



Obtención de nuevas variedades: Técnicas y tendencias de futuro.



VII JORNADAS
GENVCE2019

CEW
Centro de Estudios y Experimentación de Recursos Genéticos

neiker
Iberica

GENVCE

- > Ensayos en campo
- > Charlas técnicas
- > Tecnología

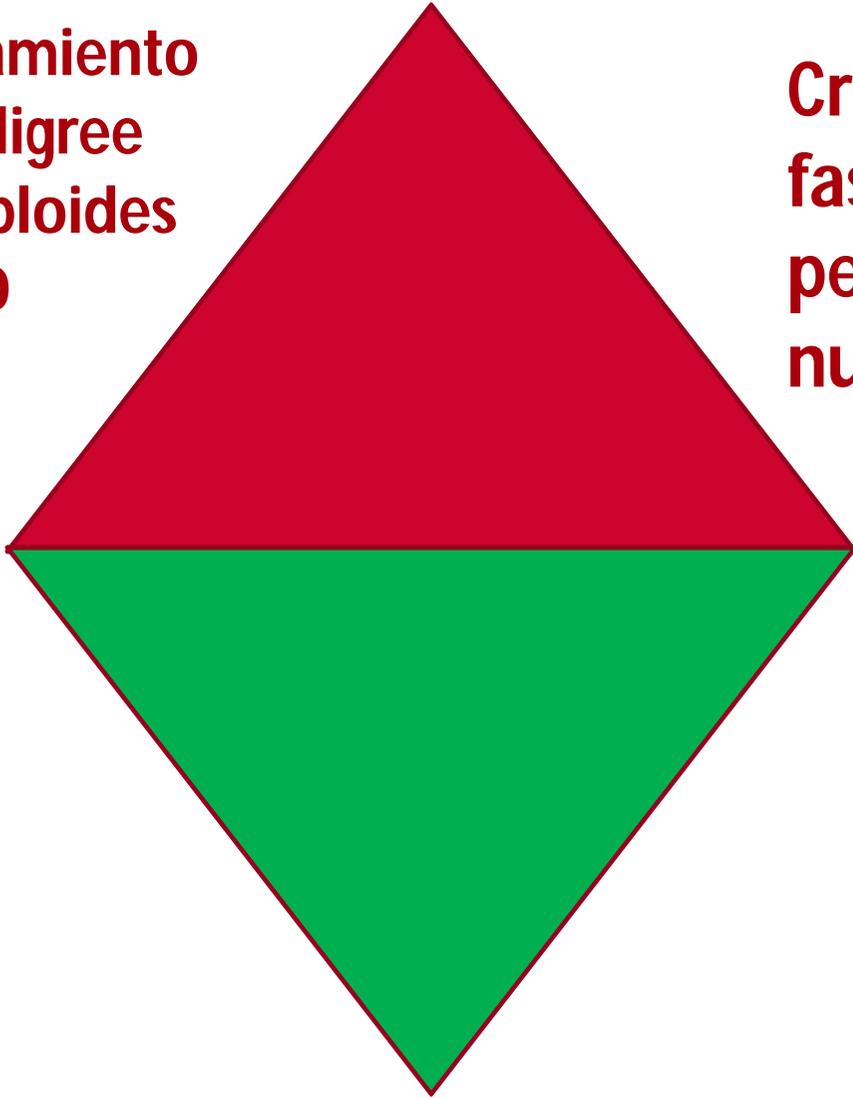
www.genvce2019.com

Vitoria-Gasteiz y Gauna (Álava), 28 y 29 de mayo de 2019

Enrique Sánchez Monge.
Director I&D
Limagrain Ibérica

Cruzamiento

- Pedigree
- Haploides
- SSD
- ...



Creación de nueva variabilidad, una fase expansiva. Un programa pequeño suele generar 1500-3000 nuevas variedades cada año

Se registran 1-3 variedades por año de un programa de mejora en España. ¿Cómo seleccionar de entre las 1500-3000 variedades potenciales las "mejores"?



Sistema normal de Ensayos.

