

## 411

## PARIENTES SILVESTRES, TRASGÉNICOS Y LA CONSERVACIÓN DE LOS RECURSOS GENÉTICOS

### Ficha metodológica

#### Material vegetal y caracterización genética

Un total de 284 individuos de las cuatro especies silvestres de *Oryza* fueron analizados, en donde 175 correspondieron a *O. latifolia*, 37 a *O. grandiglumis*, 49 a *O. alta* y 23 a *O. glumaepatula*. Para *O. latifolia* las muestras se encontraron distribuidas en los departamentos de Antioquia, Arauca, Boyacá, Caldas, Casanare, Chocó, Guajira, Magdalena y Santander. Las muestras de *O. grandiglumis* fueron colectadas en los departamentos de Casanare, Guanía y Vichada. En el caso de *O. alta* y *O. glumaepatula* las muestras se localizaron en Vichada y Casanare, respectivamente.

La caracterización molecular de las muestras se llevó a cabo con 11 marcadores microsatélite (SSR – Simple Sequence Repeats) seleccionados y evaluados a partir de la base de datos de arroz<sup>1</sup>.

#### Diversidad genética

Los análisis para establecer la diversidad genética y estructura poblacional se realizaron usando el software libre R para computación estadística versión 3.0<sup>2</sup>. Análisis de coordenadas principales (ACoP) fueron realizados usando el paquete *Polysa*<sup>3</sup>. El agrupamiento jerárquico de las matrices se realizó con la función *hclust* usando el método de agrupamiento por promedios no ponderados (UPGMA, Unweighed Pair Group Method with Arithmetic Mean). La función de penalidad de Kelley-Gardner-Sutcliffe (KGS)<sup>4</sup> para árboles jerárquicos, fue calculada usando la función *kgs* del paquete *maptree*<sup>5</sup>, con el fin de obtener el número de agrupamientos o poblaciones dentro del conjunto de datos de cada especie.

Los parámetros de diversidad fueron estimados en las especies tetraploides usando el programa

ATetra v1.2<sup>6</sup>, desarrollado para el análisis de datos obtenidos con marcadores microsatélite en especies alotetraploides. En la especie diploide, *O. glumaepatula*, los estimadores fueron calculados usando FSTAT v.2.9.3<sup>7</sup>.

#### Modelado de nicho ecológico

Se caracterizó la distribución espacial del arroz cultivado y sus parientes silvestres en Colombia de acuerdo a las condiciones de hábitat favorables bajo diferentes escenarios climáticos. Los mapas de idoneidad para las especies se establecieron con base en el acoplamiento de once algoritmos de modelamiento, implementados en el paquete *BiodiversityR* para R<sup>8</sup>.

Los hábitats idóneos para todas las especies silvestres fueron modelados bajo condiciones climáticas actuales y futuras con el fin de identificar zonas potenciales de superposición con arroz cultivado, así como para evaluar el impacto esperado del cambio climático en la conservación *in situ* de estas especies.

Los datos de la distribución del cultivo de arroz en Colombia fueron obtenidos de la Federación de Productores de Arroz<sup>9</sup>. Con el fin de mejorar la precisión del modelado, los datos de presencia obtenidos para los cuatro parientes silvestres durante la fase de muestreo fueron complementados con registros adicionales de varias bases de datos en línea ([www.gbif.org](http://www.gbif.org); [www.cwrdiversity.org](http://www.cwrdiversity.org); [www.tropicos.org](http://www.tropicos.org)).

La calibración de los modelos para escenarios climáticos futuros (periodo 2040-2069; referenciado como 2050), fue realizada a una resolución de 30 segundos arc, adicionando las variables altitud, pendiente, aspecto, rugosidad del terreno, dirección de flujo del agua y tipo de suelo<sup>10</sup>, como complemento a las climáticas.

## PARIENTES SILVESTRES, TRASGÉNICOS Y LA CONSERVACIÓN DE LOS RECURSOS GENÉTICOS

VARIABLES explicativas colineales fueron eliminadas con base en cálculos iterativos de la varianza de los factores de inflación (VIF), conservando únicamente aquellas variables con un valor VIF menor a 5.

Para evaluar el desempeño de cada uno de los modelos de nicho ejecutamos diez calibraciones iterativas, cada vez usando 75% de los puntos de presencia seleccionados aleatoriamente. Los valores del Área Bajo la Curva calibrado (cAUC) obtenidos para cada modelo fueron comparados con los valores cAUC obtenidos para un modelo geográfico nulo, usando la prueba de Mann-Whitney. Solo los modelos que presentaron un valor significativamente mayor de cAUC que el modelo nulo fueron conservados para la elaboración del modelo en conjunto (ensemble model) usando los valores cAUC promedios de cada modelo como peso.

Para caracterizar las condiciones climáticas futuras se usaron 30 modelos climáticos a escala reducida para el período 2040-2069 con base en el escenario de las emisiones de gases de efecto invernadero de las Vías de Concentración Representativas (RCP) 4.5, preparado en el reporte de la Quinta Evaluación del IPCC (CMIP5) y obtenido de <http://ccafs-climate.org/>. Los mapas futuros de idoneidad se limitaron a las zonas que fueron identificadas como adecuadas por al menos la mitad de las 30 posibles proyecciones climáticas.

