

Curso sobre mitigación de los efectos adversos del Cambio Climático mediante programas de reforestación
Cartagena de Indias(Colombia), 12-16 septiembre 2016

Genética Cuantitativa

Eduardo Notivol

Unidad de Recursos Forestales

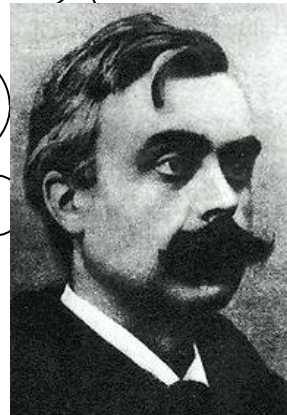
Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón

enotivol@cita-aragon.es



*“Todo hombre está en el mundo
para simbolizar algo que*

ignora”
Blah, blah, blah



*Léon Bloy
(Escritor francés s.XIX-XX)*



Genética: Fuerzas Evolucion

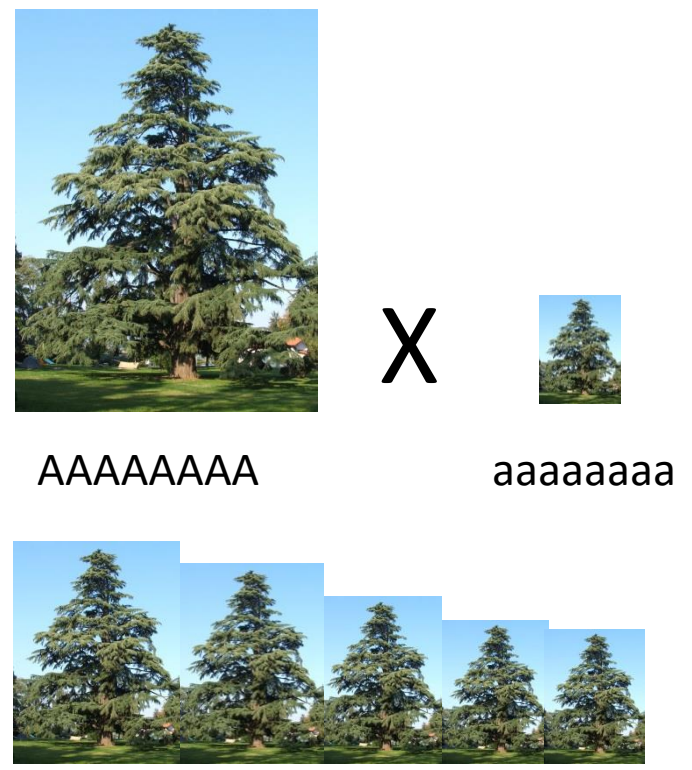
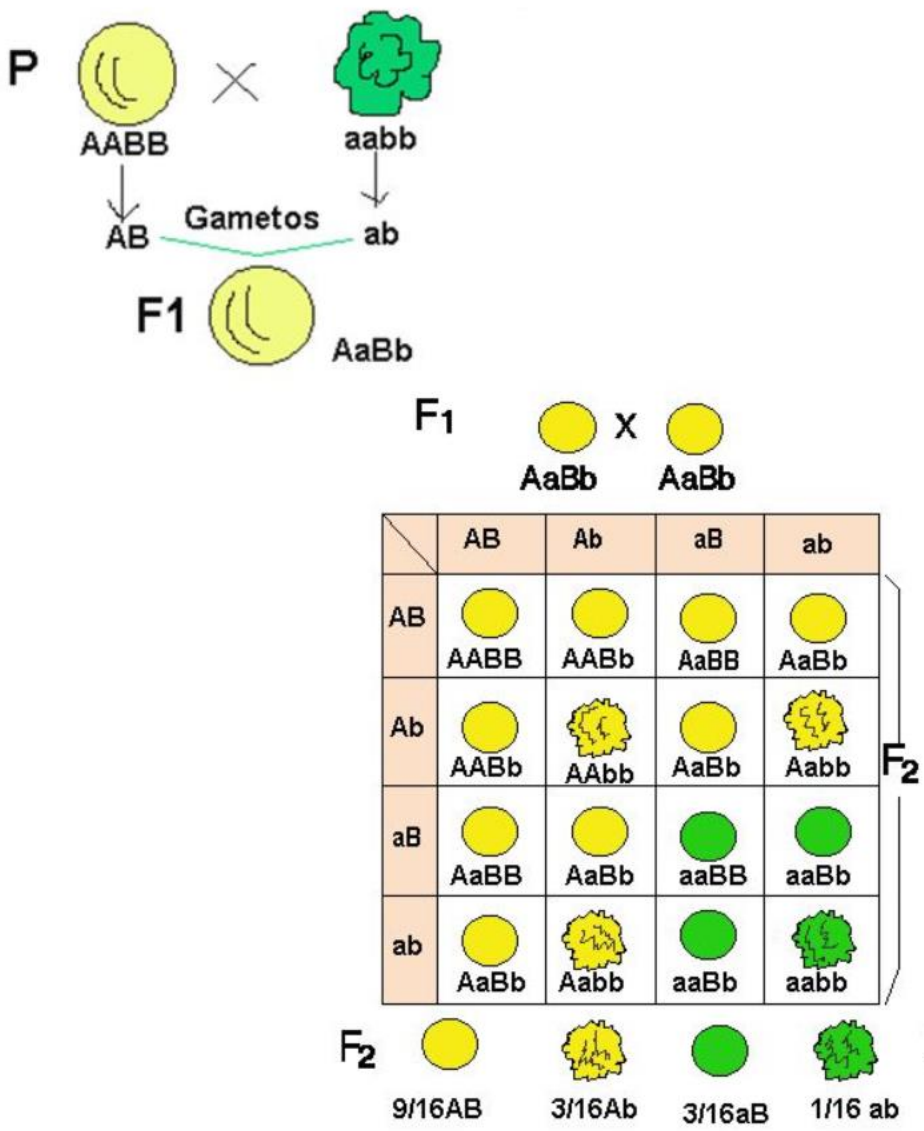
- **Deriva genética:** Cambio no direccional freq. gen. entre generaciones / azar / peq pobl.
- **Selección (natural):** Contribución diferencial de genotipos de una población a la siguiente generación.
- **Migración:** Intercambio genes poblaciones
- **Sistemas de reproducción** Control recombinación y disposicion genes entre generaciones sucesivas
- **Mutación:** no relación ni periodos de actuación



