

7.1.2

LA MILLORA GENÈTICA DE FRUITERS I D'ESPÈCIES HORTÍCOLES. NOVES APROXIMACIONS PER OBTENIR VARIETATS MÉS PRODUCTIVES I MILLOR ADAPTADES AL MEDI

JORDI GARCIA-MAS

IRTA, Centre de Recerca en Agrigenòmica CSIC-IRTA-UAB-UB

Campus UAB, Edifici CRAG, Bellaterra (Cerdanyola del Vallès), 08193 Barcelona

jordi.garcia@irta.cat

Resum

Des dels inicis de l'agricultura al neolític, l'home ha domesticat les espècies vegetals per adaptar-les a les seves necessitats. La contínua selecció de caràcters interessants ha convertit algunes espècies silvestres en les varietats que coneixem actualment. A mitjan segle xx, la revolució verda, impulsada per Norman Borlaug, va permetre transformar l'agricultura tradicional en l'agricultura intensiva i va donar lloc a un augment global del rendiment dels conreus. El continu creixement de la població mundial, el canvi climàtic i la demanda de conreus més sostenibles, entre d'altres, són reptes de l'agricultura moderna que han de ser abordats amb noves tecnologies. La millora genètica que es du a terme actualment utilitza aquestes noves tecnologies per fer una selecció més ràpida i eficient de les varietats comercials. Les noves tecnologies genòmiques han permès que disposem de la seqüència dels genomes de moltes espècies conreades. Repassarem alguns exemples d'ús d'aquesta informació genòmica en programes de millora genètica de fruiters i d'algunes espècies hortícoles a casa nostra.

Paraules clau:

millora genètica, genoma, presseguer, meló, selecció.

Resumen

Desde los inicios de la agricultura en el neolítico, el hombre ha domesticado las especies vegetales para adaptarlas a sus necesidades. La continua selección de caracteres interesantes ha convertido a algunas especies silvestres en las variedades que conocemos actualmente. A mediados del siglo xx la revolución verde, impulsada por Norman Borlaug, permitió transformar la agricultura tradicional en agricultura intensiva y dio lugar a un aumento global del rendimiento de los cultivos. El continuo crecimiento de la población mundial, el cambio climático y la demanda de cultivos más

sostenibles, entre otros, son retos de la agricultura moderna que han de ser abordados con nuevas tecnologías. La mejora genética que se realiza actualmente utiliza estas nuevas tecnologías para realizar una selección más rápida y eficiente de las variedades comerciales. Las nuevas tecnologías genómicas han permitido que dispongamos de la secuencia de los genomes de muchas especies cultivadas. Repasaremos algunos ejemplos de uso de esta información genómica en programas locales de mejora genética de frutales y de algunas especies hortícolas.

Palabras clave:

mejora genética, genoma, melocotón, melón, selección.

Abstract

Since the beginning of agriculture in the Neolithic, man has domesticated plant species to adapt them to his needs. The continuous selection of interesting traits has converted some wild species into the varieties that we know now. In the mid twentieth century, the green revolution, driven by Norman Borlaug, allowed transforming traditional agriculture into intensive farming and led to an overall increase in crop yields. The continuous growth of the world population, the climate change and the demand for more sustainable crops, among others, are challenges of modern agriculture that need to be addressed with new technologies. Plant breeding that is performed nowadays uses these new technologies to perform a faster and more efficient selection of the commercial varieties. New genomic technologies allowed the availability of the genome sequence of many crops. We will review some examples of use of genomic information in local breeding programs of fruit trees and vegetables crops.

Keywords:

plant breeding, genome, peach, melon, selection.

De la domesticació de les espècies a l'agricultura moderna

Les varietats vegetals utilitzades actualment en l'agricultura són fruit de la selecció i millora contínua pels caràcters i atributs més apreciats en cada cas, bé es tracti de fruiters, cereals o espècies hortícoles. Les primeres seleccions de conreus i animals es van fer a partir d'individus ancestrals silvestres, que van ser domesticats per l'ésser humà en passar de nòmada a sedentari fa aproximadament uns 12.000 anys. Aquestes domesticacions van donar lloc a nous aliments o materials, entre d'altres usos (Meyer i Purugganan, 2013). Les primeres seleccions es van fer probablement inconscientment escollint els individus que presentaven característiques apropiades per a una aplica-

