

ADN DEL MAÍZ

Estudian cómo diseñar semillas multirresistentes

Rendimientos estables, resistente a enfermedades y tolerante a temperaturas más altas son los requisitos que deberá combinar el cereal del futuro. Para esto, un equipo de investigadores estudia cuáles son las regiones del genoma y los mecanismos que se activan frente al ataque de diversos patógenos o de golpes de calor. Estos resultados ayudarán al desarrollo de variedades mejor adaptadas a los desafíos que se vienen.

POR CECILIE ESPERBENT

Originario de Centroamérica y domesticado por el hombre durante los últimos 10.000 años, el maíz (*Zea mays*) es uno de los tres cereales más cultivados del mundo que, gracias a su capacidad para adaptarse, logró consolidarse en los sistemas productivos.

Utilizado tanto para la alimentación humana, animal como para la fabricación de biocombustibles, entre otros múltiples usos industriales, la expansión mundial de este cultivo está ligada a la mejora genética y desarrollo de variedades adaptadas a las necesidades de cada lugar: hoy el cereal puede encontrarse desde las latitudes más cálidas hasta las más templadas y desde el nivel del mar hasta más de 3.500 metros de altura.

Secuenciado en 2009 por un equipo internacional de científicos, ahora se sabe que el ADN del maíz está formado por 32.000 genes insertados en 10 cromosomas. Este hallazgo confirmó lo complejo que es el genoma del cereal debido a que el 85 % de sus secuencias genómicas se repiten múltiples veces.

En otras palabras, los *transposones* – elemento genético que puede moverse a diferentes partes del genoma– saltan llevándose consigo parte del ADN que los rodea, lo que genera mutaciones, incrementa la variabilidad genética y dificulta la secuenciación del ADN. Por esto, su estudio fue un gran desafío.

Gerardo Cervigni es experto en Genómica y trabaja en el Centro de Estudios Foto-

sintéticos y Bioquímicos del Conicet, ubicado en Rosario –Santa Fe–. Allí, estudia la estructura, función y evolución de los genes que integran el ADN del maíz. Con el genoma descifrado, Cervigni puede mapear los genes, conocer cómo funcionan y predecir las interacciones que prevalecen.

“La localización exacta de los genes es fundamental para conocer su función”, aseguró Cervigni y señaló: “Con el mapa del maíz, completo y ordenado, y mediante el uso de marcadores moleculares, podemos identificar y asociar los genes de resistencia de una enfermedad, plaga o alguna característica de interés”.

Saber exactamente dónde están los genes hará más fácil el trabajo de los fitomejoradores para crear variedades



“Con el mapa del maíz, y mediante el uso de marcadores moleculares, podemos identificar y asociar los genes de resistencia de una enfermedad, plaga o alguna característica de interés” (Gerardo Cervigni).



“Los materiales argentinos cultivados hace más de 50 años contenían una gran variabilidad genética” (Marcelo Ferrer).

que produzcan más granos, de mayor tamaño o que resulten más tolerantes al calor extremo o a la sequía.

El mejoramiento asistido mediante marcadores moleculares trabaja directamente con la información del ADN. Esto quiere decir que el investigador identifica cuáles son los genes que aportarán las características deseadas. “Esta selección se puede aplicar en el estadio de plántulas, por lo que se disminuye el tiempo para obtener mejores genotipos y se reducen los tiempos y costos de la investigación considerablemente”, expresó Cervigni.

Seleccionar las mejores características y minimizar las probabilidades de que los cultivos sean perjudicados por factores externos son básicamente los objetivos de la genética clásica aplicada a los vegetales. “Conocer dónde están los genes

que contienen las características de interés agrícola y cómo funcionan es muy importante para el futuro desarrollo de variedades”, señaló Marcelo Ferrer, especialista en Recursos Genéticos del INTA.

