

Generación de dihaploides y análisis molecular de la aptitud combinatoria general, estrategias para un mejoramiento genético sustentable

Vélez-Torres, Marcelina¹; Corona-Torres, Tarsicio²; García-Zavala, J. Jesús²; Lobato-Ortiz, Ricardo²; Pérez-Rodríguez, Paulino³; Aguilar-Rincón, Víctor H.²

¹ Colegio de Postgraduados. Campus Montecillo. Posgrado en Recursos Genéticos y Productividad – Fruticultura. Texcoco, Estado de México. C. P. 56264.

² Colegio de Postgraduados. Campus Montecillo. Posgrado en Recursos Genéticos y Productividad – Genética. Texcoco, Estado de México. C. P. 56264.

³ Colegio de Postgraduados. Campus Montecillo. Posgrado en Estadística. Texcoco, Estado de México. C. P. 56264.

* Autor para correspondencia: velez.marcelinas@colpos.mx

Problema

En diversos programas de mejoramiento genético convencional la formación de líneas requiere largos procesos de integración y selección de poblaciones, en las cuales, a través de autofecundaciones durante al menos seis generaciones se derivan líneas homocigóticas o hasta diez ciclos de selección para la obtención de líneas altamente homocigóticas. Adicionalmente a este proceso, las líneas y la generación de híbridos demandan información del comportamiento de la aptitud combinatoria general (ACG) de los progenitores con respecto al carácter de interés. Por lo cual, es necesaria la evaluación de grandes cantidades de líneas, cruza y testigos en enormes experimentos de campo y a través de distintos ambientes con el fin de seleccionar a los mejores individuos. Todas estas actividades se vuelven inviables a medida que aumenta el número de líneas y las cruza posibles entre ellas, las cuales también necesitan ser evaluadas debido a que generalmente una mínima parte de los genotipos muestran un comportamiento alto con respecto al carácter deseado. Aunado a lo anterior, para evaluar la aptitud combinatoria general y caracterizar a las líneas como de baja o alta ACG el proceso requiere al menos de tres ciclos de cultivo de prueba y, además, depende de la confiabilidad y eficiencia del probador de la ACG que se utilice, el cual, a su vez, también debió ser derivado de un proceso de múltiples evaluaciones en campo.

Todos estos procesos requieren de tiempo, actividades laboriosas, recursos económicos y costos ambientales, ya que la producción en un ciclo de cultivo implica uso de suelo, agua, fertilizantes, plaguicidas, herbicidas, entre otros factores, de los cuales muchos son causantes de la pérdida y afectación de recursos naturales, y otros provocan daños a la salud del ser humano.

Cómo citar: Vélez-Torres, M., Corona-Torres, T., García-Zavala, J. J., Lobato-Ortiz, R., Pérez-Rodríguez, P., & Aguilar-Rincón, V. H. (2023). Generación de dihaploides y análisis molecular de la aptitud combinatoria general, estrategias para un mejoramiento genético sustentable. *Agro-Divulgación*, 3(1). <https://doi.org/10.54767/ad.v3i1.146>

Editores académicos: Dra. Ma. de Lourdes C. Arévalo Galarza y Dr. Jorge Cadena Iñiguez.

Agro-Divulgación, 3(1). Enero-Febrero. 2023. pp: 49-52.

Esta obra está bajo una licencia de Creative Commons Attribution-Non-Commercial 4.0 International



