

ISBN: 970-27-0770-6

LA DISTANCIA GENÉTICA ESTIMADA POR MARCADORES MOLECULARES EN LA PREDICCIÓN DEL COMPORTAMIENTO DE PROGENITORES DE CRUZAS SIMPLES EN MAÍZ

¹Salvador Mena Munguía, ¹Mario Abel García Vázquez
¹J. Jesús Sánchez González, ¹Florencio Recendiz Hurtado
¹José Ron Parra, ¹Norberto Carrizales Mejía, ¹Rogelio Lepiz Ildelfonso.

¹ Profesor Investigador del Departamento de Producción Agrícola, CUCBA- U de G.

Introducción

Es impostergable probar nuevas técnicas de mejoramiento genético de maíz como el uso de marcadores genéticos que permitan hacer más eficiente la obtención de nuevos híbridos. En este caso se plantea que las pruebas de aptitud combinatoria tradicionales requieren cuando menos de dos ciclos de cultivo, uno para formar las cruzas y otro para evaluarlas, lo cual podría ser abreviado si se obtienen los mismos resultados a través de la utilización de la distancia genética determinada mediante el uso de marcadores genéticos, como criterio para predecir las mejores combinaciones de líneas progenitoras en la formación de híbridos, en base a esto se plantearon como objetivos del trabajo; i) identificar las mejores cruzas simples de maíz por medio de la aptitud combinatoria específica y el cálculo de la distancia genética y ii) determinar las ventajas y desventajas que ofrece el uso de los marcadores genéticos en comparación con la técnica tradicional de la aptitud combinatoria. Se parte de la hipótesis de que el uso de la técnica de marcadores genéticos permite hacer más eficiente la selección de cruzas simples de maíz ahorrando tiempo y recursos, en comparación con la estimación tradicional de la aptitud combinatoria mediante diseños genéticos.

La aptitud combinatoria se define como “el comportamiento relativo de líneas ó variedades usadas como progenitores” (Allard 1975, Brauer 1981 y Robles 1982). Este comportamiento puede ser específico ó general. El primero se evalúa por la capacidad de rendimiento de cada una de las cruzas así como por el potencial de cada combinación híbrida en particular. Y el segundo se mide por el promedio de rendimiento de una línea o variedad al aparearse con varias otras.

Sprague y Tatum (1942) clasifican dicha aptitud en general y específica y establecen que el término de aptitud combinatoria general (ACG) se usa para designar el comportamiento promedio de una línea en diferentes combinaciones híbridas, mientras que el término de aptitud combinatoria específica (ACE) es para aquellos casos en los cuales ciertas combinaciones son relativamente mejores o peores de lo que se esperaría en el comportamiento promedio de las líneas involucradas.

La distancia genética por semejanza entre dos genotipos, poblaciones ó individuos puede ser calculada por varias medidas estadísticas dependiendo de la serie de datos. La

discusión sobre varias medidas de la distancia están disponibles en la literatura (Felsenstein, 1984; Nei, 1987; Weir, 1990, 1996; Beaumont et al, 1998).

La medida de la distancia directa o euclidiana es la forma estadística más comúnmente usada para la estimación de la distancia genética (GD) entre individuos (genotipos o poblaciones) por datos morfológicos. La distancia euclidiana entre dos individuos i y j teniendo observaciones sobre caracteres morfológicos (p) simbolizado por x_1, x_2, \dots, x_p y y_1, y_2, \dots, y_p para i y j respectivamente, puede ser calculada por la siguiente fórmula:

$$d_{(i,j)} = [(x_1 - y_1)^2 + (x_2 - y_2)^2 + \dots + (x_p - y_p)^2]^{1/2}$$

En base a los datos obtenidos por medición de características cuantitativas en líneas mejoradas. Smith et al (1989) aplican otra medida de distancia como sigue:

$$d_{(i,j)} = \sum [(T_{1(i)} - T_{2(i)})^2 / \text{var}T_i]^{1/2}$$

Donde T_1 y T_2 son los valores de la i -ésima característica las líneas mejoradas 1 y 2, respectivamente y la $\text{var}T_{(i)}$ es la varianza para la i -ésima característica sobre todas las líneas mejoradas.

Gower (1971) describió un coeficiente general para la medición de la distancia genética entre individuos en base a varios tipos de características tales como el dicotómico cuantitativo y el cuantitativo. Para características cualitativas la distancia genética entre dos individuos es registrada como 0 (si hay un opuesto) y 1 (si hay no opuesto). Para caracteres cuantitativos la distancia entre dos individuos es calculada como la diferencia en los valores de la característica divididos entre el rango total para la característica.

