

INTRODUCCION AL MEJORAMIENTO GENETICO

GUÍA DIDÁCTICA PARA CLASES TEÓRICAS

Clase 4 - 2019

Genética cuantitativa

Todas las observaciones y mediciones se basan en el fenotipo y sus componentes son el genotipo y el ambiente.

Componentes de la varianza genética (VG): $VG = VA + VD + VI$

VA: varianza aditiva (originada en los efectos aditivos de los poligenes);

VD: varianza debido a desvíos por efectos de dominancia;

VI: varianza debido a desvíos por efectos de interacción génica

Componentes de la varianza fenotípica (VF): $VF = VG + VE$

Heredabilidad en sentido amplio: estima la proporción de la VF que se atribuye a VG

$h^2 a = VG/VF$;

Heredabilidad en sentido estricto: estima la proporción de la VF que se atribuye a VA

$h^2 e = VA/VF$

Diferencial de selección (ΔS o DS): mide en la población base (aquella en la cual se origina la selección) la diferencia entre la media de la población y la media del grupo de individuos selectos.

$\Delta S = DS$ (diferencial de selección) = $K.S$

K = es una constante que se encuentra tabulada, que se expresa en unidades de desviación estándar y varía en forma directa con la intensidad con que se aplica la selección, de esta forma a > intensidad de selección > K

S = es el desvío estándar su valor depende de la magnitud del rango de variación de la población base. A > variación presente en la población base > S . Por otra parte, S se vincula con la varianza como $S = \sqrt{S^2}$

Por lo expuesto, el diferencial de selección ΔS depende directamente de la magnitud de la variación presente en la población base representada por (S) y de la intensidad de la selección relacionada con K

Pero, cuánto de la diferencia entre las medias de la población base y la de selectos se observará en la generación de los descendientes de los selectos? Esto se puede estimar mediante el cálculo del "avance genético" o también llamado "respuesta a la selección", simbolizado como ΔG .

Para calcular el ΔG es necesario considerar otra variable o parámetro genético que es la heredabilidad.

ΔG (avance genético o respuesta a la selección esperados) = $K.S. h^2$ o también $\Delta G = \Delta S . h^2$

Como podemos observar la magnitud de la h^2 impacta directamente en ΔG . Así $a > \Delta S > h^2 > \Delta G$

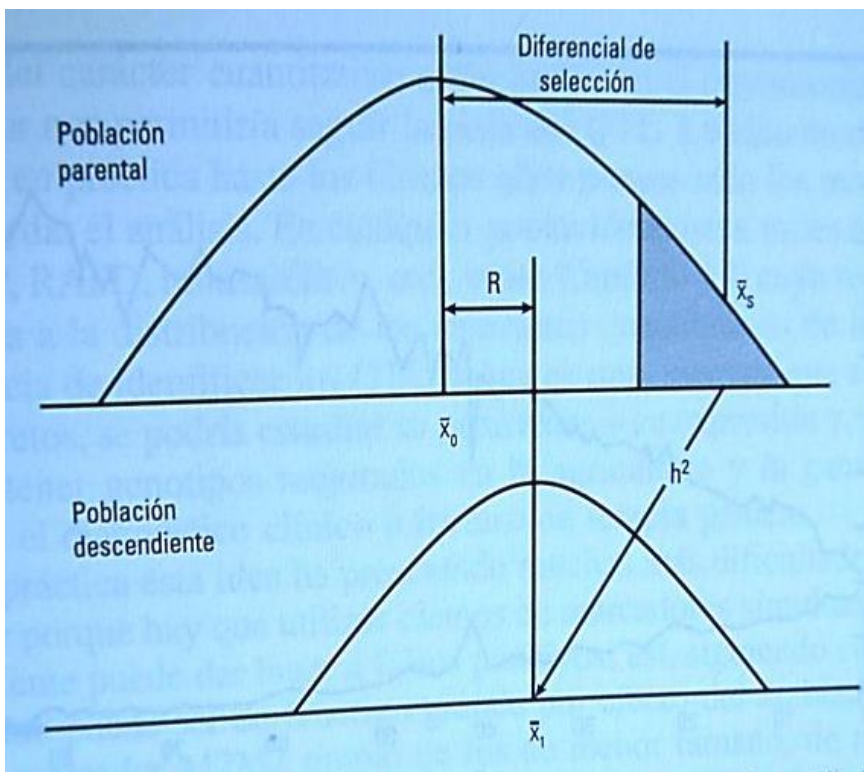
De esta forma, es posible estimar la magnitud de la respuesta a la selección que podemos esperar para una determinada intensidad o presión de selección.

