



CONFERENCIA
FORESTAL
JUL 13 -14 **2023**

El Rol de la Selección Genómica en los Programas de Mejoramiento Genético

Por: Luis Fernando Osorio A.

ORGANIZAN



Contenido

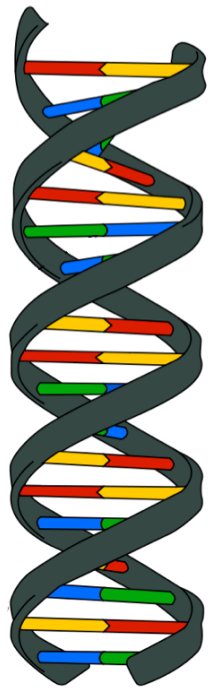
Selección Genómica

Marcadores Genéticos

Proceso de SG, Métodos y Modelos

Casos de la Selección Genómica en Forestal

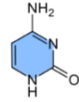
Conceptos Genéticos



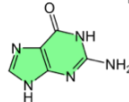
DNA
Deoxyribonucleic acid

Wikipedia

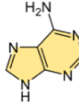
Cytosine **C**



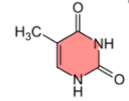
Guanine **G**



Adenine **A**



Thymine **T**



Nucleobases
of DNA

Un gen es una secuencia de ADN localizada en sitios específicos de los cromosomas y que contiene información para elaborar proteínas que conducen a la expresión de una característica o rasgo físico.

Instituto Nacional del Cancer (USA)

Dogma Central de ADN

ADN



ARN



Aminoácidos



Proteínas

Conceptos Genéticos

- Alelos son formas diferentes de un gen (Polimorfismo). Los organismos diploides heredan un alelo de cada progenitor:

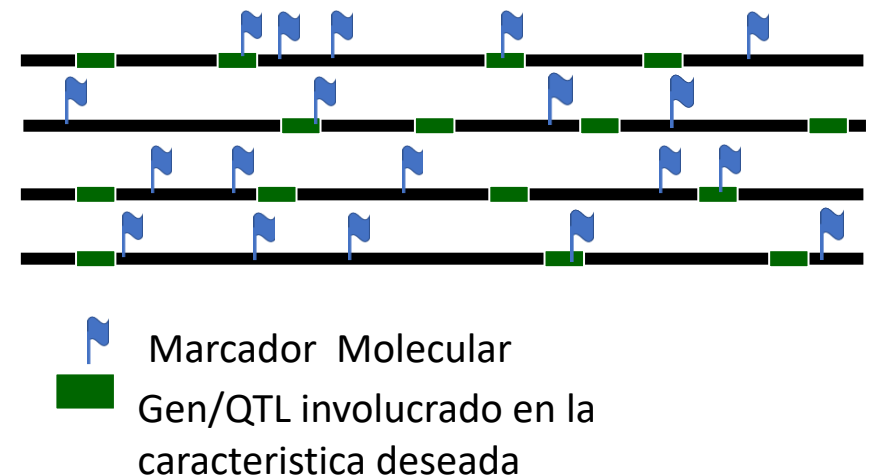
CG x CG ==> (CC, CG, GG)

- Mutaciones son cambios que modifican la función de un gen:

...CGA**A**CATAC...
...CGA**C**ATACG...
...CGA**A**TACGT...

Marcadores Moleculares

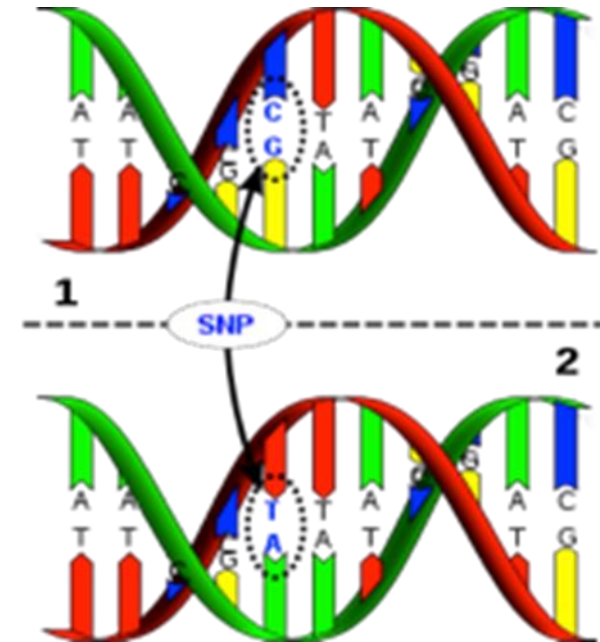
- Marcador molecular (MM) es una secuencia de ADN con una ubicación física específica en un cromosoma y cuya herencia se puede rastrear.
- Se utilizan en selección asistida con marcadores (SAM) y en estudios de asociación del genoma completo (GWAS) que maneja un mayor número de marcadores y asiste en SAM



Marcadores Moleculares

- RAPD
- AFLP
- SNP
- RFLP
- SSR

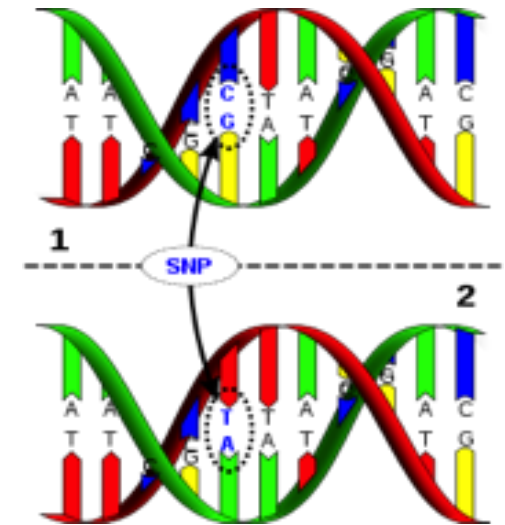
SNP (Single Nucleotide Polymorphism) o polimorfismo de un solo nucleótido es un cambio de una base en la secuencia del ADN



SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*)

Características

- Constituyen la fuente más abundante de variabilidad genética
- Son codominantes
- Tienen un alto nivel de polimorfismo (variabilidad)
- Son confiables/ alta reproducibilidad
- Requieren cantidades bajas de ADN
- Fáciles de analizar en procesos automatizados
- Costo bajo



QTL y Estudios de Asociación Genética

- Búsqueda de QTLs o Loci Cuantitativos: regiones del genoma con un efecto importante sobre dichos caracteres
- Es la evaluación de variaciones comunes en diferentes individuos para observar si hay algunos marcadores asociados con un rasgo en particular.
 - Normalmente, se comparan dos grupos de individuos: Individuos con enfermedad vs Individuos sin enfermedad.
 - Si un marcador (SNP) es más frecuente en individuos con la enfermedad, entonces se dice que este marcador está asociado con esa enfermedad (QTL).

Selección Genómica

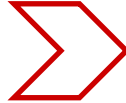
- Propone un genotipado denso del genoma y usar los marcadores como efectos aleatorios
- El objetivo es predecir simultáneamente el efecto aditivo de cada marcador y el valor genómico de los fenotipos.
- GS utiliza los datos de marcadores de dos formas diferentes:
 - Modelando la relación entre individuos y
 - Considerando marcadores que están en desequilibrio de ligamiento (LD) con QTL relevantes, estimando sus efectos.

Selección Genómica

Pob. de Entrenamiento

TRN

Fenotipado
+ Genotipado



Pob. de Prueba

TST

Genotipado



GBV

$$GBV_i = \sum_{j=1}^p x_{ij} \beta_j$$

Se ajusta un modelo lineal para estimar rasgos de interés utilizando marcadores como variables predictoras

Correlación :

- Habilidad Predictiva (PA): $corr(y, \hat{y})$
- Precisión de la Predicción : $corr(g, \hat{g}) \rightarrow \frac{PA}{h}$

