

TEMA 6. MÉTODOS DE MEJORA DE AUTÓGAMAS MEDIANTE SELECCIÓN CON CRUZAMIENTO.

1. Cruzamientos complementarios y transgresivos
2. Método genealógico.
3. Consecuencias genéticas de la hibridación
4. Selección tardía: método masal con cruzamiento
5. Métodos mixtos
6. Selección tardía: método de descendencia de semilla única
7. El retrocruzamiento en autógamas
8. El producto final de los métodos de retrocruzamiento

Bibliografía

INTRODUCCIÓN A LA MEJORA GENÉTICA DE PLANTAS

Cubero, J.I.

Mundi-Prensa. Madrid. 2003.

Capítulo 8

PRINCIPIOS DE LA MEJORA GENÉTICA DE PLANTAS.

Allard, R.W.

Omega. Barcelona. 1967.

Capítulos 7, 11, 12, 13 y 14

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE LAS COSECHAS

Poehlman, J. M., Sleper, D. A.

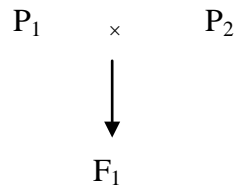
Editorial Limusa. Mexico. 2003

Capítulo 9

1. Cruzamientos complementarios y transgresivos.

Los métodos de selección simple sin cruzamiento en autógamias no crean nuevos genotipos, simplemente intentan incrementar la frecuencia de los mejores entre los existentes (masal) o aislar las mejores líneas puras (individual). Pero también es posible a partir de líneas puras disponibles crear otras nuevas que reúnan los genes favorables que están dispersos en aquellas. Por ejemplo, si A_1/A_2 , B_1/B_2 , C_1/C_2 , D_1/D_2 , E_1/E_2 , F_1/F_2 son las parejas génicas que rigen uno o varios caracteres sometidos a mejora, y los alelos señalados con 1 son los favorables y desfavorables los designados con 2, dos líneas puras que se complementan para alelos favorables son $A_1A_1B_1B_1C_1C_1D_1D_1E_1E_1F_1F_1$ y $A_2A_2B_2B_2C_2C_2D_2D_2E_2E_2F_2F_2$ Si disponemos de estas dos líneas puras pero no del genotipo con todos los alelos favorables en homocigosis $A_1A_1B_1B_1C_1C_1D_1D_1E_1E_1F_1F_1$, este puede obtenerse a partir de aquellas. Para ello el primer paso es el cruzamiento sexual o hibridación de las líneas disponibles, que se supone complementarias en cuanto a los genes a reunir. En este contexto a dichas líneas las llamamos **genitores**. Los cruzamientos pueden ser complementarios o transgresivos. Los primeros son aquellos que se harán cuando la combinación de genes buscada suponga la presencia simultánea de dos o más caracteres favorables que están dispersos en los genotipos que se cruzan (por ejemplo, cruzando una variedad de alto rendimiento y ciclo largo con otra de bajo rendimiento y precoz se pretende obtener otra nueva de alto rendimiento y precoz). Los cruzamientos transgresivos se llevan a cabo cuando la combinación de genes buscada confiere en un carácter dado una expresión superior (o inferior) a la que se da en los genitores que se cruzan. Por ejemplo, partiendo del cruzamiento de dos variedades de trigo de resistencia más o menos media al frío se pretende obtener otra nueva con alta resistencia.

Elegidos los genitores y sembrados en pleno campo, en invernadero, en cámara climática, en habitáculos especiales, etc., se procede a la realización del cruzamiento para obtener semilla F_1 .



Se siembra posteriormente toda la semilla F_1 , no haciéndose selección de estas plantas, ya que forman una población de plantas genéticamente idénticas.

Toda la semilla producida por las plantas F_1 , que es semilla F_2 , se recoge en conjunto y a partir de ahí tenemos varias formas de manejar las generaciones segregantes sucesivas (F_2, F_3, F_4, F_5 etc.) para conseguir las líneas homocigotas buscadas que combinen las características positivas de los genitores o que los superen de forma transgresiva.

