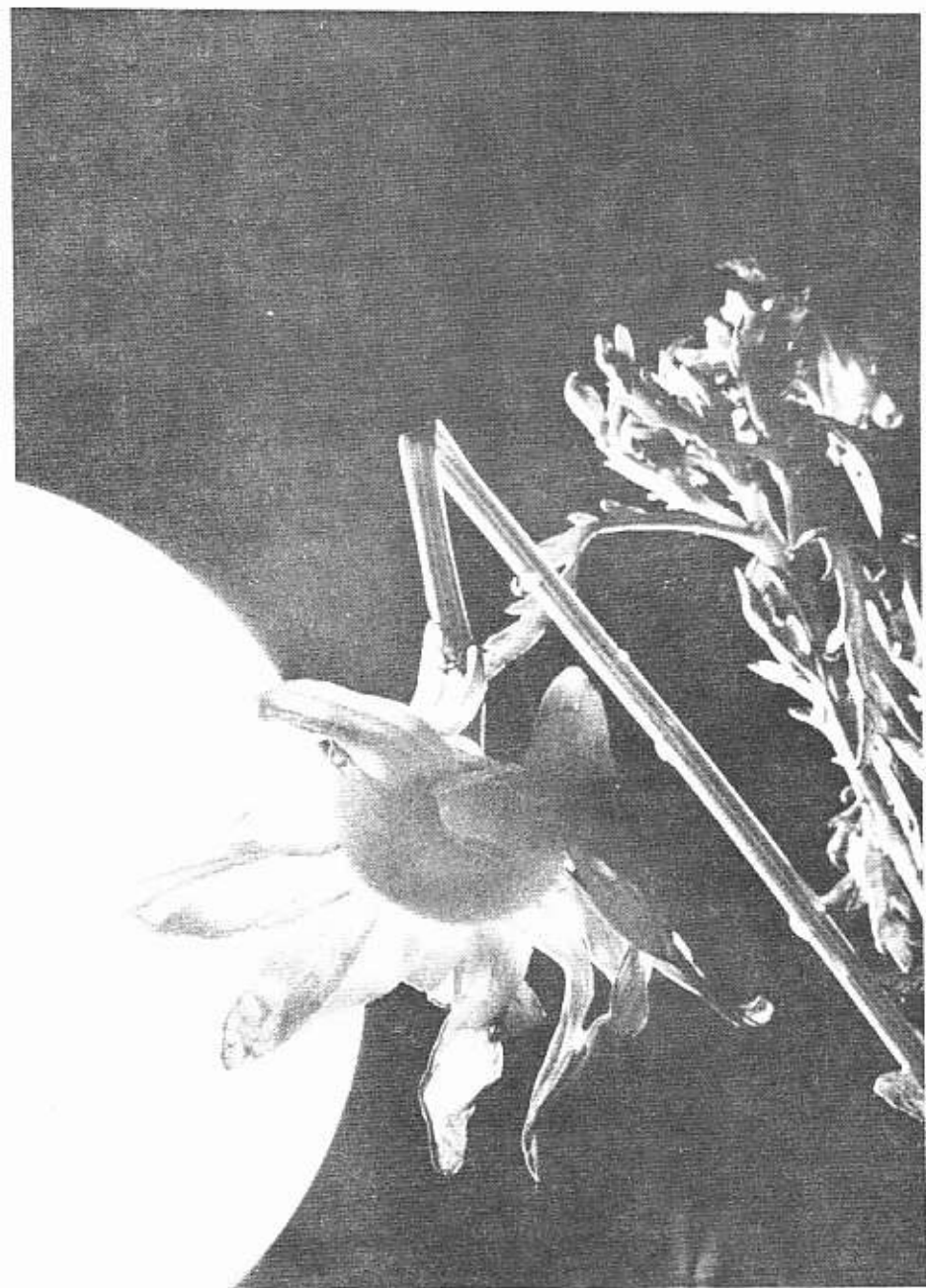


LA HEREDABILIDAD

Raúl Morales Silva*

* Profesor Investigador y Coordinador de la Subárea de Manejo y Mejoramiento de Plantas de la Facultad de Agronomía de la USAC. Msc,



Toda característica en un organismo constituye su fenotipo y los genes que controlan a dicha característica su genotipo. Una característica es cuantitativa cuando está bajo el control de muchos genes. Son las de mayor importancia en el mejoramiento y producción de animales y vegetales. Para su estudio se necesita mucho de la Estadística y la Matemática. Generalmente las características cuantitativas en una población de organismos muestran variabilidad, la que puede deberse a diferencias en los genotipos de los organismos, a diferencia en los efectos ambientales o a ambas causas.