Métodos y Modelos de SG

El problema de la Dimensionalidad
 $n \ll p$

- Métodos Paramétricos

G-BLUP, RR-BLUP

Alfabeto Bayesiano

Bayes A, Bayes B, Bayes Cπ,

Bayes RR, Bayesian LASSO

- Métodos Semi-Paramétricos

RKHS

- Métodos no-Paramétricos

Support Vector Machine,

Neural-Networks

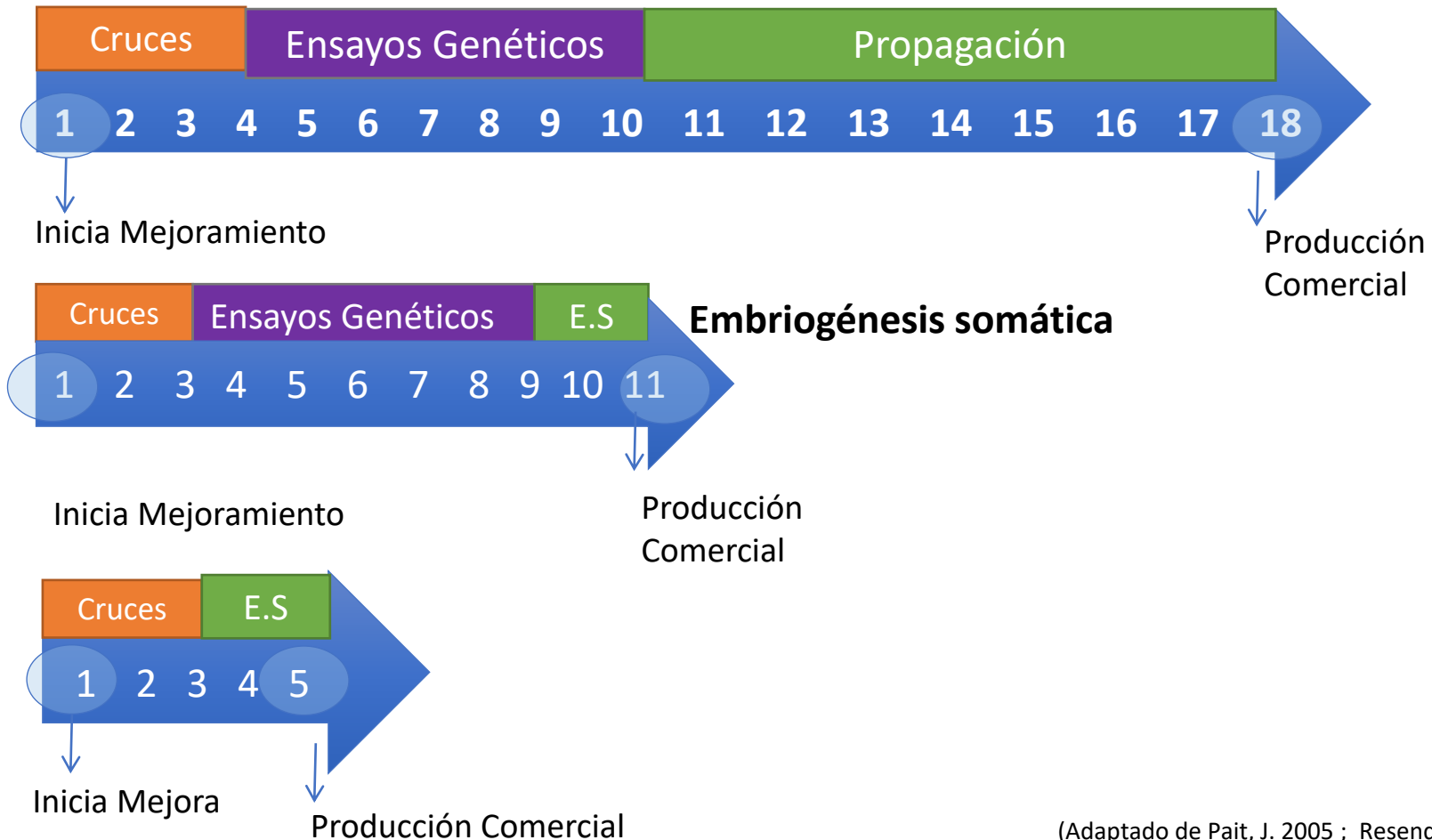
Modelos

- Aditivo: $Y = E+G$
- Aditivos y no-aditivos: $Y = E+G+D+I$
- Interacción GxE: $Y = E+G+GE$
- Multivariados: $Y = E+T+G+GE+GT+GTE$

Ventajas de la Selección Genómica

- Permite la predicción de individuos sin registros fenotípicos
- Se reduce el establecimiento de ensayos genéticos
- Se reduce el ciclo de mejoramiento y se aumentan las ganancias genéticas para muchos rasgos
