

Las nuevas Tecnologías en la mejora genética e identificación de cultivares de Céspedes

Las biotecnologías aplicables a la mejora genética vegetal vienen evolucionando a pasos de gigante poniendo a disposición de los mejoradores herramientas de precisión que hace apenas unos años no podíamos imaginar. Así, gracias a técnicas en cultivo de tejidos y de clonación y transferencia del material genético hoy tenemos la posibilidad de superar a las barreras que impone la reproducción sexual a la transferencia y aprovechamiento de genes de otras especies lejanas.

Por otra parte el continuo desarrollo de marcadores genéticos moleculares cada vez más adecuados y accesibles nos permite construir mapas, lo que a su vez nos facilita la localización de genes de importancia económica tales como los que codifican los mecanismos de defensa, resistencia o tolerancia a plagas, enfermedades o condiciones ambientales diversas, así como los responsables de mejorar aspectos de calidad.

El uso de estas técnicas nos ha permitido mejorar los controles de calidad de los lotes de semillas y el desarrollo de numerosas variedades especialmente en el campo de las horticolas, incorporando entre otras cualidades, alto rendimiento y resistencia a múltiples enfermedades. Muchas de estas nuevas variedades ya están registradas en el catálogo comunitario y por lo tanto disponibles a nivel mundial.

Estos mecanismos de mejora son perfectamente utilizables en el campo de las semillas cespitosas, cuyas variedades son por lo general sintéticas excepto en el caso de la *Poa pratensis*, especie apomictica. En cespitosas, la mejora genética va encaminada en especial a los siguientes objetivos:

1.- Creación de variedades de menor porte y gran potencial productor de



menor dormancia invernal y menores necesidades de mantenimiento.

6.- Ampliación de la base genética de las variedades con el fin de disminuir su susceptibilidad a agentes externos, pero manteniendo su uniformidad.

7.- Poder bajar la altura de corte y conseguir texturas de hoja más finas en ciertas especies como la *Festuca arundinacea*.

8.- Conseguir variedades de *Poa annua* de calidad aceptable para greens y campos deportivos de uso intenso.

9.- Obtener nuevas variedades de *Agrostis stolonifera* de mayor densidad de tallos pero con menores necesidades de mantenimiento y tolerantes a siegas más bajas manteniendo su agresividad.



semilla.

2.- Inclusión de genes de resistencia a herbicidas.

3.- Incorporación de genes de resistencia a las enfermedades más graves y difíciles de controlar (Helmintosporiosis, Pítilosis, Fusariosis, Dollar spot, ...).

4.- Adaptación a condiciones de sequía o creación de variedades de menor consumo de agua.

5.- Fabricación de bermudas de semilla iguales o superiores a las bermudas híbridas en densidad y finura de hoja, con

Dentro de estas nuevas tecnologías, los marcadores moleculares permiten construir el mapa genético de las diversas especies y facilitan su manipulación genética, localizando genes de importancia económica, como los de resistencia a enfermedades, características morfológicas, sequía.

Se ha puesto en marcha una metodología innovadora para la identificación de variedades dentro de la misma especie utilizando marcadores moleculares conocidos que permiten, en base al ADN extraído de una plántula, determinar si pertenece a una variedad específica.

Las biotecnologías aplicables a la mejora genética vegetal vienen evolucionando a pasos de gigante poniendo a disposición de los mejoradores herramientas de precisión que hace apenas unos años no podíamos imaginar. Así, gracias a técnicas en cultivo de tejidos y de clonación y transferencia del material genético hoy tenemos la posibilidad de superar a las barreras que impone la reproducción sexual a la transferencia y aprovechamiento de genes de otras especies lejanas.

Por otra parte el continuo desarrollo de marcadores genéticos moleculares cada vez más adecuados y accesibles nos permite construir mapas, lo que a su vez nos facilita la localización de genes de importancia económica tales como los que codifican los mecanismos de defensa, resistencia o tolerancia a plagas, enfermedades o condiciones ambientales diversas, así como los responsables de mejorar aspectos de calidad.

El uso de estas técnicas ha permitido a nuestra Empresa mejorar los controles de calidad de los lotes de semillas y el desarrollo de numerosas variedades especialmente en el campo de las hortícolas, incorporando entre otras cualidades, alto rendimiento y resistencia a múltiples enfermedades. Muchas de estas nuevas

variedades ya están registradas en el catálogo comunitario y por lo tanto disponibles a nivel mundial.

Estos mecanismos de mejora son perfectamente utilizables en el campo de las semillas cespitosas, cuyas variedades son por lo general sintéticas excepto en el caso de la *Poa pratensis*, especie apomíctica. En cespitosas, la mejora genética va encaminada en especial a los siguientes objetivos:

- 1.- Creación de variedades de menor porte y gran potencial productor de semilla.
- 2.- Inclusión de genes de resistencia a herbicidas.
- 3.- Incorporación de genes de resistencia a las enfermedades más graves y difíciles de controlar (Helminthosporiosis, Pitiosis, Fusariosis, Dollar spot, ...).
- 4.- Adaptación a condiciones de sequía o creación de variedades de menor consumo de agua.
- 5.- Fabricación de bermudas de semilla iguales o superiores a las bermudas híbridas en densidad y finura de hoja, con menor dormancia invernal y menores necesidades de mantenimiento.
- 6.- Ampliación de la base genética de las variedades con el fin de disminuir su susceptibilidad a agentes externos, pero manteniendo su uniformidad.
- 7.- Poder bajar la altura de corte y conseguir



texturas de hoja más finas en ciertas especies como la *Festuca arundinacea*.

8.- Conseguir variedades de *Poa annua* de calidad aceptable para greens y campos deportivos de uso intenso.

