



Fitomejoramiento Molecular



¿Quiénes participan?

Alianza Global para la Ciencia del Arroz (GRISP, por su sigla en inglés) Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Instituto de Investigación para el Desarrollo (IRD) y el Instituto de Investigación Agrícola para el Desarrollo (Cirad – Francia)

Objetivo

Desarrollar y difundir nuevas metodologías de mejoramiento para acelerar la ganancia genética de los programas de mejoramiento a nivel global.

Resumen de resultados obtenidos

Con base en las secuencias completas de cientos de líneas del programa de fitomejoramiento del CIAT, se identificaron marcadores moleculares tipo SNP (sigla de *Single nucleotide polymorphisms*) para el desarrollo de un grupo de marcadores útiles en la caracterización de la diversidad genética dentro de cada sub-especie de arroz (índica y japónica).

Se desarrollaron varias poblaciones segregantes con el fin de mapear genes/QTL asociados a caracteres de interés tales como la resistencia a virus de hoja blanca (RVHB) (Romero et al. 2014), tolerancia a *Burkholderia glumae* (Mosquera et al., en proceso), potencial de rendimiento y otras características, para ser posteriormente utilizados en los programas de mejoramiento por selección asistida por marcadores (SAM). Aprovechando el desequilibrio de ligamiento ancestral en arroz, se realizó un mapeo por asociación en un grupo de líneas de arroz o panel de diversidad, para características de arquitectura de panícula, potencial de rendimiento y RVHB. Estos estudios lograron la identificación de marcadores moleculares relevantes para los programas de mejoramiento (Rebolledo et al., y Cruz et al., no publicado).

El clonaje de genes de interés ha permitido identificar SNP funcionales para ser usados en SAM. En asociación con un grupo japonés, el CIAT ha contribuido a la identificación de un marcador asociado a una característica radicular deseable para conferir resistencia al estrés hídrico (Uga et al., 2013). El clonaje del gen de esterilidad macho (gen usado en los programas de selección recurrente), fue realizado para facilitar la identificación de plantas estériles dentro de una población por SAM y así poder acelerar la conversión de las líneas extraídas de la población (Frouin et al., 2014). Para los esquemas de introgresión de genes de interés vía retrocruces, se necesita buscar marcadores diagnósticos del gen/QTL presente en el parental donante, como también marcadores diagnóstico para la recuperación del genoma del parental recurrente. De esta manera, a partir de la información de la secuencia del genoma, una herramienta para la detección de los SNP fue desarrollada permitiendo identificar grupos de marcadores relevantes para diferentes cruzamientos (Duitama et al., 2014).

Estudios sobre la caracterización de los controles genéticos para características de interés en arroz han permitido identificar marcadores moleculares para facilitar las etapas de selección con el fin de:

1. Identificar líneas parentales con los genes/QTL favorables
2. Enriquecer con genes de interés poblaciones segregantes en generaciones tempranas dentro de programas de avance rápido de generación.
3. Facilitar y acelerar la introgresión de caracteres de interés en líneas elite faltando tal carácter.

Posterior a los estudios de genética y con las herramientas moleculares disponibles en CIAT, se realizó la identificación de progenitores y eficiente introgresión de genes para RVHB, pyricularia y calidad de grano (amilosa).

Recientemente se inició la selección genómica en poblaciones de selección recurrente con el fin de poder predecir el valor en mejoramiento de las líneas en las generaciones tempranas (Grenier et al., 2015). Este método de SAM no requiere conocimiento previo de los controles genéticos de los caracteres de interés y permite considerar modelos genéticos complejos, como dominancia, epistasis e interacción genotipo por ambiente dentro del programa de fitomejoramiento.

Próximos pasos



La caracterización de la diversidad genética de las colecciones de trabajo de arroz es una etapa importante para identificar parentales con alto potencial, estudiar la evolución alélica dentro de los materiales de mejoramiento y constituir grupos heteróticos en el caso de poblaciones dedicadas al desarrollo de híbridos.

El aumento de los sitios de evaluación del germoplasma dedicado al mapeo genético es siempre deseable para estimar mejor las interacciones genotipo por ambiente e identificar marcadores asociados a la característica de interés. Luego de la detección de marcadores, una etapa importante consiste en validar dichos marcadores para ser utilizados de manera rutinaria en los programas de fitomejoramiento. Una vez validados, los marcadores con asociaciones significativas a caracteres de interés serán reportados en bases de datos y utilizados como marcadores diagnóstico en la plataforma de SNP, y así facilitar el pre-mejoramiento, vía identificación de parentales y uso de SAM en los esquemas de cruzamiento.

El desarrollo y fenotipificación de poblaciones de calibración para estudios de selección genómica en múltiples ambientes permitirá desarrollar modelos de predicción para una variedad de características y de ambientes. Poblaciones de selección recurrente, colecciones de trabajo o grupos heteróticos para el desarrollo de híbridos son materiales para los cuales la selección genómica tiene mucho uso potencial.

Información de contacto

Cécile Grenier, PhD, Fitomejoradora Genetista de Arroz – Cirad/CIAT cecile.grenier@cgiar.org

Mathias Lorieux, PhD, Genetista de Arroz – IRD/CIAT m.lorieux@cgiar.org

Fernando Correa, PhD, Líder del Programa de Arroz – CIAT f.correa@cgiar.org

Jorge Duitama, PhD, Bioinformático – CIAT j.duitama@cgiar.org