

Un objetivo fundamental en los programas de conservación es mantener la diversidad genética y la estrategia de gestión más eficiente para lograrlo es aplicar el método de Contribuciones Óptimas. Este método optimiza las contribuciones de los candidatos a reproductores minimizando el parentesco global, lo que conduce a los niveles más altos de diversidad genética, medida como heterocigosis esperada, y a un control efectivo del aumento de consanguinidad. El parámetro fundamental de este método es la matriz de parentesco. Esta matriz se ha obtenido tradicionalmente a partir del pedigrí, pero la disponibilidad actual de genotipos para un gran número de polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) nos permite estimarla con una mayor precisión. Sin embargo, se han propuesto muchas medidas de parentesco genómico y se desconoce qué medida es la más apropiada para minimizar la pérdida de diversidad genética. Por lo tanto, el objetivo general de esta tesis fue investigar la eficiencia de diferentes matrices genómicas de parentesco en la gestión de poblaciones en programas de conservación, cuando se aplica el método de Contribuciones Óptimas. Las distintas matrices de parentesco genómico fueron evaluadas con datos reales y con datos simulados, tanto para poblaciones no divididas como para poblaciones subdivididas. En el **Capítulo 1** se presenta una comparación de la eficiencia en la retención de la diversidad genética (medida como heterocigosis esperada) de seis matrices genómicas, utilizando datos reales de una población cultivada de rodaballo. Las matrices comparadas fueron aquellas basadas en: i) la proporción de alelos compartidos por dos individuos ( $\theta_{SIM}$ ); ii) las desviaciones del número observado de alelos compartidos por dos individuos respecto del número esperado ( $\theta_{L\&H}$ ); iii) la matriz de relaciones genómicas obtenida a través el método 1 de VanRaden ( $\theta_{VR1}$ ); iv) la matriz de relaciones genómicas obtenida a través el método 2 de VanRaden ( $\theta_{VR2}$ ); v) la matriz de relaciones genómicas obtenida a través el método de Yang ( $\theta_{YAN}$ ); y vi) segmentos idénticos por descendencia ( $\theta_{SEG}$ ). Estas matrices se obtuvieron utilizando miles de genotipos de SNP obtenidos a través de la tecnología 2b-RAD. Las optimizaciones en el **Capítulo 1** se realizaron para una sola generación ya que solo estaban disponibles datos de genotipado para dos generaciones (padres e hijos). Las diferencias en la magnitud de los diferentes coeficientes de parentesco fueron grandes y las correlaciones entre ellos variaron ampliamente (especialmente para el auto-parentesco). Las correlaciones más bajas fueron aquellas entre  $\theta_{SIM}$ ,  $\theta_{L\&H}$  o  $\theta_{SEG}$  y  $\theta_{VR2}$  o  $\theta_{YAN}$ . Los resultados mostraron que la gestión que utiliza matrices basadas en la proporción de alelos compartidos o en segmentos ( $\theta_{SIM}$ ,  $\theta_{L\&H}$  y

$\theta_{SEG}$ ) retuvieron una mayor diversidad que aquella que utiliza matrices de relaciones genómicas ( $\theta_{VR1}$ ,  $\theta_{VR2}$  y  $\theta_{YAN}$ ). Cuanto mayor fue la diversidad genética alcanzada, menor fue el número de individuos seleccionados para contribuir a la siguiente generación. Como era de esperar, la maximización de la heterocigosis llevó los alelos hacia frecuencias intermedias. Sin embargo, se ha señalado que alejar las frecuencias alélicas de las frecuencias iniciales puede ser indeseable, ya que se pueden perder adaptaciones particulares al medio. En el **Capítulo 2**, se utilizaron simulaciones estocásticas para investigar la eficiencia de  $\theta_{L\&H}$  y  $\theta_{VR2}$  en el manejo de poblaciones no divididas a lo largo de 50 generaciones y ambas matrices se compararon no solo en términos de la diversidad genética sino también en términos de los cambios asociados en las frecuencias alélicas. Los resultados indicaron que el uso de  $\theta_{L\&H}$  resultó en una mayor diversidad genética pero también en un mayor cambio de frecuencias alélicas que el uso de  $\theta_{VR2}$ . Las diferencias entre estrategias fueron menores cuando sólo se usaron SNP con una frecuencia del alelo menos común (MAF) por encima de un umbral particular (MAF > 0.05 y MAF > 0.25) para calcular  $\theta_{L\&H}$  y  $\theta_{VR2}$  y cuando se aplicó el método de Contribuciones Óptimas en poblaciones de tamaños más pequeños (se pasó de N = 100 a N = 20). En el **Capítulo 3**, la evaluación de  $\theta_{L\&H}$  y  $\theta_{VR2}$  se extendió a poblaciones subdivididas, también a través de simulaciones por ordenador. En poblaciones subdivididas, la diversidad genética se distribuye en dos componentes: dentro y entre subpoblaciones. Cuando se otorga un mayor peso al componente dentro de subpoblaciones, es posible restringir los niveles de consanguinidad dentro de subpoblaciones. Bajo este escenario, la utilización de  $\theta_{L\&H}$  resultó ser la mejor opción para gestionar este tipo de poblaciones, ya que mantiene una mayor diversidad global, condujo a una menor consanguinidad dentro de subpoblaciones y a cambios en las frecuencias similares a los observados cuando se utilizó  $\theta_{VR2}$ .