

Estimativa do coeficiente de endocruzamento F em genealogias

Renan Barbosa Lemes

O coeficiente de endocruzamento F pode ser obtido por meio de dois métodos:

O primeiro consiste em uma metodologia clássica segundo a qual são contados os passos genéticos contidos em cada genealogia e cuja descrição é encontrada em livros-texto básicos de genética de populações como o de Beiguelman (2005). O passo genético é a passagem de um gene de uma geração a outra, correspondendo à probabilidade de um dos dois alelos de um loco diplóide ser transmitido ao indivíduo da geração seguinte (taxa de segregação com valor $1/2$).

O segundo método é encontrado também em diversos livros-texto, geralmente com conteúdo mais avançado ou aprofundado, como o de Crow e Kimura (1970). Esse método é bem mais eficiente que o método baseado na contagem de passos genéticos, visto que reduz o número de possíveis erros por meio da listagem dos possíveis caminhos de cada alelo. O método está descrito e exemplificado por meio da Figura 1. A inspeção da figura mostra que a probabilidade do alelo transmitido de **A** para **D** ser o mesmo já transmitido de **A** para **C** é $1/2$.

Analogamente, a probabilidade de que os alelos transmitidos de **C** para **E** e de **D** para **E** também sejam iguais ao alelo transmitido de **A** para **C** ou **D** é $1/2$ para ambos os casos. Ou seja, a probabilidade de que o trajeto CAD (a maneira pela qual um mesmo alelo de **A** é transmitido em dose dupla para **E**) seja percorrido por um mesmo alelo é $(1/2)^3 = 1/8$.

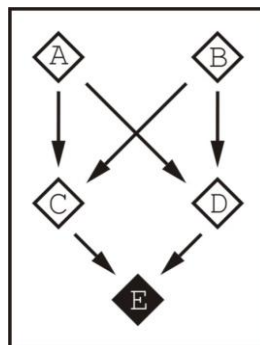


Figura 1: Genealogia representando um casamento entre irmãos com destaque para cada possível caminho de transmissão de um alelo.

O trajeto percorrido (CBD) por um alelo transmitido inicialmente por **B** é semelhante, correspondendo ao mesmo valor de probabilidade $(1/8)$.

Assim, a probabilidade de o indivíduo **E** ser homozigoto por origem comum é composta pela soma das probabilidades das possíveis trajetórias do alelo, ou seja:

$$F_E = P(\underline{CAD}) + P(\underline{CBD}) = (1/2)^3 + (1/2)^3 = (1/2)^2 = 1/4$$

Este método também leva em conta a possibilidade do ascendente comum dos genitores do indivíduo endocruzado também ser endocruzado. A situação é exemplificada pela Figura 2.

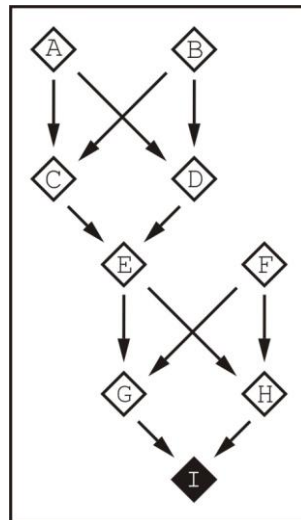


Figura 2: Genealogia representando as possíveis trajetórias de um alelo no caso em que os genitores (**G** e **H**) de um indivíduo endocruzado (**I**) possuem um ascendente também endocruzado (**E**).

Neste caso, os ascendentes comuns dos genitores do indivíduo **I** são os indivíduos **E** e **F**, porém o indivíduo **E** pode ser homozigoto por origem comum (com probabilidade F_E) ou não (com probabilidade $1-F_E$). Na hipótese de ser homozigoto por origem comum, o mesmo alelo é transmitido com certeza a **G** e **H**; na hipótese de não ser homozigoto por origem comum, a probabilidade de um mesmo alelo ser transmitido a **G** e **H** é $1/2$; portanto, dado que **I** é endocruzado, a probabilidade de transmissão $\overline{GEH}$, em vez de reduzir-se a $(1/2)^3$, é

$$\begin{aligned} P(\overline{GEH}) &= [F_E \cdot 1 + (1-F_E) \cdot 1/2] \cdot (1/2)^2 \\ &= (F_E + 1/2 - F_E/2) \cdot (1/2)^2 = (F_E/2 + 1/2) \cdot (1/2)^2 \\ &= (1+F_E) \cdot (1/2)^3 \end{aligned}$$

Nesse caso, portanto, F_I toma o seguinte valor:

$$\begin{aligned} F_I &= P(\overline{GEH}) + P(\overline{GFH}) = (1/2)^3 \cdot (1+F_E) + (1/2)^3 \\ &= (1/2)^3 + (1/2)^3 \cdot (1+F_E) = 1/8 + 1/8 \cdot (1 + 1/4) \\ &= 1/8 + 1/8 \cdot 5/4 = 1/8 + 5/32 \\ &= 9/32 \end{aligned}$$

Referências.

Beiguelman B. **Genética de populações humanas**. Campinas, 2005. Disponível gratuitamente como e-book (formato .pdf) em <http://www.desvirtual.com/bbeiguel/ebook02.htm>.

Crow JF, Kimura M. **An introduction population genetics theory**. Alpha Editions, Madison, 1970.