- Aumenta la precisión de las predicciones al usar la matriz de marcadores
- Facilita la predicción de rasgos difíciles de evaluar

Reducción del Ciclo de Mejoramiento



(Adaptado de Pait, J. 2005 ; Resende, M y Acosta JJ,2011)

Listado de Estudios de SG en el área Forestal

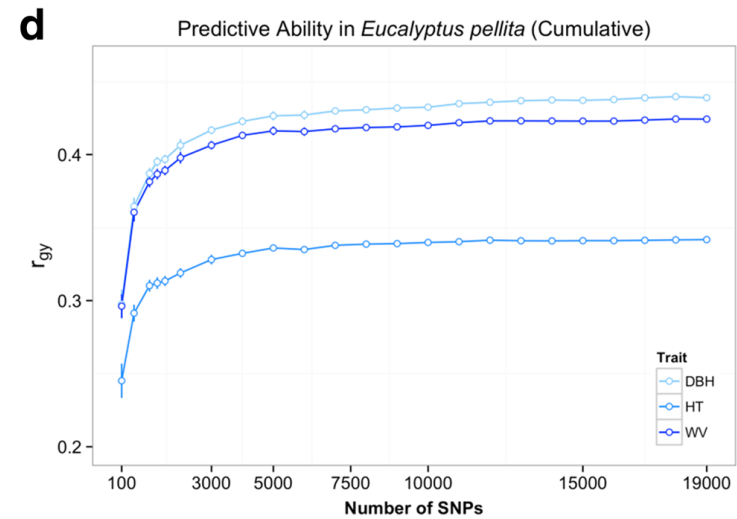
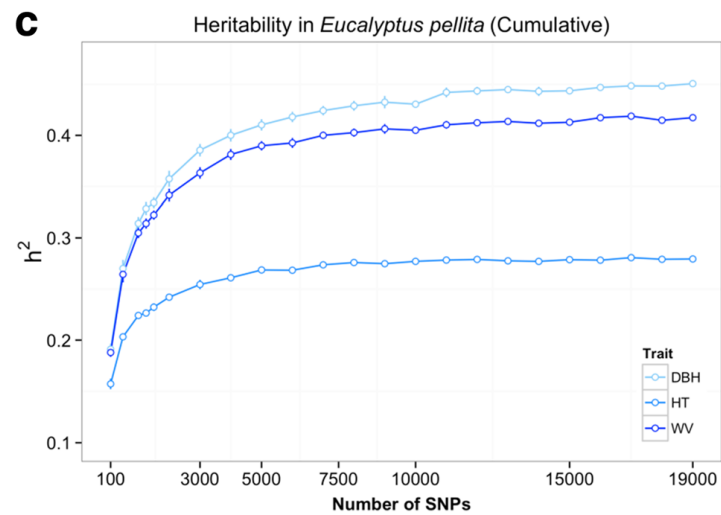
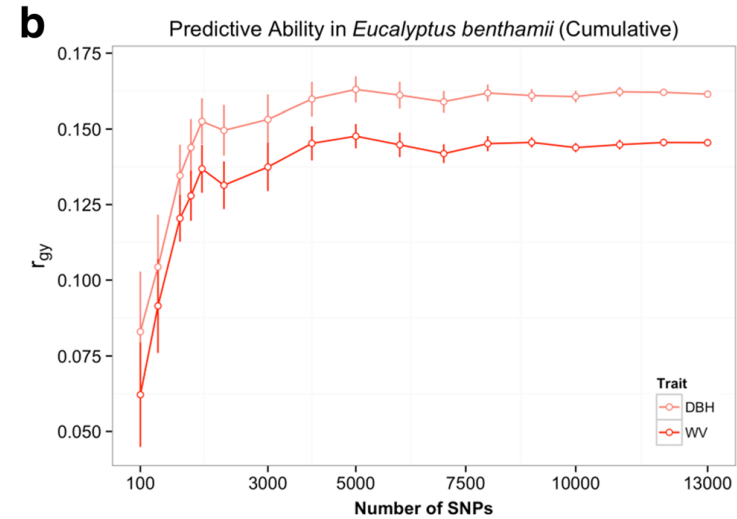
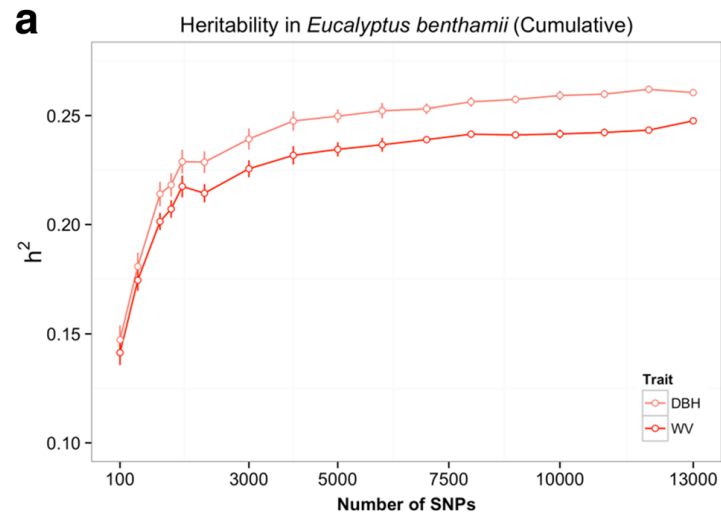
Genus	Estudios	Especies e Híbridos	Predominante			
			Especie/hibrido	Marcadores	Métodos	Rasgos
Eucaliptos	20	9	E. grandis x E. urophylla	SNP	GBLUP	Crecimiento
Picea	13	4	P. glauca			
Pinos	13	7	P. taeda			
Otras spp.	13	7	Hevea brasiliensis			

