

Caracterización morfológica y genética de poblaciones locales de maíz para forraje y grano. Avance de resultados

LUIS J. ROYO. Área de Nutrición, Pastos y Forrajes. lroyo@serida.org

JORGE DíEZ. Centro de Inteligencia Artificial, Universidad de Oviedo. jdíez@uniovi.es

JAIME ALONSO. Centro de Inteligencia Artificial, Universidad de Oviedo. jalonso@uniovi.es

ROCÍO PELAYO. Departamento de Producción Animal, Universidad de León. rpelg@unileon.es

CONSUELO GONZÁLEZ. Área de Nutrición, Pastos y Forrajes. cgonzalez@serida.org

ADELA MARTÍNEZ-FERNÁNDEZ. Área de Nutrición, Pastos y Forrajes. admartinez@serida.org

Introducción

El maíz es una especie alógama y **las variedades tradicionales son variedades de polinización libre**. Actualmente la práctica totalidad del maíz cultivado en las zonas templadas desarrolladas del planeta **es maíz híbrido resultante del cruzamiento de 2 líneas puras**.

En un principio, las líneas puras se obtuvieron directamente de las variedades, pero actualmente la mayoría de las variedades para cultivo se obtienen a partir de cruzamientos en el marco de programas de mejora genética. Esto implica que el germoplasma de maíz utilizado en mejora genética en las zonas templadas **tiene una estrecha base genética**, lo que supone un riesgo frente a estreses bióticos y abióticos y un limitante en el futuro progreso de la selección. Por tanto, un manejo efectivo de la diversidad genética es un prerrequisito crítico para permitir el continuo mejoramiento agrícola y el futuro progreso.

En este sentido, las **“poblaciones locales”** de polinización libre son muy interesantes como reservorios de diversidad genética, y conservan una gran variabilidad que de otro modo se habría perdido. En España hay diversas colecciones de variedades

locales de maíz. Entre ellas, la de la Misión Biológica de Galicia (MBG), la de la Estación Experimental de Aula Dei (EEAD) y la de NEIKER-Tecnalia-Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo agrario (NEIKER).

En Asturias, aún quedan **poblaciones locales de maíz** que proceden del maíz introducido desde el Nuevo Mundo hace más de cuatro siglos. La situación y orografía de Asturias hacen que tenga unas condiciones ambientales muy heterogéneas, por lo que estas poblaciones locales se han ido adaptando a unas determinadas zonas geográficas, consiguiendo rusticidad (resistencia a condiciones adversas) y adaptación al medio ambiente, y por tanto es esperable encontrar en ellas una amplia diversidad genética. Además, debido a sus peculiaridades culturales todavía se cultivan variedades locales de maíz en explotaciones pequeñas de muchas zonas debido a su empleo en la elaboración de productos típicos.

Algunas de estas variedades se conservan en las colecciones de maíz mencionadas anteriormente, sin embargo, la recolección de las variedades no ha sido hecha de forma sistemática por lo que es de prever que haya zonas muestreadas en exceso y otras de forma insuficiente. Por tanto, hace falta conocer el origen geográfico exacto

de todas las variedades asturianas que se conservan en las distintas colecciones para identificar las regiones insuficientemente muestreadas. Una vez identificadas el siguiente paso sería el muestreo en estas regiones de variedades en peligro de desaparecer.

Cabe destacar que dentro de la actividad investigadora y demostrativa promovida desde el SERIDA para cubrir las diferentes realidades socioeconómicas, productivas y ambientales de la región, el segundo de los tres pilares del grupo NySA (Nutrición y Sanidad Animal) es la sostenibilidad de los sistemas de producción, en lo que se refiere al aprovechamiento de recursos propios y búsqueda de la autosuficiencia alimentaria, así como el respeto al medio ambiente donde se asienta la explotación y sus alrededores. Para alcanzar este objetivo, el Programa de Investigación en Pastos y Forrajes, trabaja activamente en optimizar la producción y conservación sostenible de los recursos forrajeros, de manera acorde a las necesidades nutricionales de los sistemas agroganaderos. Así, en busca de una mayor sostenibilidad ambiental, este grupo de investigación está trabajando en diferentes líneas de investigación entre las que destacan las relacionadas con la recuperación y caracterización de poblaciones locales de maíz para forraje y grano.