- **"Y1" 1, 2 localidades 1 Rep (+). 1500 genotipos**
- "Y2" 3 localidades 2 Rep (+). 200 genotipos.
- "Y3" 7-10 localidades 3 rep (+), 2 (-). 15 genotipos
- OEVV1 : 16 localidades (-) + "Y3" 7-10 localidades 3 rep (+), 2 (-). 3 genotipos
- OEVV2 : 16 localidades (-) + "Y3" 7-10 localidades 3 rep (+), 2 (-). 3 genotipos
- GNVCE1: 16 localidades (-) + "Y3" 7-10 localidades 3 rep (+), 2 (-). 2 variedades.
- GNVCE2: 16 localidades (-) + "Y3" 7-10 localidades 3 rep (+), 2 (-). 2 variedades
- **Aproximadamente 109 datos de ensayos en 8 años.**

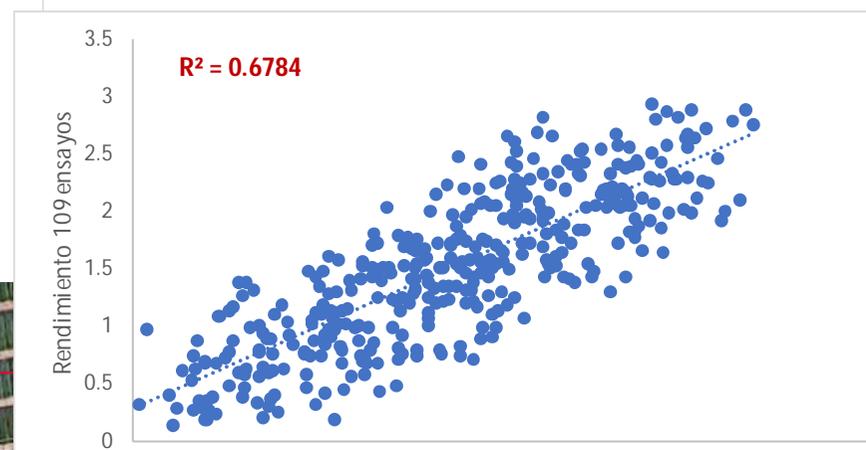
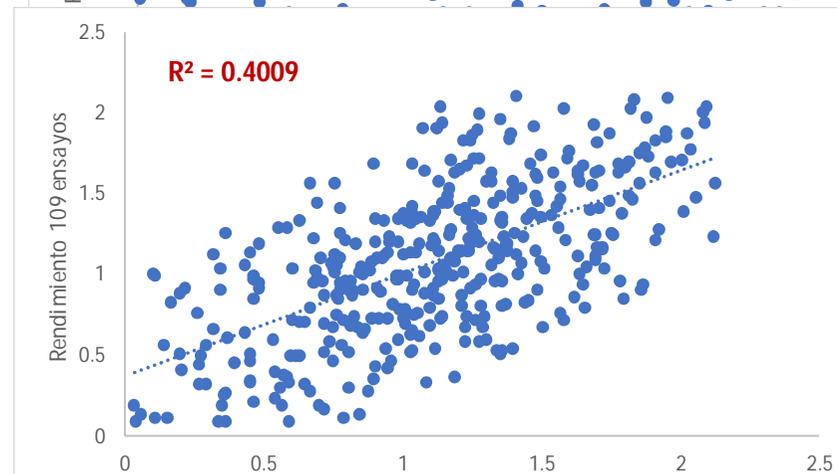
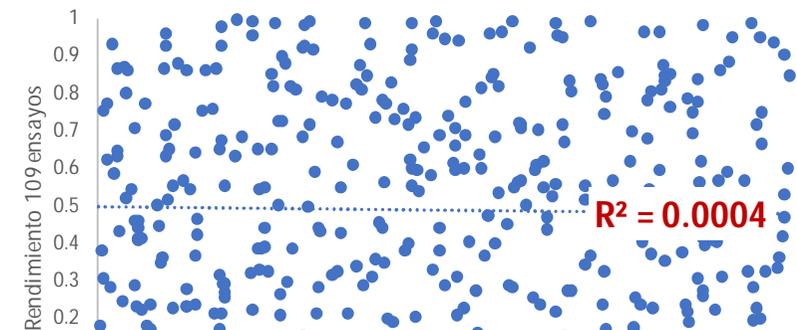


Sistema normal de Ensayos.

- "Y1" 1, 2 localidades 1 Rep (+). 1500 genotipos

¿Qué relación hay entre el dato de Y1 y el resultados final de 109 ensayos?