Levedev et al. Forests 2020, 11, 1190; doi:10.3390/f11111190

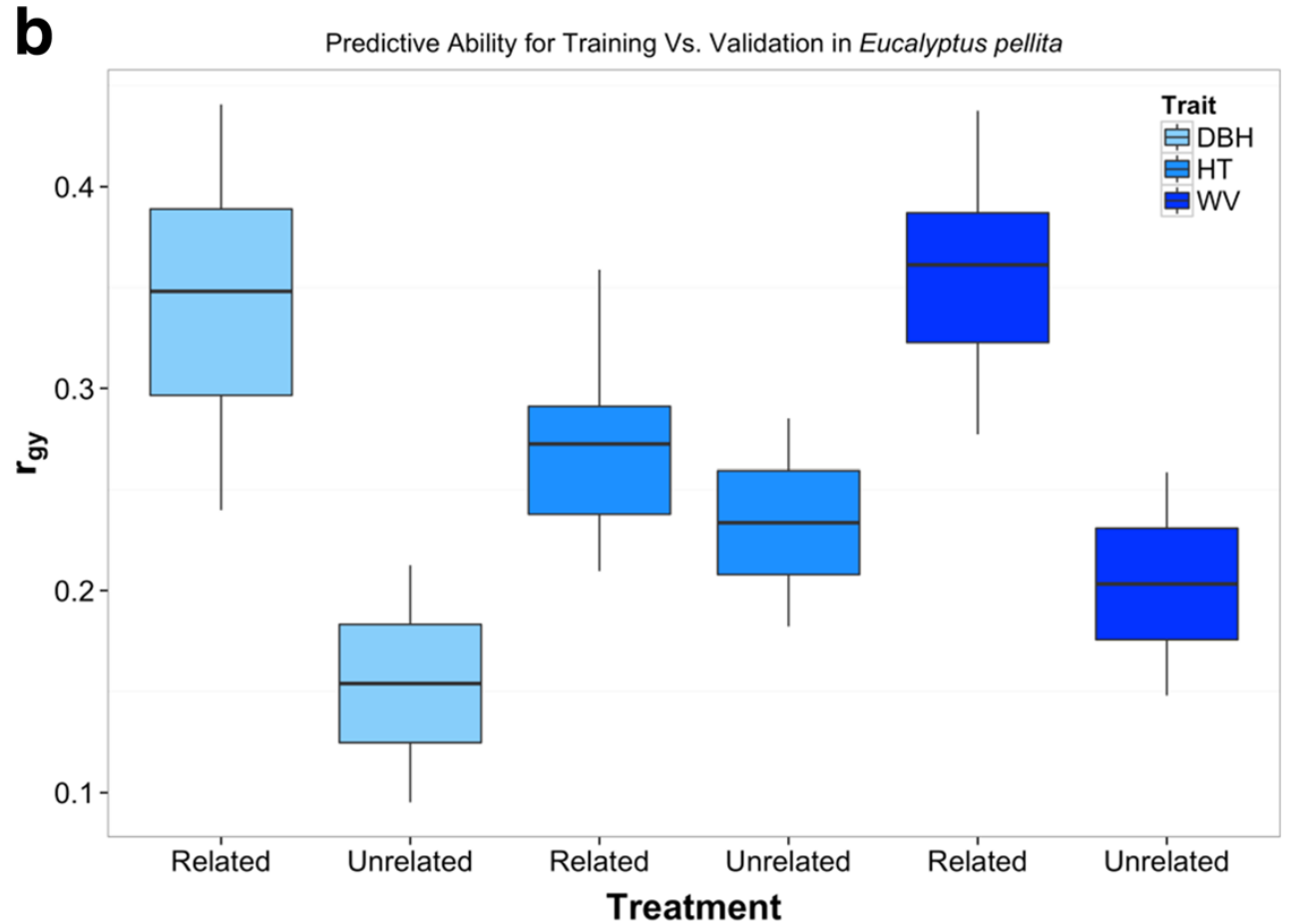
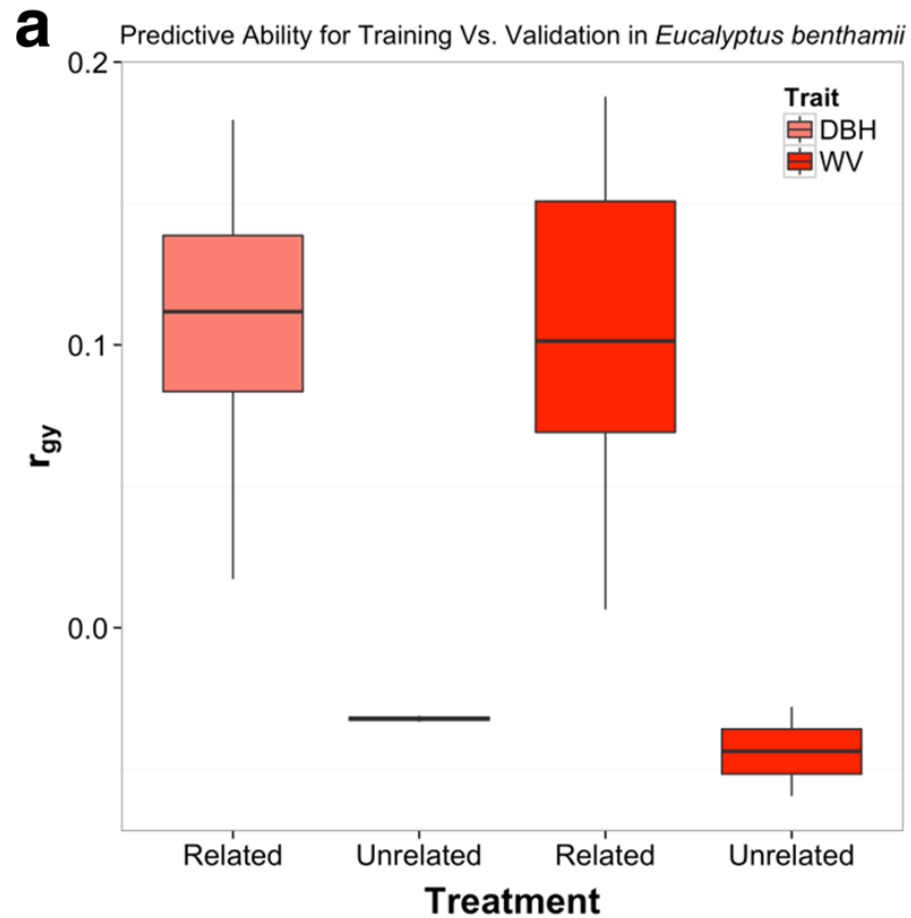