Por lo tanto, queda claro que el ΔG es un valor predictivo de lo que ocurrirá o lo que podemos esperar en términos logro en la generación de descendientes de los selectos. El verdadero ΔG , o sea el observado, debe ser medido cultivando ambas poblaciones (población base y descendientes de los selectos) en el mismo ambiente (año y localidad). Esto nos llevará a determinar el valor de las medias de la población base y la población de descendientes de los selectos. Al valor que representa la diferencia entre la media de la población base y la media de los descendientes de los selectos se le conoce como ΔG logrado que seguramente será $<$ que el ΔG estimado.

Pero, qué opinamos sobre el papel de la heredabilidad calculada en sentido amplio o en sentido estricto sobre la magnitud de la respuesta esperada o predicha a la selección? y sobre la exactitud de esa predicción? Fundamental.

Al conocer el ΔG logrado podemos determinar el valor real de la heredabilidad para ese material, ese año y localidad

$$h^2 r \text{ (heredabilidad realizada)} = \Delta G \text{ logrado} / \Delta S$$



$$R = \Delta G \text{ (respuesta a la selección o avance genético)}$$

Formas de calcular la heredabilidad

Heredabilidad en sentido amplio (h_{2a}):

-Uso de materiales genéticamente uniformes (LP, F1, línea clonal (LCI)) en las que $V_G = 0$, entonces:

$V_F(LP, F1 \text{ o } LCI) = V_E$, lo cual sirve para estimar $V_G(F_2) = V_F(F_2) - V_E$

-Análisis de la varianza (ANVA), en el que la σ^2_e (varianza del error exp) se lo considera un estimador de V_E , por lo tanto se asume que $\sigma^2_e = V_E$

Heredabilidad en sentido estricto (h_{2e}):

-Análisis de regresión de las progenies sobre los progenitores. Siendo b el coeficiente de regresión.

Si se conocen los valores de ambos progenitores: $h_{2e} = b$

Si se conocen los valores de un solo progenitor $h_{2e} = 2b$

-Análisis de las retrocruzas (F1 X cada progenitor). Esto permite estimar la varianza aditiva (V_A)

$V_A = 2 V_F(F_2) - (V_F(B_1) + V_F(B_2))$

$h_{2e} = V_A / V_F(F_2)$ El valor de la heredabilidad de un carácter sólo es válido para la población y ambiente en los cuales fue determinado.

Usos de la heredabilidad:

-Determinar la importancia relativa de los efectos genéticos (aditivos) que se transmitirán de progenitores a descendientes.

-Determinar qué método de selección conviene aplicar

- Predecir la ganancia o avance genético

Selección indirecta

Respuesta correlacionada: la selección en una población, durante varias generaciones, para un carácter implica la selección simultánea también para otros caracteres genéticamente correlacionados.

Esto da lugar a una aplicación de gran importancia en la MG, la selección indirecta

Selección indirecta: ocurre cuando se aplica la selección a un carácter 2° (ej. n° de frutos/pl) para obtener una respuesta correlacionada de un carácter 1° (ej. rendimiento/pl).

