

# Estimación de parámetros genéticos en estudios de genética ecológica ¿cómo ajustamos la precisión?

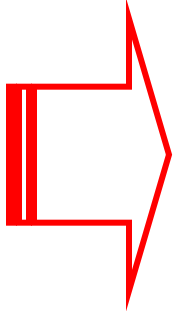
## Estudio de caso en Ciprés de la Cordillera

Mario Pastorino & Paula Marchelli

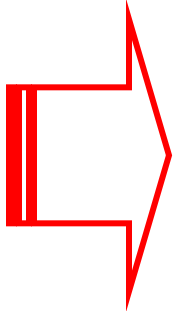
Unidad de Genética Ecológica y Mejoramiento Forestal  
INTA EEA Bariloche  
ARGENTINA



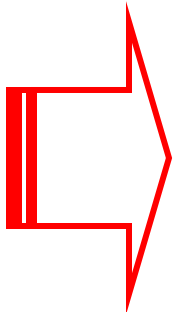
# *¿ Pero qué son estudios de genética ecológica ?*



Caracterización de los acervos genéticos de poblaciones naturales



Análisis de los procesos evolutivos que modelaron los acervos genéticos observados



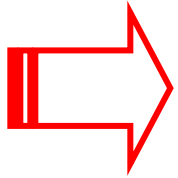
Estudios de proyección de impactos antrópicos (incluida la silvicultura) sobre los acervos genéticos afectados

# ¿ y cuáles son los parámetros genéticos ?

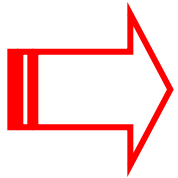
- heredabilidad ( $h^2$ )
- coeficiente de varianza genética aditiva ( $CV_a$ )
- diferenciación ( $Q_{ST}$ )

Varianza Genética Aditiva :  $V_a$

# ¿ y cómo estimamos $V_a$ ?



Necesitamos un ensayo con estructura familiar

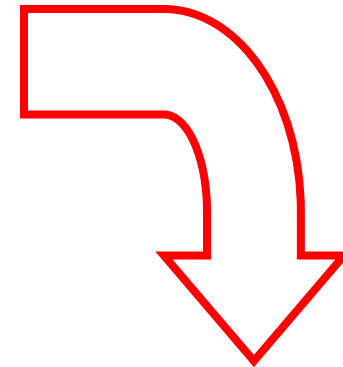


Hacemos un análisis de componentes de varianza

```

Title'Plántulas ciprés de un año Invernaculo de Inta medidas el invierno de 2004';
Title2'Todos los datos en mm';
options nodate nonumber;
data cipres;
input pobl$ fam$ block$ diam altura NNudo LRama NRama AltDia LEntre LRamaAlt @@;
datalines;
Catedral C57 1 0.77 66.63 12 12.33 1 86.53 5.55 0.185
Catedral C57 1 0.98 67.01 12 31.62 1 68.38 5.58 0.472
Catedral C57 1 0.74 69.67 8 28.86 1 94.15 8.71 0.414
.
.
.
PilcaSur S16 3 0.86 59.33 13 39.47 2 68.99 4.56 0.665
PilcaSur S16 3 0.82 62.31 13 29.13 1 75.99 4.79 0.468
PilcaSur S16 3 0.96 81.41 15 35.29 2 84.80 5.43 0.433
PilcaSur S16 3 0.95 77.71 13 38.16 2 81.80 5.98 0.491
;
proc sort data=cipres;
by pobl fam block subrep;
run;
proc means data=cipres n mean cv stderr var min max;
var diam altura NNudo LRama NRama AltDia LEntre LramaAlt DiaBio;
by pobl;
run;
proc mixed data=cipres covtest cl nobound;
class pobl fam block;
model diam=pobl / ddfm=kr;
random fam block block*fam;
lsmeans pobl / diff adjust=tukey;
run;

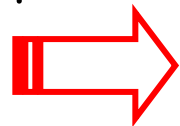
```



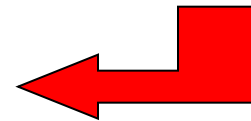
diam		
pobl=Azul		Standard
Cov Parm	Estimate	Error
fam	0.005116	0.003988
block	-0.0001	0.000689
fam*block	0.003143	0.002077
Residual	0.0192	0.001975
	0.027359	

Estimación de la componente familiar de la varianza

total del carácter



$V_{fam}$



$$V_a = V_{fam} * 1/r$$

$r$  : Coeficiente de Parentesco = f(parentesco)