La hipótesis de partida de esta línea de investigación es que las variedades comerciales de maíz (lo que conocemos como maíz híbrido) se han obtenido pensando en producción convencional y por tanto no contemplan entre sus requisitos características como rusticidad y adaptación al medio ambiente, sumamente importantes en la agricultura ecológica. Por ello, ante la evidencia de la sustitución de las poblaciones locales por los híbridos americanos, lo que implica pérdidas irreversibles de recursos fitogenéticos y el consiguiente aumento de la vulnerabilidad de los cultivos con estrecha base genética, en el SERIDA se han llevado a cabo en los últimos años ensayos de caracterización de poblaciones locales de maíz a partir de semilla conservada en diferentes bancos de germoplasma o recuperada a través de los agricultores. El principal objetivo de esta línea de investigación es conocer la singularidad de cada una de las poblaciones locales recuperadas



←
Foto 1.- Banco de germoplasma de las poblaciones locales de maíz recuperadas en Asturias y conservadas en el SERIDA.

y establecer las relaciones filogenéticas existentes entre ellas, para lo cual se está genotipando la colección de poblaciones locales recuperadas con una batería de marcadores genéticos.

A día de hoy se ha recuperado semilla de un total de 29 poblaciones locales y se está constantemente avanzando en su caracterización. Esta caracterización comprende dos aspectos, el morfológico y el genético. Así, para cada población de maíz se llevan a cabo dos procesos:

Caracterización morfométrica: se siembran un número suficiente de plantas en las mismas condiciones y se toman medidas tanto de las características de la planta como de la mazorca.

Caracterización genética: se crea un banco de ADN de, al menos, diez individuos de cada población y se genotipan con una batería de 12 marcadores microsatélite puestos a punto en el laboratorio de Nutrición del SERIDA.

Caracterización morfométrica

Para caracterizar estas poblaciones de maíces locales, el primer año de evaluación (2008) se sembraron 12 poblaciones identificadas como: Berasategui, Arredondo, Recaré, Tuy, Taborneda, Reina, Riomolín, Tineo, Trascastro, Foz, Cangas de Onís, y Llanera. En el segundo año (2011) se sembraron siete poblaciones nuevas: (Bañaeseca, Candones, La Montaña, Lavares, Posada Rojo, Amarillo Tapia y Sarria), y una más, Reina, para utilizarla como testigo y corregir el efecto del año de siembra en los atributos recogidos.

Los atributos utilizados en planta y mazorca para la caracterización y representación de las relaciones taxonómicas entre las diferentes poblaciones fueron los siguientes:

1. **Planta:** número de hojas de la planta, altura de la planta, altura de inserción de la mazorca, longitud de la hoja mazorca, anchura de la hoja mazorca, presencia de lígula, número de mazorcas, número de hojas de la mazorca, longitud de la hoja bandera del penacho,

cho, anchura de la hoja bandera del penacho, tipo de penacho, longitud del penacho, longitud del pedúnculo, longitud de la primera ramificación.