Eucalyptus urophylla Mexico

Heredabilidad y Habilidad Predictiva en Función del Número de Marcadores Moleculares



Efecto de la Relación Entre las Poblaciones de TRN y TST en la Habilidad Predictiva

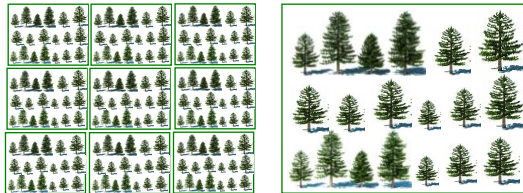


GS en Grupos Familiares de Validación Cruzada

SG con Datos Reales y Simulados

- Estimación de GEBV/GWFP, PA :
 - Individual
 - Grupos familiares

Grupo de Familias



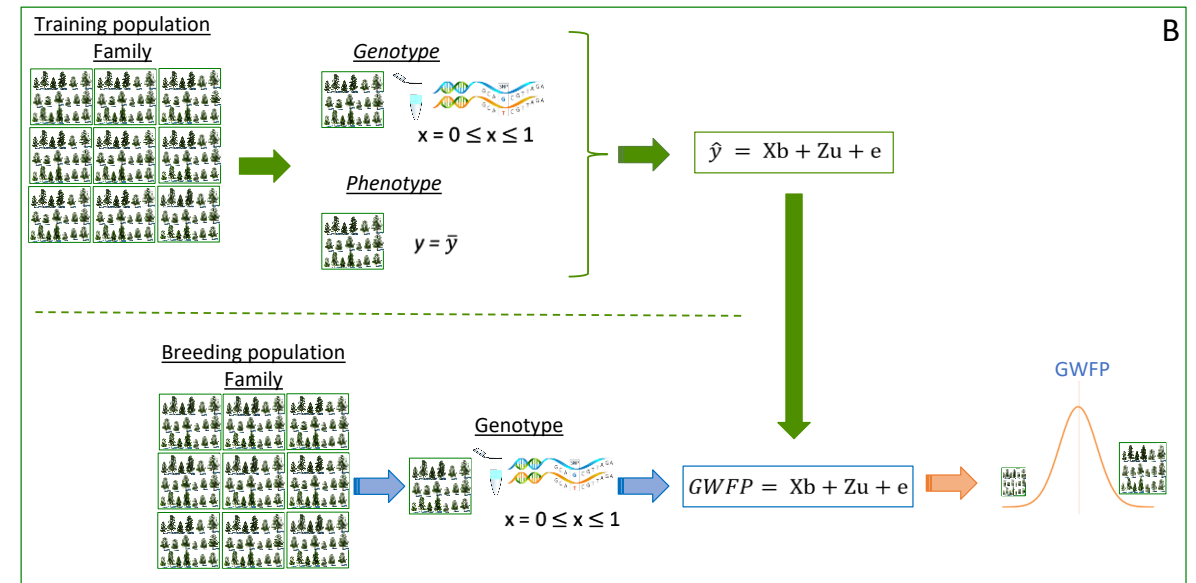
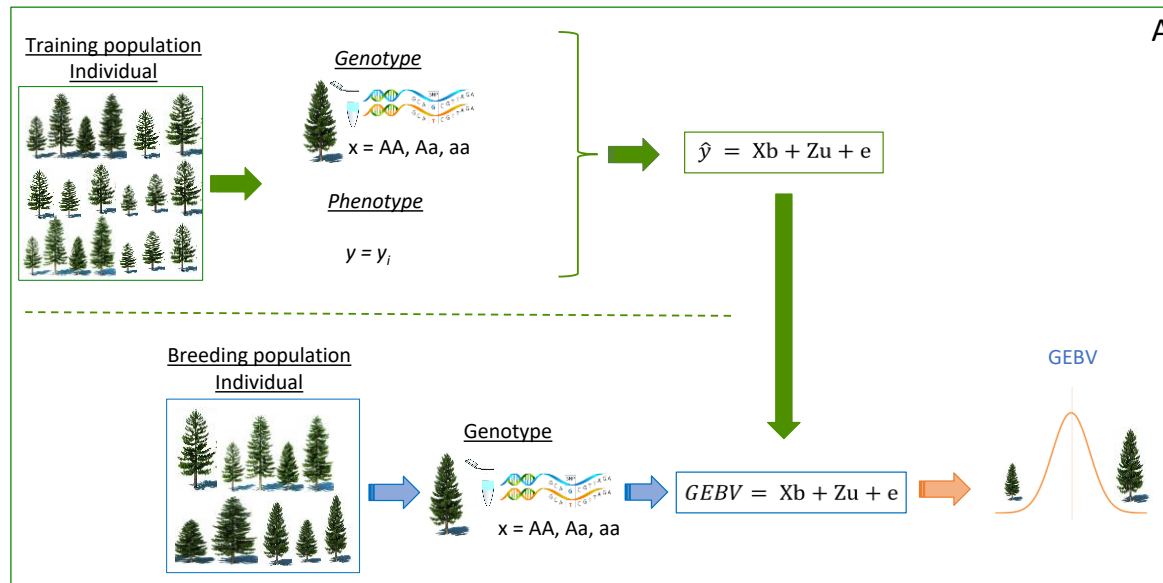
- Fenotipado:
 - Lignina, MOE, DAP, Roya
- Genotipado: 4740 SNP
- Métodos: Bayes B, BRR