ció determinada del cultiu o del producte que se'n derivés. Així és com al llarg del temps apareixen els cultius tal com els coneixem actualment, seleccionant cada cop nous caràcters, aquest cop de manera conscient, per un procés de diversificació respecte a les varietats ancestrals (Olsen i Wendel, 2013). És a mitjan segle xx quan, a causa principalment de l'augment de la població mundial, cal augmentar el rendiment dels conreus, i es comencen a aplicar tècniques agronòmiques modernes que milloren espectacularment el rendiment de la majoria de les espècies conreades. Aquest període el coneixem com a revolució verda, i en alguns cultius creixen els primers híbrids, que sovint donen varietats molt més productives i uniformes si les comparem amb les varietats tradicionals (Peng et al., 1999). Els casos més evidents els trobem en els cereals, els cultius més importants quant a producció en l'àmbit mundial. Aquest fet va tenir com a conseqüència que moltes varietats tradicionals, per un nombre important de cultius, deixessin de ser conreades i fossin substituïdes per varietats híbrides més productives i apreciades pels agricultors, però molt sovint en detriment de la qualitat organolèptica demandada pels consumidors, en el cas de fruites i verdures. Avui en dia el mercat a casa nostra està dominat majoritàriament per poques varietats en les espècies més àmpliament conreades, que coexisteixen amb varietats tradicionals que es conreen en zones locals i que sovint no es comercialitzen lluny del lloc d'origen. Un clar exemple el trobem en espècies hortícoles com el tomàquet o el meló. Des de l'aparició de la biotecnologia, aquesta tècnica s'ha aplicat a la millora genètica dels conreus, sovint buscant solucions per als problemes dels productors, com poden ser el rendiment o la resistència a malalties, però obviant la pèrdua de qualitat organolèptica que en molts casos això ha comportat. Actualment, amb l'aparició de noves tecnologies de seqüenciació de genomes i de genotipat massiu, disposem d'una gran quantitat d'eines que ens permeten millorar encara més les varietats vegetals per poder fer front als reptes de l'agricultura, com la sequera, l'increment de la temperatura o l'aparició de noves plagues i malalties, sense perdre la qualitat que encara trobem en algunes varietats tradicionals (Bevan i Uauy, 2013).

Depenent del tipus de biologia reproductiva de l'espècie, els programes de millora genètica que s'apliquen són de caire molt diferent. A continuació es descriuen dos exemples en dues espècies en les quals l'IRTA està treballant actualment, com són el presseguer (*Prunus persica*), espècie de propagació vegetativa i el meló (*Cucumis melo*), de propagació sexual, i en què el coneixement dels genomes ha permès incorporar noves tecnologies als programes de millora genètica tradicionals.

Millora genètica del presseguer

El presseguer (*Prunus persica*) té el seu origen a Xina i és l'espècie més ben caracteritzada de la família de les rosàcies (Arús et al., 2012). És una espècie econòmicament important amb una producció de 20 milions de tones anuals (Faostat, 2010). El gènere també conté altres fruiters com l'albercoquer, el cirerer, la prunera i l'ametller. La disponibilitat als últims anys de marcadors moleculars, mapes genètics i eines genòmiques ha permès abordar els programes de millora genètica d'una manera més eficient.

L'IRTA disposa d'un programa de millora genètica de presseguer, en el qual participen empreses del sector, i en el qual s'apliquen les tècniques agronòmiques més modernes juntament amb la selecció genètica assistida per marcadors. El presseguer és una espècie amb un període intergeneracional molt llarg, pel qual els programes de millora genètica es basen en creuaments entre individus majoritàriament heterozigots, i la selecció d'individus a partir de les progènies obtingudes. L'ús de marcadors moleculars ens permet actualment seleccionar els individus en estat de plàntula per alguns caràcters d'interès, com poden ser préssec o nectarina, el caràcter àcid o subàcid, o préssec o préssec pla, amb un estalvi considerable de recursos i d'espai. Els milloradors genètics fan actualment una selecció més eficient per arribar a la varietat desitjada i adaptada a la zona on s'ha de comercialitzar.

Millora genètica del meló

Els melons silvestres, d'origen probablement al continent Africà, són petits i no tenen polpa, i la seva funció és actuar com a receptacles de llavors. La domesticació de l'espècie a l'Orient Mitjà permet seleccionar individus amb una mida de fruit molt més gran i amb una gran quantitat de polpa, rica en sucres, tal com el coneixem actualment.