Usamos la genética cuantitativa para:

- ⇒ Establecer reglas y procedimientos para tomar decisiones de mejora
- ⇒ Estimar parámetros que puedan usarse para entender las estructuras genéticas subyacentes a la variación de los caracteres fenotípicos
- ⇒ Predecir la ganancia de los métodos de selección
- ⇒ Estudiar la relación entre los distintos caracteres
- ⇒ Estudiar la relación entre genotipo, ambiente y fenotipo





Genética cuantitativa:
NO Relación directa
entre Fenotipo y Genotipo
Distribución continua de genotipos

Leyes de Mendel: Relación directa entre Fenotipo y Genotipo
Caracteres discretos



Relación entre fenotipo /genotipo

⇒ Valor fenotípico/ genotípico:

Nivel individual

$$P = G + E + G \times E$$

$$G = A + D + I$$

Nivel poblacional

$$\sigma^2_p = \sigma^2_G + \sigma^2_A + \sigma^2_{G \times E}$$

$$\sigma^2_G = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_I$$

⇒ Relaciones de parentesco: covarianza genética

- ⇒ Parámetros genéticos:
- ⇒ heredabilidad
- ⇒ correlación genética
- ⇒ repetibilidad
- ⇒ coeficiente de predicción genética
- ⇒ CCG, CCE



La estimación del valor genotípico se basa en el grado de parentesco de los árboles que se están evaluando

Parentesco	Covarianza	Regresión (b) Correlación (t)
<i>Poblaciones</i>	σ^2_P	-
Progenie y su progenitor	$1/2 \sigma^2_A$	$b = 1/2 h^2$
Progenie y su progenitor medio	σ^2_A	$b = h^2$
Medios hermanos	$1/4 \sigma^2_A$	$t = 1/4 h^2$
Hermanos	$1/2 \sigma^2_A + 1/4 \sigma^2_D + 1/16 \sigma^2_{EC}$	$t > 1/2 h^2$
Clones	σ^2_G	$t = H^2$



Cruzamientos

- a) Proporcionar información para evaluar parentales (valores de mejora, capacidad o aptitud de combinación general y específica).
- b) Proporcionar la base para estimar ganancias genéticas.
- c) Proporcionar estimas de parámetros genéticos (heredabilidad, correlaciones genéticas).
- d) Producir una población base adecuada para sucesivos ciclos de selección y cruzamientos: se genera nueva variación genética en nuestra población de mejora, con objeto de poder seleccionar posteriormente los individuos mejores.
- e) Producir material de reproducción.



Tipos de cruzamientos

- *Polinización abierta (panmixia)*. Se supone que cada individuo se cruza aleatoriamente con el resto de los individuos de la población. En general, la polinización espontánea en rodales selectos, fuentes semilleras, y huertos semilleros son ejemplos de este tipo de cruzamiento. En este caso, de cada árbol madre obtendríamos semilla de medios hermanos (solo tienen en común el árbol madre), y estaríamos aprovechando los valores de la capacidad de combinación general de cada individuo de la población.
- *Cruzamientos controlados*. En este caso se cruzan genotipos determinados buscando obtener familias de hermanos completos (con conocimiento del padre y madre, y por tanto de su pedigrí). Se busca aprovechar la capacidad de combinación específica del cruce.
- *Policruzamiento*. Es un caso especial de cruzamiento controlado en el que se realiza una mezcla de polen procedente de varios árboles de la población (en pinos, pueden ser alrededor de 9). En este caso se obtienen familias de medios hermanos, pero la contribución paterna es similar en todas las madres. Esto facilita tanto la posible comparación entre las madres, como una mejora de las progenies, si como donantes de polen se utilizan árboles con una elevada capacidad de combinación general.