La llamada generación F_1 puede proceder de cruzamientos simples ($P_1 \times P_2$) o complejos, como por ejemplo $(P_1 \times P_2)P_3$ o $(P_1 \times P_2) \times (P_3 \times P_4)$. En estos casos son varios los genitores que en conjunto reúnen los genes a combinar.

Se describe a continuación el manejo genealógico de las generaciones segregantes que da lugar al método genealógico o pedigree.

2. El método genealógico (Pedigree)

Se parte de una generación F_2 que deberá ser tan grande como sea posible, por razones que se analizarán más adelante, sembrándola espaciadamente para poder evaluar individualmente cada planta. En dicha generación F_2 se lleva cabo una selección negativa, eliminando las plantas que muestren claramente deficiencias, ya que las diferencias fenotípicas entre individuos pueden estar influidas por el ambiente. La

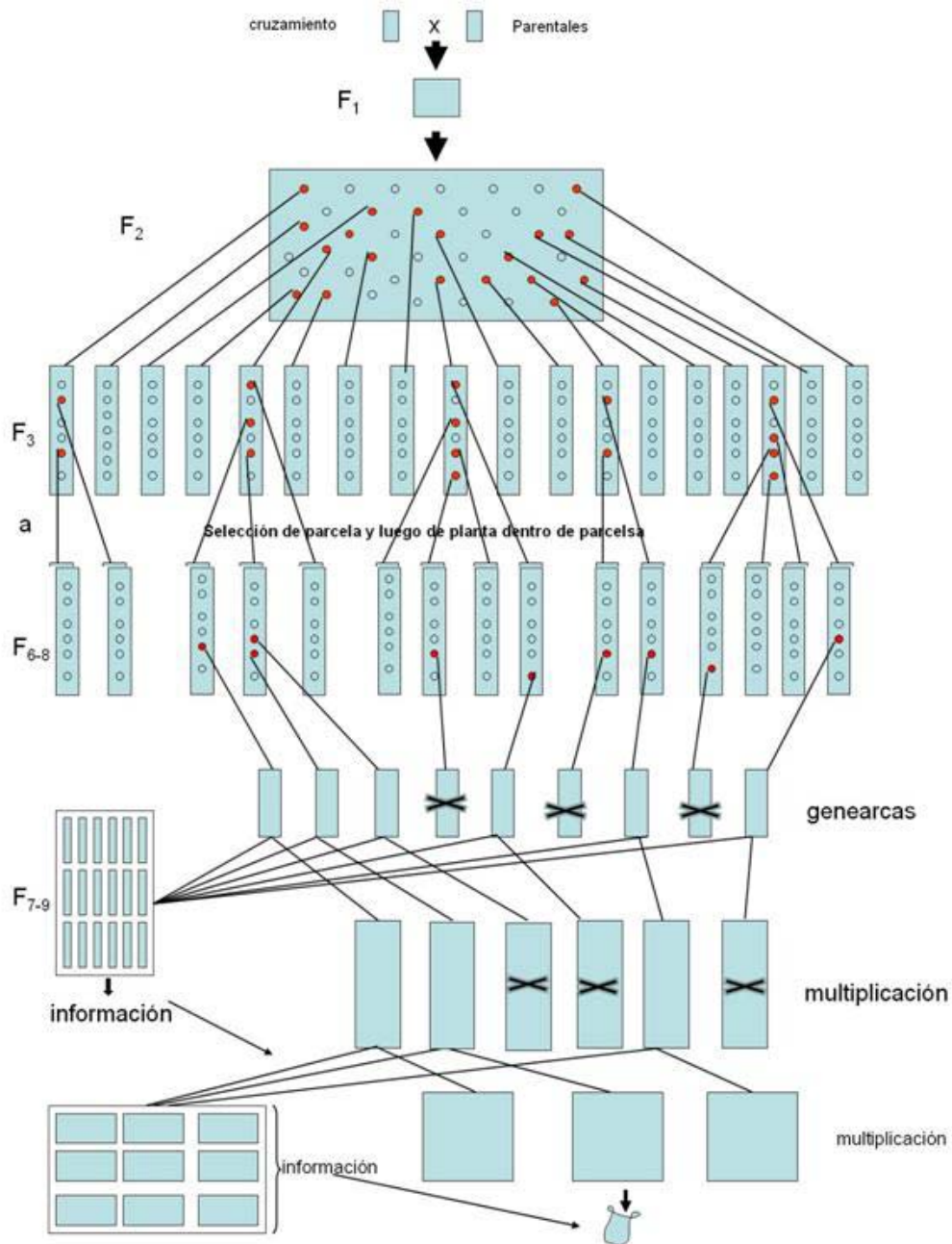
semilla de cada planta F_2 seleccionada (es decir no eliminada) se cosecha por separado, constituyendo una familia F_3 que se siembra en un surco u parcela independiente.