- Aproximadamente 109 datos de ensayos en 8 años.





La “fórmula del mejorador”

¿Qué se gana en el proceso de selección? ¿Qué respuesta tenemos en el proceso de selección?

$$R_t = h^2 S = \frac{i r \sigma_A}{L}$$

h^2 = heredabilidad

S = intensidad de selección

i = intensidad de selección

r = precisión de la medida

σ_A = el carácter por el que ha seleccionado, ¿se hereda?

L = tiempo, ¿cuánto dura cada ciclo de selección?

Lush, J. L. *Animal Breeding Plans*. Ames, Iowa: Iowa State Press, 1937.



¿Cómo MEJORAR la precisión de la estimación de un carácter cuantitativo?

- Red y ejecución de ensayos
 - Localidades representativas del mercado
 - Diseño de los ensayos:
 - Elección de parcela
 - Corrección de las desigualdades del terreno por el diseño adecuado
 - Maquinaria de siembra y recolección
 - ...



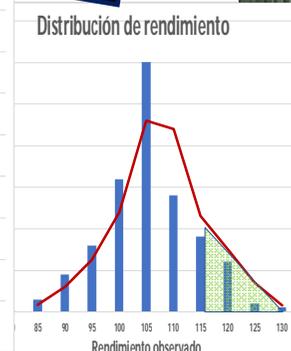
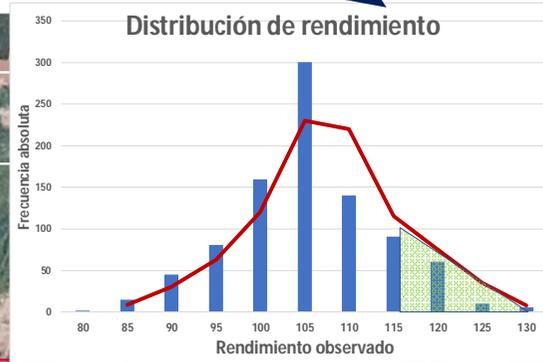
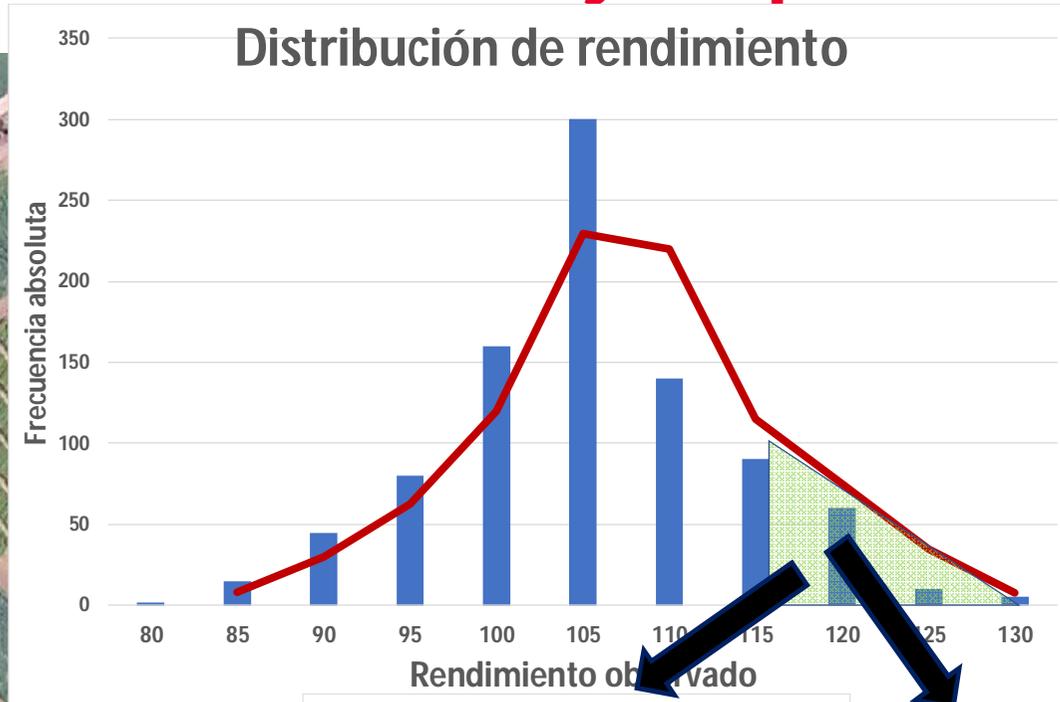
Limagrain Field Seeds



