

Selección genómica: metodología clave para el mejoramiento de trigo

- ▶ **Dalma Castillo R.**
Investigadora
INIA Quilamapu (Chile)
Dalma.castillo@inia.cl
- ▶ **Ivan Matus T.**
Subdirector Nacional I+D
INIA (Chile)
imatus@inia.cl
- ▶ **Luis Inostroza F.**
Investigador
INIA Quilamapu (Chile)
linostroza@inia.cl
- ▶ **Alejandro del Pozo**
Universidad de Talca
- ▶ **Bettina Lado, Martin Quincke, Marina Castro**
INIA La Estanzuela (Uruguay)
- ▶ **Jari Von Zitzewitz**
SECOBRA Saatzucht (Alemania)





La creciente demanda de alimentos es un desafío que obliga a los mejoradores de cultivos a aumentar de manera sostenida la productividad. Mediante procesos de mejoramiento genético, logran ajustar el ciclo de crecimiento y los requerimientos del cultivo a nuevas zonas, junto con perfeccionar determinadas características agronómicas que favorecen la resistencia a plagas y enfermedades, y a condiciones ambientales adversas, tales como altas y bajas temperaturas y déficit hídrico.

Los métodos convencionales de mejoramiento genético de cultivos (cruzamiento, retrocruzamiento y selección a campo de genotipos más promisorios) son fundamentales en la obtención de variedades con las características deseadas. Sin embargo, en los últimos años se han incorporado técnicas biotecnológicas que ofrecen numerosas ventajas, destacando la inclusión de genes de interés presentes en otras especies dentro del cultivo objetivo (transgénesis) y la posibilidad de acortar los tiempos en la obtención de un cultivar con las características deseadas.

La Selección Asistida por Marcadores Moleculares (SAM) se incluye dentro de los métodos que permiten reducir estos tiempos. Se basa en la identificación de marcadores asociados a genes de interés y ha permitido avanzar y mejorar caracteres de tipo cualitativos principalmente. Sin embargo, no facilita el desarrollo de nuevas variedades de cultivos, puesto que los caracteres cuantitativos -también llamados complejos o poligénicos- de alta importancia agronómica y económica, son difíciles de identificar con esta metodología.

Frente a esto se ha desarrollado una nueva forma de análisis llamada Selección Genómica (SG), por la cual se seleccionan los mejores individuos sobre la base del valor de cría estimado o valor de la progenie (GEBV).

A diferencia de otros análisis, la SG considera la totalidad de la varianza genética de cada individuo, mediante la suma de los efectos de los alelos (formas en que puede manifestarse un carácter o un gen). Así, identifica regiones genómicas cuyo efecto sobre el fenotipo¹ es reducido, las cuales se enmascaran en los análisis genómicos clásicos. Esta capacidad de predicción de caracteres complejos hace de la Selección Genómica una metodología clave en un programa de mejoramiento genético vegetal.

Actualmente, el proceso de selección de genotipos de alto potencial de rendimiento y tolerancia a condiciones adversas, como el estrés hídrico, demora aproximadamente 10 a 15 años. La SG propone avances sustanciales en la eficiencia de la selección, combinando caracterización molecular y selección a campo (caracterización fenotípica). Así, permitiría reducir el ciclo de selección y aumentar la eficiencia, en combinación con métodos de avance generacional (como descendencia por semilla única en autógamas y doble haploides), dado que la SG logra inferir la información para selección, basándose en el ADN del individuo.

Una de las ventajas más importantes para un programa de mejoramiento es aplicar SG en la generación F2 (o segunda generación), seleccionando desde el comienzo

1 Toda la información contenida en los cromosomas se conoce como genotipo. Sin embargo, dicha información puede o no manifestarse en el individuo. El fenotipo se refiere a la expresión del genotipo más la influencia del medio.



los genotipos de interés y obteniendo información para predecir los cruzamientos que generarán individuos con mayores potenciales.

Para aplicar Selección Genómica y realizar estas predicciones es necesario realizar el siguiente proceso (resumido en la Figura 1):

- Saturar con marcadores moleculares el genoma de la especie involucrada, de manera amplia y con alta densidad. Es importante enfatizar que esta herramienta debe ser accesible (en simplicidad y costos) para ser aplicada en un programa de mejoramiento.
- Utilizar métodos de caracterización fenotípica (fenotipado) de alta precisión.
- Y desarrollar un modelo estadístico adecuado con información genética y fenotípica de un conjunto de individuos que formen parte del programa de mejoramiento. Dicho modelo permite predecir el comportamiento fenotípico de variedades aunque no se cuente con su información fenotípica.

De este modo, se podrían seleccionar genotipos conjugando factores importantes tanto para mejoradores, como productores y la industria (rendimiento de grano y calidad industrial, por ejemplo) sin necesidad de contar con una serie de años o ambientes con estreses bióticos y abióticos extremos para poder seleccionar el material.

Esta metodología aún no es incorporada en Chile. Sin embargo, el Programa de Mejoramiento de Trigo de INIA Quilamapu, dentro del marco del proyecto Fondo Regional de Tecnología Agropecuaria, FONTAGRO-8038, titulado: "Aumento de la competitividad de los sistemas

productivos de papa y trigo en Sudamérica ante el cambio climático" (ejecutado por INIA Chile e INIA Uruguay), ha iniciado el desarrollo preliminar de esta metodología. Para ello se utilizaron 384 líneas de trigo de primavera de Chile, Uruguay y el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT).

Estas líneas de trigo fueron secuenciadas, lo que permitió la identificación de 28.199 marcadores moleculares SNP (Polimorfismo de nucleótido único) de interés para el programa de mejoramiento. Luego, con el objetivo de validar los SNPs en el cálculo de predicciones fenotípicas, se utilizaron datos de rendimiento y peso de mil granos obtenidos a partir de ensayos de campo establecidos en un campo experimental en Santa Rosa, Chillán (36°34'WS), Chile, bajo dos condiciones hídricas contrastantes: riego y secano.

"Rendimiento" es una variable de interés y de difícil predicción. Su expresión depende de la interacción entre un gran número de genes y una serie de procesos bioquímicos que se definen por la combinación de factores genéticos y ambientales, tales como: características de suelo, precipitaciones, fertilización, temperatura ambiental e interacción genotipo x ambiente (GxE). En cambio, la variable "Peso de Mil Granos" presentó un mayor valor de heredabilidad que el anterior, por lo que supone una mejor predicción.

Si bien la Selección Genómica continúa en desarrollo, este trabajo aporta evidencias que indican que sería un método aplicable a programas de mejoramiento genético de trigo. Esto sumado a los decrecientes costos en secuenciación y a nuevas tecnologías de caracterización genotípica, potenciarían aún más la utilidad de la SG en especies productivas, como el trigo.

► **Figura 1:** Diagrama de aplicación de Selección Genómica en programa de mejoramiento de trigo.

