

Tendencias en el mejoramiento del cultivo de trigo

Carlos Sala, Mariel Echarte, Mariano Bulos, Gustavo Vrdoljak y Pedro Paulucci

El incremento de la productividad del trigo a través de mejoramiento genético, ha sido bastante más lento que el de otros cultivos, tales como maíz, soja o arroz. Esto se debe al nivel de ploidía de este cultivo, al tamaño y la complejidad de su genoma, a su alto porcentaje de secuencias repetidas y a su bajo nivel de polimorfismo (Hoisington *et al.*, 2004). En el caso argentino en particular, la utilización restringida del germoplasma se ha sumado a tales factores para determinar que el progreso genético sea todavía menor que el logrado por otros países.

Revertir esta tendencia ha sido el desafío de los programas de mejora y biotecnología de trigo de Nidera S.A. En tal sentido, en este trabajo se describen las aproximaciones con las que hemos abordado ese objetivo, las que van desde los objetivos de mejora, el tipo de germoplasma, las estrategias de creación de ese germoplasma, los caracteres y genes que estamos introgressando, hasta los métodos de selección asistida por marcadores moleculares y de cultivo de tejidos conducentes a acelerar los plazos de la mejora. En última instancia, lo que se describirá es una forma de maximizar el progreso genético por selección lo que se traduce en un mayor número de opciones (= nuevos cultivares) las que, a su vez, permitan maximizar la rentabilidad de este cultivo.

El origen del germoplasma

Como resultado de los esfuerzos realizados en la introducción y mejora de trigo durante la primera mitad del siglo XX se crearon numerosos cultivares que constituyeron el denominado germoplasma tradicional de trigo argentino. A partir de 1962, el INTA tomó la decisión de incrementar la productividad de este germoplasma tradicional mediante cruzamientos con germoplasma mejicano proveniente del CIMMYT, lo que determinó la difusión de decenas de variedades desde 1971, tanto por el INTA como por empresas privadas, lo que aparejó un aumento de los rendimientos (Nisi y Antonelli, 2001). Teniendo en cuenta el potencial de rendimiento promedio de los cultivares europeos (7300 kg/ha, Bonjean *et al.*, 2001) y como ocurrió en la década del 60 con el germoplasma del CIMMYT, se comenzaron a ensayar experimentalmente en Argentina centenares de genotipos europeos hacia mediados de los 90. Como resultado de este proceso de introducción y evaluación, Nidera S.A. registró en nuestro país los primeros cultivares de origen europeo hacia fines de la década pasada. El proceso de introducción y evaluación de genotipos europeos continuó por varios años, lo que dio como resultado el registro de varios cultivares con características sobresalientes, tanto en rendimiento, como en resistencia a enfermedades y calidad panadera.

Paralelamente, se realizaron estudios sobre la fisiología de la adaptación de los materiales europeos más adaptados a nuestro país, en comparación con los restantes materiales del mismo origen y con genotipos argentinos. Estos estudios permitieron establecer modelos de adaptación básicos para lograr altos rendimientos en las diferentes regiones trigueras.

Asimismo, durante varios años, se introdujeron y evaluaron fuentes de resistencia/tolerancia a factores bióticos y abióticos adversos provenientes de Australia, Canadá, USA, China, Europa, Japón y Argentina. Numerosos genotipos fueron selectos y se dilucidó la genética de la resistencia/tolerancia, se ubicaron los factores genéticos en el mapa genómico del trigo y se inició un extenso programa de introgresión de genes de resistencia y calidad dentro del germoplasma europeo.

Tipos de germoplasmas y su diseño

El propósito general de los programas de mejoramiento y biotecnología de trigo de Nidera S.A. fue –y continúa siendo- acrecentar el nivel de potencial de rendimiento de los genotipos europeos introducidos, otorgándoles mayor tolerancia a factores abióticos adversos (estrés hídrico y térmico), enfermedades (resistencia a roya de la hoja, roya del tallo, fusariosis, septoriosis, mancha amarilla y pietín), muy buen peso hectolítrico, distintos grados de calidad molinera, altos niveles de proteína en el grano y resistencia a herbicidas de última generación.

Gracias a la información generada en la primera etapa, se dedujo que se necesitaban al menos tres modelos adaptativos básicos para satisfacer el objetivo de mejorar el potencial de rendimiento en el norte, centro y sur. Estos tres modelos están gobernados por combinaciones diferentes de genes en los loci responsables de la respuesta a vernalización y fotoperíodo en trigo. Superpuesto a estos modelos adaptativos, se concluyó que otros caracteres, tales como resistencia a enfermedades y a diversos estreses, necesariamente tenían que ser diferentes para las tres regiones señaladas. En síntesis, se diseñó para cada región un tipo de germoplasma que maximizara los rendimientos ante la oferta edafoclimática y la presión de enfermedades imperantes en cada una.