Este método convierte las distancias para caracteres cuantitativos a valores específicos en una escala de 0 a 1; esto permite al mismo tiempo usar ambos tipos de datos cuantitativos y cualitativos en la generación de una matriz de distancia. Para este propósito las distancias de los caracteres individuales para cada par de individuos se suman y luego se dividen entre el número de caracteres registrados en ambos individuos.

Materiales y métodos

El material genético que se utilizó en el presente trabajo fue proporcionado por el Centro Internacional de Mejoramiento en Maíz y Trigo (CIMMYT) y consistió en dos grupos de líneas pertenecientes a grupos heteróticos complementarios, las líneas fueron derivadas a partir de la generación F_2 de cruza entre líneas elite QPM x líneas elite normales.

En el cuadro 1 se enlistan las líneas derivadas por reciclaje, por selección genealógica y elegidas para el presente trabajo.

Cuadro 1. Líneas que integran los grupos heteróticos participantes en el estudio.

Líneas del grupo heterótico “A”	Líneas del grupo heterótico “AB”
L1. (CML147 x CL-RCW01)-B-4-1	L8. (CLQ-6203 x CL-04321)-B-10-1
L2. (CML147x CL-RCW01)-B-10-2	L9. (CLQ-6203 x CL-04321)-B-15-1
L3. (CML147x CL-RCW01)-B-39-1	L10. (CLQ-6203 x CL-04321)-B-18-1
L4. (CML147xCL-RCW01)-B-61-2	L11. (CLQ-6203 x CL-04321)-B-21-1
L5. (CML173 x CL-RCW01)-B-15-3	L12. (CLQ-6203 x CL-04321)-B-23-1
	L13. (CLQ-6203 x CL-04321)-B-24-1
	L14. (CLQ-6203 x CL-04321)-B-26-3
	L15. (CLQ-6203 x CL-04321)-B-7-1
	L16. (CLQ-6203 x CL-04374)-B-7-2

Estimaciones de la distancia genética. La distancia genética se analizó en este estudio a través del coeficiente de Jaccard que consiste en una medida similar al coeficiente de correlación donde el valor máximo de uno se da cuando la similitud de los genotipos comparados es total y cero cuando difieren completamente, de tal manera que valores bajos expresan distancias genéticas grandes y viceversa.

En este estudio el cálculo del coeficiente de semejanza de Jaccard se hizo entre las líneas que participaron en cada cruce, cabe aclarar que en este análisis solo fue posible incluir 9 de las 14 líneas participantes (3 del grupo heterótico “A” y 6 del grupo heterótico “AB”) para la caracterización de dichas líneas se utilizaron 40 marcadores SSR. El coeficiente de asociación de Jaccard se basa en caracteres de presencia ó ausencia. Si se tienen dos líneas L_i y L_j y se definen las cantidades a_{ij} como el número de bandas en común entre las dos líneas, b_{ij} el número de bandas presentes en la línea L_i y ausentes en la línea L_j , C_{ij} el número de bandas ausentes en L_i y presentes en L_j , el coeficiente de Jaccard se define como:

$$S_{ij} = a_{ij} / a_{ij} + b_{ij} + C_{ij}$$

Método de agrupamiento. Esta técnica fue diseñada para formar grupos o clases de individuos; con base en una muestra de n objetos, cada uno de los cuales ha sido descrito en base a p variables. El análisis de agrupamiento intenta agrupar los objetos en clases, de tal manera que los individuos dentro de un grupo son mas similares en alguna forma, que los individuos de los grupos diferentes. Las técnicas de análisis de agrupamiento inician con una matriz de similitudes y los resultados por lo general se presentan en forma de dendogramas, un diagrama que ilustra las uniones que se llevan a cabo en cada etapa del procedimiento. Al inicio, los objetos representan, cada uno, un grupo; gradualmente, se van formando grupos, hasta que se llega a un grupo que incluye todos los objetos. Las estrategias mas comunes de análisis de agrupamiento fueron descritas por Lance y Williams (1967) con base en un algoritmo, dichas estrategias se presentan en varios textos (Everitt, 1978; Clifford y Stephenson, 1975).

Método de agrupamiento. El método de UPGMA (Unweighted Paired Group Method Arithmetic) por sus siglas en inglés es un algoritmo de agrupamiento, tal vez el mas utilizado, trabaja en base a promedios aritméticos de grupo, muestra buena concordancia con el pedigree por lo que proporciona buenos resultados con grupos heteróticos conocidos.

