$F_t = 1 - (1 - \Delta F)^t = 1 - \left(1 - \frac{1}{2N}\right)^t$$

que ya es una ecuación de recurrencia en la que F sólo depende de N (en la población ideal)

En la siguiente gráfica se muestra la evolución de los valores del coeficiente de consanguinidad, a lo largo de 100 generaciones de consanguinidad para diversos valores del censo de población ($N = 2, 4, \dots, 100$)



Aplicamos estas ecuaciones a las expresiones citadas en el apartado de deriva genética.

1. Varianza de la frecuencia génica.

$$\sigma_q^2 = p_0 q_0 \left[1 - \left(1 - \frac{1}{2N} \right)^t \right] = p_0 q_0 F_t$$

2. Frecuencia genotípicas.

Genotipo	Frecuencia	Frec. original	Cambio por consanguinidad
A_1A_1	$p_0^2 + p_0 q_0 F_t$	p_0^2	$p_0 q_0 F_t$
A_1A_2	$2p_0 q_0 - 2p_0 q_0 F_t$	$2p_0 q_0$	$-2p_0 q_0 F_t$
A_2A_2	$q_0^2 + p_0 q_0 F_t$	q_0^2	$p_0 q_0 F_t$

Genotipo	Origen independiente	Idénticos por descendencia
A_1A_1	$p_0^2 (1 - F_t)$	$p_0 F_t$
A_1A_2	$2p_0 q_0 (1 - F_t)$	
A_2A_2	$q_0^2 (1 - F_t)$	$q_0 F_t$

Si $F = 1$, todos los homocigotos son idénticos por descendencia y el p_0 por 1 de las líneas se fijan para A_1 y el q_0 por uno para A_2 . Por otra parte, como:

$$H_t = 2p_0 q_0 (1 - F_t) = H_0 (1 - F_t) \Rightarrow \frac{H_t}{H_0} = 1 - F_t = P_t$$

el coeficiente de endogamia y o el índice de panmixia se pueden calcular sin necesidad de conocer t o N , sabiendo cuales son la segregación genotípica y las frecuencias génicas.

3. Fijación.

Ocurre a un ritmo de $1/2N$ por generación en la fase rectangular. En esta fase, en la generación t , el porcentaje de líneas heterocigotas será:

$$2p_0q_0(1-F_t)$$



Cálculo de F en poblaciones de genealogía conocida

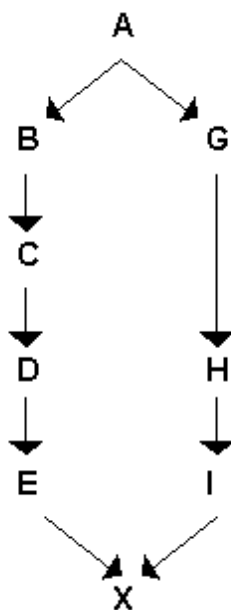
Cuando se conocen las genealogías se puede calcular el valor del coeficiente de consanguinidad con mucha mayor precisión, aunque el que valor que obtengamos no será, necesariamente, una descripción del proceso dispersivo.

Existen dos métodos básicos para el cálculo de F.

Método de Wright o de los coeficientes de sendero.

Por definición, F = probabilidad de ser homocigoto por descendencia, por tanto, para calcular su valor lo único necesario es conocer la genealogía completa hasta el antepasado o los antepasados comunes a los dos padres del cual proceden los genes a los que se refiere la definición. Una vez conocida, sólo es cuestión de computar las probabilidades de transferencia por generación.

Vamos a considerar una genealogía concreta



Queremos calcular el coeficiente de consanguinidad de X (F_X). El antepasado común a los padres (E e I) es A.

Para que ocurra que E e I lleven copias de un mismo gen de A, previamente, ha tenido que ocurrir que B y G, hijos de A, las reciban.

Empecemos calculando la probabilidad de que B y G lleven copias idénticas de un mismo gen de A, o sea, la probabilidad de que dos alelos tomados de A sean idénticos.

Si el locus considerado está de homocigosis por descendencia (debido a endogamia previa), la probabilidad de que B y G lleven dos genes idénticos procedentes de A será 1. Este suceso ocurre con probabilidad F_A (el coeficiente de consanguinidad de A).

Si el locus correspondiente está en heterocigosis por descendencia (lo cual ocurre con

probabilidad $1 - F_A$), la probabilidad de que B y G lleven genes idénticos será $\frac{1}{2}$. [Si el padre es Aa existen cuatro combinaciones posibles AA, Aa, aA, aa, dos de genes idénticos y dos de genes distintos].