La generación F_3 estará formada por tantas familias como plantas F_2 se seleccionen y cada familia ocupa exclusivamente una parcela o surco. La siembra en estas parcelas es también espaciada para poder hacer selección de plantas individuales.. Se seleccionan las mejores familias F_3 y dentro de cada familia seleccionada se seleccionan (positivamente) las mejores plantas. La semilla de cada planta F_3 seleccionada se cosecha por separado y constituye una familia F_4 . Las familias F_4 se siembran espaciadamente en surcos o parcelas. Cada familia ocupará exclusivamente un surco o parcela. Se procede en la generación F_4 de forma análoga a como se hizo en la F_3 , e igualmente es tratada la generación F_5 .

A medida que transcurren las generaciones se podrá observar que la heterogeneidad dentro de cada familia va disminuyendo, lo cual se debe al aumento de la homocigosis como consecuencia de la autofecundación continuada y a que cada familia procede de la autofecundación de una sola planta. Al llegar a una de las generaciones F_6 a F_9 , según casos, se habrá alcanzado un alto grado de homocigosis y homogeneidad, y las plantas seleccionadas darán lugar a una descendencias (F_7 a F_{10} , según casos) llamadas **genearcas**.

Obtenidos los genearcas, se cultivan un año comprobar su fijación. Si alguno de ellos muestra una fijación insuficiente se elimina. Se hace por tanto una selección entre familias o genearcas. En los genearcas no eliminados se cosechan todas las plantas (ya no se hace selección individual dentro de familia) conservando por separado la semilla de cada genearca. Se habrá obtenido así una cantidad de semilla por genearca suficiente para establecer con ellos ensayos comparativos en cuanto a su valor agronómico y fijación, además de la correspondiente parcela de multiplicación. En los ensayos

comparativos se incluirán además los genitores y otras variedades comerciales como testigos.



Estos ensayos durarán varias campañas, y en cada una de ellas se irán eliminando paulatinamente las líneas menos prometedoras. En el transcurso de las campañas irá disminuyendo el número de líneas y aumentando la semilla disponible de cada una de ellas, por lo que los ensayos comparativos podrán ser más completos, con un mayor número de repeticiones por línea y de plantas por repetición, y en varias localidades, hasta

que finalmente, la mejor se acepte como nueva variedad en caso que supere en rendimiento u otros caracteres importantes a los genitores y las variedades que hayamos establecido como testigos.