Solución planteada

Para potenciar y acelerar los programas de mejoramiento genético se requiere recurrir a tecnologías como la generación de dihaploides y las herramientas genómicas. Mediante el cultivo *in vitro* utilizando anteras de maíz Chalqueño se regeneraron individuos haploides ($n=x=12$), la fase de multiplicación no alteró el nivel cromosómico, y para generar los individuos dihaploides ($2n=2x=24$) se utilizó un agente duplicador de cromosomas. De esta manera, la formación de líneas altamente homocigóticas se consiguió en una o dos generaciones. Posterior a la fase de aclimatación, para incremento de semilla se realizó la autofecundación de las plantas dihaploides. Por otra parte, la selección genómica basada en el genotipado por secuenciación (GBS) utilizando marcadores moleculares de polimorfismo de nucleótido simple (SNPs) mostró ser una estrategia efectiva para clasificar a líneas de maíz Chalqueño de acuerdo con su ACG alta o baja y que, además, predice el rendimiento de sus híbridos. Esta es una metodología simple y rápida para evaluar líneas promisorias e híbridos con alto potencial productivo; su uso permite incluir un gran número de líneas y reducir el tiempo, labor, recursos y costos requeridos por los métodos clásicos de selección de líneas e hibridación. Desde el año 2003 se empezó a utilizar a la selección genómica utilizando SNPs para predicción del rendimiento de híbridos, pero no se había utilizado para evaluar la ACG de líneas de maíz, sino hasta que se realizó este planteamiento con maíz Chalqueño. Recientemente, se ha aplicado a otros genotipos de maíz y arroz. La integración de ambas metodologías y la incorporación de sus técnicas a los procedimientos de mejoramiento genético clásico, así como su implementación y adaptación a distintas especies tanto anuales como perennes, ofrecerían una gran ventaja para que los programas de mejoramiento genético durante las etapas de formación y selección de líneas e hibridación sean más eficientes y sustentables.



Vitroplanta haploide.

Retribución social

La metodología de generación de dihaploides en Chile fue parte del proyecto de investigación de Maestría de la Estudiante Marcelina Vélez Torres en el Posgrado Recursos Genéticos y Productividad-Genética del Campus Montecillo del Colegio de Postgraduados. Se trabajó con poblaciones nativas de Chile Miahuateco el cual es de importancia culinaria y muestra tolerancia al ataque de plagas y enfermedades. Es una metodología que reduce de forma considerable el tiempo para la formación de líneas. El inconveniente es que la colchicina usada como duplicador de cromosomas es muy peligrosa, la solución a este obstáculo sería utilizar agentes alternativos como el Orizalín o el APM (amiprofos-methyl) productos químicos que son de menor riesgo para los humanos. La metodología del análisis molecular para conocer la ACG de genotipos de maíz fue parte del proyecto de investigación de Doctorado de Marcelina Vélez Torres, en el mismo Posgrado. Se trabajó con maíz Chalqueño, una raza nativa de México ampliamente cultivada en Valles Altos por su alta productividad y calidad. En México, investigadores del CIMMYT están utilizando esta metodología de mejoramiento en sus investigaciones, así mismo, profesionales de otros países la están implementado para otros cultivos. Ambas metodologías están disponibles para ser utilizadas por toda la comunidad encargada de hacer mejoramiento genético en especies anuales o perennes.

