

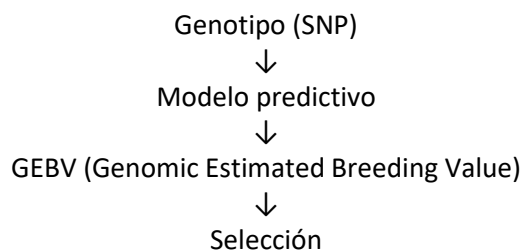
Genomic selection in autogamous

La selección genómica (Genomic Selection, GS) se ha convertido en una herramienta clave para acelerar el mejoramiento de especies autógamas, permitiendo predecir el valor genético de líneas en etapas tempranas mediante miles de marcadores distribuidos por todo el genoma. Aunque la GS surgió inicialmente en programas de mejoramiento animal, su adopción en cultivos autógamos como arroz, trigo, soya y frijol ha aumentado notablemente debido a su capacidad para incrementar la ganancia genética anual y reducir la duración de los ciclos de selección.

Las especies autógamas presentan: alta homocigosidad, baja heterocigosidad, escasa depresión endogámica, variedades formadas por líneas puras, predominio de efectos genéticos aditivos. En estas especies, la GS permite identificar tempranamente las líneas superiores sin esperar varias generaciones de evaluación fenotípica. La GS utiliza información de miles de SNPs para estimar el potencial genético de un individuo.

Genomic selection (GS) has become a key tool for accelerating the breeding of self-pollinating species, making it possible to predict the genetic value of lines at early stages using thousands of markers distributed throughout the genome. Although GS initially emerged in animal breeding programs, its adoption in self-pollinating crops such as rice, wheat, soybeans, and beans has increased significantly due to its ability to increase annual genetic gain and shorten the duration of selection cycles.

Self-pollinating species are characterized by: high homozygosity, low heterozygosity, low inbreeding depression, varieties composed of inbred lines, and a predominance of additive genetic effects. In these species, GS allows for the early identification of superior lines without having to wait for several generations of phenotypic evaluation. GS uses information from thousands of SNPs to estimate an individual's genetic potential.



La diferencia es que la decisión de selección puede realizarse mucho antes del ensayo final de campo.

Esquema de aplicación en autógamas

1. Población base. Se desarrolla una población formada por líneas avanzadas con datos genómicos y datos fenotípicos. Características evaluables: rendimiento, calidad de grano, resistencia a enfermedades, adaptación climática.
2. Construcción del modelo predictivo. Modelos frecuentemente utilizados: GBLUP; RR-BLUP; BayesA; BayesB; BayesCπ

Modelo general:

$$y = X\beta + Zu + e = X\beta + Zu + e$$

donde:

y = fenotipo

$X\beta$ = efectos fijos

Zu = efectos genómicos

e = error residual

3. Predicción de líneas candidatas. Las nuevas líneas son genotipadas y el modelo estima: GEBVGEBV, sin necesidad de ensayos extensivos.

Aplicación en programas de pedigree. La GS puede integrarse al método genealógico:



Esto reduce significativamente el número de líneas que deben evaluarse en campo.

Integración con SSD (Single Seed Descent). En especies autógamas la combinación: SSD + GS es una de las estrategias más eficientes. Proceso:

1. Cruzamiento.
2. Avance rápido de generaciones mediante SSD.
3. Genotipado de líneas.
4. Predicción genómica.
5. Selección de los mejores genotipos.

Ventajas:

- Mayor velocidad.
- Menores costos de evaluación.
- Obtención rápida de líneas puras.

Ventajas de la selección genómica en autógamas

1. Reducción del intervalo generacional

La ganancia genética anual se expresa como:

$$\Delta G = i \cdot r \cdot \sigma_A \cdot L$$

donde:

i = intensidad de selección.

r = precisión.

σ_A = varianza aditiva.

L = intervalo generacional.

La GS reduce significativamente L y aumenta r .

2. Selección de caracteres complejos. Especialmente útil para: Rendimiento, Eficiencia en uso de nitrógeno, Tolerancia a sequía, Adaptación al cambio climático. Estos caracteres suelen estar controlados por numerosos genes de pequeño efecto.

3. Mayor eficiencia de recursos. Permite: Evaluar menos líneas en campo, Reducir costos experimentales, Incrementar la intensidad de selección.

4. Acumulación de alelos favorables

Al tratarse de especies autógamas, la selección genómica facilita la fijación progresiva de combinaciones favorables mediante la obtención de líneas altamente homocigotas.

Diferencias respecto a las especies alógamas

Aspecto	Alógamas	Autógamas
Objetivo principal	Mejorar híbridos y poblaciones	Mejorar líneas puras
Heterosis	Fundamental	Limitada
Aptitud combinatoria	Muy importante	Menor importancia
Tipo de GS	GS recurrente y RRGS	GS en líneas y pedigree
Producto final	Híbridos comerciales	Variedades de línea pura
Efectos explotados	Aditivos y no aditivos	Principalmente aditivos

Aplicaciones actuales

Trigo. La GS se utiliza para: rendimiento, calidad panadera, resistencia a royas, adaptación a estrés hídrico.

Arroz. Aplicaciones: Tolerancia a inundación, Tolerancia a salinidad, Productividad.

Soya. Programas modernos emplean GS para: Contenido de proteína, Producción de aceite, Resistencia a enfermedades.

Limitaciones

- Costes de genotipado.
- Necesidad de poblaciones de entrenamiento extensas.
- Dependencia de fenotipos precisos para entrenar el modelo.
- Disminución de precisión cuando cambian las condiciones ambientales o el germoplasma utilizado.