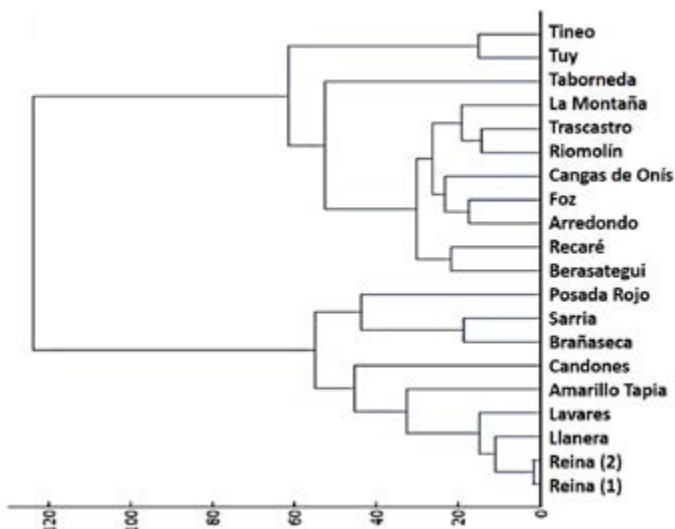
2. **Mazorca:** número de espatas, peso de la mazorca, presencia de lámina espata, longitud lámina espata, presencia de mazorcas secundarias, peso mazorca, cobertura, daños, disposición de hileras, número de hileras, granos por hilera, longitud de la mazorca, forma de la mazorca más alta, diámetro de mazorca, diámetro del zuro, diámetro del raquis, color del zuro (Foto 2).

A partir de estos datos se calculó el valor medio de cada población de maíz para cada uno de los atributos descritos anteriormente, obteniéndose 20 vectores, uno por población, y posteriormente las distancias entre todos los pares de poblaciones. En el caso de los atributos continuos, se obtuvo el incremento o decremento de cada uno en porcentaje y en relación a la población control (Reina), tomando como referencia los datos del 2011. A los atributos discretos no se les aplicó ninguna corrección.

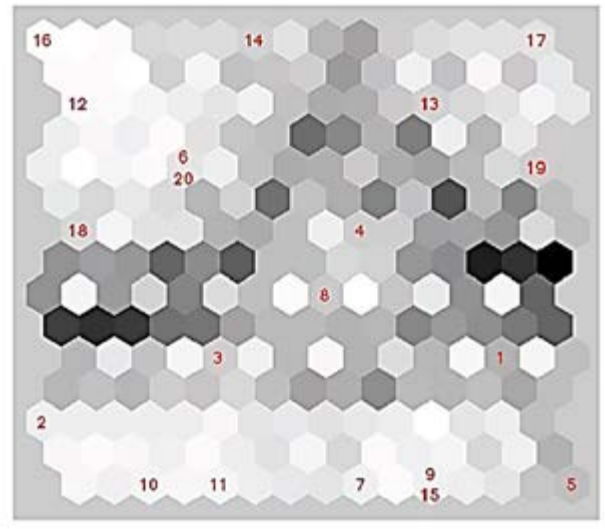
→

Foto 2.- Ensayo de caracterización morfométrica. Ejemplo de alguno de los descriptores considerados en mazorca.





a)



b)

1-Berasategui, 2-Arredondo, 3-Recaré, 4-Tuy, 5-Taborneda, 6-Reina (2008), 7-Riomolín, 8-Tineo, 9-Trascastro, 10-Foz, 11-Cangas de Onís, 12-Llanera, 13-Brañaseca, 14-Candones, 15-La Montaña, 16-Lavares, 17-Posada Rojo, 18-Amarillo Tapia, 19-Sarria, 20-Reina (2011).

Para representar las relaciones taxonómicas entre las diferentes poblaciones locales se eligieron dos modelos:

- a. **Árbol jerárquico o dendrograma:** es una representación gráfica de datos en forma de árbol que organiza las poblaciones en subcategorías que se van dividiendo en otras hasta llegar al nivel de detalle que se desea, permitiendo apreciar las relaciones de agrupación entre las poblaciones o grupos de ellas.
- b. **Mapa de Kohonen:** es un mapa auto-organizado que tiene la capacidad de organizar dimensionalmente datos complejos en grupos, dependiendo de las relaciones entre ellos, agrupando, de esta manera, las poblaciones de acuerdo a criterios de similitud.

En la figura 3 se pueden ver las dos representaciones gráficas de las relaciones de similitud entre las poblaciones de maíz local ya caracterizadas.