$r$  : Coeficiente de Parentesco = correlación genética

familias de  
hermanos completos

$$r = 0,5$$

familias de  
polinización abierta

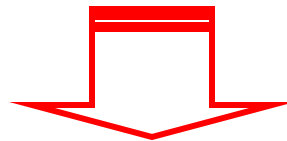


familias de  
medios hermanos

$$r = 0,25$$

## Estimación del coeficiente de parentesco ( $r$ ) en progenies de polinización abierta

*with a little help from my friends...*



Marcadores Genéticos

# isoenzimas

Genotipificación de los individuos del ensayo



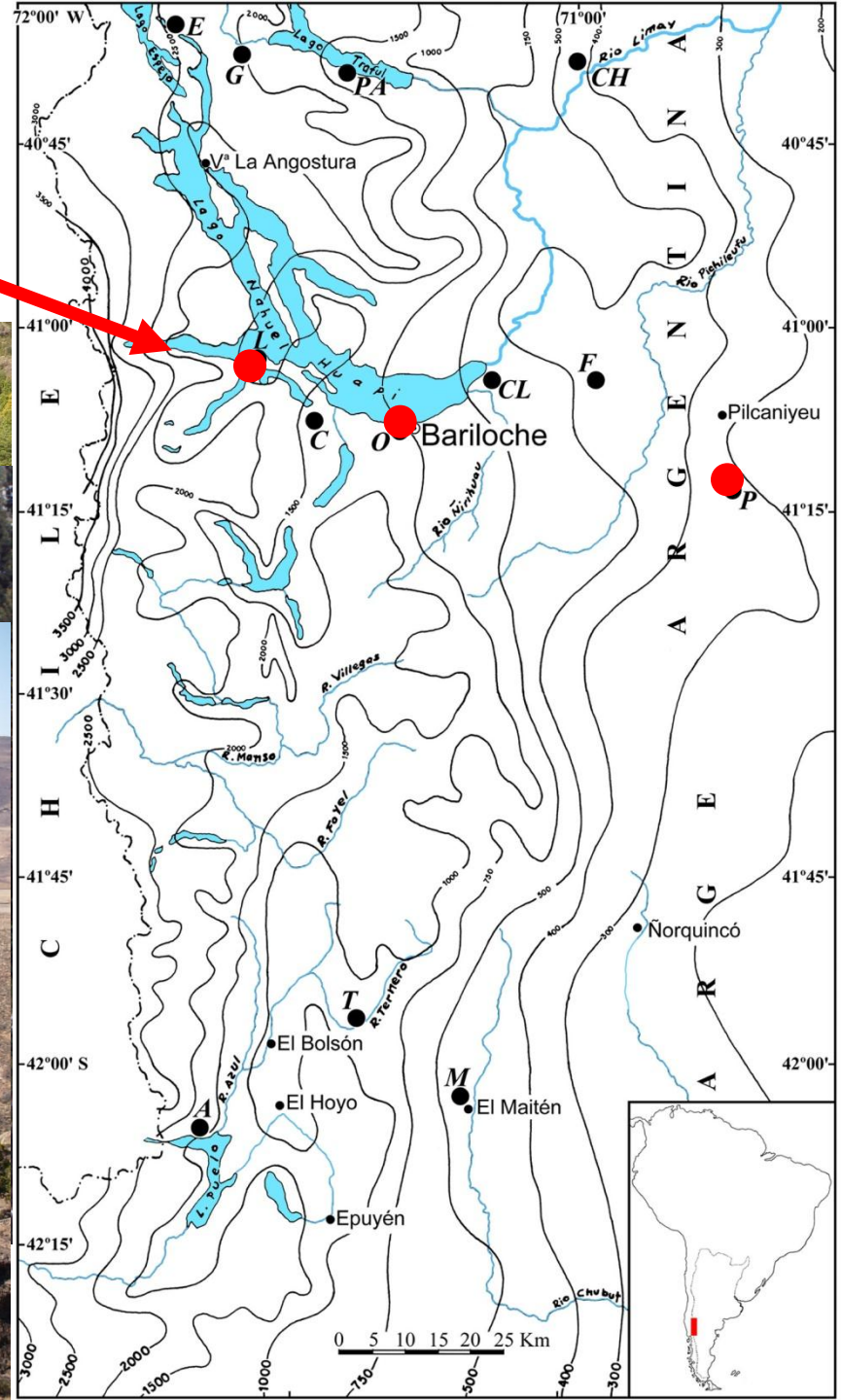
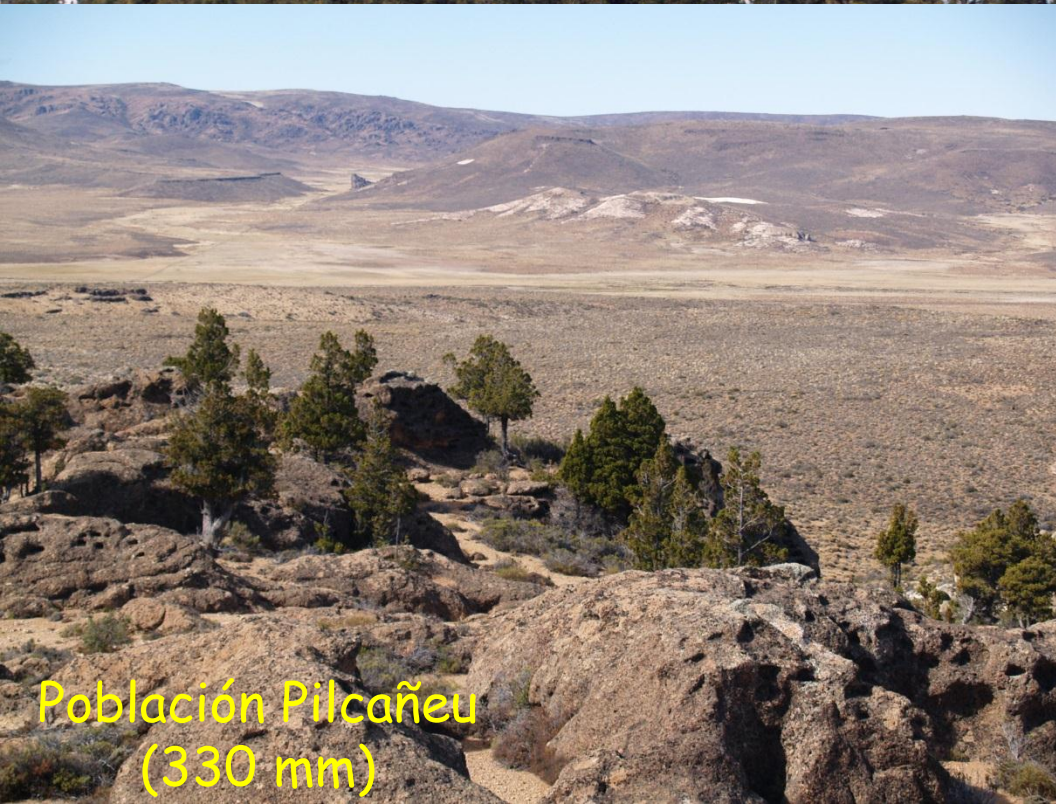
Laboratorio de marcadores genéticos