Durante muchos años, y aún hoy se continúan convirtiendo genotipos de altos rendimientos según estos modelos básicos de adaptación. La recombinación de esos genotipos constituyó la base de los tres tipos de germoplasma que en estos momentos estamos manejando y desarrollando. Estos tipos básicos de germoplasma poseían una escasa variabilidad genética inicial, por lo que fueron masivamente introgressados mediante selección convencional y asistida por marcadores moleculares.

El resultado final a nivel de diversidad genética, fue la estructuración de la variabilidad heredable de una forma desconocida hasta el momento para el trigo en Argentina y la fundación de tipos de germoplasma diferenciados para cada región triguera.

Aspectos metodológicos

En sintonía con estos tipos diferenciados de nuestro programa posee tres estaciones experimentales localizadas en el norte, centro y sur de la región triguera argentina, las cuales controlan los campos de cría, y localidades de evaluación de materiales en su área de influencia. Esta red, además, permite realizar un monitoreo continuo de los cambios de la diversidad genética de las poblaciones de patógenos mediante la localización y evaluación de sistemas completos de genotipos diferenciales para distintas enfermedades, desde Formosa hasta el sur de la provincia de Buenos Aires. Finalmente, toda esta vasta información de evaluación de materiales permite explotar o capitalizar la interacciones genotipo x ambiente, tanto para caracteres adaptativos (ciclo, rendimiento), tolerancias/resistencias, como a calidad comercial e industrial. En este sentido, la siembra de todos nuestros ensayos en condiciones de siembra directa, permite evaluar y seleccionar los genotipos más adaptados a esa práctica de manejo.

Con respecto a la individualización de los genes útiles, el mejoramiento genético convencional ha utilizado exitosamente el fenotipo de los individuos para alcanzar los niveles de rendimiento y estabilidad actuales. No obstante, ese éxito está condicionado por la heredabilidad del carácter en cuestión. La herencia poligénica u oligogénica, las dominancias parciales o completas, la influencia del ambiente y la interacción entre los genotipos a evaluar y los ambientes de expresión, son algunos de los factores que limitan la eficiencia de la evaluación fenotípica. Muchas de las complicaciones de este análisis pueden ser mitigadas a través de la identificación directa de genotipos. Con el desarrollo de técnicas moleculares más eficientes, los mapas genómicos del cultivo de trigo, y sistemas diagnósticos basados en

marcadores moleculares, que segregan conjuntamente con los genes de interés la identificación directa de genotipos, o selección asistida por marcadores moleculares, se ha vuelto una herramienta corriente para evaluar germoplasma por diversas características. Los genes que de este modo se están incorporando al programa, gobiernan la calidad panadera, el porcentaje de proteína y la resistencia a distintas enfermedades como royas y fusariosis de la espiga. El uso de marcadores moleculares no sólo permite el traslado de esos genes sino también la recuperación del trasfondo genético de alta productividad, evitando el arrastre de genes deletéreos para rendimiento o estabilidad.

Asimismo, con el objeto de maximizar el progreso genético por selección, el programa está haciendo uso de métodos no convencionales (SSD acelerado y haploides duplicados) para realizar múltiples generaciones al año y acortar, de ese modo, los plazos de la mejora. A modo de ejemplo, a través de los métodos de generación de haploides duplicados (cruzas de trigo con maíz o cultivo de microsporas), se consigue generar líneas puras de trigo en un plazo de 7-8 meses. Con el método convencional, en cambio, esto se consigue luego de 4 a 7 años.

Conclusión

Del mismo modo que el máximo rendimiento se logra a través de la interacción entre el mejor genotipo con el ambiente y las prácticas agronómicas más productivas, entendemos que el mejor plan de mejora es el que se basa en la interacción de varios factores. Así, en nuestro caso, hemos puesto a interactuar el mejoramiento convencional con el molecular, la patología clásica con la dinámica poblacional, el conocimiento acabado del cultivo de trigo con el aporte de las metodologías usadas en otras especies, el manejo ortodoxo con conceptos ecofisiológicos claves. Todo esto dentro del contexto de la oferta edafoclimática de cada región y del máximo beneficio, tanto para el cultivo como para la rotación. El resultado es la generación de una vasta gama de opciones de productos para cubrir todo el espectro de necesidades que requiera cada ambiente y sistema productivo.

Bibliografía

- Bonjean, A. *et al.*, 2001. French Wheat Pool. En: The World Wheat Book, a history of wheat breeding, Lavoisier, Paris.
- Hoisington, D. *et al.*, 2004. The application of biotechnology to wheat improvement. En: Curtis, B; Rajaram, S. y Gómez Macpherson (eds), Bread Wheat: Improvement and Production. FAO Plant Production and Protection Series, 27p.
- Nisi, J. y Antonelli, E. 2001. Argentine Wheat Pool. En: The World Wheat Book, a history of wheat breeding, Lavoisier, Paris.