Es conveniente su uso cuando:

- el carácter de interés es difícil de observar o medir

- para realizar una selección precoz (caracteres expresados en plántulas correlacionados con los de planta adulta, ej. resistencia a enfermedades)

Condiciones para que la selección indirecta sea efectiva:

- alta correlación genética (la correlación fenotípica no es segura)
- alta heredabilidad del carácter seleccionado directamente
- similar nº de individuos seleccionados en ambos caracteres

Actualmente se tiende al uso de marcadores moleculares

La selección asistida por marcadores moleculares es la selección indirecta más confiable

Los conceptos de “efecto medio de un gen” y “valor de cría”:

El genotipo es un arreglo o combinación particular de genes que posee un individuo

El genotipo confiere cierto valor al individuo y mientras que el ambiente causa desviaciones de este valor

$$F = G + E$$

Considerando que entre progenitores y descendientes se transmiten los genes no los genotipos surge el concepto de efecto medio de un gen

Efecto medio de un gen: es un concepto teórico definido como la desviación media, con respecto a la media de la población, de los individuos que recibieron dicho gen (alelo) de un progenitor mientras que el otro alelo proviene al azar de la población. Por lo tanto, son los efectos medios de los genes parentales los que determinan los valores genotípicos de las descendencias. El efecto medio de un gen es muy difícil de medir.

No obstante, de este concepto se deriva el valor reproductivo o valor de cría o “breeding value”, que sí puede ser medido.

Valor de cría (VC) o “breeding value” (BV) de un individuo: es el doble de la desviación media de la media de la progenie con respecto a la media de la población, siendo la progenie derivada del apareamiento al azar del individuo con otros individuos de la población

$$VC = 2 (\text{media de progenies} - \text{media de la poblac.})$$

El VC se aplica especialmente en la MG animal para juzgar el mérito de potenciales reproductores. Para esto, existen alternativas metodológicas que permiten predecir su valor y que resultan herramientas muy útiles para aplicar en la selección de futuros parentales.

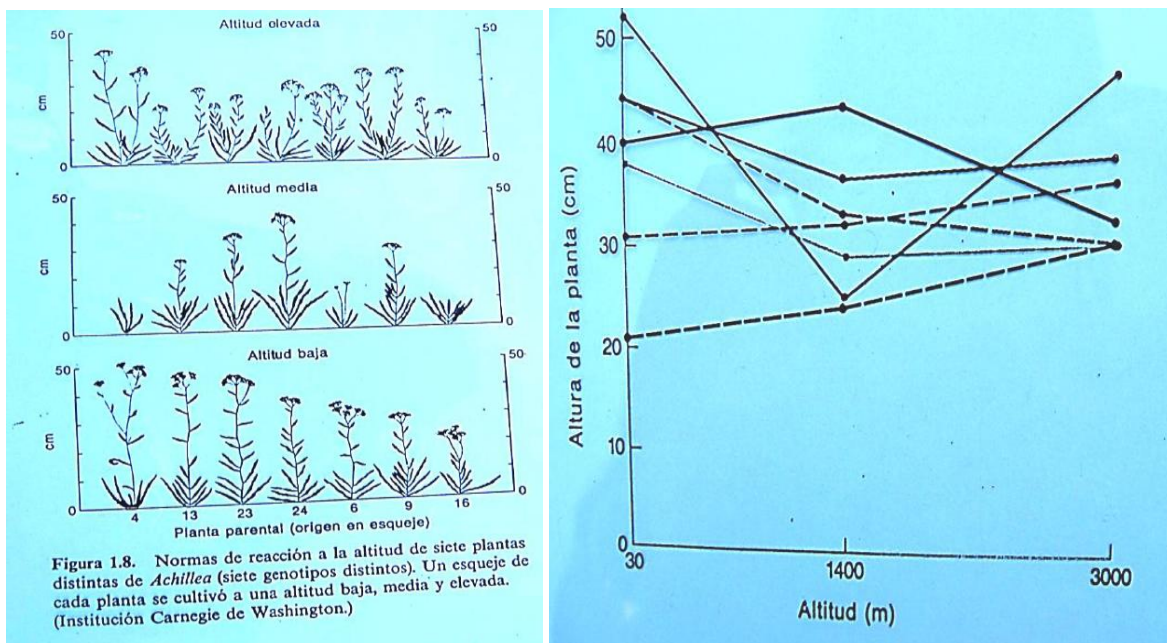
INTERACCION GENOTIPO X AMBIENTE

Norma de reacción (NR): Es la gama de fenotipos que presenta un mismo genotipo en diferentes ambientes.