3. Consecuencias genéticas de la hibridación

La hibridación es la forma convencional que tiene el mejorador de generar variación genética, creándose nuevas combinaciones de genes mediante el proceso de la recombinación meiótica. La siguiente tabla muestra su potencial amplificador de la variación inicial existente entre los genitores. Teniendo en cuenta que los métodos descritos en este capítulo tienen por objeto el desarrollo de nuevas líneas puras, podemos preguntarnos cuántas de ellas aparecerán en la F₂. Si el número de genes complementarios en los que se diferencian los genitores es n, en la F₂ pueden aparecer hasta 2ⁿ líneas puras, con tal de que dicha F₂ sea suficientemente grande. Es decir, se pueden generar 2ⁿ-2 nuevas líneas puras. Si n es 10 son 1022 nuevas líneas. También es cierto que dichas líneas son una pequeña proporción del total de genotipos posibles de dicha F₂, que son 59.049, por lo que una F₂ que contuviera todos estos genotipos en las proporciones mendelianas tendría que tener un tamaño mínimo 1084576 plantas.

Tabla 7.1 Allard. CARACTERISTICAS NUMÉRICAS DE LOS HIBRIDOS ENTRE GENITORES QUE DIFIEREN EN N PARES DE ALELOS.

Núm. pares de alelos	De clases de posibles en la F ₁	Clases de gametos posibles en la F ₁	Clases de genotipos posibles en la F ₂	Población perfecta más pequeña en la F ₂	Clases de fenotipos en la F ₂ suponiendo	
					Dominancia completa	No existencia de epistasia ni de dominancia
1	2	3	4	4	2	3
2	4	9	16	16	4	9
3	8	27	64	64	8	27
4	16	81	256	256	16	81
10	1024	59049	1084576	1084576		
21	2097152	10460353203	4398046511104	4398046511104		
n	2 ⁿ	3 ⁿ	4 ⁿ	4 ⁿ	2 ⁿ	3 ⁿ

En cambio, si la población se autofecunda durante 5 generaciones tendrá la composición teórica que se muestra a continuación:

Loci en homocigosis individuos de la población

0	≈ 0,00%
1	≈ 0,00%
2	≈ 0,00%
3	≈ 0,00%
4	≈ 0,00%
5	≈ 0,00%
6	0,02%
7	0,29%
8	3,41%
9	23,48%
10	72,80%

La autofecundación produce una gran reducción de la frecuencia de las formas más heterocigóticas y el correspondiente aumento de la proporción de los tipos más homocigotos en los que está más interesado el mejorador de autógamas. Por lo tanto, las plantas seleccionadas en la F_5 tendrán gran probabilidad de ser homocigotos para las 10 parejas génicas o para casi las 10, y en consecuencia se podrá predecir mejor el comportamiento de sus descendencias que el de los descendientes de las plantas seleccionadas en la F_2 , donde claramente dominan los heterocigotos. En esto se fundamentan los métodos de selección con cruzamiento en autógamas que no dan mucha importancia a la selección planta a planta hasta las últimas generaciones, cuando se han disipado en gran parte los efectos confusos producidos por la dominancia y por los tipos heterocigóticos de interacción interalélica.

4. El método masal con cruzamiento o masal con genearcas (*Bulk method*)

Lo característico del método genealógico es el comienzo temprano de una selección intensa de modo que se eliminan pronto las descendencias de la mayor parte de las plantas F_2 y finalmente sólo queda un pequeño número de líneas puras que se sujetan a pruebas minuciosas. Se describen a continuación el método masal con cruzamiento (Bulk) en el que la selección se pospone hasta que las generaciones han