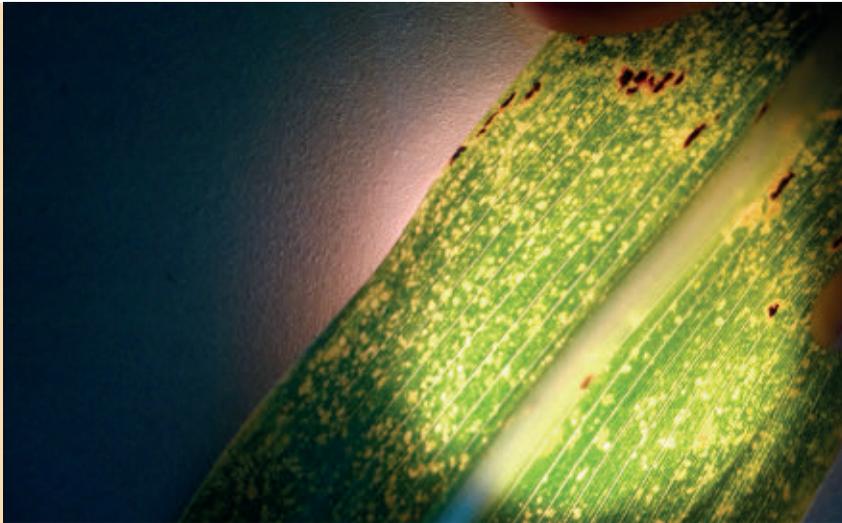
De acuerdo con Ferrer, el maíz que se cultiva en la actualidad es el resultado de un proceso de domesticación, realizado por pueblos indígenas de América, que consistió en seleccionar las mejores semillas y descartar el resto.

“En la Argentina, existen más de 40 tipos de variedades o razas locales de maíz diferentes que son cultivadas por los agricultores desde tiempos ancestrales y que hoy perduran en algunas regiones del norte del país, como en la Quebrada de Humahuaca”, indicó Ferrer, quien agregó: “La adaptación a esas condiciones climáticas fue posible por la gran riqueza genética que presentan cultivos como maíz, papa y poroto”.

Con el avance de la tecnología y la incorporación de técnicas para el mejoramiento vegetal fue posible obtener cultivos adaptados a las condiciones de clima y suelo de un lugar.

Sin embargo, para enriquecer el conocimiento y las posibles mejoras agrícolas que se puedan incorporar, Ferrer destacó la importancia de trabajar con materiales locales como insumos básicos de germoplasma tanto para el mejoramiento como para diversas investigaciones genéticas básicas para el cultivo.

“Los materiales argentinos cultivados hace más de 50 años, contenían una gran variabilidad genética”, expresó Ferrer y agregó: “En la actualidad, lo más común –tanto en la zona núcleo



“Es importante maximizar la selección de genotipos resistentes a la mayor cantidad de enfermedades posibles, debido a que se convertirán en alternativas más durables y socioambientalmente más amigables” (Juliana Iglesias).

como en el resto del país donde se produce maíz en gran escala— es encontrar lotes sembrados solo con ‘híbridos comerciales’ que son muy productivos, pero son muy uniformes y, en general, presentan vulnerabilidad ya que resisten o toleran el ataque de alguna plaga o enfermedad. Esto se debe a que perdieron la variabilidad que caracterizaba a su genoma”.

Desde 1950, el Banco de Germoplasma del INTA Pergamino conserva semillas de más de 2.500 entradas de maíz provenientes de todo el país. “Además de conservar los recursos genéticos de un país, el banco de germoplasma, mediante los trabajos de caracterización y evaluación, nos permite identificar materiales que resistan a factores bióticos y abióticos, que se adapten a suelos salinos, a mayores temperaturas o a la falta de agua”, ejemplificó Ferrer.

Maíz súper resistente

Con una población que continúa en aumento, se vuelve imperiosa la necesidad de contar con cultivos cada vez más eficientes, rendidores, estables y resistentes tanto a plagas, enfermedades, como al estrés hídrico —por exceso o déficit— y a los efectos térmicos.