La probabilidad total de que B y E lleven genes idénticos será:

$$\text{Probabilidad (B y G lleven copias de un mismo gen de A)} = 1 \cdot F_A + \frac{1}{2}(1 - F_A) = \frac{1}{2}(1 + F_A)$$

A partir de este punto, la probabilidad de que el gen se transmita en cada generación al antepasado siguiente será $\frac{1}{2}$.

Por una rama de la genealogía:

$$\left. \begin{array}{l} \text{Paso } B \rightarrow C \text{ Probabilidad} = \frac{1}{2} \\ \text{Paso } C \rightarrow D \text{ Probabilidad} = \frac{1}{2} \\ \text{Paso } D \rightarrow E \text{ Probabilidad} = \frac{1}{2} \\ \text{Paso } E \rightarrow X \text{ Probabilidad} = \frac{1}{2} \end{array} \right\} \Rightarrow \text{Paso } B \rightarrow X \text{ Probabilidad} = \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} = \left(\frac{1}{2}\right)^4$$

Por la otra rama:

$$\left. \begin{array}{l} \text{Paso } G \rightarrow H \text{ Probabilidad} = \frac{1}{2} \\ \text{Paso } H \rightarrow I \text{ Probabilidad} = \frac{1}{2} \\ \text{Paso } I \rightarrow X \text{ Probabilidad} = \frac{1}{2} \end{array} \right\} \Rightarrow \text{Paso } G \rightarrow X \text{ Probabilidad} = \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} = \left(\frac{1}{2}\right)^3$$

Por tanto F_X será el producto de tres factores

- I. Probabilidad (recibir un alelo de E)
- II. Probabilidad (recibir el otro alelo de I)
- III. Probabilidad (lo anterior sea posible si B y E posean genes idénticos)

$$F_X = \left(\frac{1}{2}\right)^4 \left(\frac{1}{2}\right)^3 \frac{1}{2}(1 + F_A) = \left(\frac{1}{2}\right)^{4+3+1} (1 + F_A)$$

4 y 3 son los números de generaciones que transcurren entre los descendientes directos del antepasado común y el individuo en estudio (o entre los padres de éste y el antepasado común). En general, estos números serán n_1 y n_2 y la expresión anterior será:

$$F_x = \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1} \left(\frac{1}{2}\right)^{n_2} \frac{1}{2} (1+F_A) = \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2+1} (1+F_A)$$

En genealogías más complicadas, con más de un antepasado común o más de una vía de acceder a alguno de ellos, F_x será la suma de las aportaciones de cada vía de ascendencia.

$$F_x = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2+1} (1+F_{A.C.})$$

donde A. C. es el antepasado común, en cada caso.

En general, la consanguinidad de un individuo es la suma de todas las probabilidades de homocigosis por descendencia, calculadas a través de todas las vías de descendencia que van de uno a otro de sus padres.

En la búsqueda de vías tenemos que considerar dos reglas básicas:

- Una vía que empieza en uno de los padres y acaba en el otro sólo puede cambiar de sentido en el tiempo una vez, cuando se llega al antepasado común. Cambios adicionales implicarían transferencias de genes de hijos a padres, lo cual, salvo complicaciones tipo trasposones, no es posible.
- No se puede pasar dos veces por el mismo individuo en una misma vía porque ello implicaría que éste es antepasado común de ambos padres y, por tanto, habrá una vía de ascendencia que lo incluirá como antepasado común en la que ya se considera la posibilidad de que sea consanguíneo como consecuencia de complicaciones pasadas en la genealogía (para esto se incluye la consanguinidad del antepasado común)

Observaciones finales:

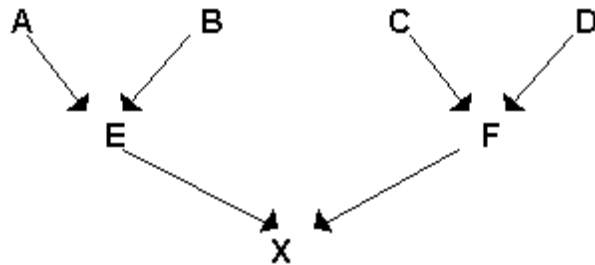
- F_x necesita una población de referencia con $F = 0$ que, salvo indicación en contra, será la primera de la genealogía.
- A medida de n_1 y n_2 aumentan, la contribución de una vía va siendo progresivamente menor, por ello Wright y Mc Phee demostraron que, para casi todos los propósitos, basta con una muestra de los posibles antepasados.
- El riesgo más grave de este método es la posibilidad de olvidar alguna vía e infraestimar el coeficiente de consanguinidad.