rs#	alleles	chrom	pos	strand	assembly#	center	protLSID	assayLSID	panelLSID	QCcode	INIFAP_10:C3KBGACXX:8:250280224	INIFAP_1:C3KBGA							
N	N	G	N	G	N	N	G50_42206	C	0	42206	+	NA	NA	NA	NA	NA	N	N	
G	NS0_140338	G	0	140338	+	NA	NA	NA	NA	NA	G	N	N	N	N	G	G	N	
N	N	N	C	C	N	N	C	C	NS0_315506	T	0	315506	+	NA	NA	NA	NA	NA	
NA	NA	NA	NA	N	N	N	N	N	N	N	T	NS0_466580	G	0	466580	+	NA	NA	
G	0	729173	+	NA	NA	NA	NA	NA	N	N	G	G	N	N	N	N	NS0_729188		
C	N	C	C	C	N	CS0_1000924	A/G	0	1000924	+	NA	NA	NA	NA	NA	NA	N	N	
G	G50_1319066	C	0	1319066	+	NA	NA	NA	NA	NA	C	C	N	N	C	N	N	C	
6	NA	0	2557916	+	NA	NA	NA	NA	NA	N	N	N	N	N	N	N	N	NS0_255	
+	NA	NA	NA	NA	NA	NA	C	C	C	C	C	C	C	C	CS0_2570034	C	0	2570034	
NA	NA	NA	NA	NA	T	N	N	T	T	T	T	T	T	TS0_2572921	C	0	2572921	+	NA
NA	NA	C	C	C	C	C	C	Y	C	CS0_2885461	C	0	2885461	+	NA	NA	NA	NA	
C	C	C	C	CS0_2887581	NA	0	2887581	+	NA	NA	NA	NA	NA	NA	N	N	N	N	
0_2891513	G	0	2891513	+	NA	NA	NA	NA	NA	NA	N	N	N	N	G	N	G	N	
1703	C	0	2891703	+	NA	NA	NA	NA	NA	C	C	N	C	C	N	C	C	CS0_289	
2893618	+	NA	NA	NA	NA	NA	NA	C	N	N	N	N	N	T	N	NS0_2893700	NA	0	
06	+	NA	NA	NA	NA	NA	NA	R	R	N	N	N	N	N	G	AS0_3377129	C	0	
NA	NA	NA	NA	G	N	N	G	G	G	N	N	N	NS0_3499853	G	0	3499853	+	NA	NA
G	G	G	N	N	G	N	G50_3947053	NA	0	3947053	+	NA	NA	NA	NA	NA	N	N	
A	N	N	AS0_4069794	C	0	4069794	+	NA	NA	NA	NA	NA	C	N	N	C	N	C	
94	C	0	4723794	+	NA	NA	NA	NA	NA	N	N	N	N	C	N	N	C	CS0_472	
NA	NA	NA	NA	NA	NA	C	N	N	C	N	N	NS0_4864150	A	0	4864150	+			
NA	R	G	G	G	R	G	R	R	G50_4864440	T/C	0	4864440	+	NA	NA	NA	NA	NA	
N	N	N	N	N	N	NS0_4883051	G	0	4883051	+	NA	NA	NA	NA	NA	NA	G	N	
T	TS0_4883257	G	0	4883257	+	NA	NA	NA	NA	NA	G	N	N	G	N	N	N	N	
550	G	0	5074550	+	NA	NA	NA	NA	NA	G	G	N	G	N	N	G	N	G	
0	5191061	+	NA	NA	NA	NA	NA	T	N	N	N	N	T	N	T	NS0_5191084	T		
NA	NA	NA	NA	NA	NA	C	C	C	N	N	N	C	NS0_5320918	C	0	5320918	+		
NA	NA	NA	C	N	N	N	N	N	N	NS0_5392776	A	0	5392776	+	NA	NA	NA	NA	
N	N	C	N	C	C	CS0_5434045	G	0	5434045	+	NA	NA	NA	NA	NA	NA	N	N	
50_5440070	A/G	0	5440070	+	NA	NA	NA	NA	NA	N	R	N	N	N	N	N	G	A	
0	5565756	+	NA	NA	NA	NA	NA	C	C	N	C	C	C	C	C	CS0_5565766	C		
7	+	NA	NA	NA	NA	NA	NA	C	C	N	N	C	C	C	C	CS0_5633969	G	0	
NA	NA	NA	NA	N	G	N	N	G	G	G	G	G	G50_5694118	NA	0	5694118	+	NA	NA
N	N	N	N	N	N	N	N	NS0_6310319	A	0	6310319	+	NA	NA	NA	NA	NA	NA	
C	N	N	N	NS0_6592686	G	0	6592686	+	NA	NA	NA	NA	NA	NA	N	N	N	N	

Matriz de datos genotípicos obtenida a partir de GBS SNPs para Selección Genómica.

INNOVACIÓN, IMPACTOS E INDICADORES

Nivel de Innovación	Descripción	Transferido	Impacto		Indicador General de Políticas Públicas	Indicadores Específicos	Subindicador
			Sector	Ámbito			
Incremental	Busca mejorar los sistemas que ya existen haciéndolos mejores, más rápidos, más baratos, etc.	Asociaciones de Productores Gobierno de los Estados Productores independientes	Primario: Agricultura, Ganadería, Pesca, Explotación forestal, Minería	Social Económico	Ciencia y Tecnología Económico Educación	Competitividad Recursos Humanos	Número de tesis Número de egresados (Lic. M.C., D.C.) Número de publicaciones
Procesos	Implementación de una nueva o significativa mejora de un método de producción o de suministro	Comunidades Agrarias	Procesos de Investigación, Desarrollo e Innovación (I+D+I)		Responsabilidad Ambiental		Transferencias tecnológicas Aplicación de técnicas y conocimientos tecnológicos para el desarrollo social y económico
Innovación sostenible	Desarrollo de productos y procesos que contribuyen al desarrollo sostenible						