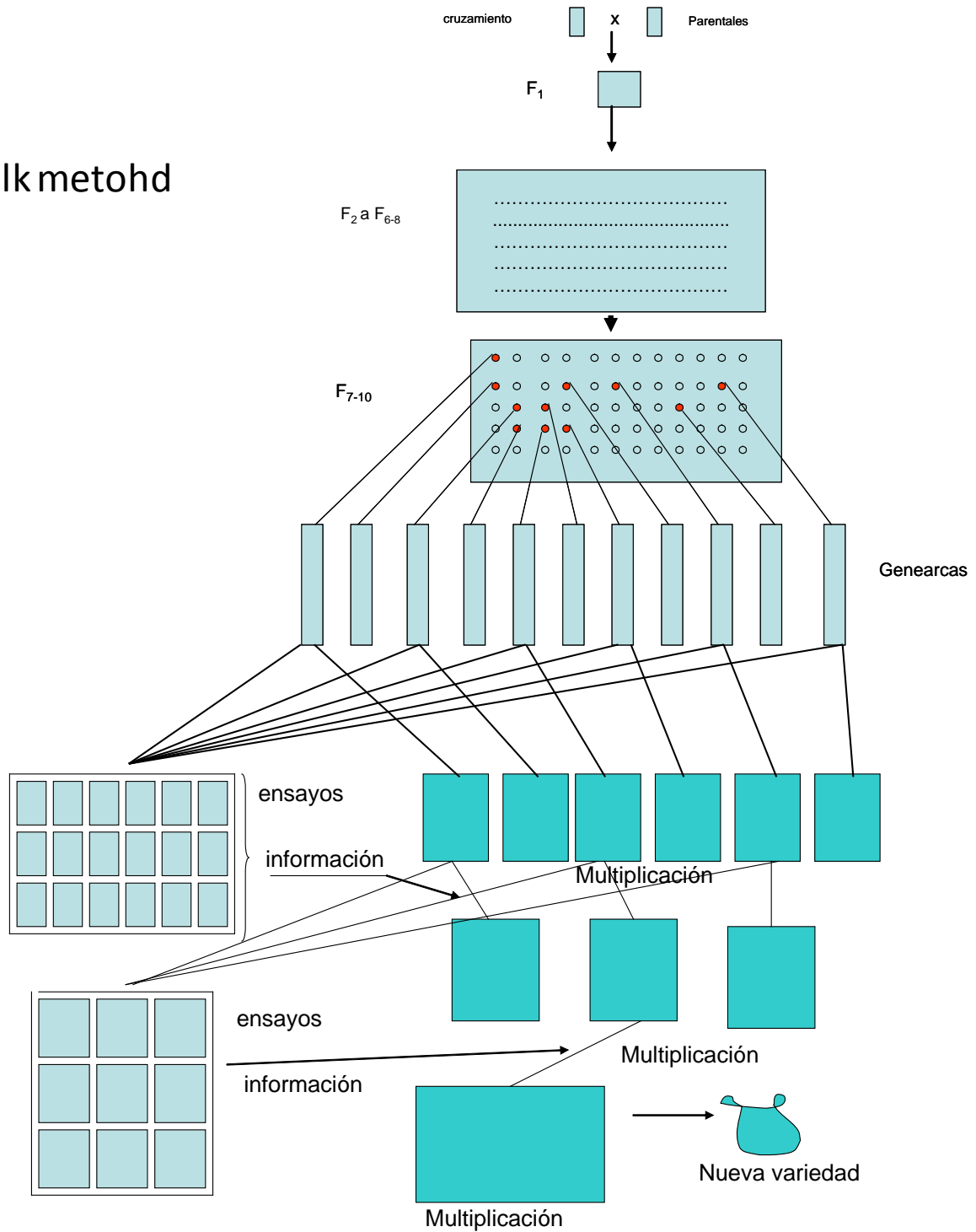
alcanzado un alto grado de homocigosis, por razones que se han analizado en el epígrafe anterior.

Se parte de una generación F_2 que deberá ser, como en el método genealógico, tan grande como sea posible. Sin embargo, en el método masal las densidades de siembra serán las habituales en la práctica. Las plantas F_2 se cosechan en masa, obteniéndose así la semilla F_3 . En la generación F_3 se procede de idéntico modo a como ha hecho en la F_2 , y de igual forma que en las generaciones sucesivas. En estas generaciones (F_2, F_3, F_4, \dots) no se hace selección, a lo sumo se hace selección negativa, eliminando los individuos con claras deficiencias.

