

MasAgro Biodiversidad

Logros y Oportunidades

MAÍZ

Contactos:

Sarah Hearne, s.hearne@cgiar.org

Terry Molnar, t.molnar@cgiar.org

31 agosto 2017

MAB Maíz - concepto

Pescando en la pecera

Una ... de agua en el mar



Mejoramiento utilizando donantes endogámicos y líneas élite

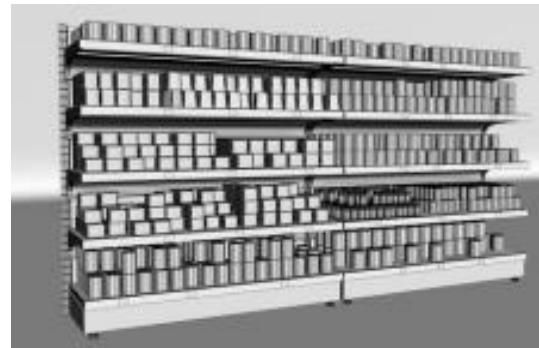
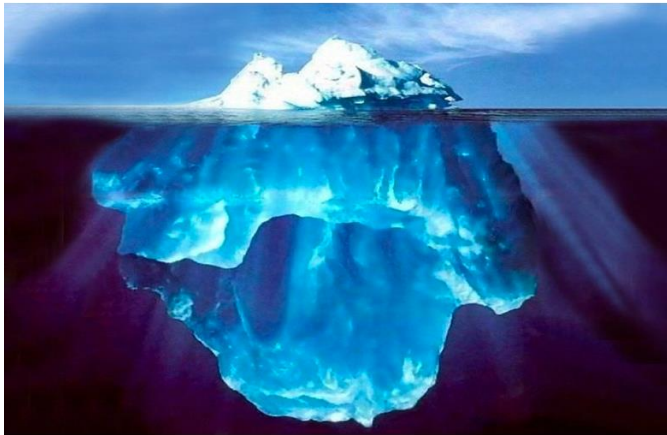
Precaución; hay tiburones en el mar!!