En general podemos ver que las poblaciones locales de maíz se agrupan en 2 grandes divisiones, que no tienen que ver con su localización geográfica. La agrupación parece más bien debida a las características de la planta, agrupando en un subgrupo a las poblaciones de mayor tamaño y aptitud

forrajera (parte inferior del dendrograma, y parte superior del mapa de Kohonen), y en el otro subgrupo a las demás.

Una vez establecida esta primera división, sí parece que la proximidad geográfica puede tener importancia para el parecido entre poblaciones. Hay que destacar la gran similitud existente entre las parejas de poblaciones de Trascastro-La Montaña, y Lavares-Llanera. En este sentido, el estudio de los marcadores moleculares nos permitirá decidir si se tratan de poblaciones diferentes o se pueden considerar poblaciones con un origen común.

Las poblaciones de Tineo y Tuy parecen ocupar una posición intermedia entre las poblaciones forrajeras y las demás. De igual manera, el estudio con marcadores moleculares neutros (no sometidos a selección) permitirá dilucidar si se trata de poblaciones singulares o poblaciones surgidas como cruzamientos de otras.

Caracterización genética

233 individuos pertenecientes a 23 poblaciones de maíz local, más 15 individuos de una población formada por muestras de maíz comercial (outgroup), se genotiparon con 12 marcadores microsatélite. Las poblaciones genotipadas fueron las mismas que las caracterizadas morfológicamente:

↑

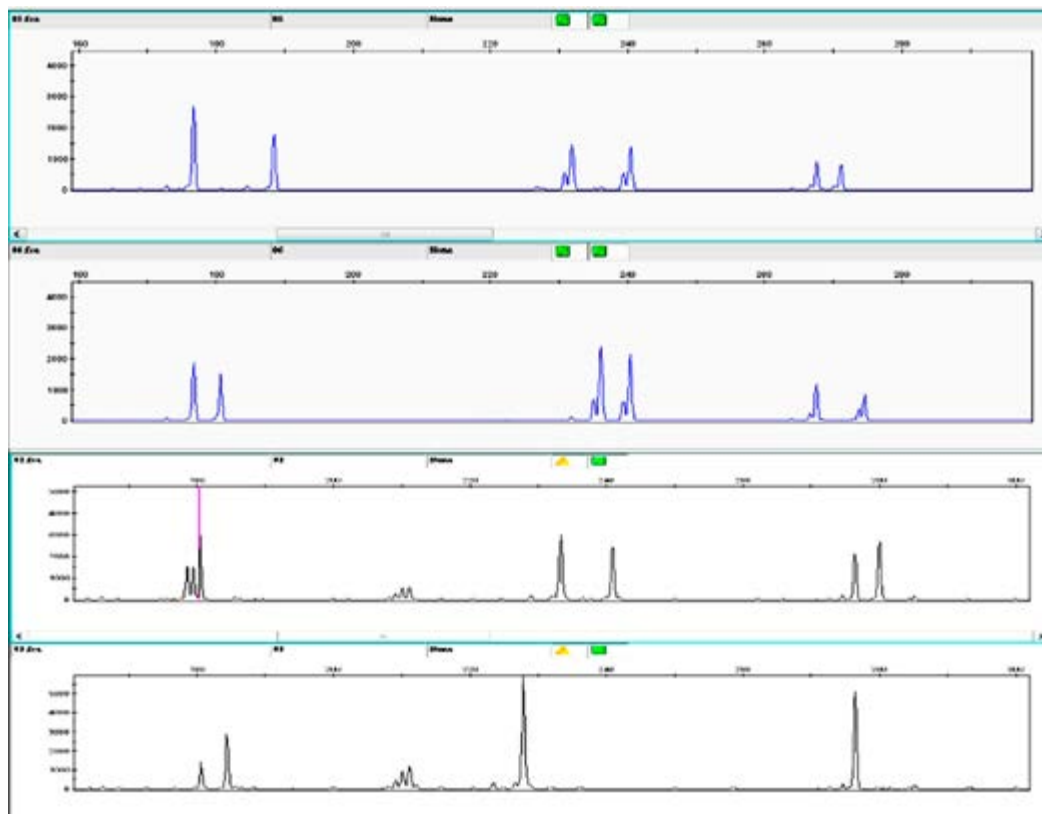
Figura 3.- Representación gráfica de las relaciones de similitud entre las 19 poblaciones de maíz local caracterizadas.