Diseños de ensayos que corrijan desigualdades del campo



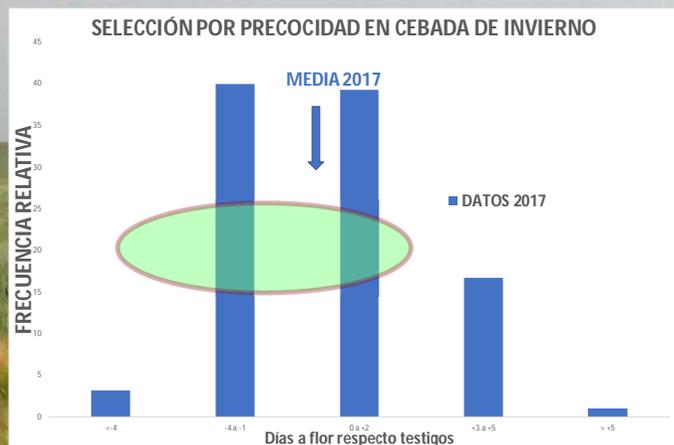
Seleccionamos "lo mejor", pero...





¿Qué pasa en realidad?

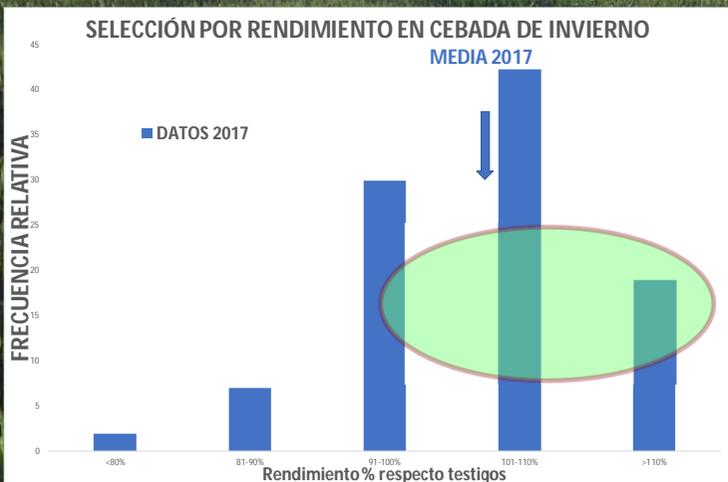
Selección por "precocidad" en Cebada de Invierno en 2017, resultados 2018





¿Qué pasa en realidad?

Selección por "rendimiento" en Cebada de Invierno en 2017, resultados 2018





La "fórmula del mejorador"

¿Qué se gana en el proceso de selección? ¿Qué respuesta tenemos en el proceso de selección?

$$R_t = h^2 S = \frac{i r \sigma_A}{L}$$

h^2 = heredabilidad

S = intensidad de selección

I = intensidad de selección

r = precisión de la medida

δA = el carácter por el que ha seleccionado, ¿se hereda?

L = tiempo, ¿cuántas veces puede repetir el ciclo en un año?



¿Cómo MEJORAR la precisión de la estimación de un carácter cuantitativo?

- Red y ejecución de ensayos
 - Localidades representativas del mercado
 - Diseño de los ensayos:
 - Elección de parcela
 - Corrección de las desigualdades del terreno por el diseño adecuado
 - Maquinaria de siembra y recolección
 - ...
- **MEJORAR LA ESTIMACIÓN DEL CARÁCTER CUANTITATIVO (RENDIMIENTO)**
 - **Selección Genómica**





