

LA MEJORA GENÉTICA VEGETAL COMO HERRAMIENTA PARA ENCARAR LOS RETOS DE SOSTENIBILIDAD QUE SE PLANTEAN COMO CONSECUENCIA DE LOS CAMBIOS AMBIENTALES PARA LA PRODUCCIÓN DE FORRAJE

J. MORENO-GONZÁLEZ.

Centro de Investigaciones Agrarias de Mabegondo (CIAM-INGACAL). Apartado 10, 15080 A Coruña.
jesus.moreno.gonzalez@xunta.es.

CLIMA

El cambio de las condiciones atmosféricas es ya una realidad palpable en nuestros días, caracterizado por una mayor concentración de dióxido de carbono [CO₂] en el aire como consecuencia de la actividad humana, principalmente por la combustión de fuel fósil y emisiones derivadas de la industria del cemento, así como por un balance negativo del secuestro de carbono en la biosfera terrestre debido a la deforestación y la ruptura de los ecosistemas naturales, igualmente que ocurre en los océanos que tienen flujos dinámicos negativos de CO₂ (Canadell *et al.*, 2007). Esto está produciendo un cambio climático, cuya tendencia es un aumento de la temperatura global, aproximadamente 0,6 °C sobre la media del Siglo XX y 1 °C con respecto a 1880 (NOAA, 2013), con una alta variabilidad en la manifestación del clima de unos años a otros y de unas zonas del mundo a otras, por ejemplo El Niño. El contenido de CO₂ global en la atmosfera se incrementó de 286 ppm al inicio de la revolución industrial (alrededor del año 1750) hasta 388 ppm en 2006 (Canadell *et al.*, 2007) y 400 ppm en 2015 y 2016 (NOAA, 2016). Durante el actual periodo interglaciar, hasta el año 1750 y al menos 10 000 años atrás, la [CO₂] se mantuvo aproximadamente estable con media de 280 ppm. La tasa de incremento actual no es lineal y se ha acelerado en las últimas décadas. Es posible que alcance el doble de la concentración que había antes de la revolución industrial al final de este siglo (Terashima *et al.*, 2014).

RELACIÓN CON LAS PLANTAS

Los modelos existentes sobre reacciones bioquímicas en relación con la fisiología vegetal predecían un incremento en la tasa de respiración de las plantas en la oscuridad, incluso exponencialmente, cuando las temperaturas se incrementasen, sin embargo investigaciones empíricas modernas sobre 231 especies en 7 biomedios encontraron que la respiración de las plantas convergen a altas temperaturas debido a mecanismos que las protegen contra un mayor gasto de energía (Heskel *et al.*, 2016). En estudios recientes (Watanabe *et al.*, 2014), cuando se aumentó la [CO₂] (792 vs. 396 ppm) en atmósfera artificial se produjo un aumento en la transcripción de los genes que codifican los enzimas de respiración de las plantas al final del periodo de luz, pero no en una mayor actividad. También se produjo un aumento en la producción de metabolitos primarios como almidón y azúcares, lo que denota una mayor actividad fotosintética en un gran número de plantas C3, aunque los estudios no son todavía concluyentes en todas las especies. La [CO₂] elevada no incrementa la actividad fotosintética en plantas C4 pero indirectamente puede incrementar la fijación de C en periodos de sequía en estas plantas (Leakey *et al.*, 2009). Estos dos factores, aumento de [CO₂] y cambio de temperatura en las condiciones ambientales, tienen por tanto una relación directa con los genes que codifican enzimas y proteínas de las plantas, que en algunas ocasiones estimulan su regulación y en otras ocasiones lo desaceleran. Una alta [CO₂] incrementa la relación C/N por lo que la planta presenta síntomas de estrés como si tuviera déficit de N, con un

envejecimiento prematuro de las hojas (Terashima *et al.*, 2014); sin embargo una [CO₂] alta incrementa la eficiencia en el uso del N y decrece el uso del agua.

MEJORA GENÉTICA DE PLANTAS. TEORÍA

La mejora genética de plantas ha tenido éxito en modificar los genotipos de las plantas para conseguir cultivos más eficientes para aquellos caracteres deseados y que han sido objetivos de la selección, utilizando métodos de mejora y de selección apropiados. La mejora genética de plantas para cumplir sus objetivos necesita que haya variabilidad genética en la especie que trata de mejorar. Los métodos de selección evalúan los genotipos disponibles y eligen los más aptos para la generación siguiente.

En cierta manera la selección artificial que realizan los mejoradores de plantas se parece, salvando las distancias y las escalas, a lo que ocurre en la naturaleza según la teoría de la evolución natural de las especies que tan brillantemente expuso C. Darwin en su libro “*On the Origin of the Species*” en 1859. La variación existente en los organismos biológicos, que es creada por mutaciones naturales en los genes, es sometida a la presión que imponen las diferentes condiciones ambientales en las distintas regiones del mundo. Solo aquellos mutantes o genotipos favorables y que se adaptan a las condiciones específicas sobreviven para la generación siguiente, lo que determina la evolución de las especies. Fisher (1930) estableció el teorema fundamental de la selección natural que propone que la tasa de adaptación de un organismo es proporcional a su variación genética. Esto fue más tarde demostrado por Falconer y Mackay (1981) y otros autores cuando compararon métodos de selección en los que la ganancia genética y respuesta a la selección depende de la varianza genética (Moreno-González y Cubero, 1993).