En este estudio se correlacionaron los coeficientes de Jaccard obtenidos con el rendimiento de los cruzamientos y la aptitud combinatoria general para definir si es factible predecir el comportamiento de estos parámetros a través de la distancia genética.

Resultados y discusión

El coeficiente de semejanza de Jaccard fue calculado para todos los pares de líneas, incluyendo las líneas usadas como control (CML 51 y CML 292). Dado que los valores cercanos a 1.0 indican semejanza completa, los valores bajos, cercanos a cero, reflejaran en consecuencia gran diversidad genética. En el Cuadro 12 se presenta la matriz diagonal de coeficientes de Jaccard para las 11 líneas analizadas con SSRs. Como podrá notarse, los valores dentro de grupos son notoriamente superiores a los valores entre grupos. Dentro de las líneas del grupo heterótico A el valor promedio de S_J es igual a 0.54, mientras que entre líneas del grupo heterótico AB el promedio de S_J fue igual a 0.56. Por su parte, los valores de S_J entre grupos heteróticos A y AB tuvieron en promedio un valor de 0.37.

Si existiera una relación lineal perfecta entre los valores de S_J y el rendimiento, heterosis y aptitud combinatoria específica, entonces se esperaría que la combinación de L5 x L13 diera los máximos valores de rendimiento, heterosis y ACE, mientras que la combinación L5 x L8 diera los peores valores. En promedio los cinco mejores cruzamientos (L1 x L11, L2 x L11, L1 x L9, L1 x L15 y L2 x L9) tuvieron un valor de S_J de 0.36 y un rendimiento de 6.47 ton/ha; por su parte los peores cruzamientos (L5 x L9, L5 x L8, L5 x L13, L5 x L12 y L1 x L8) tuvieron en promedio un valor de S_J de 0.38 y un rendimiento de 4.98 ton/ha. Como podrá notarse, los rendimientos entre los mejores y peores cruzamientos difieren notablemente, sin embargo, no hay una clara correspondencia con los valores de semejanza de Jaccard. La correlación entre los valores de S_J y el rendimiento de grano de los 18 cruzamientos fue de $r = -0.1830$, no significativa. De acuerdo a lo anterior, se puede decir que, en este estudio, la distancia genética calculada con base en marcadores moleculares no explica de manera satisfactoria el comportamiento de las cruza, de tal manera que no sería posible predecir los mejores híbridos.

Las interrelaciones entre las líneas estudiadas se presentan gráficamente en el dendrograma de la Figura 1. Como podría esperarse se formaron dos grandes grupos. El primer grupo quedó constituido por las tres líneas del grupo heterótico A y el otro por las seis líneas del grupo heterótico AB y las líneas incluidas como control. La CML51 es más similar a las líneas del grupo heterótico A, mientras que la CML292 es muy distinta de cualquier grupo. Estos resultados concuerdan con los obtenidos por Benchimol et al (2000) en el sentido que la distancia genética basada en marcadores moleculares es eficiente y confiable para clasificar los genotipos derivados de poblaciones de maíz, dentro de grupos heteróticos.

Conclusiones

Estos resultados indican que las líneas incluidas en este estudio podrían ser de gran utilidad en programas de mejoramiento que aprovechan los efectos aditivos predominantemente. Tal es el caso de las línea 1 de grupo heterótico A y la línea 11 del grupo heterótico AB que presentaron los valores más altos y significativos de ACG en este estudio, 0.538 y 0.717 respectivamente. Con lo anterior se acepta la primera hipótesis de este trabajo.

No se encontraron asociaciones claras entre las estimaciones de diversidad genética usando marcadores moleculares y el comportamiento de los cruzamientos en F_1 ni con los efectos estimados de aptitud combinatoria específica. Esta falta de asociación implica que la estimación de diversidad genética con base en marcadores moleculares, por si sola, no es una metodología muy promisoriosa para predecir el comportamiento de los híbridos o su aptitud combinatoria específica. Sin embargo, el análisis de marcadores fue útil en la separación de grupos por pedigree de las líneas bajo estudio. Con lo que la segunda hipótesis de este estudio no se acepta en su parte inicial, pero se acepta en lo referente a la clasificación de las líneas en grupos heteróticos opuestos.