SELECCIÓN GENÓMICA

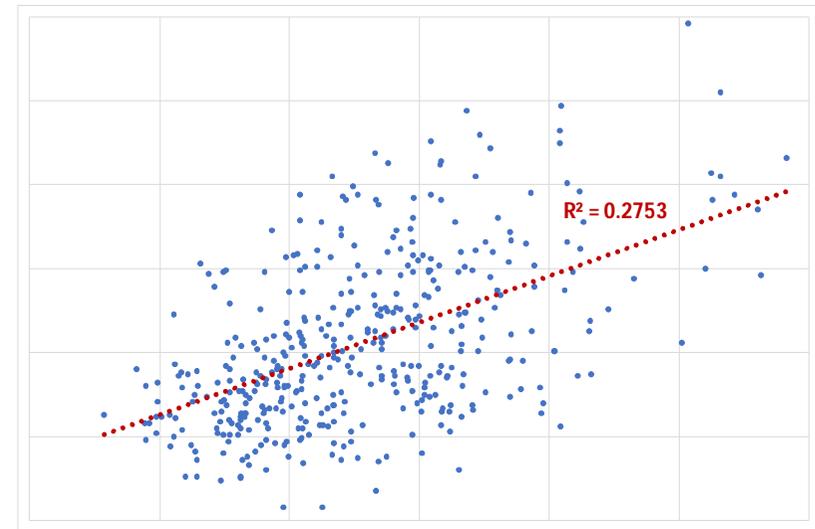
- Necesitamos “genotipar” todo el material en ensayos con un número significativo (15.000 por ejemplo) de marcadores moleculares con formas alélicas distintas. (detecta secuencias específicas de ADN).
- No necesitamos saber si estas secuencias de ADN detectadas codifican para algún carácter o no y qué codifica (si es que lo hace) cada forma alélica, son fundamentalmente “anónimas”.
- “Fenotipamos” las variedades (medimos rendimiento) que están todas “genotipadas”.
- Es posible hacer un cálculo matemático que “asigne” a cada forma alélica de cada marcador un “valor” que sume o reste al carácter estudiado.
- La suma del valor asignado a cada marcador nos da en teoría una estimación del rendimiento. Una “calibración”
- Esta calibración se compara con el valor real del rendimiento para estimar su valor de predicción.
- Esta calibración va mejorando cada año a medida que se añaden nuevos datos de rendimiento relacionados con un perfil genético de marcadores.



Selección Genómica.

- "Y1" 1, 2 localidades 1 Rep (+). 1500 genotipos

¿Qué relación hay entre el valor dado por la Selección genómica y el resultado final de 109 ensayos?



- Aproximadamente 109 datos de ensayos en 8 años.



¿QUÉ PASOS ESTÁN DANDO LOS MEJORADORES?

- **Fáciles:** genotipar todo el material en ensayos, mejorar la red de ensayos en localidades, diseño,... Los precios de cada “data point” han bajado significativamente.
- **“Compromiso mental”:** Los recursos son limitados, hay que dar el paso de:
 - Reducir el número de ensayos en las primeras fases de evaluación y sustituirla por la “predicción” de la Selección Genómica.
 - Siguiendo paso: la selección en generaciones segregantes es muy aleatoria, tras eliminar por ciclo y enfermedades (visualmente) usar la selección genómica en el material que se va a cosechar masalmente para crear las nuevas variedades. Posteriormente usar esa calibración para selección en F2, F3...
- **Usada extensivamente para selección de parentales.**
- **“Recalibrar” cada año el sistema. Comprobar resultados.**



Caracteres monogénicos o regulados por pocos genes

Ejemplo enfermedades (Roya Parda)

- El sistema tradicional es exponer el germoplasma al patógeno y seleccionar visualmente (si en ese campo hay infección ese año...)
- Idealmente hay que conocer la virulencia del patógeno (y saber que es variable por zonas y años, evoluciona).
- Si conocemos la presencia de un gen de resistencia sobre los genes de virulencia de la zona podemos trabajar sin inoculación.



SHORT COMMUNICATION

OPEN ACCESS

Table 1. Infection types (IT)⁽¹⁾ at 5th leaf stage on 20 near-isogenic Thatcher lines and eight genotypes with known *R*-genes inoculated with two leaf rust races collected on durum wheat in 2009-11 (DBB/BN and DBB/CN), and the new race collected in 2013 in Spain (DBB/BS).

