

Genomic selection in allogamous

La selección genómica (Genomic Selection, GS) es una de las herramientas más revolucionarias del fitomejoramiento moderno, especialmente en especies alógamas, donde existe alta heterocigosidad, fuerte heterosis y gran variabilidad genética. Estudios recientes destacan que la GS permite predecir el valor genético de los individuos utilizando miles de marcadores SNP distribuidos por todo el genoma, sin necesidad de identificar previamente QTL específicos. Alta heterocigosidad, amplia variabilidad genética, importancia de los efectos aditivos y no aditivos, necesidad de evaluar aptitud combinatoria y programas basados en poblaciones recurrentes e híbridos; hacen que la evaluación fenotípica tradicional sea lenta y costosa, mientras que la GS permite seleccionar individuos superiores desde etapas tempranas.

La selección genómica ha transformado el mejoramiento de especies alógamas porque permite predecir el valor genético de los individuos utilizando información genómica completa, acelerando los ciclos de selección recurrente y optimizando la obtención de híbridos superiores. Su mayor impacto se observa en la mejora de la aptitud combinatoria y la explotación eficiente de la heterosis, aspectos fundamentales en cultivos como maíz, centeno, girasol y otras especies de polinización cruzada.

Principio básico de la selección genómica

Método genómico. El mejorador selecciona los individuos con mayor GEBV sin esperar la evaluación fenotípica completa. Con GS: Genotipo (SNPs) → Predicción → Selección. Se estima directamente el:

GEBV=Genomic Estimated Breeding Value
GEBV = Genomic\ Estimated\ Breeding\ Value (Valor Genético Genómico Estimado)

Esquema de selección genómica en poblaciones alógamas

Paso 1. Población de entrenamiento. Se establece una población con:

- Datos fenotípicos.
- Datos genómicos (SNP).

Ejemplo: 500–2000 genotipos evaluados para:

- Rendimiento.
- Resistencia a enfermedades.
- Tolerancia a sequía.

Genomic selection (GS) is one of the most revolutionary tools in modern plant breeding, especially in allogamous species, where there is high heterozygosity, strong heterosis, and high genetic variability. Recent studies highlight that GS allows for the prediction of an individual's genetic value using thousands of SNP markers distributed throughout the genome, without the need to first identify specific QTLs. High heterozygosity, broad genetic variability, the importance of additive and non-additive effects, the need to evaluate combinatorial ability, and programs based on recurrent populations and hybrids all make traditional phenotypic evaluation slow and costly, whereas GS allows for the selection of superior individuals from early stages.

Genomic selection has transformed the breeding of cross-pollinated species because it allows for the prediction of an individual's genetic value using comprehensive genomic information, thereby accelerating recurrent selection cycles and optimizing the development of superior hybrids. Its greatest impact is seen in the improvement of combinatorial ability and the efficient exploitation of heterosis—fundamental aspects in crops such as corn, rye, sunflower, and other cross-pollinated species

Paso 2. Construcción del modelo. Se generan ecuaciones predictivas como:

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

donde:

y = fenotipo

$X\beta$ = efectos fijos

Zu = efectos genéticos genómicos

e = error residual

Modelos utilizados:

- GBLUP
- RR-BLUP
- BayesA
- BayesB
- BayesC π
- Random Forest
- Machine Learning

Paso 3. Población candidata. Nuevos individuos únicamente se genotipan. Ya no es necesario fenotipar extensivamente.

Paso 4. Predicción de GEBV. Cada individuo recibe una puntuación genética.

Ejemplo:

Genotipo	GEBV
G12	145
G18	138
G33	130

Los mejores son seleccionados.

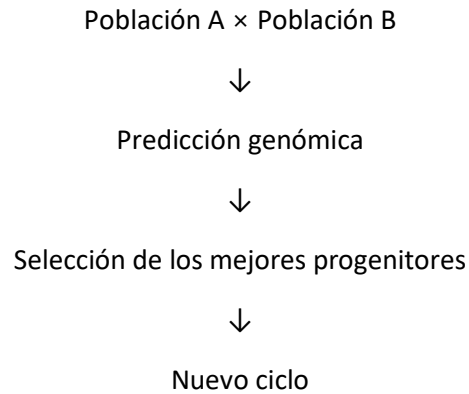
Aplicación en selección recurrente. La selección recurrente es uno de los métodos más usados en especies alógamas.

Método convencional. Un ciclo puede durar: 3–5 años.

Selección recurrente genómica. Un ciclo puede reducirse a: 1 año o menos. Por ello, la ganancia genética anual aumenta considerablemente.

Reciprocal Recurrent Genomic Selection (RRGS)

Es actualmente una de las estrategias más avanzadas para programas híbridos. Consiste en:



El objetivo es mejorar simultáneamente por: Aptitud combinatoria general (ACG), Aptitud combinatoria específica (ACE), Heterosis. Investigaciones en maíz e híbridos de trigo muestran que RRGS puede incrementar la ganancia genética acumulada y acelerar el progreso del mejoramiento híbrido.

Ventajas de la GS en especies alógamas

1. Mayor ganancia genética. La respuesta esperada es:

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

donde:

- i = intensidad de selección
- r = precisión
- σ_A = desviación genética aditiva
- L = intervalo generacional

La GS incrementa r y reduce L .

2. Selección temprana. Puede realizarse: En plántulas, Antes de la floración, Sin ensayos extensivos.

3. Mejora caracteres complejos. Especialmente: Rendimiento, Eficiencia nutricional, Adaptación climática, Tolerancia a estrés. Estos rasgos son controlados por numerosos genes de pequeño efecto.

4. Mayor eficiencia económica a largo plazo. Aunque el genotipado tiene costes iniciales elevados, la reducción de ensayos de campo y la aceleración de ciclos mejoran la eficiencia global del programa.

Limitaciones:

- Alto costo de genotipado.
- Necesidad de poblaciones de entrenamiento grandes.
- Dependencia de la calidad fenotípica inicial.
- Pérdida potencial de precisión cuando cambian los ambientes.
- Requiere infraestructura bioinformática.

Aplicaciones actuales en maíz El maíz es el modelo más exitoso de GS en especies alógamas. Se utiliza para: Rendimiento, Resistencia a *Puccinia* spp., Tolerancia a sequía, Calidad nutricional, Aptitud combinatoria. Muchos programas comerciales integran hoy la selección genómica con producción de híbridos y selección recurrente.