

Selección Genómica

Luis Garreta

7 de septiembre de 2022

Mejoramiento Genético

- ▶ El mejoramiento genético vegetal o animal es la ciencia, el arte y el negocio de mejorar los organismos para el beneficio de los seres humanos.

El Mejoramiento como ciencia...

- ▶ Como una ciencia, el mejoramiento se sustenta sobre el conocimiento teórico y empírico de la genética.

El Mejoramiento como Arte...

- ▶ Como un arte, requiere juicios subjetivos en el diseño y la implementación de un programa de mejoramiento.

El Mejoramiento Como Negocio..

- ▶ Finalmente, como un negocio, necesita de inversiones de tiempo y dinero en distintos recursos tales como: técnicos, equipamiento y materiales.

El Mejoramiento a través del tiempo

- ▶ La importancia relativa del arte y la ciencia en el mejoramiento ha cambiado a lo largo del tiempo.
- ▶ En los comienzos del mejoramiento, la habilidad de una persona para identificar visualmente los individuos más deseados era la única herramienta disponible.
- ▶ Así, la apariencia de un individuo o de un grupo de individuos, denominada fenotipo, determinaba si el individuo resultaba elegido.

El fenotipo hace referencia a la apariencia o medición de un carácter

Ejemplos de caracteres fenotípicos

Algunos ejemplos de caracteres fenotípicos son:

- ▶ La altura,
- ▶ El peso de un individuo,
- ▶ El rendimiento en grano de un cultivo,
- ▶ La resistencia a enfermedades, entre otros.

Configuración genética

- ▶ A pesar de que la apariencia visual continúa siendo parte del mejoramiento, actualmente no es la única fuente de información.
- ▶ Ahora, es posible planear un programa de mejoramiento con información basada en la configuración genética, o **genotipo**, de un individuo.

El **genotipo** comprende los genes que controlan ese carácter

Fenotipo, Genotipo, y Ambiente

- ▶ La expresión del fenotipo de un individuo depende de dos clases de factores: ambientales y genéticos.
 - ▶ Mientras que ,
 - ▶ El **genotipo** comprende los genes que controlan ese carácter y
 - ▶ El **ambiente**, incluye todos los factores externos que pueden influir en la expresión de esos genes.
- ▶ Entre los factores ambientales se pueden mencionar: temperatura, fertilidad del suelo y el manejo del cultivo.

Los caracteres fenotípicos pueden ser de naturaleza cualitativa o cuantitativa

Los **cualitativos** son variables fenotípicas que se registran como categorías o clases, por ejemplo:

- ▶ Coloración del grano,
- ▶ Color de la flor, o
- ▶ Resistencia a cierta enfermedad.

En general, este tipo de carácter suele estar controlado por uno o unos pocos **genes** y se los denomina caracteres simples.

Por otro lado, los caracteres cuantitativos...

Se distinguen por ser variables que se miden en una escala numérica, por ejemplo:

- ▶ Altura de una planta,
- ▶ Rendimiento en grano,
- ▶ Peso de un animal, entre otros.

Muchos caracteres de **interés agronómico** son de naturaleza cuantitativa y se encuentran controlados por **múltiples genes de efectos pequeños** y por ello reciben el nombre de caracteres poligénicos, cuantitativos o complejos

Loci de Rasgos Cuantitativos (QTLs)

- ▶ Las regiones dentro del genoma que contienen genes asociados a un carácter cuantitativo se conocen con el nombre de QTL, del inglés Quantitative Trait Loci.
- ▶ La localización de tales regiones basada únicamente en la evaluación fenotípica no es posible.
- ▶ Por lo tanto, uno de los mayores avances en el estudio de la arquitectura genética de estos caracteres fue conducido por el desarrollo de la genómica estructural.

Marcadores Moleculares (MM)

- ▶ Los marcadores moleculares (MM) son una herramienta que permite estudiar variaciones genéticas directamente al nivel del ácido desoxirribonucleico (ADN).
- ▶ Los MM tienen la ventaja de no variar con el ambiente y pueden ser observados en etapas tempranas del ciclo de vida de un individuo.
- ▶ Por estas razones, desde los años 1980s, los MM han sido ampliamente utilizados y estudiados para responder en qué medida pueden optimizar esquemas de mejoramiento genético.

Mapas de ligamento

- ▶ Los MM permiten no sólo caracterizar el genoma de un individuo sino también, la construcción de mapas de ligamiento.
- ▶ Estos mapas pueden ser utilizados para localizar regiones del cromosoma que contienen genes que controlan caracteres simples o complejos.
- ▶ Si los MM están asociados a los QTL, se dice que se encuentran en desequilibrio de ligamiento.
- ▶ Por lo tanto, tanto los marcadores localizados sobre genes como los ligados a los QTL se pueden convertir en una herramienta molecular que ayuda en el proceso de selección de los individuos en el mejoramiento genético.

El desarrollo de nuevos enfoques de selección asistida por marcadores ha sido alentado por la combinación de varios hechos.

1. Relación carácter vs genes.
2. Los valores genéticos
3. Las nuevas tecnologías.

1. Relación carácter vs genes

- ▶ En primer lugar, hay un consenso general en que **muchos caracteres** están afectados por un **gran número de genes de efectos pequeños**.
- ▶ Por lo tanto, su estudio requiere la consideración de un gran número de variantes genéticas.

2. Valores Genéticos

- ▶ Por otro lado, para el mejoramiento genético de caracteres complejos en animales y plantas, es clave predecir los **valores genéticos**.
- ▶ Es decir, cuánto se desvía cada individuo respecto del promedio de la población a la que pertenece.

3. Nuevas Tecnologías

- ▶ Finalmente, el advenimiento de **nuevas tecnologías** que permiten identificar **grandes cantidades de MM más rápidamente y a menor costo**.
- ▶ Esto ha motivado el uso de MM a gran escala en los programas de mejoramiento.

Selección Genómica

- ▶ En el 2001: se introdujeron nuevas técnicas enmarcadas dentro del **mejoramiento animal** que se conocen como métodos de **selección genómica** (SG) o en inglés, Genome-Wide Selection o **Predicción Genómica**.
- ▶ Se propone la incorporación de numerosos MM en los modelos estadísticos utilizados para **estimar el valor genético** de un individuo.

Valor genético estimado

Una idea simple pero poderosa: expresar los fenotipos sobre todos los marcadores disponibles usando un modelo lineal:

$$Y_i = g(x_i) + e_i$$

Donde:

- ▶ Y_i es el fenotipo observado del individuo $i (i = 1, \dots, n)$,
- ▶ X_i es un vector ($1 \times m$) de MM (genotipo) del individuo.
- ▶ $g(x_i)$: Es un función que relaciona los genotipos con los fenotipos.
- ▶ e : Error o término residual

La aplicación de SG consiste de dos grandes etapas.

- ▶ La primera comprende el desarrollo de un modelo basado en un conjunto de individuos para los cuales se cuenta tanto con datos fenotípicos como con datos provenientes de una alta densidad de MM ubicados a lo largo del genoma.
- ▶ En la segunda etapa, se utiliza dicho modelo con el fin de predecir los valores genéticos de otros individuos para los cuales sólo se dispone de datos de MM.