	Isolates 2009-11 (old)		Isolates 2013 (new)			
	DBB/BN ⁽²⁾	DBB/CN	Conil Altar (<i>Lr72</i>)	Conil D. Jaime (<i>Lr14a</i>)	Gerona Altar (<i>Lr72</i>)	Gerona line with <i>Lr14a</i>
			DBB/BS			
Thatcher	3	3	4	4	4	4
TcLr1	:	:	:	:	:	:
TcLr2a	1	2	2	2	1	2
TcLr2c	3	3	3	3	4	3
TcLr3	1	1	:	1	1	1
TcLr3bg	1	1	1	1	1	1
TcLr3ka	:	:	1	1	1	1
TcLr9	0	:	0	:	0	0
TcLr10	3	3	4	3	4	4
TcLr11	1	2	1	1	1	1
TcLr13	1	2	1	1	1	1
TcLr14a	2	2	3	4	4	4
TcLr15	2	2	2	2	1	1
TcLr16	1	2	2	2	2	2
TcLr17	1	:	1	1	1	1
TcLr18	1	3	1	2	2	2
TcLr23	3	3	3	4	4	3
TcLr24	:	:	:	:	:	:
TcLr26	:	:	1	1	1	1
TcLr30	1	2	2	2	2	2
Jupare (<i>Lr27+31,Lr72</i>)	0	:	:	1	:	:
Gallareta (<i>Lr72</i>)	4	4	4	4	4	4
Somateria (<i>Lr14a+</i>) ⁽³⁾	2	2	3	4	4	4
Colosseo (<i>Lr14a+</i>) ⁽³⁾	2	2	3	4	4	4
Don Jaime (<i>Lr14a+</i>) ⁽³⁾	:	:	4	4	4	4
Storlom (<i>Lr3,Lr72</i>)	:	:	:	:	:	:
Guayacán (<i>Lr61</i>)	:	:	:	:	:	:
Camayo (<i>LrCam</i>)	1	2	1	:	:	:

⁽¹⁾ IT according to a 0-4 scale as described by Stakman *et al.* (1962) with some modifications. IT 0 to 2 (including ; that indicates the presence of only necrotic flecks on infected leaves) indicate an incompatible reaction (avirulent race), whereas IT 3 to 4 indicate a compatible response (virulent race). ⁽²⁾ Nomenclature of races follows Soleiman *et al.* (2014b). ⁽³⁾ Tested positive for the presence of *Lr14a* with the SSR markers Xgwm344 and Xgwm146.

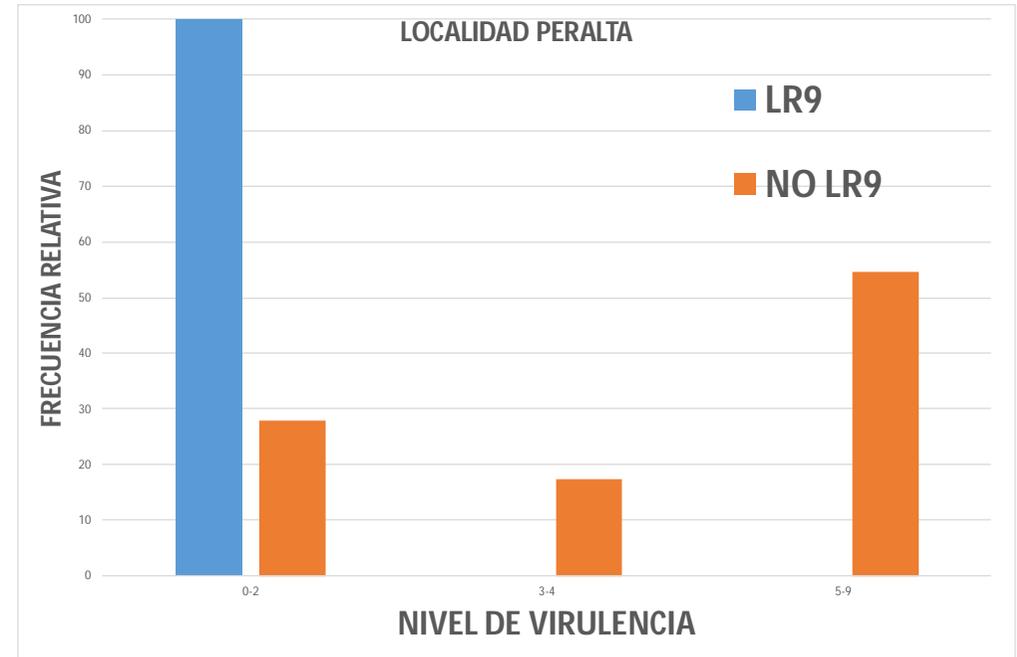
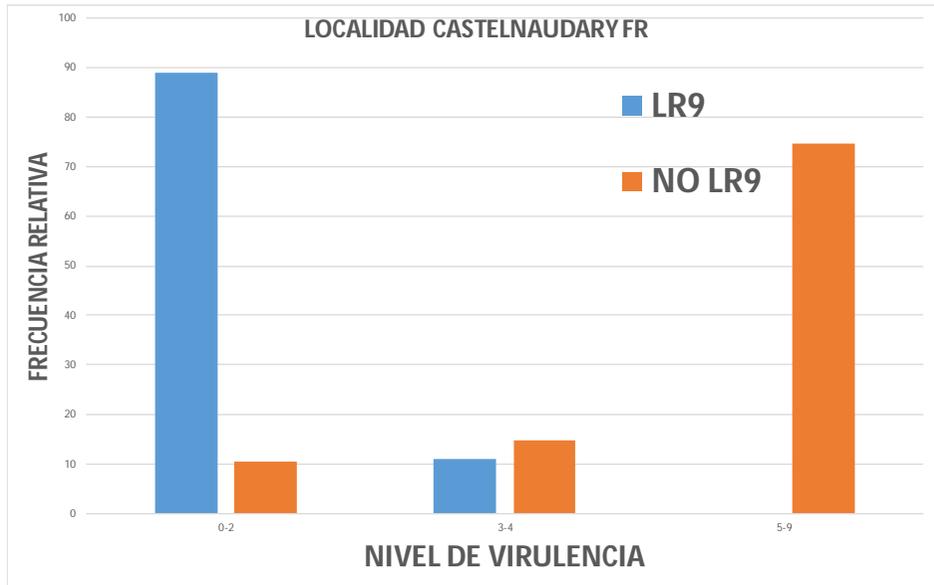
Emergence of a new race of leaf rust with combined virulence to *Lr14a* and *Lr72* genes on durum wheat