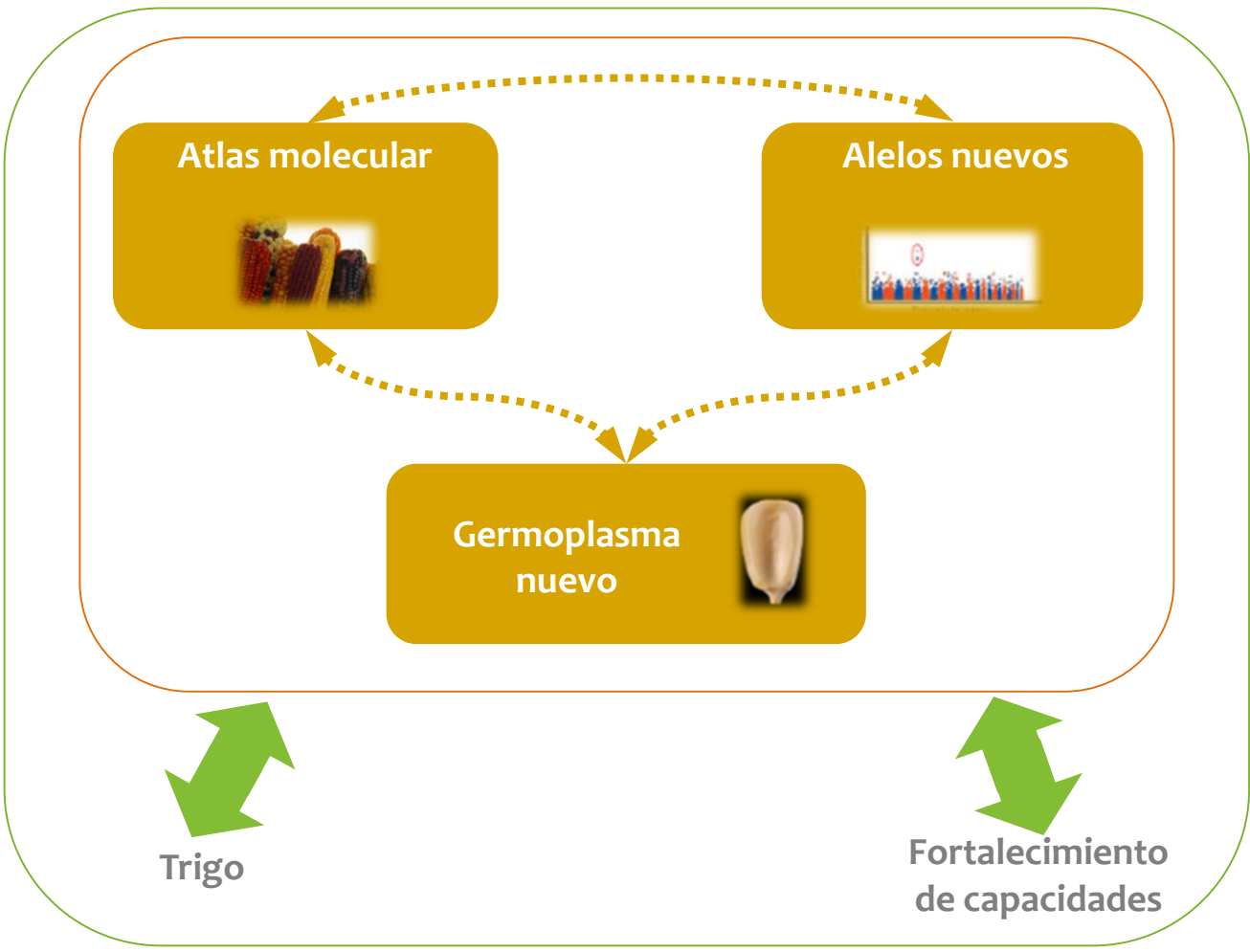
Problemas ligamiento genético negativo



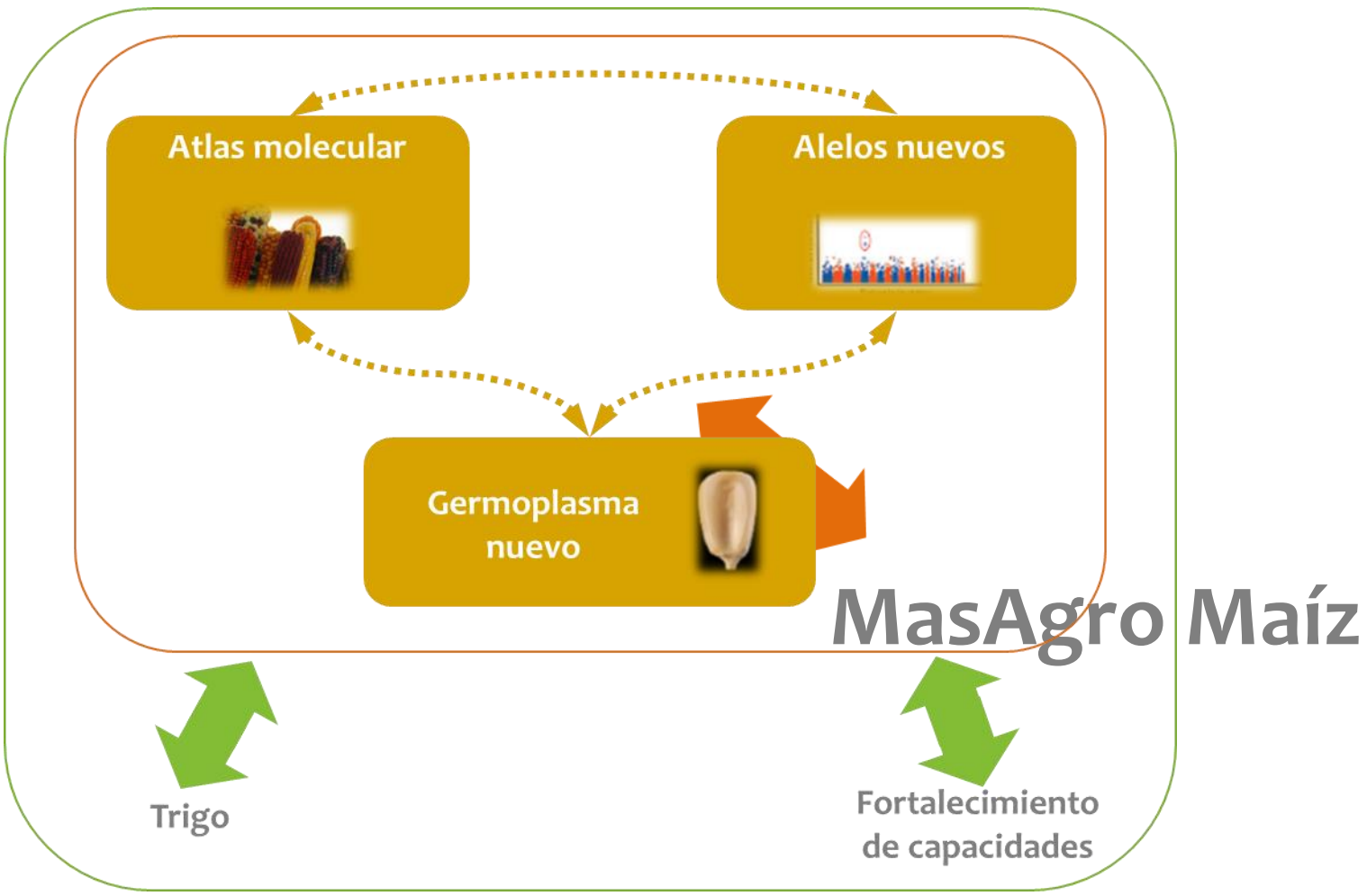
Información relevante de los mejoradores limitada



MAB Maíz estructura



MAB Maíz estructura



Entender y explorar la diversidad molecular de maíz

- **Caracterización genómica usando marcadores DArTseq - SNP y SilicoDArT**
- **Protocolo modificado- muestras compuestas**