El parámetro estadístico que se usa para medir la variabilidad en una población es la varianza. Así tenemos que, en la forma más sencilla, la varianza fenotípica de una población es igual a la varianza genotípica más la varianza ambiental:

$$VF = VG + VE$$

Actualmente se sabe que los genes que determinan el genotipo de un organismo pueden tener tres tipos de acción: una aditiva (a) una dominante (d) y una epistática (i). De tal forma que,

$$VG = VGa + VGd + VGi$$

y por lo tanto,

$$VF = VGa + VGd + BGi + VE$$

La heredabilidad es un parámetro de mucha importancia en programas de mejoramiento tanto animal como vegetal pues nos da una estimación de los avances que se pueden lograr en el mejoramiento genético de una característica cuantitativa en particular. Si la característica bajo estudio tiene una amplia variación genotípica dentro de la población y si se ejerce una fuerte presión de selección, el progreso en la mejora de dicha característica estará en relación directa al valor de dicha heredabilidad.

La heredabilidad de una característica específica, en un sentido amplio, se define como el resultado de dividir la varianza genotípica entre la varianza fenotípica; es decir,

$$H^2 = \frac{VG}{VF}$$

La heredabilidad en un sentido amplio tiene un interés más teórico que práctico y es fácilmente calculable pues sólo se requieren saber las varianzas de cuatro poblaciones: las dos parentales (P_1 y P_2), la F_1 y la F_2 . El único requisito es que los dos padres sean líneas puras contrastantes en la característica bajo estudio. Como las poblaciones P_1 , P_2 y F_1 son homocigóticas, tienen un solo genotipo, y así en ellas $VG = 0$ y por lo tanto sus varianzas fenotípicas serán una estimación de la variabilidad del ambiente donde se sembraron, de tal forma que si se promedian sus valores se obtendrá una mayor aproximación al valor real de la varianza ambiental que si se usa sólo una de ellas. Así tenemos que

$$VE = \frac{VP_1 + VF_1 + VP_2}{3}$$

Ejemplo: Supongamos que las varianzas fenotípicas de una característica específica en las cuatro poblaciones fueron las siguientes:

$$VF = \begin{array}{cccc} P_1 & P_2 & F_1 & F_2 \\ \hline 12.0 & 8.5 & 10.3 & 8.2 \end{array}$$

$$\text{Entonces, } VE = \frac{8.2 + 10.3 + 8.5}{3} = 9.0$$

$$VG = 12 - 9 = 3$$

$$\text{y } H^2 = \frac{3}{12} \times 100 = 25 \%$$

Si por alguna razón no se conocen las varianzas fenotípicas de las tres poblaciones no segregantes; es decir, la P_1 , la P_2 y la F_1 sino sólo la de dos o una de ellas, la varianza ambiental todavía se puede calcular. En el primer caso se promedian ambas varianzas y se divide su suma entre dos:

$$VE = \frac{VP_1 + VP_2}{2}$$

y en el segundo caso se usa la única varianza fenotípica que se conoce (ya sea la de P_1 , P_2 o F_1) como varianza ambiental. Es lógico que entre más varianzas fenotípicas de poblaciones no segregantes se usen para calcular la varianza ambiental, ésta será más representativa del lugar y por lo tanto más confiable.

La heredabilidad de una característica en un sentido estrecho se define como la porción de la varianza fenotípica que es debida a la varianza genética aditiva. Es decir,

$$h^2 = \frac{VGa}{VF}$$

Desde un punto de vista práctico, la heredabilidad en sentido estrecho es la más importante pues los efectos genéticos aditivos son los que se capitalizan cuando se usa selección, y éste es un procedimiento común en los métodos de mejoramiento.

Para el cálculo de la heredabilidad en sentido estrecho existen varios procedimientos. Uno de ellos es el propuesto por Warner en 1952, cuya única restricción es que las dos poblaciones parentales sean líneas homocigóticas contrastantes en el carácter bajo estudio. Este procedimiento usa la siguiente fórmula:

$$h^2 = \frac{2VF_2 - (VR_1 + VR_2)}{VF_2} = \frac{VGa}{VF_2}$$

Como se ve, aquí sólo se necesita averiguar las varianzas de tres poblaciones: la F_1 , la R_1 y la R_2 .