Validación Cruzada

- (10-Fold) 10 grupos de datos
- (LOO) dejar un grupo/individuo afuera

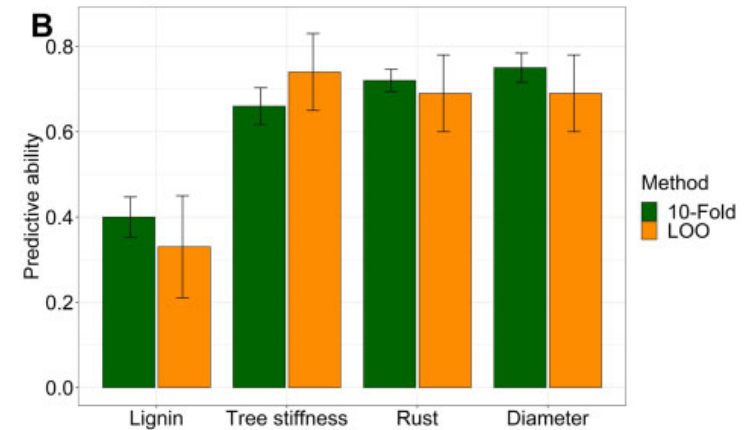
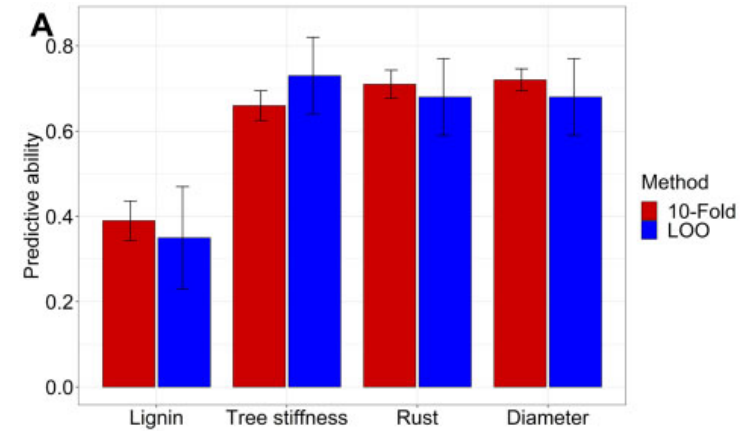
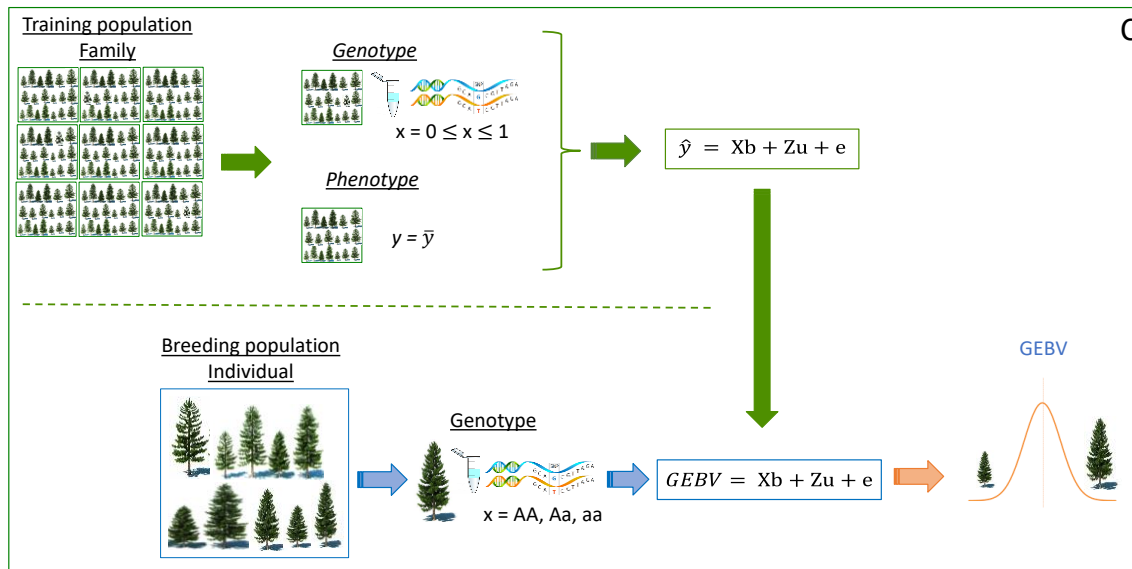
Escenario	TRN	VAL
GEBV	830	93
GWFP_Fam_Ind	59 fam	422 ind
GWFP_Fam_Fam	59 fam	59 fam
GWFP	56 fam	7 fam

