
Aplicaciones de herramientas biotecnológicas al mejoramiento genético de especies forrajeras

Reyno, Rafael¹; Dalla Rizza², Marco; Narancio, Rafael²

Introducción

El objetivo de un mejorador es desarrollar cultivares forrajeros mejorados por una o más características de interés y su éxito radica en la habilidad de seleccionar de una forma eficiente, económica y temporalmente, aquellos individuos genéticamente superiores (Brummer et al., 2009). En gran medida esa eficiencia dependerá de la heredabilidad de la característica evaluada, lo que en términos generales significa que proporción de la variabilidad observada entre individuos o poblaciones depende de factores genéticos (Fehr, 1987). En mejoramiento genético lo más importante es la precisión con que estimamos los parámetros que usaremos para seleccionar los individuos de una población. En este sentido, varias de las herramientas biotecnológicas que se han desarrollado en los últimos años, sirven efectivamente para acelerar y mejorar la eficiencia de estos procesos. El uso de marcadores moleculares ha permitido, entre otros usos, identificar parentesco y estructurar la diversidad genética en colecciones de germoplasma, pero también para la identificación de áreas del genoma asociados a la expresión de cierta característica de interés agronómico.

El objetivo de este artículo es describir brevemente alguna de las experiencias que este equipo técnico ha desarrollado en relación al uso de la biotecnología en los programas de mejoramiento genético de especies forrajeras.

Usos en los programas de mejoramiento genético de forrajeras

Identificación de Sistema Reproductivo

Conocer con exactitud el sistema reproductivo de una especie es de crucial importancia para definir la estrategia de mejoramiento a seguir, y en definitiva el tipo de cultivar a desarrollar, ya sea líneas puras, poblaciones sintéticas, entre otros ejemplos. Tradicionalmente, estos trabajos se basaban en estudiar las estructuras florales, momento de liberación del polen, estudios embriogénicos en diferentes estadios florales y estudios de progenie basados en características morfológicas. En muchos casos, estos estudios no logran ser concluyentes, además de lo complejo y trabajoso de sus técnicas. El uso de marcadores moleculares, ha ayudado enormemente a clarificar algunos casos para los cuales no había consenso en la bibliografía.

En dos trabajos realizados en conjunto por INIA Tacuarembó y Las Brujas, se usaron marcadores moleculares para determinar y confirmar la importancia de la polinización cruzada

¹Programa Nacional de Pasturas y Forrajes, INIA Tacuarembó. Ruta 5 km.386, Tacuarembó, Uruguay.

²Unidad de Biotecnología, INIA Las Brujas. Ruta 48 km.10, Canelones, Uruguay.

en dos especies de leguminosas forrajeras, *Lotononis bainesii* y *Trifolium polymorphum* (Real et al., 2004; Real et al., 2007). En el caso de *L. bainesii*, la especie fue reportada como autógena (Hutton, 1960, Byth, 1964), pero sin embargo, estudios reproductivos asistidos por el uso de marcadores moleculares permitió concluir que la especie es de polinización cruzada y que la presencia de polinizadores favorece enormemente la producción de semilla (Real et al. 2004, Dalla Rizza et al. 2004, Real and Altier, 2005, Real et al., 2005). Para el caso de *T. polymorphum*, especie que presenta flores subterráneas y aéreas, no había consenso en la literatura acerca del sistema reproductivo de las flores aéreas. Algunos trabajos sugerían que estas flores eran alógamas (polinización cruzada) (Coll y Zarza, 1992), otros que eran autógamas (Speroni, 2000; Speroni y Izaguirre, 2001, 2003), mientras que otros trabajos no arribaban a una conclusión clara (Schifino-Wittmann, 1985). En este caso, los estudios de progenie realizados mediante el uso de marcadores moleculares permitió concluir que las flores aéreas eran capaces de cruzarse con polen donado por otras plantas y la autopolinización se observó únicamente en unos pocos casos, por lo cual las flores aéreas de *T. polymorphum* fueron clasificadas como alógamas, autocompatibles, que se favorecen por la presencia de polinizadores (Real et al., 2007).

Evaluación de Diversidad Genética

El uso de marcadores moleculares ha permitido valorizar nuestros recursos genéticos forrajeros a través de estudios de diversidad y caracterización molecular de colecciones nacionales. En este sentido, este equipo de trabajo realizó trabajos de diversidad y caracterización incluyendo varias especies de *Trifolium* nativos (*T. polymorphum*, *T. argentinense* y *T. riograndense*) (Dalla Rizza et al., 2007) y en *Paspalum notatum* (Pasto horqueta) (Reyno et al., 2012). Los estudios de diversidad y estructura poblacional en una colección nacional de *P. notatum* nos han permitido evaluar las asociaciones existentes entre la distribución geográfica y la presencia de ciertas poblaciones o grupos de poblaciones y su relación con factores agroecológicos, además de elaborar conclusiones acerca de estrategias de colecta que optimicen la captación de la máxima variabilidad existente en nuestro país (Reyno et al., 2012).

Mapeo de QTL y selección asistida por marcadores

El mejoramiento asistido por marcadores se basa en la identificación de asociaciones entre áreas del genoma y una respuesta fenotípica favorable ante condiciones adversas, por ejemplo tolerancia a la acidez de los suelos. Estas áreas del genoma que contienen genes que están involucrados en la respuesta de las plantas a una determinada característica de herencia cuantitativa, se denominan QTL (Quantitative Trait Loci). Una de las principales utilidades de los marcadores moleculares es la construcción de mapas de ligamiento, que una vez asociados con información agronómica, nos permite identificar aquellas áreas del genoma que afectan nuestra característica de interés, y por lo tanto, utilizar los marcadores ligados a esas regiones como criterio de selección (Collard et al., 2005).