**25,000
Criollos**

~37,000 entries

**~2,000
poblaciones
del banco**

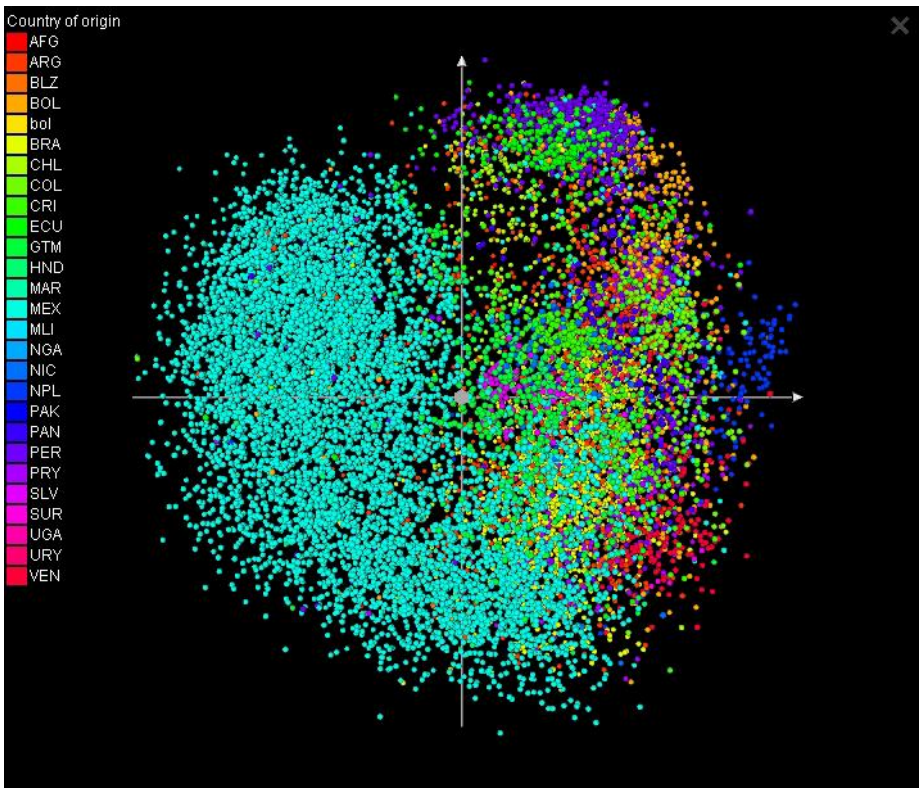
**~400
teosinte y
Tripsacum**

570 CML

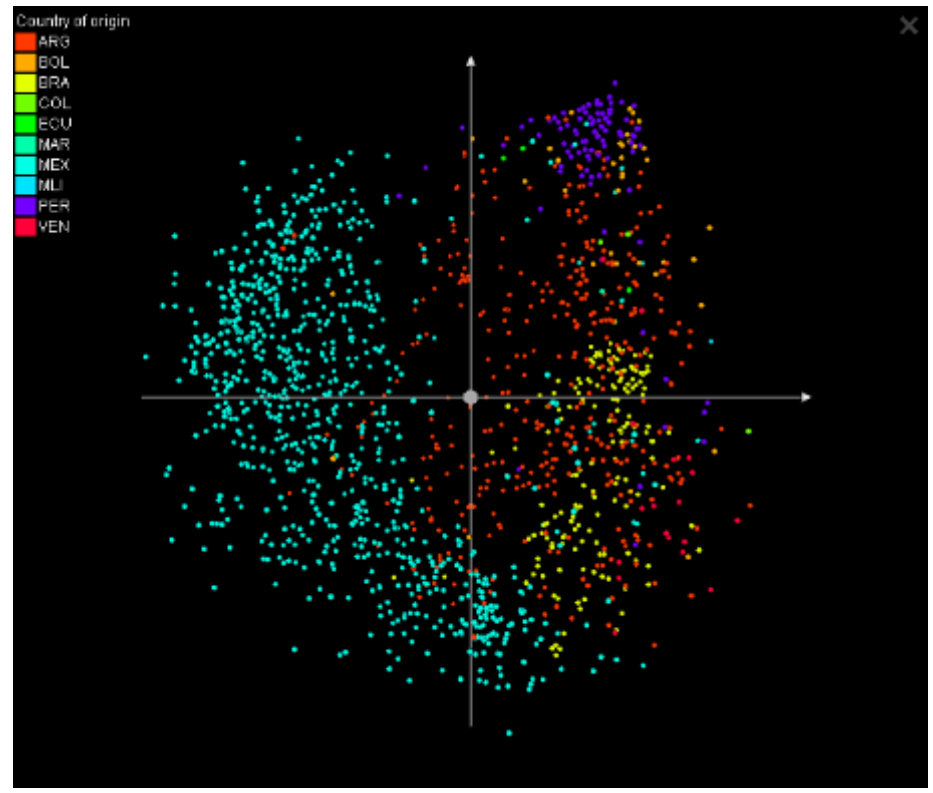
Donadores de
CIMMYT exPVP

**Análisis de diversidad
Identificación de criollos de
alto valor
Huellas de selección**

Escala multi-dimensional de distancias genéticas euclidianas



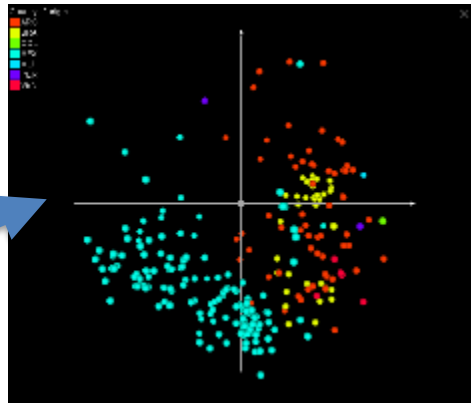
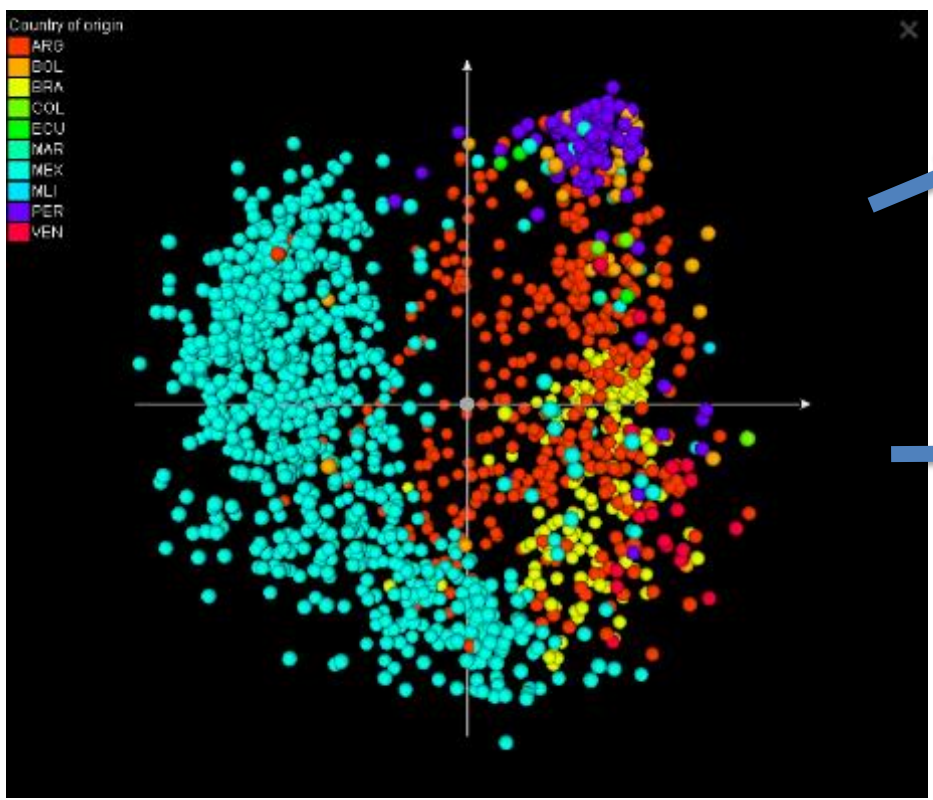
15,384 criollos



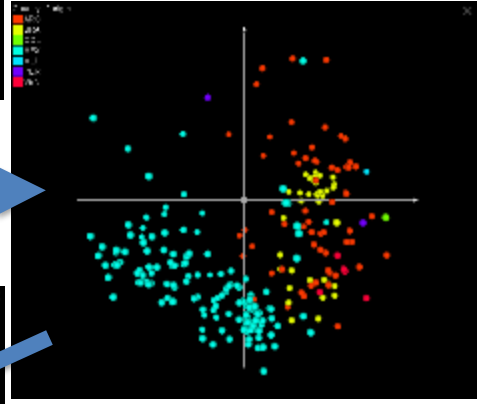
1,549 criollos del ambientes sequia

CurlyWhirly: Fortalecimiento de capacidades

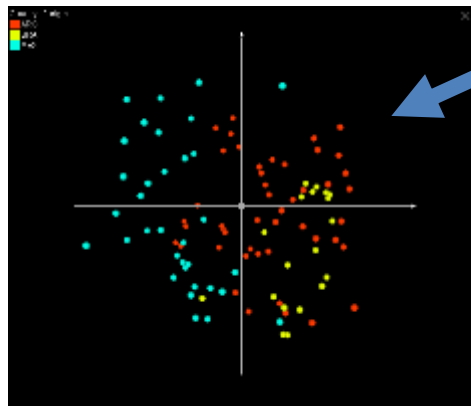
MAB Maíz – Atlas molecular



250 Tropicales



250 Sub-tropicales



100 Sub-tropicales

1,549 criollos del ambientes sequia

Selección, evaluación y uso en el desarrollo de germoplasma nuevo

- Estudios de asociación del genoma completo GWAS
 - Poblaciones biparentales – germoplasma nuevo
 - GWAS del ambiente
 - Huellas de selección
- Podemos usar datos ambientales de los
orígenes de criollos