Como la diversidad de ambientes posibles es ∞ , la NR nunca se llega a conocer completamente.

Es importante conocer la NR lo más posible para cada variedad (eval del comportamiento bajo \neq ambientes) para formular las recomendaciones de uso.

Cuanto más estrecha es la NR de una variedad más estable es frente a cambios ambientales. Tiene un comportamiento más universal (la variedad es más universal). Sería la recomendada para un área geográfica amplia (que incluye distintos ambientes)



Fuente: Griffiths A. J. F., J. H. Miller, D.T. Suzuki, R.C. Lewontin y W.M. Gelbart. 1998. Genética. 5ta edición

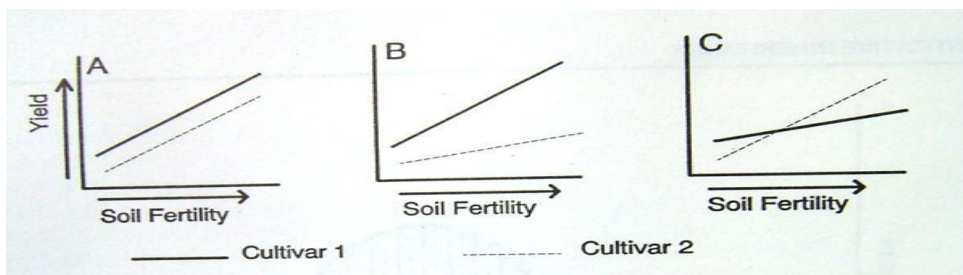
Existe interacción genotipo x ambiente (GxE) cuando ambientes \neq tienen un efecto \neq sobre un conjunto de genotipos evaluados. Es decir que para indagar sobre la posible existencia de (GxE) es necesario como contar con 2 o más ambientes y 2 o más variedades. Los diferentes ambientes pueden causar o no un efecto diferencial entre los genotipos evaluados. Si no se evidencia un efecto diferencial estadísticamente significativo entre los genotipos o variedades, considerando los distintos ambientes, se concluye que no hay interacción (GxE).

En cambio, si se detecta un efecto diferencial significativo entre los genotipos evaluados cuando son cultivados en distintos ambientes concluimos que existe (GxE). Si este efecto diferencial de los ambientes implica sólo cambios en la magnitud de las diferencias entre los genotipos pero se mantiene el orden de méritos se trata de una interacción cuantitativa. O bien si el efecto diferencial entre los genotipos al ser evaluados en distintos ambientes es tal que causa un cambio en el orden de méritos, se trata de interacción cualitativa.

No hay (GxE)

G x E cualitativa

G x E cuantitativa



En la figura siguiente se muestran distintos tipos de interacción determinados en caña de azúcar para el carácter contenido de sacarina del jugo.

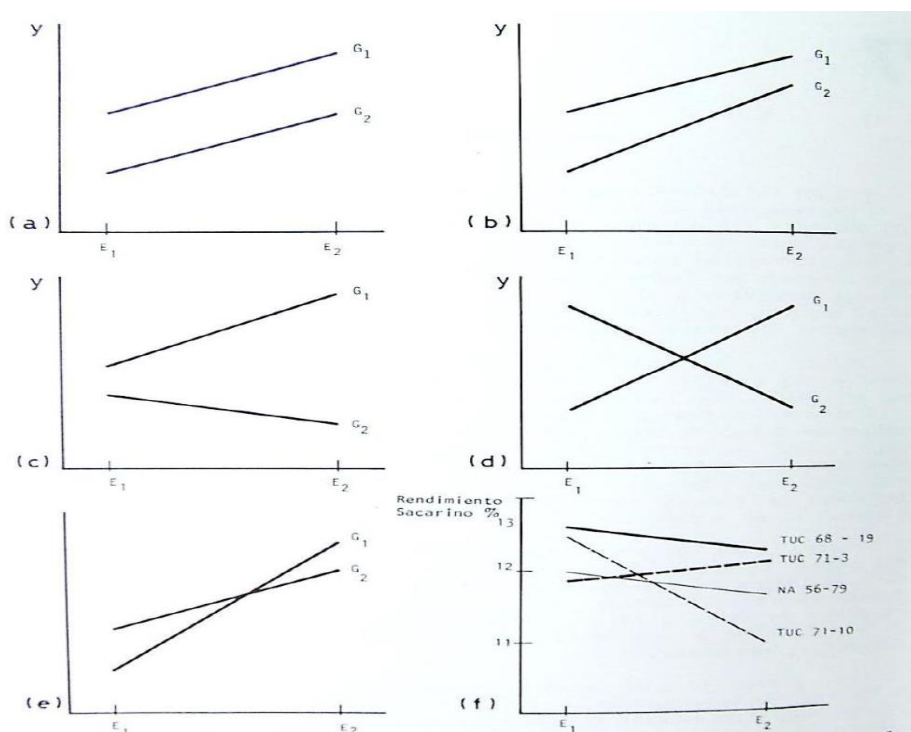
(a): aunque hay importantes diferencias entre genotipos y entre ambientes hay constancia (paralelismo) en las diferencias por lo tanto no hay interacción (GxE);