Policruzamiento (9x9 mezcla de polos)		Cruzamientos con evaluadores						Dialelo parcial										
♀	♂	♀	♂						♀	♂								
	M		A	B	C	D	E	F		1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	x	1	x	x	x	x	x	x	1		x	x	x	x				
2	x	2	x	x	x	x	x	x	2			x	x	x	x			
3	x	3	x	x	x	x	x	x	3			x	x	x	x			
4	x	4	x	x	x	x	x	x	4					x	x	x	x	
5	x	5	x	x	x	x	x	x	5						x	x	x	x
6	x	6	x	x	x	x	x	x	6	x						x	x	x
7	x	7	x	x	x	x	x	x	7	x	x						x	x
8	x	8	x	x	x	x	x	x	8	x	x	x						x
9	x	9	x	x	x	x	x	x	9	x	x	x	x					



Selección natural:

Los cuatro postulados de Darwin

- Los individuos dentro de las especies son variables
- Parte de esa variación se transmite a la descendencia
- En cada generación se producen más descendientes de los que sobreviven
- La supervivencia y reproducción de los individuos no es aleatoria: Los individuos que sobreviven y se reproducen, o que se reproducen más, con aquellos con las variaciones más favorables.

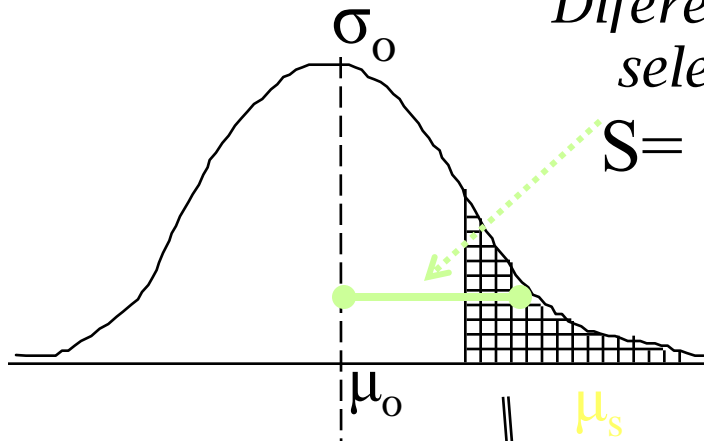
Son seleccionados naturalmente



1ª generación

Diferencial de selección

$$S = \mu_s - \mu_o$$



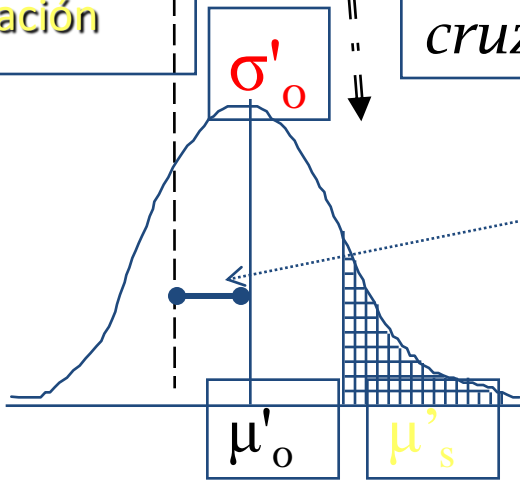
Selección y Ganancia genética

$$\mu_o < \mu'_o$$

$$\sigma_o > \sigma'_o$$

2ª generación

Selección y cruzamientos



Ganancia genética

$$\Delta G = S * h^2$$

$$\Delta G = i * h^2 * \sigma_o$$



Heredabilidad: Definición

⇒ Heredabilidad en sentido amplio:

$$H^2 = \frac{\sigma^2_G}{\sigma^2_P} = \frac{\sigma^2_A + \sigma^2_{NA}}{\sigma^2_A + \sigma^2_{NA} + \sigma^2_E}$$

⇒ Heredabilidad en sentido estricto

$$h^2 = \frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_P} = \frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_A + \sigma^2_{NA} + \sigma^2_E}$$

$$0 < h^2 < H^2 < 1$$



Heredabilidad: IMPORTANCIA:

- ⇒ Su conocimiento ***indica*** lo que va a lograr la mejora genética a través de la selección
- ⇒ Da una medida de la exactitud con que la selección de un ***genotipo*** puede hacerse a partir del ***fenotipo*** del individuo



Heredabilidad: concepto estadístico no biológico

1.- La heredabilidad de un carácter es una estimación específica de la **población** y del **ambiente** que uno está analizando.

2.-Esta estimación es un parámetro de una población y no de un individuo.