Cuadro 2. Coeficientes de semejanza de Jaccard calculado para cada par de líneas del estudio incluidas dos líneas de control (CMLs) en el ciclo primavera verano 2002

	L1	L2	L5	L8	L9	L11	L12	L13	L15	CML51	CML292
L1	1.00										
L2	0.61	1.00									
L5	0.50	0.51	1.00								
L8	0.35	0.36	0.45	1.00							
L9	0.40	0.33	0.41	0.46	1.00						
L11	0.33	0.38	0.40	0.57	0.51	1.00					
L12	0.44	0.42	0.38	0.54	0.56	0.55	1.00				
L13	0.34	0.33	0.31	0.61	0.48	0.54	0.55	1.00			
L15	0.38	0.31	0.38	0.54	0.60	0.63	0.60	0.59	1.00		
CML51	0.32	0.43	0.36	0.32	0.29	0.36	0.29	0.37	0.27	1.00	
CML292	0.26	0.31	0.25	0.26	0.24	0.25	0.27	0.26	0.27	0.30	1.00

Cuadro 3. Rendimiento de grano de las cruzas, promedio de rendimiento de grano de las líneas y valores de aptitud combinatoria general, a través de seis localidades ciclo 2002 B

	<i>L1</i>	<i>L2</i>	<i>L3</i>	<i>L4</i>	<i>L5</i>	Med	A.C.G.
<i>L8</i>	5.15	6.01	5.08	5.96	4.97	5.43	-0.272
<i>L9</i>	6.40	6.19	5.53	5.59	4.57	5.65	-0.073
<i>L10</i>	6.07	6.34	5.42	6.15	5.24	5.84	0.148
<i>L11</i>	6.77	6.61	5.61	6.44	5.82	6.25	0.717*
<i>L12</i>	6.04	5.74	5.25	6.01	5.22	5.65	-0.022
<i>L13</i>	5.93	5.62	5.99	6.12	5.00	5.73	0.040
<i>L14</i>	6.42	5.80	4.92	5.88	5.66	5.74	0.212
<i>L15</i>	6.38	5.89	4.66	5.36	5.22	5.50	-0.139
<i>L16</i>	5.81	5.04	5.19	5.27	4.39	5.14	-0.530*
Med	6.11	5.91	5.29	5.86	5.12		
ACG	0.538*	0.195	-0.468*	0.243	-0.508*		

* = efecto de aptitud combinatoria general diferente de cero ($p < 0.05$)

Cuadro 4. Series de datos del “coeficiente de Jaccard” y “rendimiento de cruzas individuales” y valor del coeficiente de correlación, ciclo 2002 B

Cruza	Coef. Jaccard	Rend. (t/h)	A.C.E.
1 x 8	0.35	5.15	0.49
1 x 9	0.40	6.40	0.07
1 x 11	0.33	6.77	0.27
1 x 12	0.44	6.04	-0.09
1 x 13	0.34	5.93	-0.38
1 x 15	0.38	6.38	0.50
2 x 8	0.36	6.01	0.03
2 x 9	0.33	6.19	0.45
2 x 11	0.38	6.61	-0.07
2 x 12	0.42	5.74	-0.17
2 x 13	0.33	5.62	-0.23
2 x 15	0.31	5.89	-0.02
5 x 8	0.45	4.97	0.36
5 x 9	0.41	4.57	-0.70
5 x 11	0.40	5.82	0.38
5 x 12	0.38	5.22	0.15
5 x 13	0.31	5.00	-0.47
5 x 15	0.38	5.22	0.51

$r_{\text{Jaccard/rendimiento}} = -0.1830$	$T_c = 0.7676$	$T_{0.05} = 1.73$
$r_{\text{Jaccard/ACE}} = 0.0489$	$T_c = 0.8333$	$T_{0.05} = 1.73$