12 genes marcadores en  
Ciprés de la Cordillera

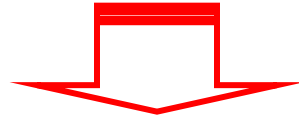
# Mat & Met

Cosechamos semillas OP de 3 poblaciones naturales





# Inventario genético



con 7 genes isoenzimáticos

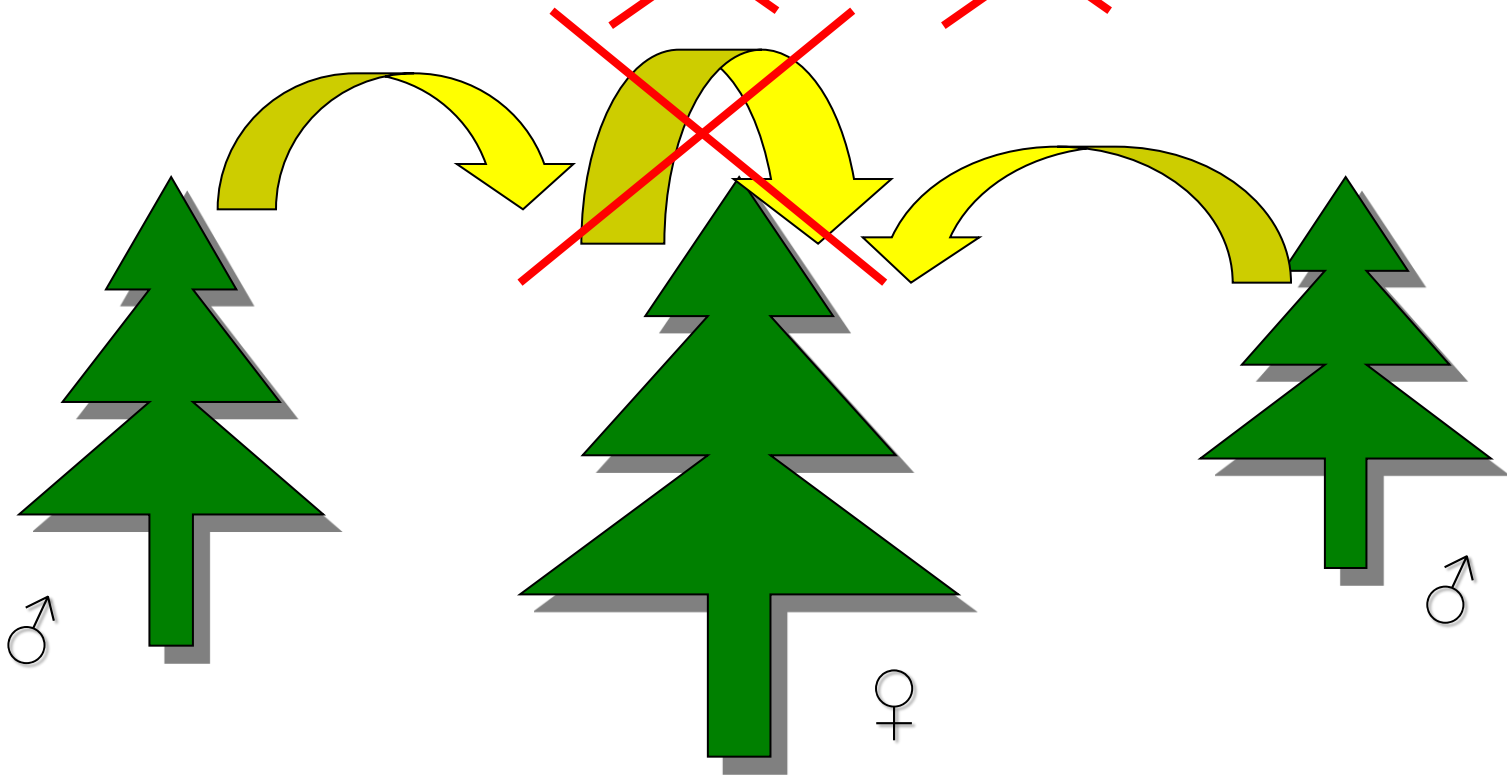
- Se genotipificaron 67 árboles madres.
- Se genotipificaron 618 árboles hijos.