ur H. Soleiman¹, Ignacio Solis¹, Mahmoud H. Soliman², Josefa C. Sillero³, Dolors Villegas⁴, Fanny Alvaro⁴,
Conxita Royo⁴, Joan Serra⁵, Karim Ammar⁶ and Fernando Martinez-Moreno¹

¹University of Seville, ETSIA, Dept. Ciencias Agroforestales, Ctra de Utrera km1, 41013 Seville, Spain. ²Agriculture Research Center, Dept. Diseases, 9 Gamah Street, 12619 Giza, Egypt. ³IFAPA Centro Alameda del Obispo, Apdo. 3092, Córdoba Spain. ⁴IRTA, Field Crops am, Avda Rovira Roure 191, 25198 Lleida, Spain. ⁵IRTA-Mas Badia, 17134 La Tallada d'Emporda, Girona, Spain. ⁶International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), Apdo. Postal 6-641, 06600 Mexico D.F., Mexico



Comprobación en campo





La “fórmula del mejorador”

¿Qué se gana en el proceso de selección? ¿Qué respuesta tenemos en el proceso de selección?

$$R_t = h^2 S = \frac{i r \sigma_A}{L}$$

h^2 = heredabilidad

S = intensidad de selección

i = intensidad de selección

r = precisión de la medida

σ_A = el carácter por el que ha seleccionado, ¿se

L = tiempo, ¿cuántas veces puede repetir el ciclo en un año?

“SSD”

Dobles haploides

Requiere cámaras de cultivo/Vernalización...

¿3 generaciones por año en trigo/cebada de invierno?.



Cultivo “contra estación”. Cultivo de verano

- Posible en trigo y cebada de primavera.
- Usar hemisferio sur (práctica “normal” en cebada).
- En España cultivar en verano (Granada, Cádiz)