9.- Obtener nuevas variedades de *Agrostis stolonifera* de mayor densidad de tallos pero con menores necesidades de mantenimiento y tolerantes a siegas más bajas manteniendo su agresividad.

Dentro de estas nuevas tecnologías, los marcadores moleculares permiten construir el mapa genético de las diversas especies y facilitan su manipulación genética, localizando genes de importancia económica, como los de resistencia a enfermedades, características morfológicas, sequía.

Hemos puesto en marcha una metodología innovadora para la identificación de variedades dentro de la misma especie utilizando marcadores moleculares

conocidos que permiten, en base al ADN extraído de una plántula, determinar si pertenece a una variedad específica.

Dentro de estos marcadores moleculares (partículas detectables con total precisión y a veces asociadas a genes específicos) contamos con una gama muy amplia de distinta naturaleza que permite cubrir cualquier necesidad. Una primera consecuencia de este avance es la posibilidad de desarrollar poblaciones

especiales donde segregan los genes importantes, y hacer mapas genéticos de ellas con los marcadores moleculares. Después de estudios muy finos podemos llegar a identificar en el germoplasma la localización de estos genes interesantes.

Una vez localizada la posición de estos genes, pasamos a tener la posibilidad de identificar la ausencia o presencia de este gen en cualesquiera otras poblaciones, por medio de su marcador. Con la ventaja de que la extracción de ADN

y la detección del marcador se puede llevar a cabo en un día a partir del momento en que se pueda recolectar un trozo de hoja de una planta recién germinada o adulta, o incluso en semillas no germinadas. La prueba del marcador supone un grado de precisión de un 100%.

Este sistema de identificación es realmente útil para las mezclas en que intervienen varias variedades de la misma especie, muy difíciles de identificar aún con la planta desarrollada e imposible a nivel de semilla. También es de gran utilidad para valorar la composición real y el grado de uniformidad de una nueva variedad sintética, lo que facilita enormemente el postcontrol.



especies con las que trabajamos. Ponemos por ejemplo la Resistencia a ciertos Herbicidas o la Capacidad de Fijación de Nitrógeno atmosférico.

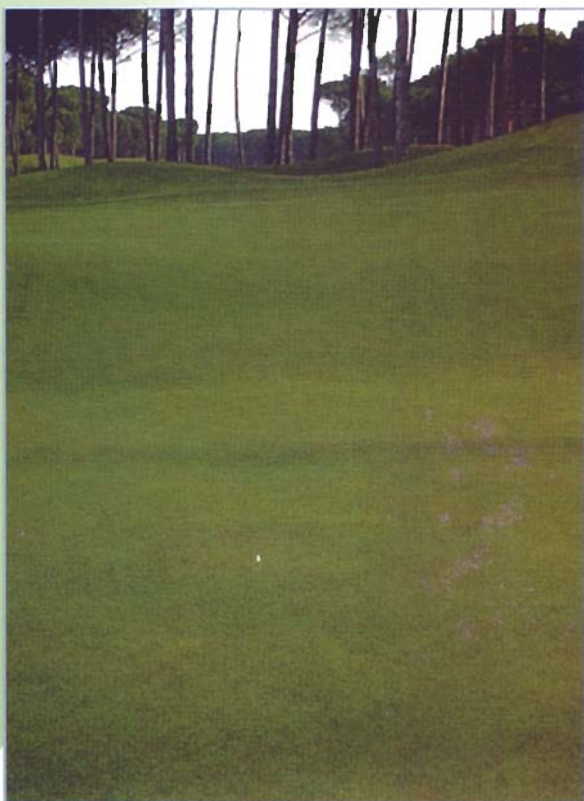
La aplicación de estas nuevas tecnologías se concreta a continuación.

Marcadores moleculares:

Actualmente utilizamos varias familias de marcadores genéticos moleculares /RADP, microsátélites, RFLP y AFLP) y dentro de cada familia contamos con números de marcadores suficientemente elevados como para atender prácticamente cualquier tipo de estudio.

Apoyándonos en marcadores genéticos tenemos la posibilidad de identificar individualmente variedades o material avanzado de las especies como *Cynodón dactylon*, *Festuca arundinacea*, *Poa pratensis*, *Lolium perenne*, *Agrostis stolonifera*, *Festucas finas*, con una seguridad del 100%.

Estudios de esta clase tienen una amplia variedad de aplicaciones prácticas. Por ejemplo han permitido identificar que el nivel de flujo genético entre poblaciones de *Poa annua* de greens y de calles es relativamente bajo (Sweeney P.M. y Dannenberg T.K., Crop Science 1995, 36:6, 1676-1680), información valiosa a la hora de diseñar esquemas de mejora genética de estos materiales.



Gracias a los marcadores moleculares, podemos, en estos momentos, dirigir nuestro programa de mejora hacia objetivos que antes no estaban a nuestro alcance teniendo la posibilidad de alcanzar metas en plazos más cortos.

Transformación genética.

La mejora genética de cespitosas mediante esta técnica no es una ficción. Ya hay resultados positivos que indican que el nivel tecnológico actual permite abordar este tipo de proyectos con éxito (Lee L., Plant Science Limerik 1996, 115 1, 1-8).

Sin embargo, el resultado actual de esta tecnología precisa más refinamiento para hacer que su coste de aplicación y nuestras actuales preocupaciones sobre los posibles impactos negativos de tipo ecológico y ambiental se resuelvan a un nivel tal que su utilización a nivel comercial sea viable.

En Semillas Fitó S.A. estamos en vanguardia para poner en sus manos lo mejor que el estado actual de la ciencia y tecnología hacen posible.