En el cas del meló, el mercat majoritari està basat en l'ús d'híbrids, i els programes de millora genètica es realitzen exclusivament a empreses de llavors. Malauradament queden molt pocs exemples de programes de millora genètica en meló. Les empreses seleccionen noves varietats utilitzant marcadors moleculars per caràcters d'interès i alhora els fenotips desitjats, a partir de línies que es fan servir com a pares per encreuar i obtenir la llavor híbrida, que és la que es comercialitza. Això ha ocasionat que la variabilitat genètica de les espècies disminueixi. La majoria de varietats tradicionals, que coexisteixen amb les varietats híbrides, es conreen per petits agricultors i la seva comercialització és de caire local, en lloc de les varietats híbrides que són exportades de manera massiva a altres mercats nacionals i estrangers. Per exemple, l'Estat espanyol és el primer exportador mundial de meló; només les varietats híbrides són aptes per aguantar períodes de postcollita llargs, necessaris per transportar-los en bones condicions als mercats

europaus. Moltes de les varietats locals han estat relegades a zones determinades del territori, però representen una rica font de variabilitat genètica que no hem de deixar perdre. Afortunadament, moltes d'aquestes varietats tradicionals han estat preservades a bancs de germoplasma, i a poc a poc comencen a ser caracteritzades fenotípicament i genotípicament, i possibiliten que puguin ser utilitzades per introduir a les varietats comercials caràcters genètics valuosos que ja donàvem per perduts. A l'IRTA fem aproximacions genòmiques per obtenir marcadors moleculars que són utilitzats en la millora genètica del meló. Des de l'any 2000 disposem d'una unitat mixta amb l'empresa Semillas Fitó, en la qual posem a punt tecnologies genòmiques que s'apliquen als programes de millora de l'empresa en meló, i també en altres cucurbitàcies com el cogombre, la síndria i el carbassó, o en espècies solanàcies com el tomàquet, el pebrot i l'albergínia.

L'era postgenòmica

Per la majoria d'aquestes espècies ja disposem de la seqüència del genoma: el nostre laboratori va coordinar l'únic projecte de seqüenciació d'un genoma eucariota fet íntegrament a casa nostra (Garcia-Mas et al., 2012) i ha participat en la seqüenciació dels genomes del préssec (Verde et al. 2013) i de la maduixa diploide (*Fragaria vesca*) (Shulaev et al., 2011). En les tres espècies col·laborem amb empreses de millora genètica en la posada a punt d'eines genòmiques que permeten fer la selecció de manera més ràpida i eficient. Disposar de la seqüència del genomes ens permet també reseqüenciar individus a un cost baix, fet que ens permet caracteritzar més ràpidament les variacions en gens que són les responsables dels caràcters d'interès. L'aplicació d'aquestes tecnologies permet fer millora genètica i alhora seleccionar pels caràcters complexos, com els que controlen la qualitat del fruit, d'una manera dirigida.

Referències

- ARÚS et al. (2012). "The peach genome". *Tree Genet Genomes*, núm. 8, p. 531-547.
- BEVAN I UAUY (2013). "Genomics reveals new landscapes for crop improvement". *Genome Biology*, núm.14, p. 206.
- FAOSTAT (2010). <<http://faostat.fao.org/>>.
- GARCIA-MAS et al. (2012). "The genome of melon (*Cucumis melo* L.)". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, núm. 109, p.11872-11877.
- MEYER I PURUGGANAN (2013). "Evolution of crop species: genetics of domestication and diversification". *Nature Review Genetics*, núm. 14, p. 840-852.

OLSEN I WENDEL (2013). "A Bountiful Harvest: Genomic Insights into Crop Domestication Phenotypes". *Annual Review of Plant Biology*, núm. 64, p. 47-70.

PENG et al. (1999). "«Green revolution» genes encode mutant gibberellin response modulators". *Nature*, núm. 400, p. 256-261.

SHULAEV et al. (2011). "The genome of woodland strawberry (*Fragaria vesca*)". *Nature Genetics*, núm. 93, p. 109-116.

VERDE et al. (2013). "The high-quality draft genome of peach (*Prunus persica*) identifies unique patterns of genetic diversity, domestication and genome evolution". *Nature Genetics*, núm. 45, p. 487-494.