En una generación avanzada, que puede ser la F_6 (o F_7, F_8, F_9) la homocigosis será ya muy alta. La semilla de esta generación se siembra espaciadamente con el objeto de que se pueda hacer una evaluación planta a planta. Se seleccionarán las mejores plantas y la semilla de cada una de ellas (o sea la F_7, F_8, F_9) se siembra en parcelas separadas. Estas familias F_7 (o F_8, F_9, F_{10}) son los genearcas. Cada genearca es presumiblemente una línea pura y entre los distintos genearcas se halla la nueva variedad mejorada.

Con los genearcas obtenidos y sus sucesivas descendencias se opera de idéntico modo a como se ha descrito el manejo de los genearcas y sus sucesivas descendencias en el método genealógico.

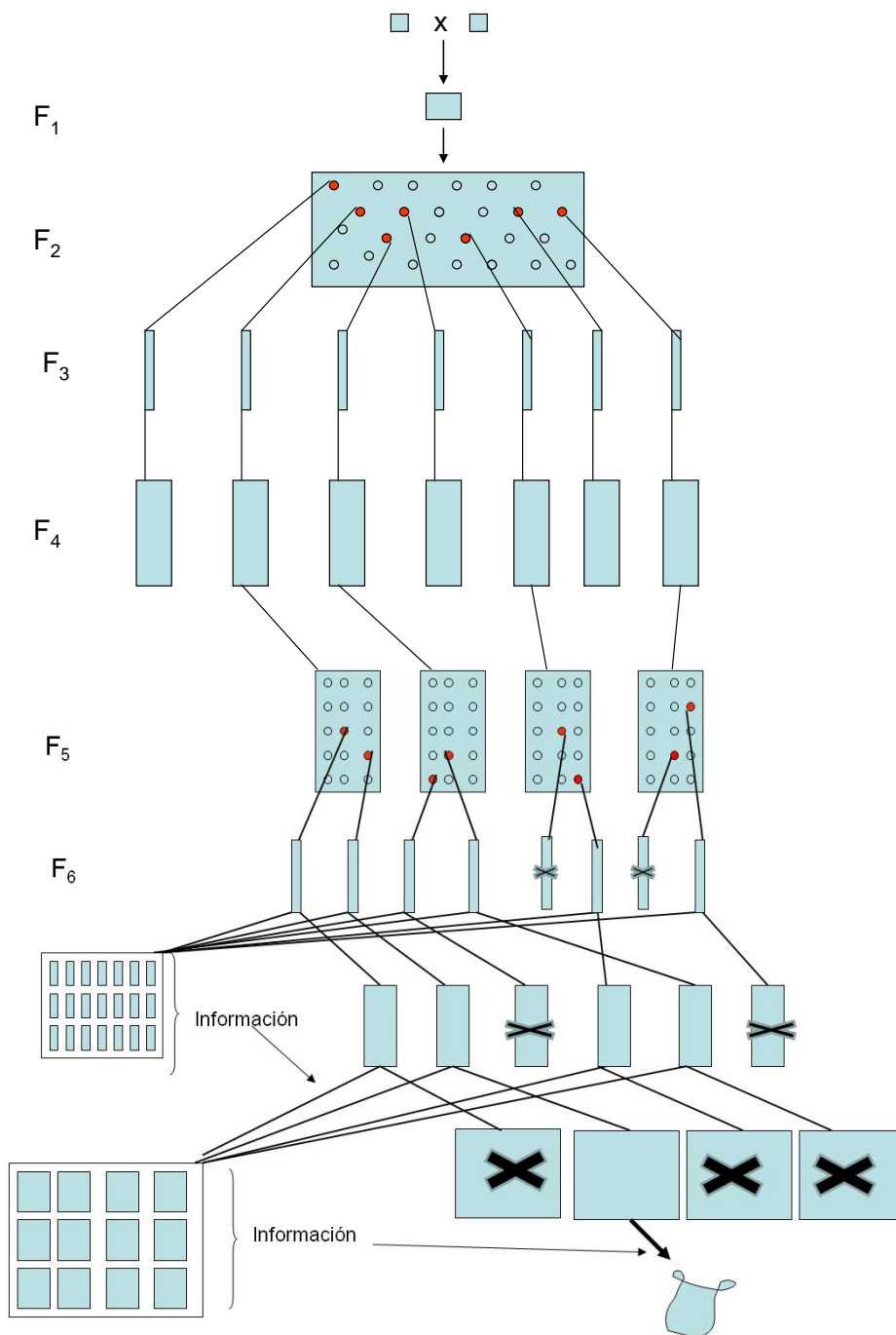
Bulk method



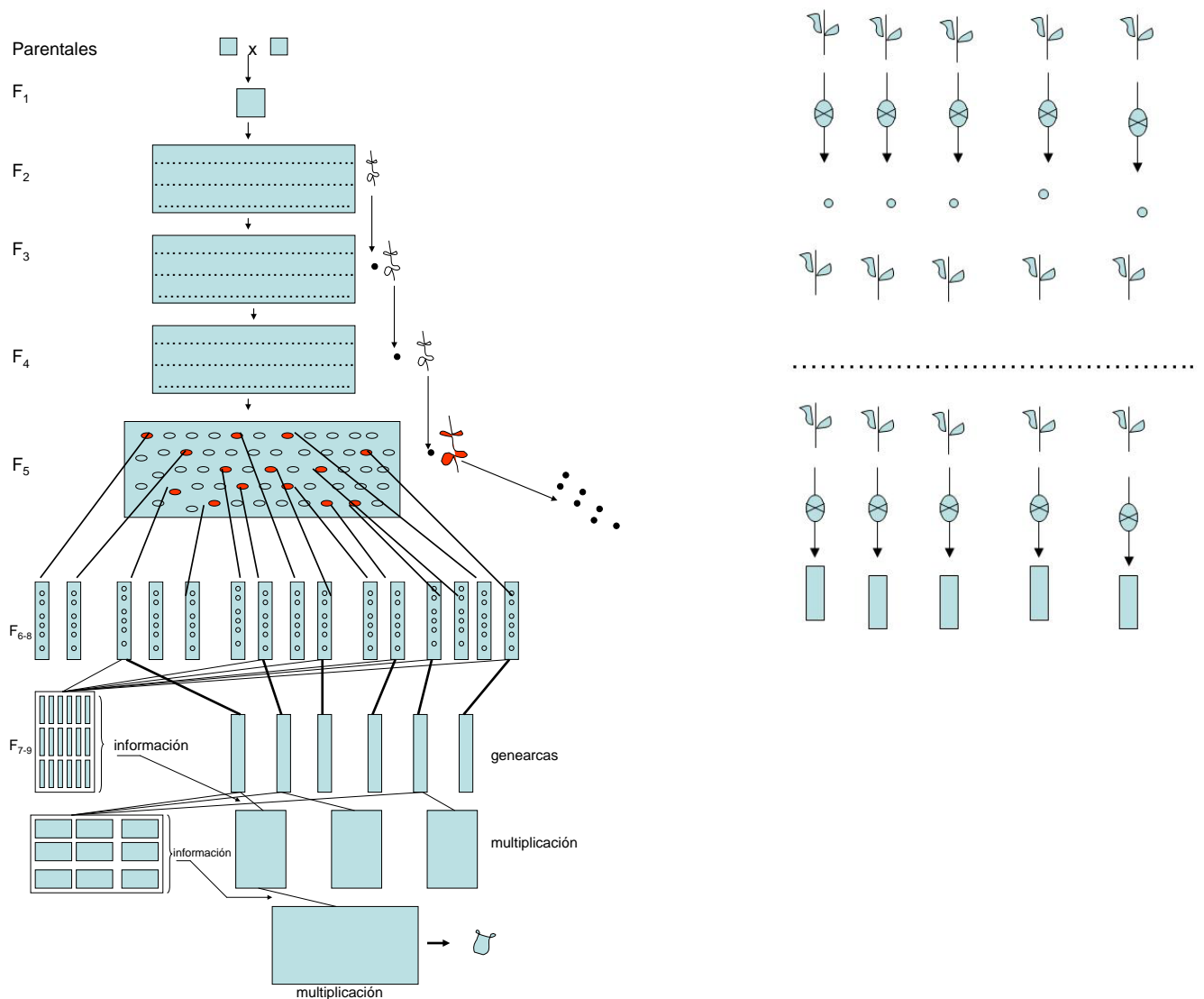
5. Métodos mixtos.