- Estudios de asociación del genoma completo GWAS

4500 testigos

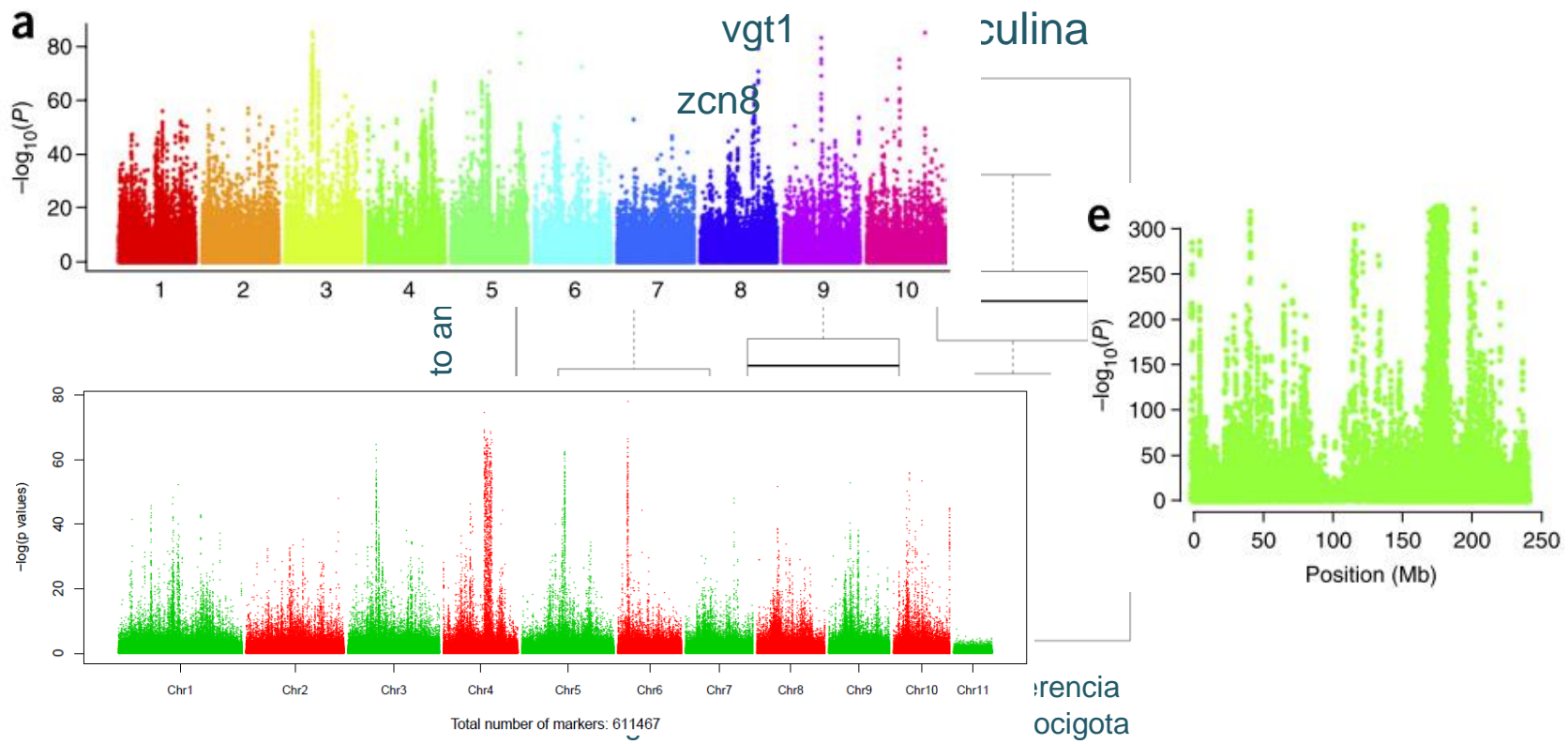
Ensayo	Experimentos
Estreses abióticos	calor
	sequia
	Bajo nitrógeno
Enfermedades	Complejo de mancha de asfalto, Cercospora, Turcicum, Pudrición de mazorca (Fusarium), Pudrición de tallo (Fusarium y Acremonium)
Calidad de grano	hardness, starch, oil, amino acids, phenolics

- >1.5m puntos de datos
- 36 ensayos sembrada, 34 cosechada

Genotipificación de secuenciación ~350,000 SNP

Catalogo de productos: Fortalecimiento de capacidades

- Estudios de asociación del genoma completo GWAS



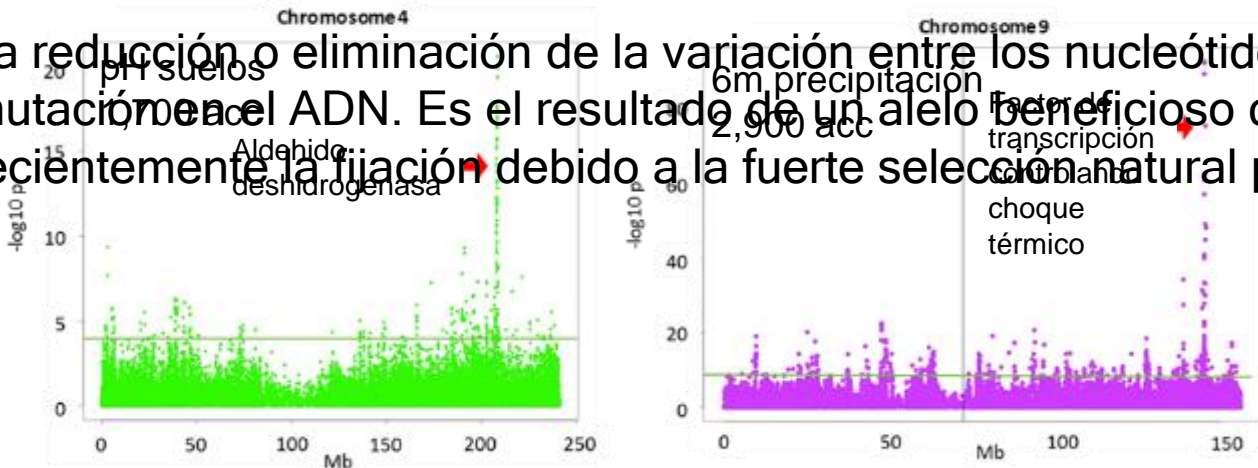
Los más grandes efectos sobre floración documentados a la fecha

Romero et al 2017

GWAS del ambiente, huellas de selección

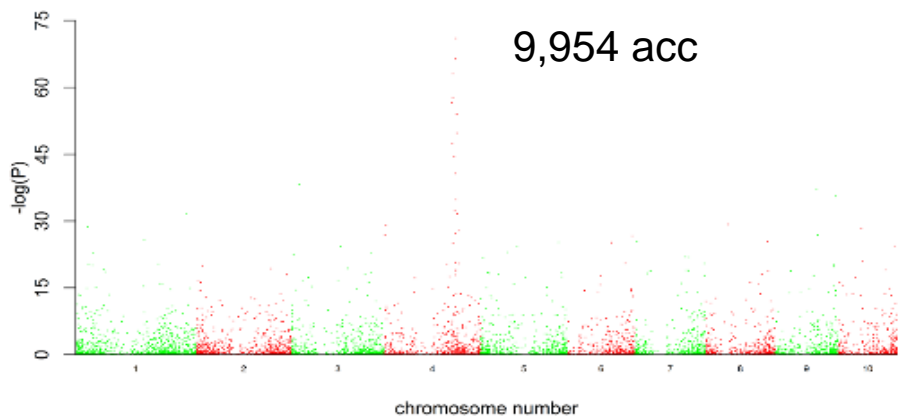
Genotipo + Característica ambiente

“la reducción o eliminación de la variación entre los nucleótidos cerca de una mutación en el ADN. Es el resultado de un alelo beneficioso que ha alcanzado recientemente la fijación debido a la fuerte selección natural positiva”