(b) y (c): la magnitud de las diferencias entre los genotipos depende de los cambios en el ambiente (no hay paralelismo en las tendencias) por lo tanto hay (GxE). Como en los distintos ambientes no se registra un cambio en el orden de mérito de los genotipos se trata de una interacción de tipo CUANTITATIVA,

(d) Los valores de las diferencias entre los genotipos considerando los 2 ambientes son de la misma magnitud, pero de signo contrario determinando un fuerte cambio en el orden de mérito de los genotipos por lo tanto hay interacción CUALITATIVA;

e) Los valores de las diferencias no son de la misma magnitud pero se evidencia un cambio en el orden de mérito de los genotipos en relación con los ambientes, por lo tanto hay interacción CUALITATIVA;

f) Se incluye > n° de variedades y ambientes presentando distintos tipos de interacción. Proponer ejemplos



Fuente: Mariotti J.A.. 1986.

Entonces se puede considerar que la (GxE) determina diferencias en el comportamiento relativo de un conjunto de genotipos o variedades cuando son evaluados en ≠ ambientes (por ej.: ≠ años, ≠ localidades, ≠ años y localidades, ≠ ambientes de cultivo, ≠ grado de salinidad, ≠ grado de sequía, ≠ grado de frío, etc).

Si hubiera GxE la Varianza fenotípica tiene un componente más que debe ser tenido en cuenta, la varianza de la interacción (GxE).

Así: $V_F = V_G + V_E + V(G \times E)$

Si los \neq ambientes fueran años (γ) y localidades (l), surge que:

$$h^2a = \frac{\sigma^2G}{\sigma^2G + \sigma^2(g \times l) + \sigma^2(g \times \gamma) + \sigma^2(g \times l \times \gamma) + \sigma^2e}$$

σ^2e = varianza del error experimental

σ^2G = varianza genética

$\sigma^2(g \times l) + \sigma^2(g \times \gamma) + \sigma^2(g \times l \times \gamma) = \sigma^2(G \times E)$

Esto puede ser resuelto por un ANOVA

Si existe $(G \times E)$ pero no la conocemos y como consecuencia no la separamos, estamos sobreestimando la V_G y, por lo tanto, la h^2a

Importancia agronómica: Si no hay $(G \times E)$ el mejor genotipo o variedad para un ambiente puede ser recomendado para todos los ambientes evaluados. Llevado al extremo utópico se trataría de “variedades universales”, su comportamiento sería superior en todos los ambiente

Si hay $(G \times E)$ entonces recomendaremos una variedad específica para cada ambiente específico. La de mejor comportamiento esperado para cada ambiente.