a) Dendrograma

b) Mapa de Kohonen

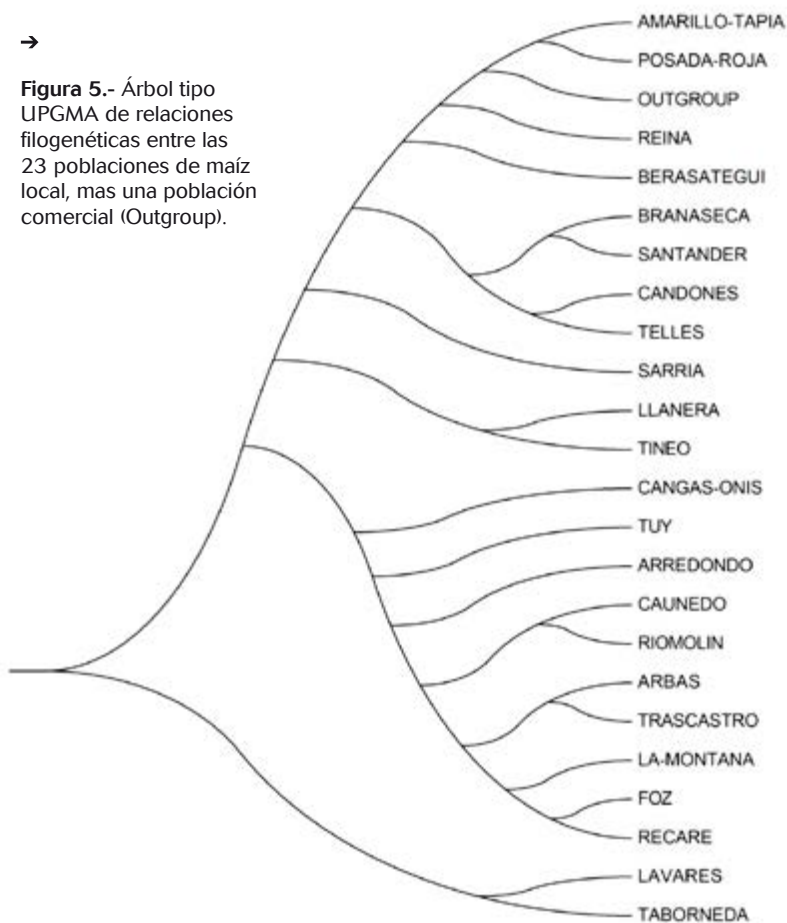
→

Figura 4.- Ejemplo de 6 marcadores microsatélites en 2 individuos de dos poblaciones diferentes. La primera y la tercera línea corresponden a un individuo y la segunda y cuarta a otro individuo distinto. Los primeros tres marcadores (línea uno y dos) están marcados en FAM® (azul) y los siguientes tres (líneas tres y cuatro) marcados en NED® (negro).



→

Figura 5.- Árbol tipo UPGMA de relaciones filogenéticas entre las 23 poblaciones de maíz local, mas una población comercial (Outgroup).

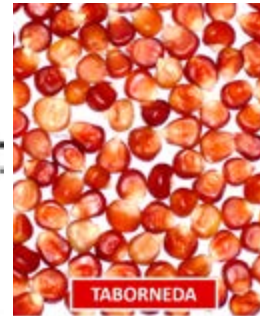


Berasategui, Arredondo, Recaré, Tuy, Taborneda, Reina, Riomolín, Tineo, Trascastro, Foz, Cangas de Onís, Llanera, Brañaseca, Candones, La Montaña, Lavares, Posada Rojo, Amarillo Tapia y Sarria; a éstas se añadieron otras 4 poblaciones cuya caracterización morfológica está aún pendiente de realizar (Arbás, Caunedo, Santander y Telles).