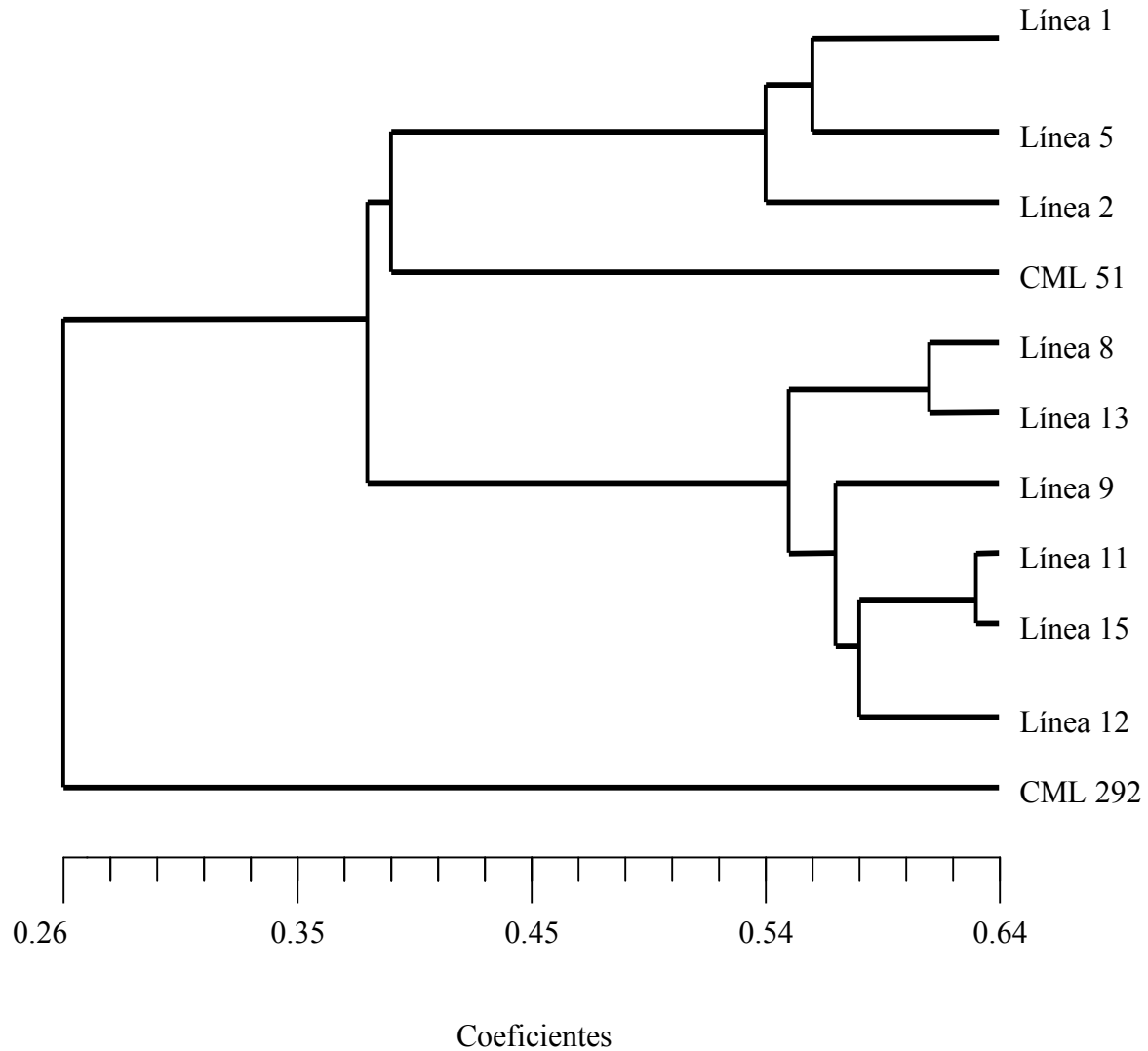


Figura 1. Dendrograma de coeficientes de Jaccard para 9 líneas y dos testigos.

Literatura citada

Allard R. W. 1975; Principios de la mejora genética de las plantas; Editorial Omega, segunda edición, Barcelona, España

Beaumont, M. A., Ibrahim K. M., Boursot P. and Bruford M. W.; 1998; Measuring genetic distance 315-325 in A. Karp et al (ed) Molecular tools for screening biodiversity. Chapman and Hall London.

Brauer H. O. 1981. Fitogenética aplicada ; Editorial Limusa

Gower J. C. 1991; A general coefficient of similitude and some its properties. *Biometrics* 27: 857-874.

Nei M. 1987; *Molecular evolutionary genetics*. Columbia University, Press New York

Robles S. R. 1982; *Terminología genética y fitogenética*; Editorial Trillas

Sprague G. F., and Tatum L.A., 1942, General vs specific combining ability in single crosses of corn. *Jour Amer. Soc of Agron.* 34: 923- 930

Smith J.S.C., Smith O.S., 1989, The description and assessment of distance between inbred lines of maize: I. The use of morphological traits as descriptors. *Maydica* 34:141-150

Weir B. S. 1996. Intraspecific differentiation p 385-403 in D. M. Hillis et al (ed) *Molecular systematics* 2nd edition, Smauer Associates Sunderland MA.