En alfalfa, *Medicago sativa*, este tipo de enfoque nos ha permitido identificar regiones del genoma asociados a la tolerancia a la acidez y aluminio en ensayos realizados usando una población de mapeo con 185 individuos evaluada creciendo en un medio de cultivo (Khu et al.

2012) y en un suelo ácido con alto contenido de aluminio en forma intercambiable (Reyno, 2012). Los marcadores moleculares ligados a estas regiones servirán como criterio de selección permitiendo acelerar los procesos de selección y por lo tanto incrementando el progreso genético.

Consideraciones finales

La utilización de técnicas biotecnológicas en el mejoramiento genético de forrajeras ha tenido un fuerte impacto en los últimos años a nivel mundial, ejemplo de ello es la enorme cantidad de trabajos de estudios genéticos en diversas especies y para diferentes características. La información generada en estos estudios ha ampliado nuestro entendimiento de los procesos fisiológicos y metabólicos de las plantas en respuesta a diferentes estímulos. Si bien, la biotecnología no suplanta los procesos de mejoramiento genético tradicionales, está llamada a cumplir un rol cada vez más protagónico en los programas de mejoramiento tanto mundiales como regionales.

Referencias

- Brummer E.C., Bouton J.H., Casler M.D., Mc Caslin M.H., Waldron B.L. 2009. Grasses and legumes: Genetics and plant breeding. In W.F. WEDIN, FALES S.L. (eds.), Grassland: Quietness and strength for a new American agriculture, 157-171. ASA, CSSA, SSSA, Madison, WI.
- Byth, D.E. 1964. Breeding system and chromosome number in *Lotononis bainesii* Baker. *Nature*, 202:830-831.
- Coll J., Zarza A. 1992. Leguminosas natives promisorias: Trébol polimorfo y babosita. (In Spanish.) *Boletín de Divulgación* 22:19.
- Collard B.C.Y., Jahufer M.Z.Z., Brouwer J.B., Pang E.C.K. 2005. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. *Euphytica*, 142: 169–196. DOI: 10.1007/s10681-005-1681-5
- Dalla Rizza M., Real D., Quesenberry K.H., Albertini E. 2004. Plant reproductive system determination under field conditions based on codominant markers. *Journal of Genetics & Breeding*. Vol 1 47-57.
- Dalla Rizza M., Real D., Reyno R., Porro V., Burgueño J., Errico E., Quesenberry K. 2007. Genetic diversity and DNA content of three South American and three Eurasiatic *Trifolium* species. *Genetics and Molecular Biology*, 30, 4, 1118-1124.
- Fehr W. 1987. *Principles of Cultivar Development*. Macmillan, New York.

Hutton E.M. 1960. Flowering and Pollination in *Indigofera spicata*, *Phaseolus lathyroides*, *Desmodium uncinatum*, and some other tropical pasture legumes. *Empire Journ. of Exper. Agric.* 28 (111): 235-243.

Khu D.-M., Reyno R., Han Y., Zhao P., Brummer E.C., Monteros M.J. (2012b) Identification of Aluminum Tolerance QTLs in Tetraploid Alfalfa. *Crop Sci* In press.

Real D., Dalla Rizza M., Quesenberry K.H., Echenique M. 2004. Reproductive and Molecular Evidence for Allogamy in *Lotononis bainesii* Baker. *Crop Science* 44: 394-400.

Real D. Altier N. 2005. Breeding for disease resistance, forage and seed production in *Lotononis bainesii* Baker. *New Zealand Journal of Agricultural Research*, 48: 93-100.

Real D., Formoso F., Martinez A., Risso I., Hugo W., Rostan C., Alzugaray R. 2005. Pre-basic seed production of *Lotononis bainesii* Baker Cv. INIA Glencoe. *New Zealand Journal of Agricultural Research*, 48: 377-379.

Reyno R., Narancio R., Speranza P., Do Canto J., López-Carro B., Hernández P., Burgueño J., Real, D., Dalla Rizza, M. (2012). Molecular and cytogenetic characterization of a collection of bahiagrass (*Paspalum notatum* Flüggé) native to Uruguay. *Genet Resour Crop Evol*: 1-10. DOI: 10.1007/s10722-012-9806-x.

Reyno R. 2012. Improving acid and aluminum tolerance in alfalfa using breeding and genomics. Institute of Plant Breeding Genetics and Genomics, PhD Dissertation, University of Georgia, Athens.

Schifino-Wittmann M.T. 1985. Estudios citogenéticos em *Trifolium riograndense* Burkart, T. *polymorphum* Poir. e *T. repens* L.: Inducao de poliploidia, numero cromossomico, cariotipo, comportamento meiotico. Ph.D. diss. Universidad Federal de Rio Grande do Sul, Rio Grande Do Sul, Brazil.

Speroni G. 2000. Aspectos de la biología reproductiva de *Trifolium polymorphum* Poir. (Fabaceae, papilionoideae). M.S. thesis. Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

Speroni G., Izaguirre P. 2001. Morfología y Esporogénesis en fl ores aéreas y subterráneas de la especie anfi cárpica *Trifolium polymorphum* (Fabaceae, Papilonoideae). (In Spanish, with English abstract.) *Boletín Sociedad Argentina de Botánica* 36(3-4):253-265.

Speroni, G., Izaguirre P. 2003. Características biológicas de la leguminosa nativa promisoría forrajera *Trifolium polymorphum* Poir (Fabaceae, Papilonoideae). (In Spanish, with English abstract.) *Rev. Agrocencia* 3:68-76 (UDELAR).