Según datos del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA, por sus siglas en inglés), en 2017, la producción mundial de maíz alcanzó los 1031,86 millones de toneladas. Sin embargo, año tras año, esos valores son modificados por diversas enfermedades que afectan su productividad y la calidad de los granos.

En este sentido, un equipo de investigadores del INTA Pergamino —Buenos Aires— busca identificar en el genoma del maíz cuáles son los mecanismos que se ponen en marcha frente al ataque de diversos patógenos.

Juliana Iglesias, especialista en genética vegetal del INTA y responsable del estudio, utiliza herramientas de asociación genómica para encontrar regiones genéticas del maíz que se activen y le permitan a la planta resistir a múltiples enfermedades.

Iglesias junto con María Belén Kistner —becaria INTA-Conicet— tienen como objetivo detectar plantas que posean los mayores atributos genéticos para resistir a las enfermedades más comunes y de interés económico.

“Nos enfocamos en la búsqueda e identificación de ejemplares que tengan resistencia genética a varias enfermedades para, en un futuro, desarrollar variedades que tengan mejor comportamiento

al ataque de múltiples patógenos”, señaló Iglesias y agregó: “Apostamos a que sea una herramienta para reducir el uso de los productos fitosanitarios y contribuir a su manejo sustentable”.

De acuerdo con Iglesias, la búsqueda de resistencia a múltiples enfermedades (MDR, por su sigla en inglés) se basa en poder encontrar *hotspots* de resistencia (según el término académico). “Conocidos como las regiones genómicas donde se acumulan genes para resistencia a varias enfermedades, el hallazgo de los *hotspots*, además de posibilitar la localización del gen o grupo de genes que se encienden para resistir a las enfermedades, nos ayudará en el estudio de los mecanismos que se ponen en marcha frente al ataque de diversos patógenos”, explicó.

“Los grupos de genes nos hablan de patrones, de una relación entre los hábitos patogénicos y la respuesta de defensa o susceptibilidad que puede dar





“Nos enfocamos en la búsqueda e identificación de ejemplares que tengan resistencia genética a varias enfermedades para, en un futuro, desarrollar variedades que tengan mejor comportamiento al ataque de múltiples patógenos”
(Juliana Iglesias).

la planta”, analizó Iglesias, quien realizó un doctorado en Biología Celular y Molecular en la Universidad de Estrasburgo, Francia.

Estudios realizados en Pergamino – Buenos Aires– y en Leales –Tucumán– permitieron identificar cuáles son los genotipos con mejor comportamiento a patógenos y enfermedades. Resultados preliminares mostraron que es posible agruparlos según su comportamiento frente a patógenos que poseen el mismo modo de ataque.

Los patógenos pueden ser biótrofos, hemiótrofos y necrótrofos, cada uno tiene mecanismos distintos para nutrirse, infectar y producir síntomas. A su vez, las plantas poseen diferentes estrategias de defensa que se ponen en funcionamiento según el tipo de ataque que recibe.

“Enfermedades tales como royas, podredumbre de espiga y tizones generan determinadas respuestas de defensa que se deben al reconocimiento del patógeno que provoque el ataque”, expresó la bióloga del INTA y agregó: “Con estos resultados, podremos combinar esos genes, que se activan frente a mecanismos de ataque similares y replicar su estructura para la obtención de variedades con caracteres mejorados”.

“Estudiamos la respuesta sanitaria de aproximadamente 100 líneas endocria-

das, que son parte del Programa de Mejoramiento de Maíz del INTA”, indicó Iglesias.

La evaluación de enfermedades foliares en Pergamino (roya, tizón, bacteriosis, carbón o carbones de la espiga) y en Leales (mancha gris y tizones), más la información obtenida sobre podredumbres de espiga y granos (*Fusarium* y *Aspergillus*), permitió que el equipo de investigadores identifique genotipos con resistencia a más de una enfermedad.

Para Cervigni, este es un hallazgo importante en el conocimiento general del cultivo. “Podremos establecer un protocolo eficiente de caracterización fenotípica y selección rápida de genotipos, cuyos genomas combinen los genes deseables necesarios para obtener mejores resultados en la producción de maíz”, manifestó.