### Mapeo de la diversidad genética

Para visualizar los patrones geográficos de diversidad genética en todas las especies se realizaron análisis espaciales basados en cuadrículas a una resolución de 30 segundos arc (~1 km del ecuador). Con el fin de obtener datos suficientes y mejor distribuidos para la construcción de mapas de alta resolución, se construyeron vecindarios circulares de 5 minutos arc de diámetro (~10 km del ecuador), de acuerdo a la metodología de Thomas et al. (2012). Para

cada especie se calcularon los valores de riqueza alélica para todas las celdas contenidos en las áreas circulares construidos alrededor de cada individuo muestreado.

Para el cálculo de los parámetros de diversidad en las especies tetraploides y la diploide se usó el paquete *Polysat* y código desarrollado en R para tal fin<sup>11</sup>, respectivamente.

El diámetro del vecindario circular fue elegido para permitir la comparación del perfil genético de las poblaciones adyacentes y por lo tanto detectar patrones espaciales a nivel de paisaje a través de las distribuciones de las especies.

### LITERATURA ASOCIADA

1. Gramene Database (2013). Microsatellite Markers. Disponible en <http://archive.gramene.org/markers/microsat/> Acceso: octubre 28 de 2015
2. R Core Team. (2014). *R: A language and environment for statistical computing*. Austria: R Foundation for Statistical Computing. Disponible en <http://www.r-project.org/> Acceso: octubre 28 de 2015
3. Clark, L., & Jasieniuk, M. (2011). Polysat: an R package for polyploid microsatellite analysis. *Molecular Ecology Resources*, 11(3), 562–566.
4. Kelley, L., Gardner, S., & Sutcliffe, M. (1996). An automated approach for clustering an ensemble of NMR-derived protein structures into conformationally-related subfamilies. *Protein Eng*, 9, 1063–1065.
5. White, D., & Gramacy, R. (2012). Maptree: Mapping, pruning, and graphing tree models. R package version 1.4-7. Disponible en <http://CRAN.R-project.org/package=maptree> Acceso: octubre 28 de 2015
6. Van Puyvelde, K., Van Geert, A., & Triest, L. (2010). ATETRA, a new software program to

## PARIENTES SILVESTRES, TRASGÉNICOS Y LA CONSERVACIÓN DE LOS RECURSOS GENÉTICOS

analyse tetraploid microsatellite data: comparison with TETRA and TETRASAT. *Molecular Ecology Resources*, 10(2), 331–334.

7. Goudet, J. (2001). FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3). Actualizado de Goudet (1995). Disponible en <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>. Acceso: octubre 28 de 2015

8. Kindt, R., & Coe, R. (2005). *Tree diversity analysis. A manual and software for common statistical methods for ecological biodiversity studies*. Nairobi, Kenya.: World Agroforestry Centre (ICRAF).

9. FEDEARROZ. (2015). Federación Nacional de Arroceros. Disponible en <http://www.fedearroz.com.co> Acceso: octubre 28 de 2015

10. FAO, IIASA, ISRIC, ISS-CAS and JRC. (2012). *Harmonized World Soil Database (version 1.2)*. Luxemburg: FAO, Rome/IIASA

11. Thomas, E., van Zonneveld, M., Loo, J., Hodgkin, T., Galluzzi, G., & van Etten, J. (2012). Present Spatial Diversity Patterns of Theobroma

cacao L. in the Neotropics Reflect Genetic Differentiation in Pleistocene Refugia Followed by Human-Influenced Dispersal. *PLoS ONE*, 7(10).

### FUENTES DE DATOS UTILIZADOS

1. Tovar, E. (2012). *Informe: Detección de flujo de transgenes entre variedades transgénicas y poblaciones silvestres de algodón en la región Caribe*.
2. Tovar, E., Bocanegra, J. L., Villafañe, C., Fory, L., Velásquez, A., Gallego, G., & Moreno, R. (2015). Diversity and genetic structure of cassava landraces and their wild relatives (*Manihot* spp.) in Colombia revealed by simple sequence repeats. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization*.
3. Thomas, E., Tovar, E., Villafañe, C., Bocanegra, J., & Moreno, R. *An assessment of the distribution, genetic diversity and potential spatiotemporal scale of alien gene flow in rice crop wild relatives (Oryza spp.) in Colombia. In prep.* Bogota D.C.

**Cítese como:** Tovar E., Thomas E., Bocanegra L. y Moreno R. (2016). Parientes silvestres, transgénicos y la conservación de los recursos genético. En: Gómez, M.F., Moreno, L.A., Andrade, G.I. y Rueda, C. (Eds). Biodiversidad 2015. Estado y Tendencias de la Biodiversidad Continental de Colombia. Instituto Alexander von Humboldt. Bogotá D. C.