Escenarios de Validación Cruzada



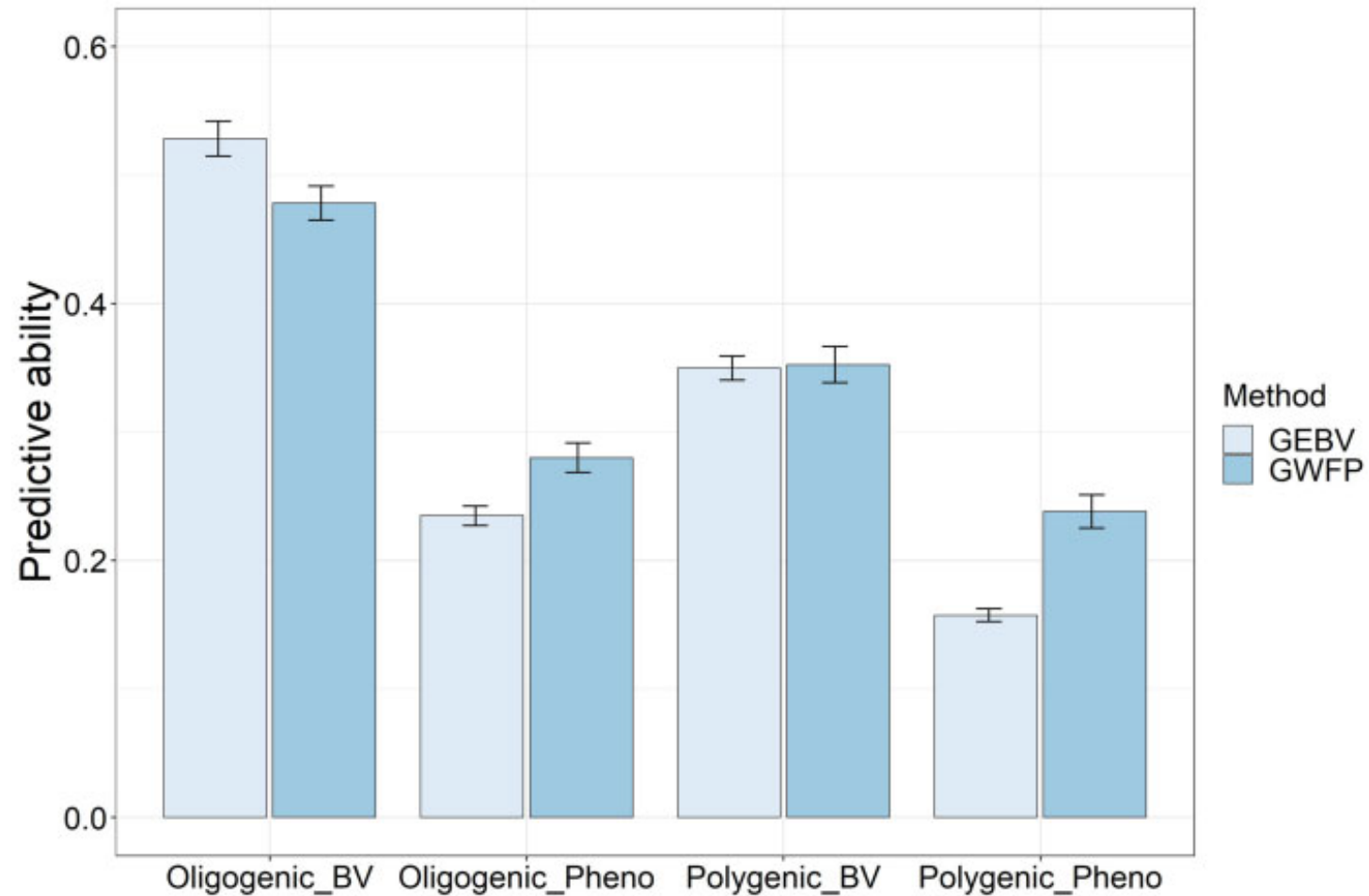
Escenarios de Validación Cruzada

Rios, et al. G3, 2021, 11(9). DOI: 10.1093/g3journal/jkab249

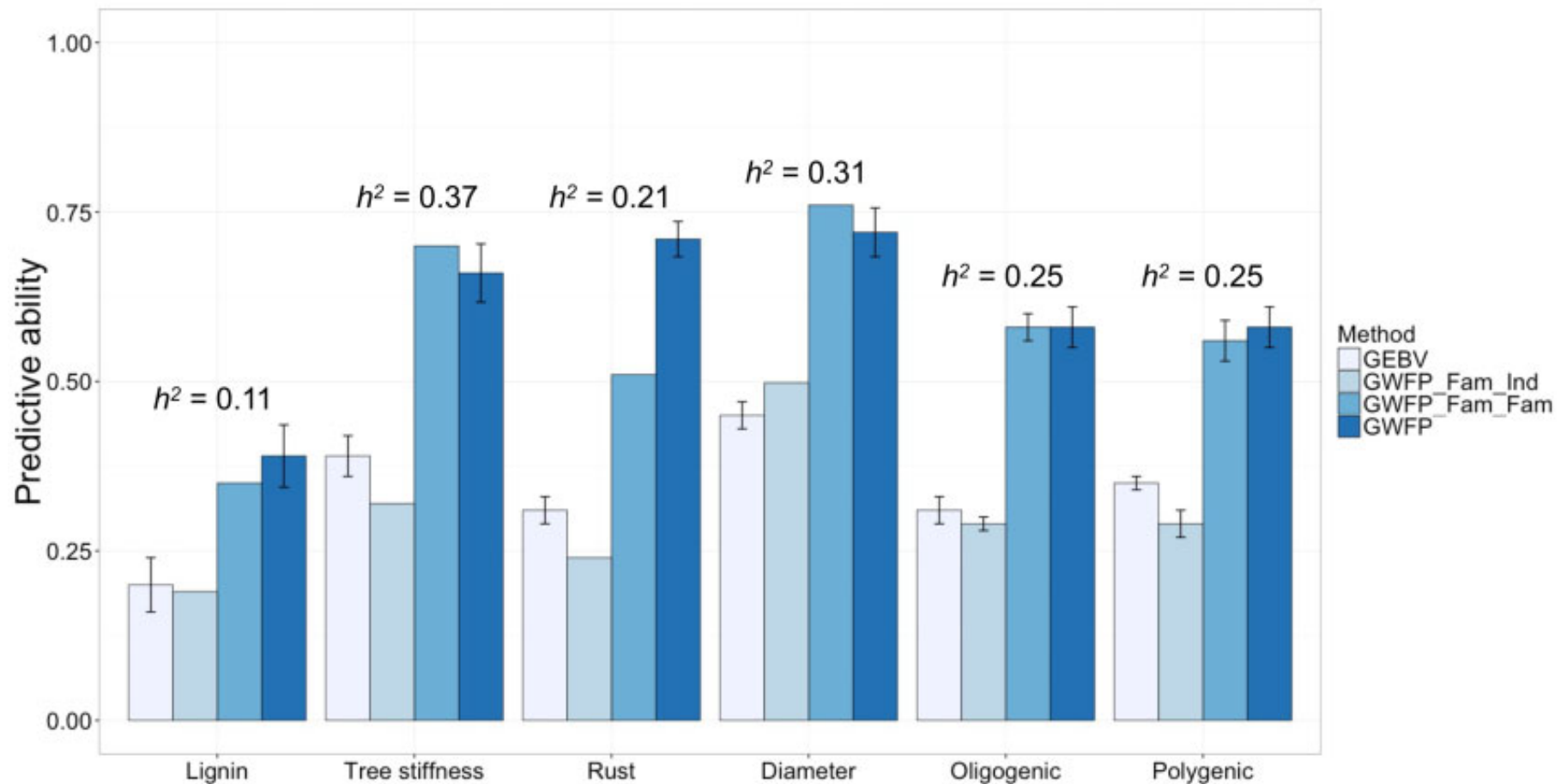


Efecto del método de Validación en la Habilidad Predictiva

Efecto de rasgos Oligogénicos y Poligénicos en la Habilidad Predictiva (_Pheno) y Precisión de los Estimados (-BV)



Efecto de los Grupos Familiares en la Habilidad Predictiva Usando Validación Cruzada



Conclusiones

- La investigación de la SG en los Programas de Mejoramiento Genético de árboles es lenta y orientada a especies con alto valor comercial
- La implementación de la SG es baja y ocurre más frecuentemente en especies de rápido crecimiento
- El mayor beneficio de la SG radica en la predicción de familias, genotipos o clones sin información fenotípica