A partir de los datos del genotipado de todos los individuos se calculó la distancia genética de Nei (1972) entre cada pareja de poblaciones. Con de esta matriz de distancias entre las poblaciones, las relaciones genéticas entre ellas se representaron en un árbol filogenético tipo UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean), que se muestra en la Figura 5.

En general parecen existir al menos tres grupos diferentes que agrupan la variabilidad genética contenida en las poblaciones evaluadas.

Lo más destacado es la aparente singularidad genética que muestran las poblaciones de Lavares y Taborneda, que se agrupan desde el punto de vista genético, pero que morfológicamente se diferencian mucho (Ver figura 6), así como la poca distancia



genética y por lo tanto similitud que muestran algunas poblaciones locales (Amarillo Tapia, Posada Rojo, Reina y Berasategui) con respecto a la población comercial (Outgroup).

Discusión general

Los resultados presentados deben ser considerados como provisionales, ya que no todas las variedades recogidas han podido ser caracterizadas completamente. La caracterización morfológica es más compleja y necesita de mucho más trabajo para la siembra, germinación, crecimiento, desarrollo del cultivo hasta poder hacer la toma de los datos tanto de la planta como de la mazorca. La caracterización genética por el contrario es más sencilla al realizarse en el laboratorio, y es la razón de que haya más variedades caracterizadas genéticamente. Sin embargo, una vez que las metodologías y protocolos para llevar a cabo las caracterizaciones están establecidas el resto de poblaciones recogidas irán siendo evaluadas y los resultados actualizados.

Aunque hay que tener en cuenta que las relaciones entre las diferentes poblaciones pueden modificarse ligeramente al añadir datos de nuevas poblaciones, en líneas generales podemos decir que:

- Tanto los resultados morfométricos como genéticos, indican una separación entre las poblaciones debido a criterios morfológico-productivos, agrupándose generalmente las poblaciones de mayor tamaño y aptitud forrajera.
- Desde el punto de vista genético destacan tres grupos, que incluyen por un lado a las poblaciones forrajeras, que además se agrupan cerca de la población mejorada utilizada como control

(outgroup), por otro a las variedades de menor porte, y por último destacar la singularidad genética de dos poblaciones, que se agrupan desde el punto de vista genético, pero que morfológicamente se diferencian mucho.

El SERIDA tiene una gran experiencia en la evaluación de variedades de maíz, evaluando ininterrumpidamente variedades comerciales desde 1996. Estas evaluaciones implican la recogida de datos productivos en condiciones edafoclimáticas diferentes. Las poblaciones locales hasta el momento sólo han sido evaluadas en trabajos realizados en la finca experimental de La Mata en Grado, con lo que deberían ser evaluadas en otras condiciones diferentes para conocer su capacidad de adaptación tanto para forraje como para grano.

El objetivo final de este trabajo, una vez recogidas todas las poblaciones locales posibles, y obtenida y estudiada toda la información morfológica y genética disponible, será 1) establecer una descripción de cada una de las poblaciones locales en cuanto a su valor potencial en agricultura ecológica, para producción forrajera y/o para producción de harina panificable, y 2) elaborar un ranking de la singularidad genética de las poblaciones, que pueda ser teniendo en cuenta a la hora de establecer prioridades para su conservación.

Los autores agradecen el trabajo de todo el personal de campo de las fincas experimentales de La Mata en Grado y de Villaviciosa, así como del personal del Laboratorio de Nutrición Animal de Villaviciosa.

Trabajo financiado por FICYT mediante el grupo de investigación consolidado NYSA (PCTI IDI2018-000237) cofinanciado con fondos FEDER. ■



Foto 6.- Aspecto del grano de dos de las poblaciones locales de maíz evaluadas (Taborneda y Lavares) con indicación geográfica del lugar de recuperación de la semilla. Estas dos poblaciones, aunque distintas morfológicamente, están próximas desde el punto de vista genético.