Constituyen un intermedio entre los dos anteriores. Existen numerosas variantes. Por ejemplo, se pueden obtener familias F₃ a partir de plantas individuales F₂ seleccionadas. Las familias F₃ se cosechan de forma masal pero independientemente

cada una de ellas, obteniéndose familias F_4 masales. Entre las F_4 masales se seleccionan las mejores, y estas se cosechan masalmente para obtener las F_5 masales. Las F_5 masales ya no se cosechan masalmente sino que en cada una de ellas se hace selección de las mejores plantas. De cada una de estas plantas se obtiene la correspondiente familia F_6 . Estas familias F_6 son los genearcas. El tratamiento que les daremos a los genearcas y a las siguientes generaciones es el ya descrito en los métodos genealógico y bulk.



6. El método de descendencia de semilla única.



Con el método de descendencia de semilla única desde la F₂ a la F₅ se cosecha de todas y cada una de las plantas una sola semilla (salvo de las que muestren características claramente negativas). Las semillas recogidas se siembran amalgamadas en la siguiente generación (o sea, desde F₃ a F₆). En la generación F₆ (podría ser F₇, F₈..), cuando la homocigosis es muy alta, las semillas se siembran a marcos amplios y se efectúa una selección positiva, cosechando toda la semilla de las plantas seleccionadas para establecer líneas o familias F₇ que se siembran en parcelas independientes, operándose con ellas y con sus descendencias tal y como se indicó que se hacía con los genearcas y sus sucesivas descendencias en el método genealógico.

7. El retrocruzamiento

(Visto en el tema 3)

8. El producto final de los métodos con cruzamiento

El producto final de todos los métodos comentados en este tema (genealógico, masal con genearcas (bulk), mixtos y retrocruzamientos), tal y como se han descrito es una variedad línea pura. En cualquier caso se puede obtener una variedad población, mezcla de varias líneas puras, después de un cruzamiento. Por ejemplo, si se realiza un manejo masal desde la F₂ tal y como se ha descrito en el punto 4, y en la generación avanzada en la que se supone que la homocigosis es ya suficientemente alta, en vez de hacer una selección individual para establecer genearcas se inicia una simple selección masal tal como se describió en el tema anterior. Es un planteamiento más teórico que real.

Son especies autogamas estrictas: trigo panadero, trigo duro, cebada, avena, triticale, arroz, mijo (*Panicum*), *Eragrostis sp.*, *Poa sp.*, garbanzo, guisante, lentejas, judía común, judía de Lima, soja, cacahuete, veza común (*Vicia sativa*), algarrobas, (*Vicia monanthos*), yeros (*Vicia ervilia*), almortas (*Lathyrus sativus*), lechuga, escarola, y tomate. Para estas especies, cuando por las razones que sea, el desarrollo a escala comercial de variedades híbridas no es factible, la variedad línea pura es el material comercialmente más competitivo. Así ocurre en todas las especies citadas salvo en el tomate, que es una especie que se adapta bien a la obtención de híbridos. Los métodos descritos son también aplicables a especies alógamas parciales con un alto grado de autogamia, tales como el pimiento, la berenjena o el sorgo, pero adoptando las medidas pertinentes para evitar el bastardeo.