Selección genómica
Factor, altura de plantas, rendimiento

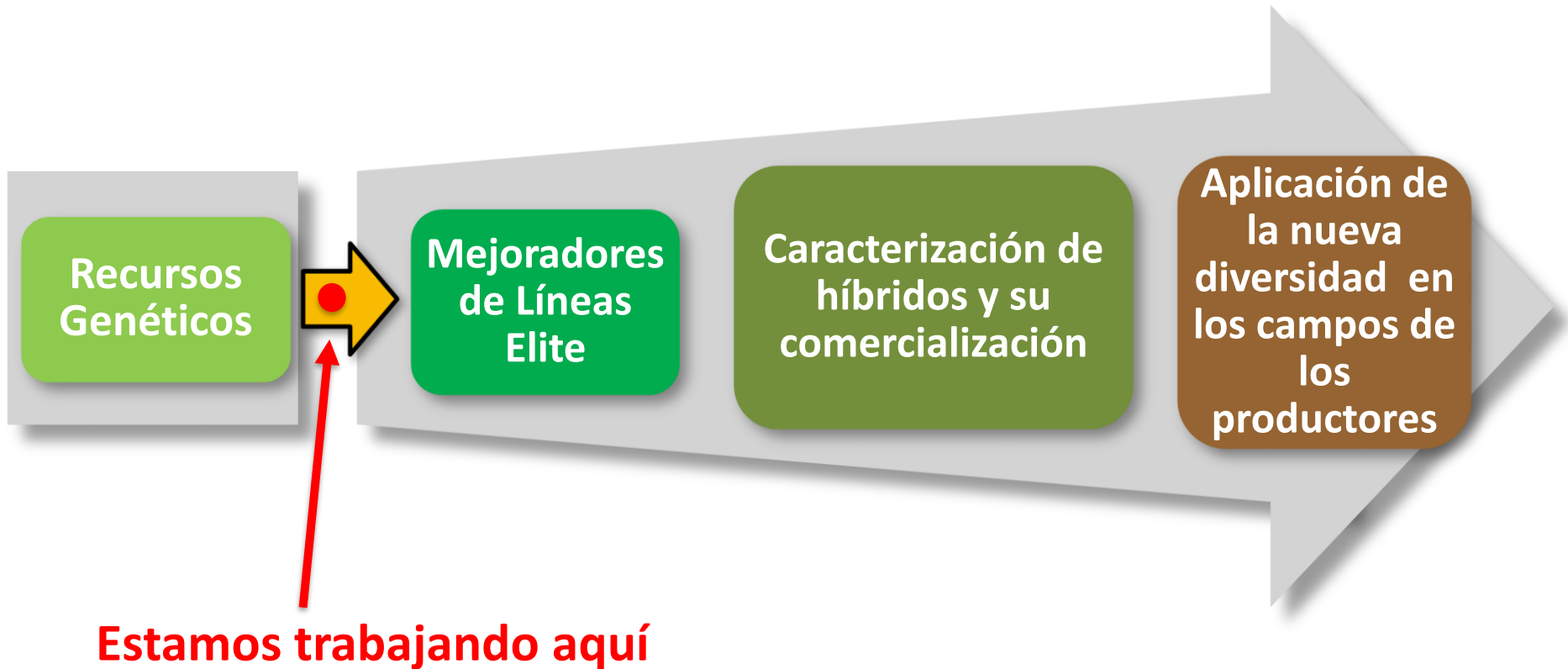
Predicciones
DTA 0.468, DTS 0.706
AP 0.524, REN 0.219



Potencial uso de SG
en pre-mejoramiento y
selección de criollos
del banco

Concepto de mejoramiento

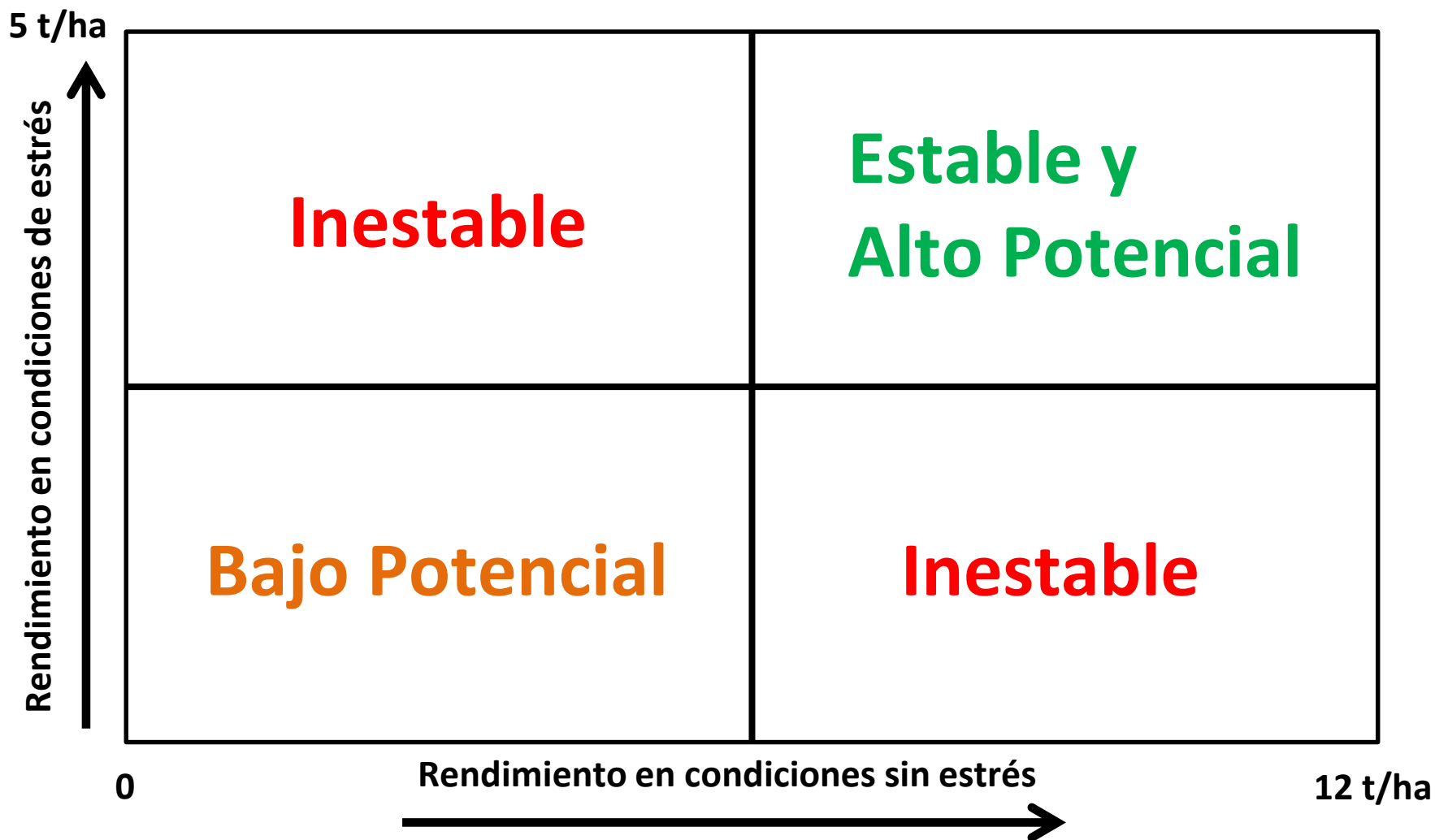
Llenar la brecha que existe entre los bancos de germoplasma y los programas de mejoramiento.