Bibliografía

La indicada en clase 3 pág 15 a la que se agrega:

- 1- Griffiths A. J. F., J. H. Miller, D.T. Suzuki, R.C. Lewontin y W.M. Gelbart. 1998. Genética. 5ta edición. Ed. Mc Graw-Hill / Interamericana de España, S.A. . Madrid, España. ISBN 84-486-0106-8

FUENTES DE VARIABILIDAD GENÉTICA

La existencia de variabilidad genética es condición necesaria para la evolución y para la MG. La mutación y la recombinación son 2 de las propiedades genéticas del ADN. La mutación es la fuente primaria de variabilidad genética sobre la que la selección natural ha actuado y sigue actuando, dando lugar a la biodiversidad de todos los tiempos de la evolución. La recombinación (nuevas combinaciones génicas en relación al origen paterno/materno) no crea nueva variabilidad, sino que explota al máximo la generada por las mutaciones para exponer un mayor espectro de variación mediante las nuevas combinaciones.

Mutaciones génicas: son la consecuencia de cambios ocurridos en la secuencia de bases del ADN. Pueden ser espontáneas e inducidas,

Mutaciones cromosómicas: estructurales, numéricas (aneuploidía y euploidía)

Pueden ser beneficiosas o perjudiciales, dominantes o recesivas (son más frecuentes)
Muchas mutaciones espontáneas beneficiosas han sido identificadas y transferidas para grandes logros en la MG.

Mutaciones espontáneas

Ocurren espontáneamente en la naturaleza en las poblaciones naturales(PN) o también en las poblaciones mejoradas (PM) o genotipos seleccionados. Originan nuevos alelos.
Pueden ser beneficiosas o perjudiciales, dominantes o recesivas (son más frecuentes).

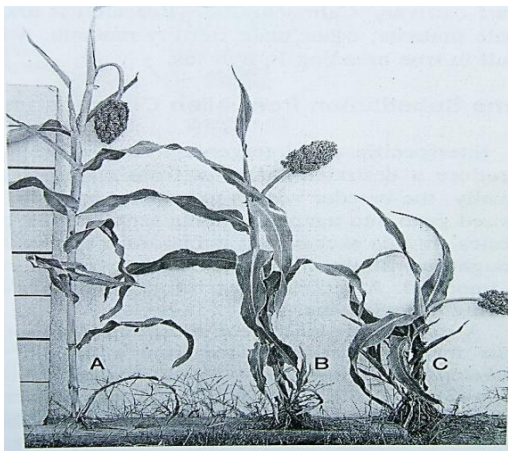
Muchas mutaciones espontáneas beneficiosas han sido identificadas y transferidas para grandes logros en la MG

La transposición (transposones o elementos genéticos móviles) también origina mutaciones

Ejemplos de mutaciones espontáneas:

Genes “dwarfing”, mutantes para enanismo: se aplicaron exitosamente a la mejora de trigo, arroz, sorgo.

Su utilización en trigo y arroz permitió el desarrollo de las variedades enanas de la RV. En sorgo: se encontraron en el campo mutantes portadores de los alelos (dw2, dw4) para enanismo, su transferencia a las variedades en uso resolvió el problema de la cosecha mecánica del sorgo bajando la altura de las plantas.



En maíz, las mutaciones espontáneas (aún las perjudiciales) se consideran tan importantes que se ha creado una colección y una base de datos (data base) mundial de mutantes del maíz (maize DB).

Muchas de ellas presentan aspectos perjudiciales, pero en el caso de no ser letales podrían tener alguna aplicación en el futuro cuando sean más estudiadas. Dos ejemplos son el mutante “white spot” (moteado blanco) o el “adherent” (adherente) cuyas hojas terminales parecen estar adheridas.

Un ejemplo de mutante beneficioso de reciente aplicación es el llamado “opaco 2” que se caracteriza por presentar proteínas de reserva (zeínas) enriquecidas con > concentración de AA esenciales como lisina y triptófano, los cuales no pueden ser sintetizados por los monogástricos. Mutante “spot”
Mutante “adherent”.

Mutante "spot"



Mutante "adherent"



Granos del mutante "opaco 2"



Aplicaciones del mutante "opaco 2"

☒ La proteína del maíz carece de niveles adecuados de lisina y triptofano, que no pueden ser sintetizados por humanos y monogástricos.

☒ 1960: descubrimiento del gen opaco-2 (codifica para proteína con > lisina y triptófano)

☒ Las 1as variedades obtenidas portadoras del "opaco 2" presentaron menor rendimiento, endospermo harinoso y susceptibilidad a la enfermedad "pudrición de mazorca".