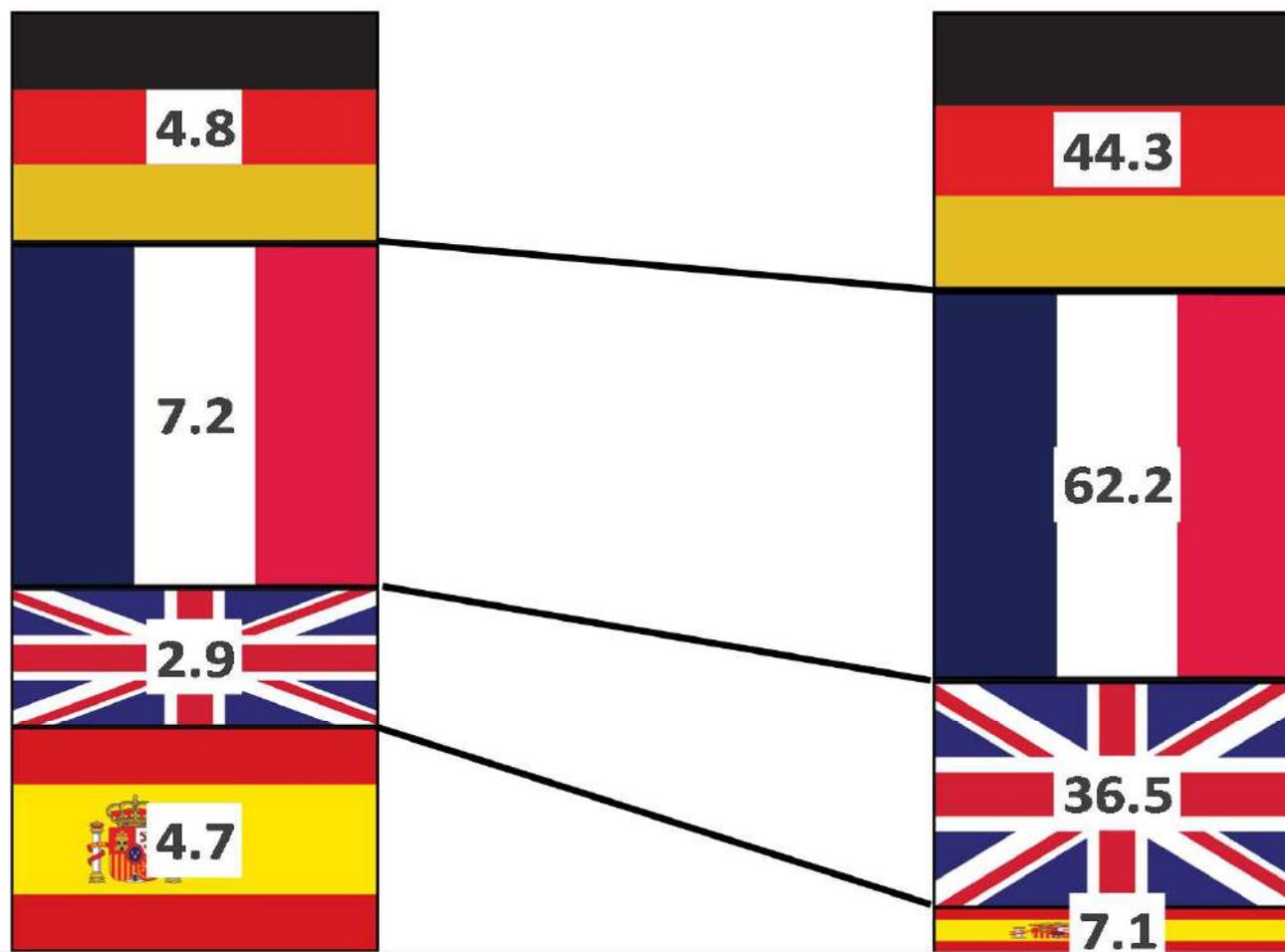


¿QUIÉN PAGA LOS PROGRAMAS DE MEJORA?

- Las Regalías o “Royalties”.
- Las variedades pueden ser protegidas (convenio de la UPOV), 75 países.
- La Protección frente a la Patente.
- Una variedad Protegida está disponible como recurso fitogenético para todos los mejoradores.
- Una variedad patentada no está disponible como recurso genético para todos los mejoradores.
- No toda la industria de obtención está en contra de patentar variedades



SITUACIÓN DE ESPAÑA EN LA PROPIEDAD INTELECTUAL DE VARIEDADES.



Mill Ha cereal

Regalías Mill€

SITUACIÓN DE ESPAÑA EN LA PROPIEDAD INTELECTUAL DE VARIEDADES.



Tm/ha

€ Roy/Tm producida



Obtención de nuevas variedades: Técnicas y tendencias de futuro.

Gracias por su atención