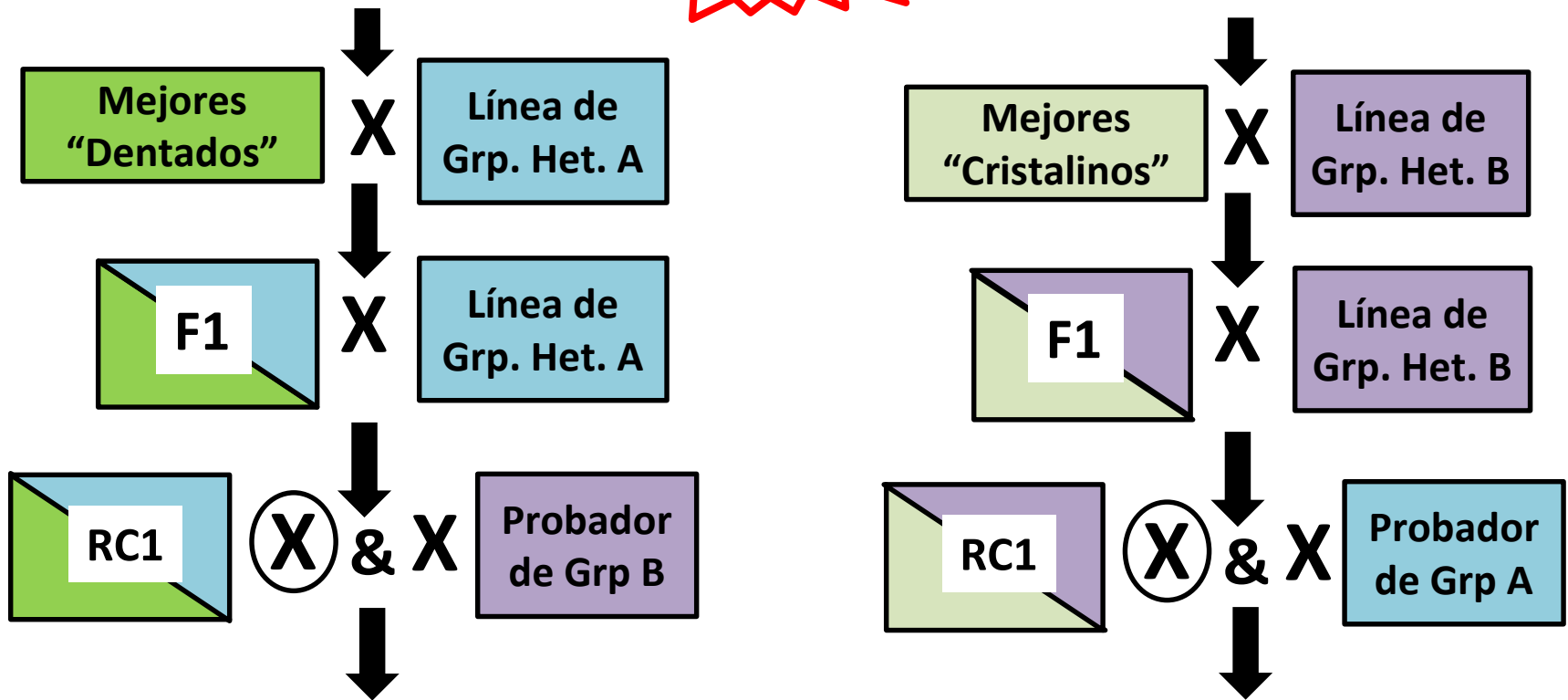
- Deben contener alelos nuevos para el carácter objetivo.
 - Debería ser mejor que el germoplasma élite para el carácter objetivo.
 - O que pueda mostrar efectos aditivos sobre alelos nuevos.
- Potencial de rendimiento en condiciones “normales”
 - si no, los mejoradores no lo van a usar.
- Aspecto agronómico decente – debe de ser una línea “pasable” o razonable en:
 - Alturas de planta y mazorca, acames de raíz y tallo, etc...

Estrategia de Selección



Evaluaciones de criollos *per se*

ESTRÉS



Ensayos replicados en condiciones normal y de estrés

Red de ensayos y evaluaciones: 2017-2018 (provisorio)



(entre paréntesis el número de criollos o poblaciones ya evaluado y donador)

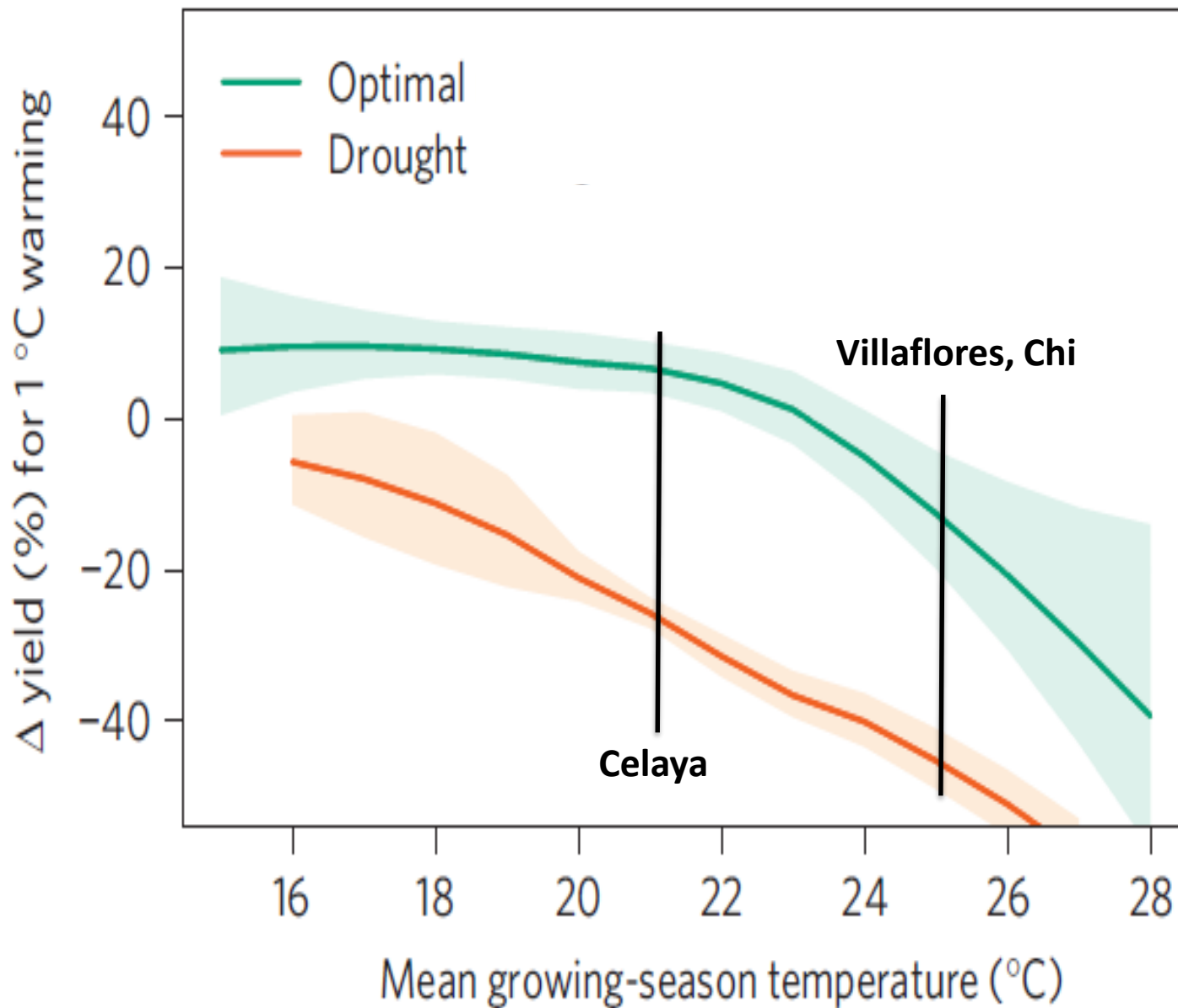
Resistencia/tolerancia a:

- Sequía durante el tiempo de la floración (>600, MA)
- Calor durante el tiempo de la floración (>200, MA/CGIAR)
- Complejo mancha de asfalto (>800, MA/CGIAR)
- Complejo maíz necrosis letal (>1000, CGIAR)

Cualidad/Nuevo Mercados:

- Maíz azul con alto contenido de antocianina (>200, MA/Kellogg's)

Efectos de calor y sequía en maíz en África



Lobell et al. Nature
Climate Change 2011

- **2014A**: 629 criollos evaluado.
 - Criollos de Mex, Arg, Brz, Chile: >100 razas.
 - 2 locs x 3 reps, riego reducido (RR).
- **2015A**: 115 criollos avanzados de los ensayos de '14.
 - 3 locs x 2 reps RR y 2 reps riego normal (RN) .
- **2016A**: 1327 RC1F2 cruza de prueba (CP).
 - RC1F2s derivados de CML376 x los mejores 20 criollos subtropical de '15.
 - 5 locs (4 cosechados) x 2 reps RR y 1 reps NN.
 - Todas las líneas genotipificadas + 1000 hermanos completos (HC)
- **2017A**: CP de 174 RC1F3s avanzados de '16 y CP de 622 RC1F2s.
 - RC1F2s: derivados de CML549 x 8 de los mejores criollos tropical de '15.
 - 3 locs x 2 reps RR y 1 reps NN.
 - Todas las líneas genotipificadas (>1000 HC)

- **2017B:**
 - CP de 173 RC1F3 (subtropical) sembrados en Bajío. 2 locs x 3 (riego).
 - CP de 120 RC1F2s (tropical) en Chi y Ver. 5 locs x 2 reps (temporal).
- **2018A:**
 - 101 RC1F3s (subtropical) avanzados/HC de '17.
 - 325 RC1F2s (tropical) avanzados/HC de '17 .
 - 457 nuevo CP derivado de 8 otros criollos buenos de '15.
 - Desarrollo de 280 nuevos criollos para evaluaciones en 2018.
- **Primera ola de líneas lanzadas para adaptación subtropical.**

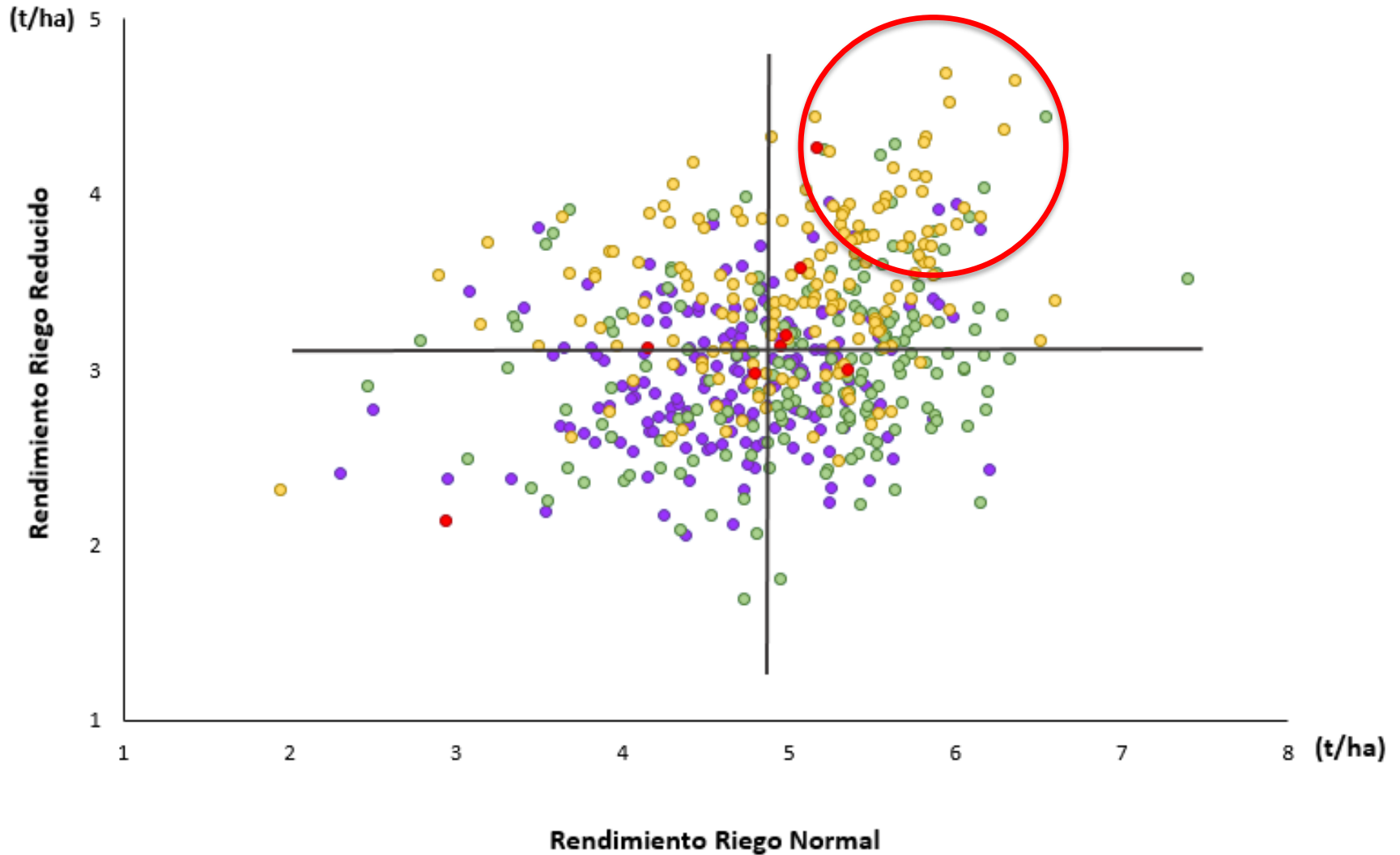
2014: ensayos con criollos. (INIFAP - Santiago Ixcuintla, Nay)