☒ El CIMMYT (Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo) continuó los trabajos de MG y logró incorporar además del "opaco 2" genes modificadores del endospermo y otras características deseables obteniendo las variedades QPM (maíz con proteína de calidad).

El maíz QPM es semejante al maíz normal en rendimiento y la calidad física del grano, pero tiene casi el doble de lisina y triptofano, lo cual aumenta su valor nutritivo.

El maíz QPM es especialmente adecuado para:

- poblaciones muy pobres que se alimentan principalmente de maíz.
- como ingrediente en las fórmulas alimenticias para los cerdos y las aves de corral.

En el último decenio, el CIMMYT y sus colaboradores han generado y promovido las variedades e híbridos QPM, que actualmente

Mutagénesis inducida

En la MG cuando se agota la variabilidad disponible se debe recurrir a generarla artificialmente mediante el uso de agentes mutagénicos: se siembran en 25 países en desarrollo.

Químicos: por ej (EMS, ETS, ác. Nitroso, AP, etc.)

Físicos: radiaciones no ionizantes (UV); radiaciones ionizantes (rayos X, gama, alfa, neutrones, laser)
La dosis resulta de la intensidad y la duración de la exposición.

Variación somaclonal: es la que se genera por mutaciones que ocurren durante la aplicación de técnicas de cultivo in vitro.

¿Las variedades transgénicas conocidas actualmente generan nueva variabilidad? ¿Son nuevos mutantes? o recombinan la variabilidad existente?

Mutaciones dirigidas (de sitio específico): implica un cambio específico en la secuencia de bases de un gen (ADN codificante) que se produce in vitro (en el laboratorio) con el fin de crear formas modificadas de un producto génico (\neq proteínas)

Consideremos un gen que es producto de una mutación de sitio específico, que no es copia exacta de ninguna secuencia codificante presente en algún ser vivo, se transfiere a una planta por ingeniería genética. ¿Esa planta transgénica sería un recombinante o un nuevo mutante?

Algunos ejemplos de mutaciones inducidas aplicadas a MG

Mutantes erectoides en cebada

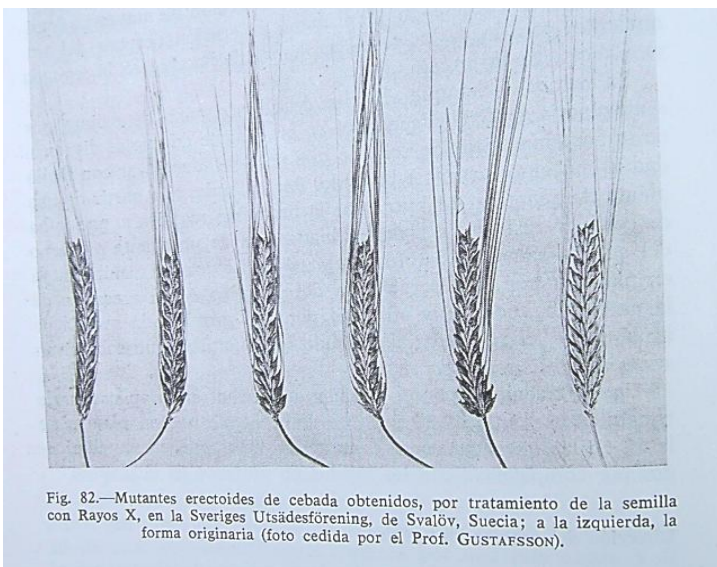


Fig. 82.—Mutantes erectoides de cebada obtenidos, por tratamiento de la semilla con Rayos X, en la Sveriges Utsädesförening, de Svalöv, Suecia; a la izquierda, la forma originaria (foto cedida por el Prof. GUSTAFSSON).