Cultivos del futuro

En el mundo, las mermas en los rindes o pérdida de calidad, causados por bacterias u hongos, pueden ascender hasta el 8 %; mientras que los virus causan un 2,9 % de las enfermedades. Sin embargo, el clima puede hacer que esos valores aumenten.

El cambio en el clima transformó el régimen de lluvias y de temperaturas a escala global y, la Argentina no es ajena

a esta situación. En este punto, la clave para el sector agropecuario estará en implementar las prácticas necesarias para adaptarse y no quedar en el intento.

Según el último informe del Panel Intergubernamental de la ONU sobre Cambio Climático (IPCC), la temperatura en la superficie continuará en aumento a lo largo del siglo XXI, con la posibilidad de alcanzar un incremento de entre 0,3 °C y 0,7 °C para el período 2016-2035 y de entre 1,5 y 4,6 °C al 2100, con



“En el caso del maíz, el registro de temperaturas superiores a 35 °C, durante el período de floración, puede provocar disminuciones en los rindes” (Jorge Parrado).



respecto a los niveles preindustriales. Datos que proyectan un futuro cada vez más complejo.

En este sentido, la Agencia Nacional Oceánica y Atmosférica (NOAA, por sus siglas en inglés) de los Estados Unidos informó en 2016 que, por tercer año consecutivo, las temperaturas fueron las más altas desde que comenzaron los registros en 1880. “La temperatura global fue 0,94 °C superior a la media del siglo XX”, señaló el documento.



Los golpes de calor son un fenómeno cada vez más frecuente. Caracterizado por temperaturas extremas que duran un breve intervalo de tiempo, este fenómeno puede poner en peligro a la agricultura.

El conocimiento actual sobre el impacto que tienen los ascensos abruptos de temperatura tanto en la productividad como en la calidad del cereal es insuficiente, investigadores del Instituto de Investigación Animal del Chaco Semiárido (IIACS) del INTA, ubicado en Leales –Tucumán–, evalúa los efectos que puede tener en genotipos de maíces tropicales y templados.

“En el caso del maíz, el registro de temperaturas superiores a 35 °C, durante el período de floración, puede provocar disminuciones en los rindes”, afirmó Jorge Parrado, especialista en mejoramiento vegetal del IIACS del INTA, y explicó: “Las mermas pueden variar de un 10 hasta un 80 % según el fondo genético de material”.

De acuerdo con Parrado, encontrar cuáles son los caracteres asociados a rendimiento bajo estrés por golpe de calor ayudaría a incrementar la eficiencia en la selección de genotipos tolerantes.

Por un lado, ensayos realizados a campo con materiales del Programa de Mejoramiento de Maíz del INTA Leales y Pergamino le permitieron a Parrado

identificar híbridos y líneas tropicales tolerantes al golpe de calor en período crítico. “Esta identificación es relevante ya que dicha línea podría ser utilizada como donante para generar nuevos híbridos que permitan incrementar los pisos de producción en condiciones limitantes”, aseguró.

Por otro lado, “la caracterización de líneas contrastantes con tolerancia a golpe de calor permitirá iniciar estudios moleculares con el fin de identificar los genes responsables”, analizó Parrado.

Las modificaciones en los patrones de lluvias y en las temperaturas, por un lado, alterarán la productividad de los cultivos y de los rodeos; y, por el otro, aumentarán la presión que ejercen las malezas, plagas y enfermedades.

“Frente a un contexto complejo, es importante enfocar las estrategias a maximizar la selección de genotipos resistentes tanto a estreses bióticos como abióticos, debido a que se convertirán en alternativas más durables y socioambientalmente más amigables”, reflexionó Iglesias.

Más información: Gerardo Cervigni cervigni@cefobi-conicet.gov.ar; Marcelo Ferrer ferrer.marcelo@inta.gov.ar; Jorge Parrado parrado.jorge@inta.gov.ar; Juliana Iglesias iglesias.juliana@inta.gov.ar