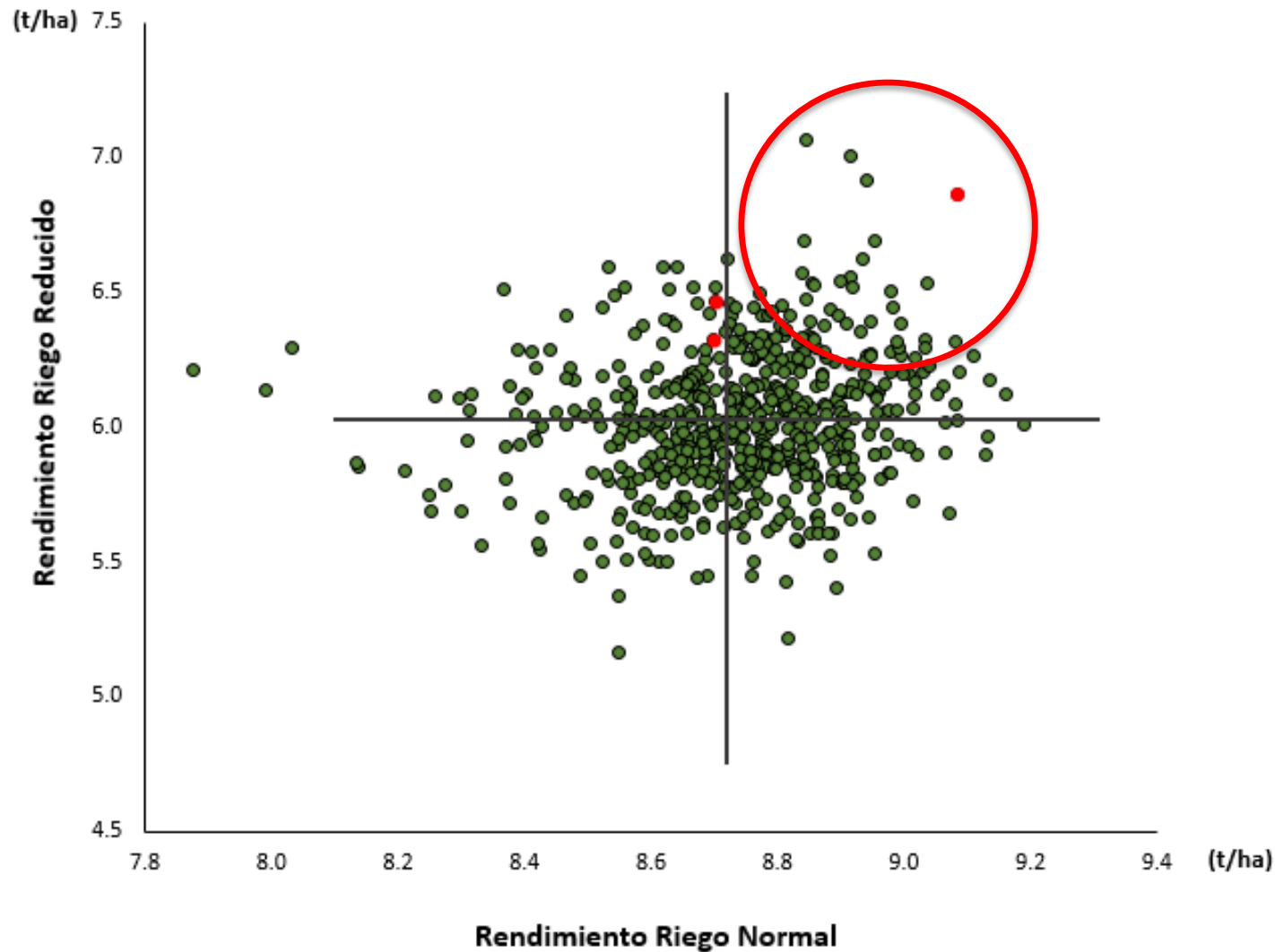
**2016: ensayos con las cruzas de pruebas (RC1F2s/CML576).
(INIFAP – Los Mochis, Sin)**



2017A: 2do año de ensayos CPs de RC1F3s subtropical con 3 probadores.



2017A: 1er año de ensayos CPs de RC1F2s tropical con 1 probador.



Complejo de Mancha de Asfalto (CMA): 1er olla

- 2 criollos identificados en los ensayos GWAS con resistencia al CMA (OAXA280 y GUAT153).
- **2015B/16A**: 823 líneas RC1F2s derivados de los 2 criollos x 4 líneas CMLs evaluados *per se*.
 - 3 loc x 1 Rep.
 - Todas las líneas fueron genotipificadas.
- **2016B**: mejores 105 líneas en CP con CLRCW96/CLRCW85 + evaluaciones de las líneas *per se*.
 - 2 loc x 1 rep.
- **2017**: CP de los 30 mejores líneas de 16B con 3 probadores.
 - 5 locs x 2 reps.
- **Primera ola de líneas lanzadas.**

2016B: 1er año de CPs: Top 10

Entrada	Cruzas de prueba		Lineas per se	
	Rend.	DIP*	TS**	TUR***
CLRCW100/CLRCW96//CLWN247<2(GUAT153)-50-2	9.04	4	1.0	3.0
CLRCW100/CLRCW96//CLWN247<2(GUAT153)-56-3	8.61	1	1.5	2.5
CLRCW100/CLRCW96//CLWN247<2(GUAT153)-61-3	8.57	4	1.0	3.0
CLRCW100/CLRCW96//CLWN247<2(GUAT153)-29-5	8.47	7	1.5	2.0
CLRCW100/CLRCW96//CLWN247<2(OAXA280)-20-1	8.37	7	1.5	2.0
CLRCW100/CLRCW96//CLWN247<2(GUAT153)-47-2	8.23	10	1.0	2.3
CLRCW100/CLRCW96//CLWN247<2(GUAT153)-39-1	8.20	6	1.3	2.7
CLRCW100/CLRCW96//CLWN247<2(OAXA280)-20-2	8.20	5	1.0	3.0
CLRCW100/CLRCW96//CLWN247<2(GUAT153)-32-3	8.02	4	1.0	3.0
CLRCW100/CLRCW96//CLWN247<2(GUAT153)-46-5	7.97	6	3.0	5.0
CLRCW96/CML573//CML576	7.20	5	1.3	2.5
CLRCW100/CLRCW96//CML576	7.15	8	1.3	2.5

* Pudricion de mazorca Diplodia (numero de plantas)

** Mancha de asfalto (score: 1 = limpia, 5 = muerto)

*** Mancha de asfalto (score: 1 = limpia, 5 = muerto)


- **2016B**: 723 líneas RC1F2s nuevos derivados de nuevos criollos y poblaciones x varios CMLs evaluados *per se*.
 - 2 loc x 1 rep.
- **2017B**: 516 líneas RC1F3s en 2do año de evaluaciones *per se*.
 - 3 locs x 1 rep.
- **2017B**: 1er incrementos de 442 líneas haploides doblados para estudios genéticos y para evaluaciones.
 - CML576/CLWN244 y CML576/CML547

- **2016:** ensayos pilotes a Los Mochis y Obregon.
 - 203 entradas.
 - Siembras en Junio, 2 rep en riego reducido.
 - Criollos de ~20 países (Mex, Hon, Nic, Ven, Per, Brz, Arg,...)
 - LM perdido debido al huracán
- **2017:** ensayos a LM y Torreón.
 - 217 entradas (202 nuevas y 15 de '16)
 - Siembras **XXX** en 2 rep en riego normal y 2 en riego reducido.

Línea RC1F3 derivado de MOR297



Línea RC2F3 derivado de LIM88 (Perú)



578 RC1F3s ahorita
en producción de
cruzas de prueba
para ensayos este
invierno (Sinaloa) y
verano 2018 (Jalisco)

- Complejidad del germoplasma
- Limitaciones en la red de evaluaciones y riesgos del clima relacionados con fallas de los ensayos
-mas

- Generar y analizar datos en forma colaborativa
- Dispersar el riesgo de fallas mediante una red confiable de evaluaciones.
- Colaboraciones con institutos públicos para desarrollar criollos y poblaciones.
- Evaluación de características no prioritarias para MasAgro Biodiversidad.
- Nuevas metodologías de investigación.
- Muchos mas

Gracias por su interés



Gracias a los colaboradores
y los grupos interesados en
MasAgro Biodiversidad-Maíz