Mutantes para altura y densidad de la espiga en trigo

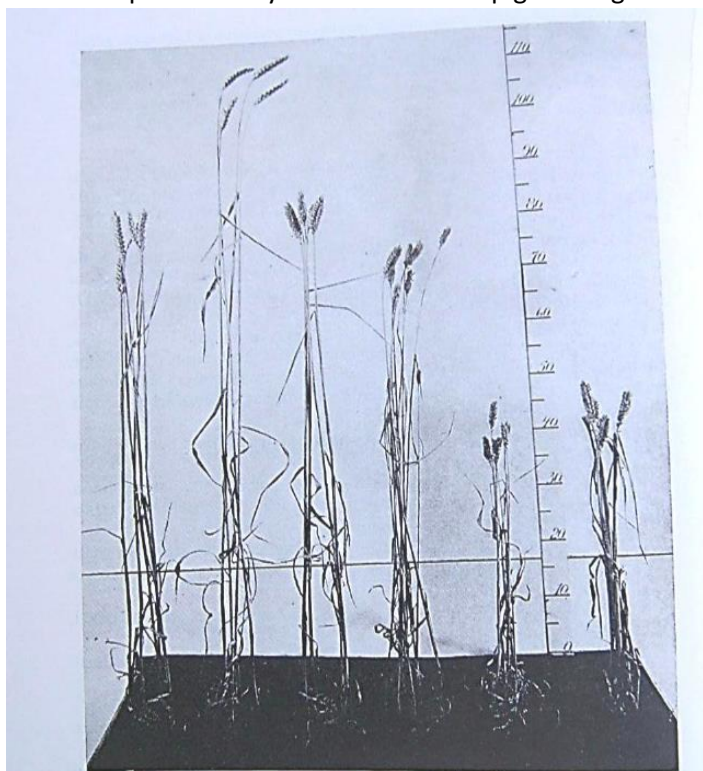


Fig. 83.—Mutantes para estatura y densidad de espiga obtenidos por irradiación del trigo "Scandia III" en la Sveriges Utsädesförening, de Svalöv, Suecia; de izquierda a derecha: mutante de paja corta con espiga normal, forma originaria, dos mutantes de paja corta y espiga compacta, dos mutantes enanos y de espiga compacta (foto cedida por el Prof. MAC KEY).

Mutantes para forma, nº de pétalos y tamaño de la flor en *Potentilla fruticosa* (ornamental). En el centro se observa el fenotipo silvestre



Quimeras

Quimeras

Las mutaciones somáticas conducen a la formación de quimeras (mosaico de tejido mutado + tejido normal). Estas surgen de la mutagénesis inducida (por ej con rayos X) aplicada a yemas (meristemas apicales). Las ramas que se formen de yemas 2as que estén formadas únicamente por tejido mutado pueden ser el punto de partida de un clon mutante, mientras que las que sólo estén formadas por tejido normal serán normales. El clon mutante puede ser obtenido por enraizamiento de estacas o por cultivo de tejidos in vitro.

Las mutaciones de yema han dado origen por ej. a variedades actuales de ananá y a variedades de muchas plantas ornamentales.

Variación somaclonal

Durante el cultivo in vitro, cuando los tejidos pasan por fases de des-diferenciación, se producen alteraciones que pueden originar cambios genéticos (mutaciones) en las plantas regeneradas originando la "variación somaclonal" .

Estas mutaciones, las que sean beneficiosas, pueden ser utilizadas en programas de mejoramiento de plantas para transferir caracteres deseables durante la obtención de nuevas variedades.

Luego de producidas las mutaciones inducidas, cuál es el procedimiento que conduce a su aprovechamiento en la MG ?

El procedimiento indicado para la transferencia de alelos mutantes beneficiosos es el de "retrocruza". Esto implica el cruzamiento del mutante (libre de otras mutaciones perjudiciales) con una buena variedad para transferirle el nuevo alelo beneficioso. Luego, es necesario continuar con sucesivas retrocruzas con esta buena variedad (progenitor recurrente) para recuperar sus buenas características. Así, se logra una nueva variedad con las buenas características del "progenitor recurrente" + el aporte beneficioso del alelo mutante proveniente del "progenitor donante". Los detalles de este método se analizarán oportunamente.

Otra forma sería la transferencia horizontal (vía ingeniería genética) para la obtención de variedades transgénicas de especies distantes que expresen el alelo mutante del donante.