Se estimó la proporción de hermanos completos en la progenie (correlación de paternidad multilocus)

Hermanos completos: *hc*  $\Rightarrow$  0,5  
 Hermanos completos por autopolinización: *hc<sub>a</sub>* 0,667  
 Medios hermanos: *mh*  $\Rightarrow$  0,25  
 Medios hermanos por autopolinización: *mh<sub>a</sub>* 0,408

$$r = \frac{0,50 \cdot hc + 0,667 \cdot hc_a + 0,25 \cdot mh + 0,408 \cdot mh_a}{hc + hc_a + mh + mh_a}$$



# Resultados

- Bosque marginal:  $r = 0,2955$   $\Rightarrow$   $hc = 18,2 \%$
- *Bosque puro*:  $r = 0,2662$   $\Rightarrow$   $hc = 6,5 \%$
- *Bosque mixto*:  $r = 0,2797$   $\Rightarrow$   $hc = 11,9 \%$

¿ por qué ?

# Consecuencias...

- Ejemplo: Pastorino et al. 2010 (Ann. For. Sc.)

familias de  
medios hermanos

$$r = 0,25 \rightarrow h^2 = 0,56$$

familias de  
hermanos completos

$$r = 0,50 \rightarrow h^2 = 0,28$$

		Río Azul	Cerro Catedral	Pilcañeu North	Pilcañeu South	$h^2$ (SE)	$Q_{st}$
AD (mm)	$\sigma_A^2$	0.015	0.004	0.008	0.0001	0.25 (0.086)	0.1724
	$CV_A\%$	13.2	6.7	10.6	1.2		
	$h^2(SE)$	0.56 (0.307)	0.15 (0.135)	0.42 (0.255)	0.004 (0.061)		
AL (mm)	$\sigma_A^2$	131.910	47.501	102.652	31.248	0.32 (0.101)	0.0810
	$CV_A\%$	15.5	9.5	15.2	8.6		
	$h^2(SE)$	0.55 (0.302)	0.25 (0.184)	0.50 (0.285)	0.15 (0.135)		
NN	$\sigma_A^2$	1.555	0.765	1.755	0.049	0.38 (0.114)	0.1157
	$CV_A\%$	9.1	6.4	10.2	1.8		
	$h^2(SE)$	0.83 (0.383)	0.32 (0.215)	0.80 (0.377)	0.02 (0.070)		
AD	$\sigma_A^2$	0.784	0.346	0.669	0.187	0.51 (0.136)	0.1200
	$CV_A\%$	42.6	24.8	40.1	20.7		
	$h^2(SE)$	0.56 (0.307)	0.15 (0.135)	0.42 (0.255)	0.004 (0.061)		

$$h^2 = 0,42 \quad (r = 0,33)$$

con el  $r$  estimado con isoenzimas:

$$r = 0,2955 \rightarrow h^2 = 0,47$$



*gracias*

*gracias*

*gracias*

*gracias*

*gracias*