SELECCIÓN RECURRENTE

En todo esquema de selección es necesario partir de un material con suficiente variabilidad, procurando mantenerla durante todo el proceso. La selección debe ser recurrente o cíclica, ya que esta ha aportado un buen resultado para mejorar los caracteres cuantitativos que están gobernados por muchos genes con efectos pequeños y segregando con diferentes frecuencias alélicas. El objetivo de los programas de selección es aumentar progresivamente la frecuencia de los alelos favorables que son responsables del carácter objeto de la selección, ciclo tras ciclo.

El esquema general implica tres etapas por ciclo de selección. (1) Creación de una estructura familiar; (2) evaluación de las familias en experimentos con repeticiones ensayados en diferentes ambientes; (3) recombinación de los genotipos seleccionados en los ensayos de evaluación (Moreno-González y Cubero, 1993). Inmediatamente, empieza un nuevo ciclo. Este esquema es la base de numerosos programas de selección que se han llevado a cabo, o se están realizando, en centros públicos de investigación, y empresas privadas de semilla y que han producido un éxito incuestionable en el mejoramiento del rendimiento de los caracteres objeto de la selección para varias especies prateras y forrajeras, *Zea mays*, *Lolium perenne*, *L. multiflorum*, *Medicago sativa*, *Poa pratensis*, *Trifolium repens*, *Dactylis glomerata*, *Secale cereale*, *Avena sativa* y *Eragrostis tef*.

EXPERIMENTOS CLAVE DE SELECCIÓN ARTIFICIAL

El experimento más espectacular sobre selección artificial de plantas que existe hoy día es el que está llevando a cabo la Universidad de Illinois de larga duración seleccionando para contenido de aceite y proteína en el grano de maíz. Empezó en el año 1896 a partir de 163 mazorcas de una variedad local de grano blanco denominada ‘Burr’s White’. Las 24 mazorcas con mayor contenido en

proteína, las 12 mazorcas con menor proteína, las 24 mazorcas con mayor contenido en aceite y las 12 mazorcas con menor aceite sirvieron de base para iniciar las estirpes denominadas IHP (“Illinois high protein”), ILP (“Illinois low protein”), IHO (“Illinois high oil”), e ILO (“Illinois low oil”), respectivamente (Dudley y Lambert, 1992).

Este experimento muestra los grandes cambios genéticos alcanzados en los caracteres cuantitativos, tales como contenido de proteína y aceite en el grano de maíz durante más de 100 generaciones de selección (Dudley y Lambert, 2004; Moose *et al.*, 2004). Las respuestas a la selección cambiaron de 4,6% de aceite en la población original a 22,4% para IHO, y a 0,5% para ILO después de 100 generaciones. Igualmente, las poblaciones cambiaron de 10,9% de proteína a 30,5% en IHP y a 4,2% in ILP después de 100 generaciones. Realmente se puede convertir un cultivo.

Otro experimento digno de mención con más de 50 años de selección es uno de la Universidad de Iowa, en el que dos poblaciones de maíz están sometidas a la Selección Recurrente Recíproca para incrementar el rendimiento del grano. Después de 11 ciclos, la respuesta directa a la selección en el cruce de las dos poblaciones mostró un incremento de 6,9% ciclo⁻¹ (Keeratinijakal y Lamkey, 1993).

VARIETADES SINTÉTICAS E HÍBRIDOS

La forma más eficiente de explotar la heterosis en las plantas alógamas es mediante el desarrollo de híbridos. Sin embargo, la semilla de híbridos solo puede ser usada en condiciones especiales. En otros casos, el desarrollo de variedades sintéticas (VS) es la opción mejor, que consiste en realizar cruzamientos en todas las posibles combinaciones con un número de genotipos seleccionados por su buena Aptitud Combinatoria General (ACG) y posteriormente multiplicada y mantenida con semilla procedente de polinización abierta, mediante un esquema de policruzamientos. Las VS son utilizadas en la mayoría de las especies alogamas pratenses y forrajeras. Semi-híbridos o híbridos han sido propuestos en alfalfa y tréboles.

MARCADORES MOLECULARES

Una gran afluencia de datos científicos han sido acumulados durante los últimos veinte años, demostrando la utilidad de los marcadores moleculares (isoenzimas, RAPDS, RFLPs, SSRs, AFLPs, y SNPs) para examinar y mapear la identidad de los genotipos de diferentes variedades de maíz y otros cultivos. Los marcadores moleculares han confirmado también su utilidad para ayudar en la selección y en el desarrollo de nuevas variedades.

Últimamente han sido propuestos para establecer distancias genéticas entre poblaciones de alfalfas y tréboles de distintas regiones del mundo con objeto de que puedan ser usadas para buscar heterosis en programas de mejora para crear híbridos y semi-híbridos.