3.-La heredabilidad no indica en qué grado un carácter es genético, mide solamente la proporción de la Varianza Fenotípica que es el resultado de factores genéticos.



Requisitos de un carácter para su uso en un programa de mejora

- ⇒ Tener un alto valor económico
- ⇒ Tener una heredabilidad alta
- ⇒ Ser fácilmente seleccionable a edades jóvenes
- ⇒ No estar correlacionados positivamente con caracteres no deseables
- ⇒ Estar correlacionados positivamente con rasgos de importancia económica



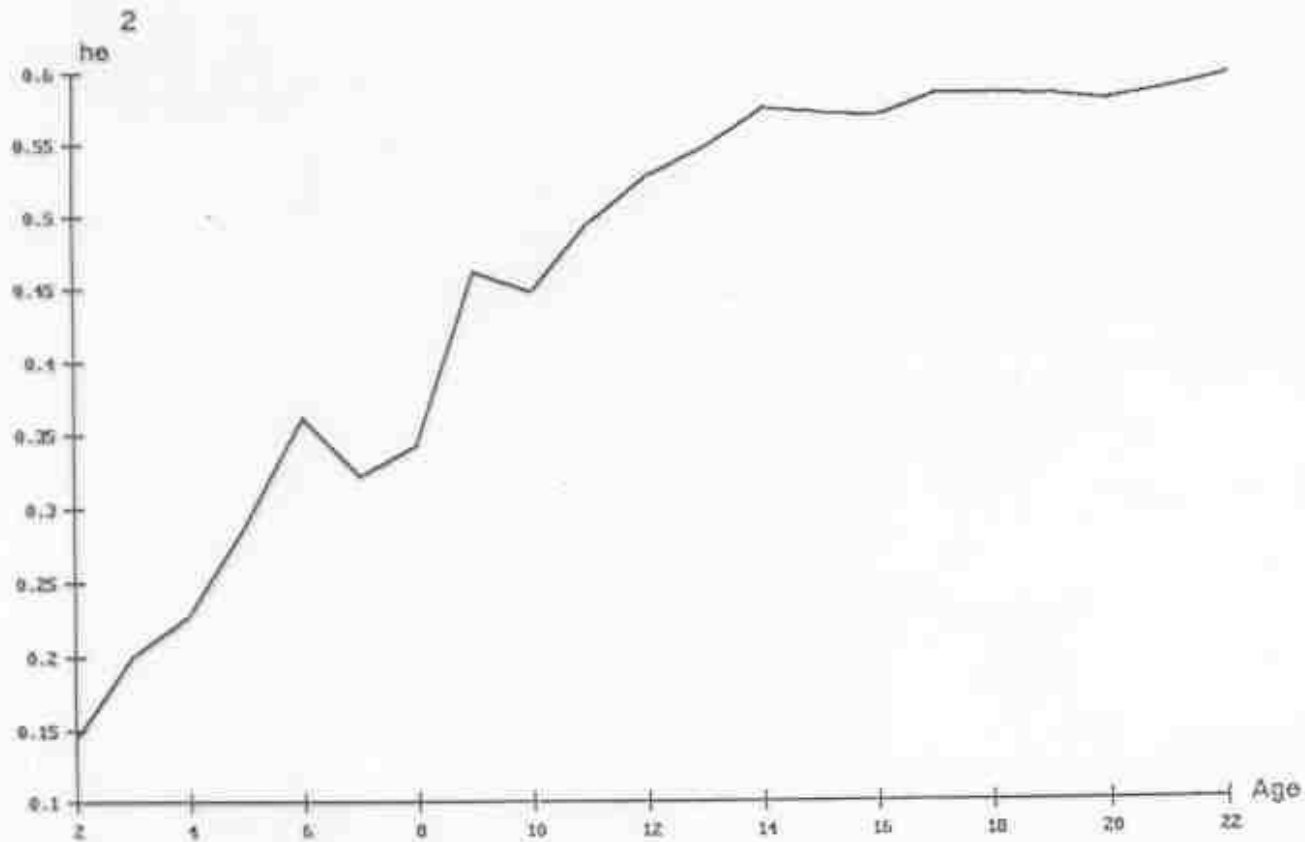
Factores que influyen en el valor de la heredabilidad

- ⇒ Tipo de acción de los genes involucrados en la expresión del carácter
- ⇒ Estructura genética de la población
- ⇒ Condiciones ambientales
- ⇒ Definición del carácter



Evolución de la heredabilidad con edad, y según definición del carácter

Evolución de la Heredabilidad del carácter altura en función de la edad.
Ensayo de progenies de *P. pinaster* Ait. (Kremer, 1992)