Método de Malecot o de los coeficientes de parentesco.

El método de Malecot se basa en un nuevo parámetro, el **coeficiente de parentesco** que se define como la probabilidad de que dos gametos, tomados cada uno de un individuo sean idénticos por descendencia. Si estos individuos aparean su coeficiente de parentesco será el coeficiente de consanguinidad de sus hijos.

Este es el método más común de calcular por ser más sencillo y porque se orienta hacia el futuro y no hacia el pasado.

En un caso genérico:



El coeficiente de consanguinidad de X es el coeficiente de parentesco de sus padres, E y F, que, a su vez, es la probabilidad de que estos hayan recibido genes idénticos de sus padres (los abuelos de X).

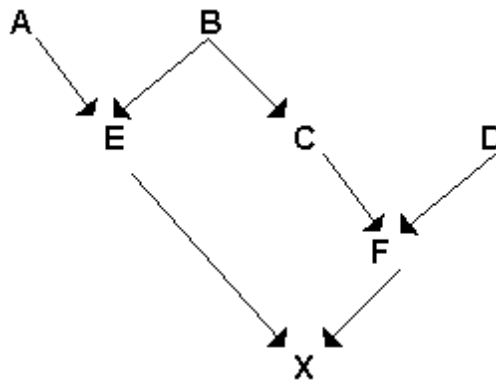
Si E y F tienen alelos idénticos pueden haberlos recibido por cuatro vías:

$$\left\{ \begin{array}{l} \text{El gen de E procede de A y el de F procede de C} \Rightarrow \text{Probabilidad} = f_{AC} \\ \text{El gen de E procede de A y el de F procede de D} \Rightarrow \text{Probabilidad} = f_{AD} \\ \text{El gen de E procede de B y el de F procede de C} \Rightarrow \text{Probabilidad} = f_{BC} \\ \text{El gen de E procede de B y el de F procede de D} \Rightarrow \text{Probabilidad} = f_{BD} \end{array} \right\} \Rightarrow$$
$$\Rightarrow \text{Probabilidad total} = \frac{1}{4}f_{AC} + \frac{1}{4}f_{AD} + \frac{1}{4}f_{BC} + \frac{1}{4}f_{BD} = \frac{1}{4}[f_{AC} + f_{AD} + f_{BC} + f_{BD}]$$

cuyas probabilidades se suman por tratarse de sucesos mutuamente excluyentes. En definitiva el parentesco de dos individuos de una misma generación es el promedio de los parentescos de sus padres:

$$f_{EF} = \frac{1}{4}[f_{AC} + f_{AD} + f_{BC} + f_{BD}]$$

En el caso de que hubiera solapamiento de generaciones la situación cambia. Por ejemplo:



El coeficiente de parentesco de E y F depende de dos sucesos mutuamente excluyentes:

$$\left\{ \begin{array}{l} \text{El gen de F procede de C} \Rightarrow \text{Probabilidad} = f_{EC} \\ \text{El gen de F procede de D} \Rightarrow \text{Probabilidad} = f_{ED} \end{array} \right\} \Rightarrow$$

$$\Rightarrow \text{Probabilidad total} = \frac{1}{2}f_{EC} + \frac{1}{2}f_{ED} = \frac{1}{2}[f_{EC} + f_{ED}]$$

En definitiva, el parentesco de dos individuos de distinta generación es el promedio de los parentescos del más viejo con los padres del más joven:

$$f_{EF} = \frac{1}{2}[f_{EC} + f_{ED}]$$

Si en el ejemplo propuesto B no fuera padre de C o, en general, si no hay complicaciones en la genealogía, las dos expresiones son equivalentes pero, cuando existen, no se pueden ignorar los efectos de los solapamientos de generaciones.

A menudo, se necesita calcular el parentesco de un individuo consigo mismo. Por definición, el coeficiente de parentesco es la probabilidad de que dos gametos tomados de dos individuos (iguales o diferentes) lleven alelos idénticos por descendencia; esto es lo mismo que la probabilidad de que dos hijos de un mismo individuo reciban de él dos genes idénticos. Por tanto, tal como dedujimos al hablar del método de Wright:

$$f_{AA} = \frac{1}{2}(1 + F_A)$$



EJEMPLOS