Ejemplo: Se desea saber la heredabilidad del rendimiento de un cultivo autógeno cuyas varianzas fueron las siguientes:

$$VF = \frac{F_2}{48.2} \quad \frac{R_1}{42.9} \quad \frac{R_2}{39.5}$$

$$\text{Entonces, } h^2 = \frac{2(48.2) - (42.9 \pm 39.5)}{48.2} \times 100 = 29\%$$

Un segundo procedimiento para averiguar la heredabilidad en sentido estrecho es calculando la regresión de la progenie sobre uno de los progenitores o sobre el progenitor medio o calculando la correlación de medios hermanos. Dichas relaciones se definen así:

Progenie-un progenitor:	$h^2 = 2b$
Progenie-progenitor medio:	$h^2 = b$
Medios hermanos:	$h^2 = 4r$

en donde "b" es el coeficiente de regresión y "r" es el de correlación.

La importancia de la heredabilidad, como se ha dicho, radica en que nos sirve para calcular el avance genético teórico (A_s) que por selección se pueda lograr en la mejora de una característica específica (i.e. rendimiento, precocidad, etc.) dentro de una población base. Este avance o ganancia, como se indicó anteriormente, depende en proporción directa de la desviación estándar (s) de la población base en que se practica la selección, del valor de la heredabilidad (h^2) y del valor del diferencial de selección (k) expresado en desviaciones estándar, definiéndose "k" como la diferencia entre la media de los individuos seleccionados y la media de la población original de donde dichos individuos fueron escogidos, expresada esta diferencia siempre en unidades de desviaciones estándar.

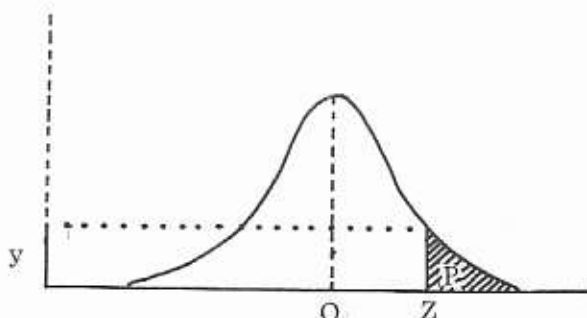
Por otro lado, "k" también se define como el resultado de dividir la ordenada "y" de la curva normal unitaria en el punto de truncamiento que delimita la porción seleccionada entre la fracción de plantas seleccionadas "p". De tal forma que:

$$k = \frac{y}{p}$$

Existen tablas en libros de Estadística que dan directamente el valor de "y". Si no se cuenta con dichas tablas, su valor puede fácilmente calcularse usando la fórmula de la curva normal unitaria:

$$y = \frac{1}{(2\pi)^{1/2}} e^{-1/2 Z^2}$$

en donde "z" es el número de desviaciones estandar en el punto de truncamiento.



Así se tiene que:

$$A_s = (k) (s) (h^2)$$

Ejemplo: Calcular el avance genético teórico que se pueda lograr en el rendimiento de una población de maíz que tiene una desviación estandar de 50.2 y una heredabilidad de 29% al seleccionar el 5% de las mejores plantas.

Para un 5% bajo la curva unitaria se tiene que $Z = 1.645$

Entonces $y = 0.1031108$ y por lo tanto $k = \frac{0.1031108}{0.05} = 2.06$

y el valor del avance genético,

$$A_s = (2.06) (50.2) (0.29)$$

$$A_s = 30 \text{ onzas/parcela}$$

BIBLIOGRAFIA

1. Allard, R. W. Principles of Plant Breeding. John Wiley, New York, USA. 1960.
2. Falconer, D S. Introduction to Quantitative Genetics. Second Edition. Longman, New York, USA. 1981.
3. Mahmud, I. and H. H. Kramer. 1951. Segregation for Yield, Height and Maturity Following a Soybean Cross. *Agronomy Journal*, 43: 605-608.
4. Smith, J. D. and M. L. Kinman. 1965. The use of Parent-Offspring Regression as a Estimator of Heritability. *Crop Science*.
5. Warner, J. N. 1952. A Method for Estimating Heritability. *Agronomy Journal*, 44: 427-430.