Especie	Carácter	Heredabilidad	Autores	Edad	
<i>P. sylvestris</i>					
	Altura	0.14 ± 0.08	Velling y Tigerstedt (1984)	16	
		0.36 ± 0.11	Climent <i>et al.</i> (1997)	8	
	Ángulo ramas	0.22 ± 0.09	Velling y Tigerstedt (1984)	16	
	Densidad	0.46 - 0.56	Personn (1972)		
	Diámetro ramas:	0.05 ± 0.01	Velling y Tigerstedt (1984)	16	
	Diámetro	0.15 ± 0.09	Krusche <i>et al.</i> 1980	11	
		0.37 ± 0.23	Velling y Tigerstedt (1984)	16	
	Esbeltez	0.26 ± 0.13	Velling y Tigerstedt (1984)	16	
	Densidad (Pilodin):	0.81 ± 0.50	Velling y Tigerstedt (1984)	16	
<i>P. nigra (distintas subespecies)</i>					
	Altura	0.36	Alía y Durel (no publ).	16	
		0.35	Arbez y Miller (1972)	10	
	Diámetro	0.20	Arbez y Miller (1972)	10	
	Densidad madera	0.67	Arbez y Miller (1972)	10	
	Ángulo ramas	0.43	Alía y Durel (no publ).	16	
	Policiclismo	0.19	Alía y Durel (no publ).	16	
	Número de ramas	0.17	Arbez (1980)	10	
<i>P. pinaster</i>					
	Altura	0.19	Cotterill <i>et al.</i> (1987)	8.5	
		0.17 - 0.2	Kremer (1981)		
	Densidad	0.60	Destremau <i>et al.</i> (1984)		
	Diámetro	0.04	Cotterill <i>et al.</i> (1987)	8.5	
	Desviación a la vertical a 1.5 m	0.19	Conche (1978)	10	
	Forma del fuste; Escala 1-10	0.37	Mauge (1973)		
	Escala 1-8	0.03 ± 0.02	Cotterill <i>et al.</i> (1987)	8.5	
	Policiclismo	0.50	Destremau <i>et al.</i> (1984)		
	Rectitud	0.25	Destremau <i>et al.</i> (1984)		
	Verticalidad	0.20	Destremau <i>et al.</i> (1984)		
<i>P. halepensis</i>					
	Altura	0.45	Panetsos (1981)	8	
	(<i>P. brutia</i>)	Altura	0.17	Panetsos (1981)	8
		Diámetro	0.33	Panetsos (1981)	8



Ensayo de progenies de medio hermanos

Fuente de variacion	Gl	Cuadrados medios esperados
Familia	f-1	$\sigma^2_W + n\sigma^2_{FB} + nb\sigma^2_F$
Bloque	b-1	$\sigma^2_W + n\sigma^2_{FB} + nf\sigma^2_B$
Fam x bloque	(f-1)(b-1)	$\sigma^2_W + n\sigma^2_{FB}$
Error	bf(n-1)	σ^2_W

$$\sigma^2_A = 4\sigma^2_F$$

1) heredabilidad individual

$$h^2 = 4\sigma^2_F / (\sigma^2_F + \sigma^2_{FB} + \sigma^2_W)$$

2) heredabilidad familiar

$$H^2_f = \sigma^2_F / (\sigma^2_F + \sigma^2_{FB}/n + \sigma^2_W/nb)$$



Fuente de variacion	Gl	Cuadrados medios esperados	CM
Proceden.	3	$\sigma^2_W + np\sigma^2_P$	85.33
Familia (Proc)	44	$\sigma^2_W + nf\sigma^2_F$	423.2
Error	2118	σ^2_W	40.2

Heredabilidad

$$h^2 = \frac{\sigma^2_A = 4\sigma^2_F}{\sigma^2_F + \sigma^2_W}$$



Ensayo clonal

Fuente de variacion	Gl	Cuadrados medios esperados
Clones	c-1	$\sigma^2_W + n\sigma^2_{CB} + nb\sigma^2_C$
Bloque	b-1	$\sigma^2_W + n\sigma^2_{CB} + nc\sigma^2_B$
Clon x bloque	(c-1)(b-1)	$\sigma^2_W + n\sigma^2_{CB}$
Error	bc(n-1)	σ^2_W