AGRADECIMIENTOS

El autor agradece al INIA la financiación de los proyectos RTA2012-00100-00-00 y RFP2014-00008-00-00.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CANADELL J.G., LE QUÉRÉ C., RAUPACH M.R., FIELD C.B., BUITENHUIS E.T., CIAIS P., THOMAS CONWAY T.J., GILLET N.P., HOUGHTON R.A. Y MARLAND G. (2007) Contributions to accelerating atmospheric CO₂ growth from economic activity, carbon intensity, and efficiency of natural sinks. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **104**, 18866-18870.



- DUDLEY J.W. Y LAMBERT R.J. (1992) Ninety generations of selection for oil and proteína in maize. *Maydica*, **37**, 81-87.
- DUDLEY J.W. Y LAMBERT R.J. (2004) 100 Generations of Selection for Oil and Protein in Corn. En: Janick J. (Ed) *Plant Breeding Reviews, Volume 24. Part 1: Long-Term Selection: Maize*, pp. . New Jersey and Canada: John Wiley & Sons, Inc. [DOI: 10.1002/9780470650240.ch5].
- FALCONER D.S. Y MACKAY T.F.C. (1981) Introduction to quantitative genetics. 4ª Ed, Addison Wesley Longman Lim., England.
- FISHER R.A. (1930) The genetical theory of natural selection. Oxford, UK, Oxford University Press.
- HESKEL M.A., O'SULLIVAN O.S., REICH P.B., TJOELKER M.G., WEERASINGHEA L.K., PENILLARD A., EGERTON J.J.G., CREEK D., BLOOMFIELD K.J., XIANG J., SINCA F., STANGL Z.R., MARTINEZ-DE LA TORRE A., GRIFFINKL K.L., HUNTINGFORD CH., HURRY V., MEIR P., TURNBULL M.H. Y ATKIN O. (2016) Convergence in the temperature response of leaf respiration across biomes and plant functional types. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **113(14)**, 3832-3837. [DOI: 10.1073/pnas1520282113].
- KEERATINIJAKAL V. Y LAMKEY K.R. (1993) Responses to reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. *Crop Science*, **33**, 73-77.
- LEAKEY A.D.B., AINSWORTH E.A., BERNACCHI C.J., ROGERS A., LONG S.P. Y ORT D.R. (2009) Elevated CO₂ effects on plant carbon, nitrogen, and water relations: six important lessons from FACE. *Journal of Experimental Botany*, **60(10)**, 2859-2876.
- MOOSE S.P., DUDLEY J.W. Y ROCHEFORD T.R. (2004) Maize selection passes the century mark: a unique resource for 21st century genomics. *Trends in Plant Science*, **9**, 358-364.
- MORENO-GONZÁLEZ J. Y CUBERO J.I. (1993) Selection strategies and choice of breeding methods. In Hayward M.D. et al. (Eds) *Plant Breeding Principles and Prospects*, Chapman & Hall, London.
- NOAA (2013) Report Global Analysis-Annual 2013. National Centers for Environmental information. <https://www.ncdc.noaa.gov/sotc/global/2013>.
- NOAA (2016) Report Global Analysis-Annual 2016. National Centers for Environmental information. <https://www.ncdc.noaa.gov/sotc/global/2016>.
- TERASHIMA I., YANAGISAWA S. Y SAKAKIBARA H. (2014) Plant Responses to CO₂: Background and Perspectives. *Plant Cell Physiology*, **55(2)**, 237-240.
- WATANABE C.K., SATO S., YANAGISAWA S., UESONO Y., TERASHIMA I. Y NOGUCHI K. (2014) Effects of elevated CO₂ on levels of primary metabolites and transcripts of genes encoding respiratory enzymes and their diurnal patterns in *Arabidopsis thaliana*: possible relationships with respiratory rates. *Plant Cell Physiology*, **55**, 341-357.

THE PLANT GENETIC BREEDING AS A TOOL TO FACE THE SUSTAINABILITY CHALLENGES THAT ARISE AS A RESULT OF ENVIRONMENTAL CHANGES FOR FORAGE PRODUCTION

SUMMARY

A communication with same title will be orally presented in the Scientific Meeting. Information concerns climatic change, especially evolution of carbon dioxide (CO₂) and temperature in the last Century. Literature was reviewed for relating these changes with biochemical pathways in plants, mainly photosynthesis activity and plant respiration. Plant breeding has been successful in moving the genome of plants for showing up different characteristics, such as high oil and protein in maize kernel, resistance to diseases and pests and adaptation to environmental conditions. Therefore plant breeding is proposed as a tool for challenging the climatic change, which presumably



will be coming in next future. Development of synthetic varieties and utilization of polyploidy for forage plants seem to be good options for achieving breeding goals of forage crops. Also exploration of new C4 tropical species, such as Teff, presumably will help to produce forage in drought and hot conditions. Biotechnical tools, such as molecular markers, will facilitate to accomplish sooner the breeding expectations. Use of autochthonous germplasm as base material is essential for providing genetic variability and genes adapted to environmental conditions.