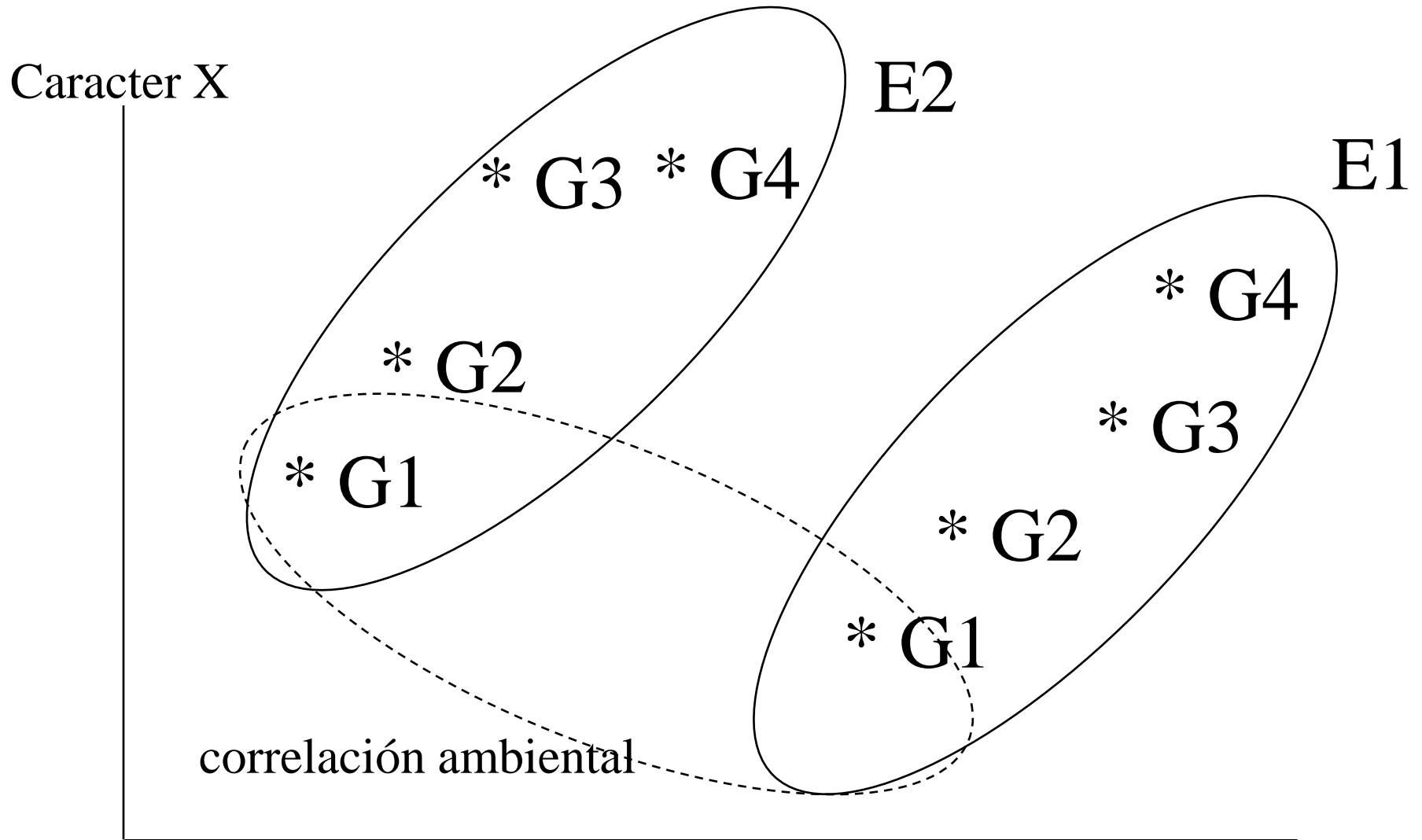
$$\sigma^2_G = \sigma^2_C$$

heredabilidad clonal

$$h^2 = \sigma^2_C / (\sigma^2_C + \sigma^2_{CB} + \sigma^2_W)$$

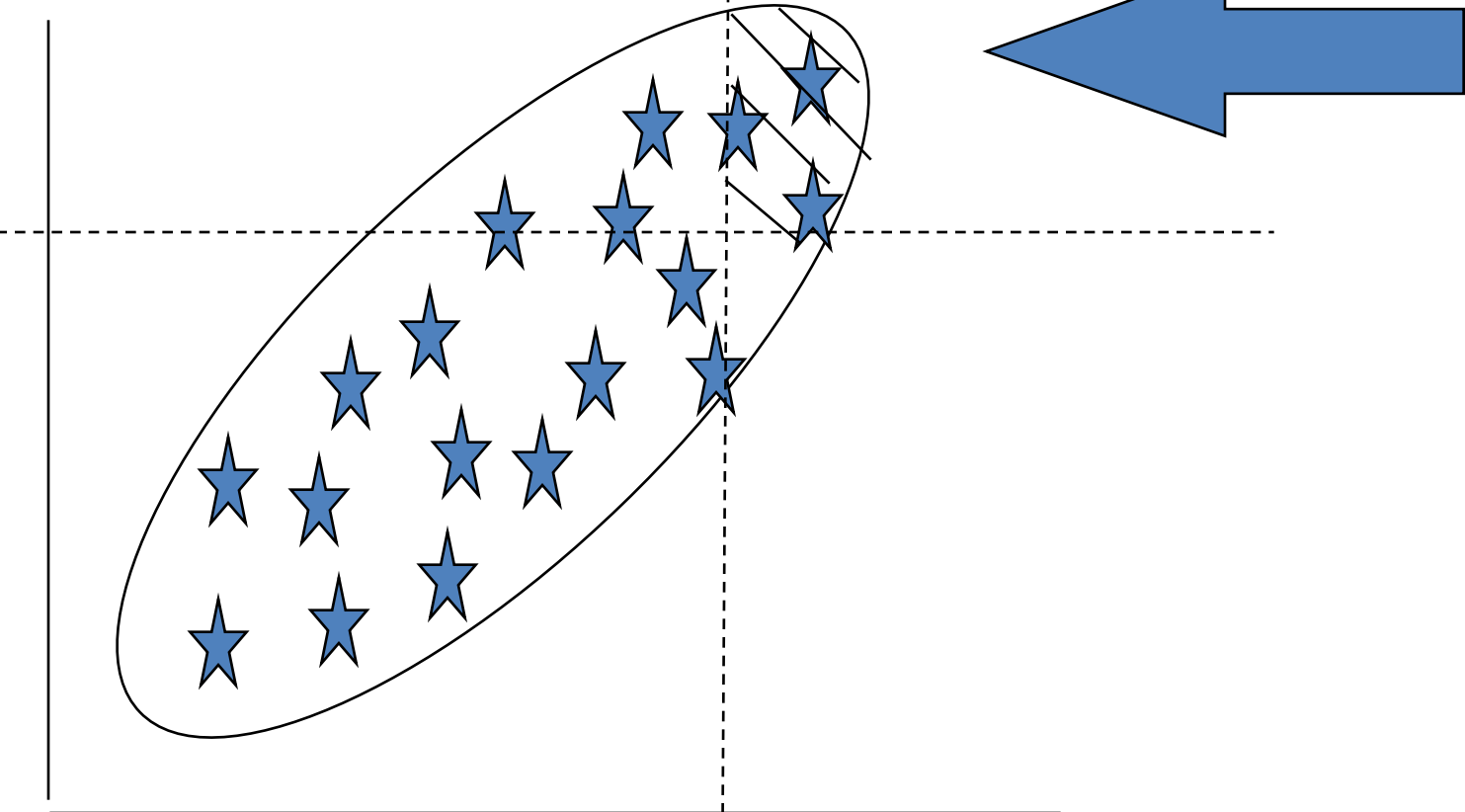


Correlación entre caracteres



correlación genética > 0

Caracter X

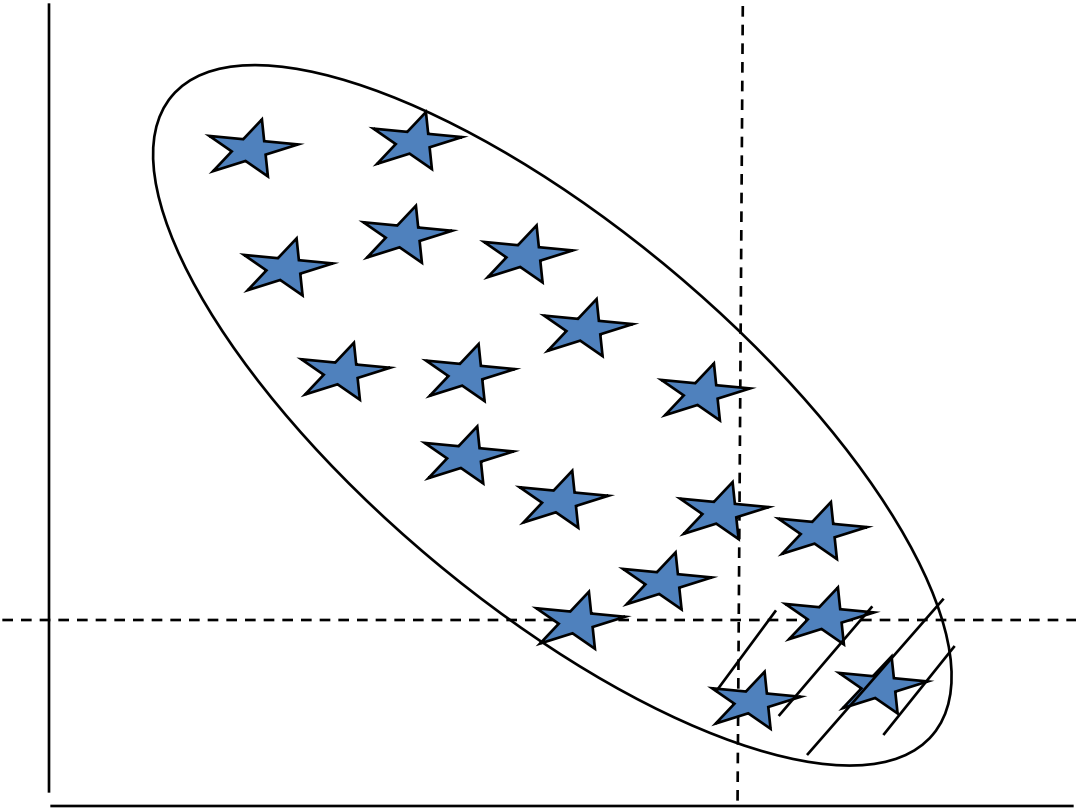


Carácter Y



correlación genética < 0

Caracter X

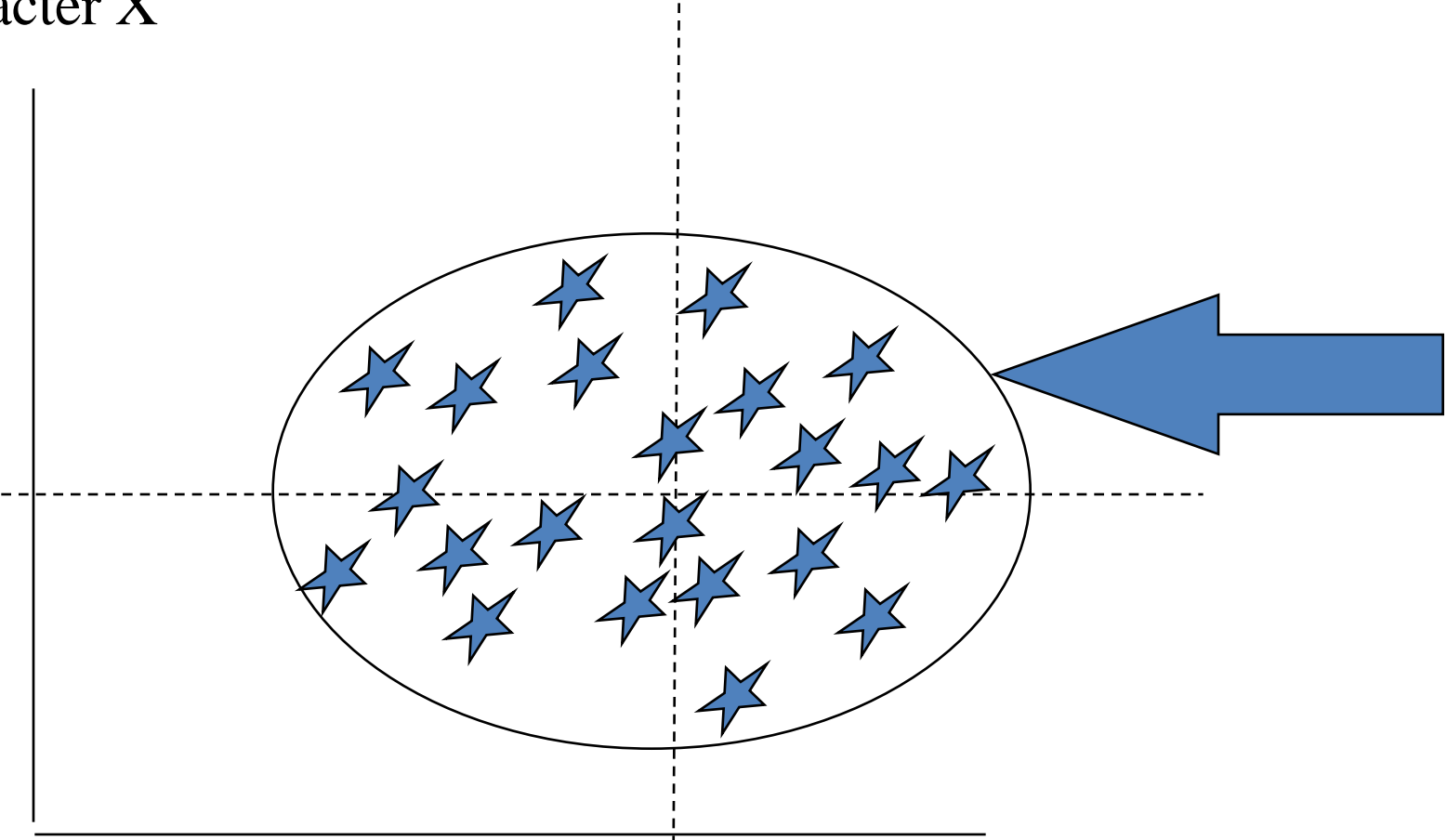


Carácter Y



correlación genética = 0

Caracter X



Carácter Y



Evaluación: Tipos de ensayos

- **Ensayos de procedencias:** Se evalúan muestras aleatorias representativas de distintas poblaciones, con objeto de estimar los efectos poblacionales en la variación de los caracteres que nos interesan,
- **Ensayos de progenies:** Se evalúa el valor de un parental (madre si es de polinización abierta), o de los dos (padre y madre si se ha seguido un esquema de polinización controlada).
- **Ensayos de procedencias y progenies:** Podemos combinar en un único ensayo procedencias y progenies, utilizando familias individualizadas correspondientes a cada procedencia. A partir de estos ensayos podemos estimar la variabilidad inter e intra poblacional y definir estrategias de selección y uso de familias o poblaciones.
- **Ensayos clonales:** Si los árboles se propagan vegetativamente se pueden ordenar por el comportamiento de los ramets en ensayos. Podremos estimar el valor de cada clon, así como la heredabilidad en sentido amplio y las correlaciones genéticas entre caracteres.

