

COLECTA Y CARACTERIZACIÓN DE ESPECIES PROMISORIAS CON ADAPTACIÓN Y USO EN EL PACÍFICO BIOGEOGRÁFICO. UNA PROPUESTA

José Omar Cardona Montoya¹

Introducción. Los recursos fitogenéticos son soporte fundamental y principal alternativa viable frente a las necesidades alimentarias del planeta (Herrera-Estrella, 1993). Explorar los recursos genéticos de especies promisorias se ha convertido en tarea fundamental de todo programa de investigación agrícola. La caracterización de germoplasma genera conocimientos acerca de la variabilidad genética existente y potencializa el uso de estos recursos. La región Pacífica se caracteriza por su gran variedad de recursos genéticos. Es el centro de diversidad de varias especies incluyendo maíces criollos. El crecimiento poblacional, la explotación maderera, han afectado algunos de sus ecosistemas, razón por la cual muchas micro-regiones dentro de la región, están siendo conscientes de los fenómenos que afectan a sus recursos naturales. De hecho, varias regiones del país están haciéndose oír en los foros nacionales y están legislando para implementar colectas e identificación de sus recursos genéticos.

Propuesta. La caracterización morfo-agronómica es una herramienta que permite caracterizar poblaciones; y ha sido un instrumento potente en la descripción de plantas y animales. El IBPGR (Roma, 1991-7) tiene documentado descriptores para varias especies promisorias, los cuales han sido

usados para definir poblaciones y germoplasma elite en diferentes programas de conservación. La caracterización de nuevo germoplasma de especies vegetales puede hacerse por descriptores morfoagronómicos específicos. Para las especies locales es posible usar los descriptores IBPGR, (1991-7), con base en modelos tradicionales vigentes que se ajusten a las especies locales.

La variabilidad genética y la identificación de nuevo germoplasma, son la base fundamental de todo programa de mejoramiento genético vegetal. En nuestro ambiente poseemos una gama amplia de especies autóctonas y naturalizadas -con una variabilidad genética amplia- adaptadas a las condiciones locales, que pueden dar respuesta a los requerimientos actuales. Lo ideal en todo programa de mejora genética es acumular una considerable variabilidad genética, para que su conocimiento y uso en programas de mejoramiento den respuesta a las necesidades alimentarias de la población. Calidad y tolerancia a factores de estrés biótico y abiótico, son características genéticas presentes en germoplasma local; y avances importantes pueden lograrse formulando propuestas de investigación en la identificación de caracteres y genes especiales. Un ejemplo sería la tolerancia a suelos ácidos a partir de un grupo importante de especies alimentarias locales.

¹Docente-investigador, Universidad del Pacífico-Programa Agronomía del Trópico Húmedo
Autor para correspondencia: jocardona@unipacifico.edu.co

El manejo de los recursos genéticos es un proceso complejo que incluye interdependientes que van desde la identificación de un acervo de genes hasta la conservación y utilización del mismo. Muchas de estas actividades generan y requieren datos referenciados geográficamente, cuyo análisis con sistemas de información georreferenciada (SIG) hacen el proceso más fácil y eficaz. Los SIG permiten combinar información de diversidad genética con datos como densidad de población, clima, topografía y suelo. Los SIG agregan valor a los recursos genéticos en tanto pueden usarse para desarrollar estrategias de conservación, monitorear la diversidad genética, seleccionar posibles sitios para la colecta, diseñar reservas para conservación in situ e incrementar el uso del germoplasma (IPGRI, 2003).

La distribución geográfica de la diversidad es un parámetro importante en la exploración y conservación de los recursos genéticos, pero difíciles de analizar y visualizar. Los estudios de diversidad genética generalmente dividen la zona objetivo en áreas pequeñas de igual tamaño (una cuadrícula, generalmente), para las cuales se calcula una medida de la diversidad que se compara con la de otras unidades. La biodiversidad no se distribuye igualmente en la superficie de la Tierra. Algunos lugares son más diversos que otros, contienen especies y poblaciones con características únicas o están más amenazados por la erosión genética. Los sistemas de información georreferenciada (SIG) pueden ayudar a identificar –y visualizar en mapas– áreas geográficas, taxa o hábitat con características

específicas, permitiendo predecir las especies que probablemente se encontrarán durante una misión de colecta o determinar áreas prioritarias para la colecta. Los SIG optimizan la planificación y la realización de las colectas de germoplasma puesto que las metodologías de muestreo basadas en datos geo-referenciados modifican las estrategias de colecta y le dan al trabajo de campo un enfoque sistemático y riguroso (IBPGR, 2003). Utilizando tecnología de SIG, el IPGRI desarrolló modelos de distribución de la diversidad de maní cultivado en Ecuador y Guatemala, y de parientes silvestres de *Arachis*, en Bolivia. Los resultados de estos análisis están ayudando a los programas nacionales a identificar áreas en alto riesgo de erosión genética y a establecer prioridades para la colecta y la conservación (IPGRI, 2003).

HERRAMIENTAS ANALÍTICAS. Existen herramientas asequibles que nos permite avanzar en procesos de reconocimiento de nuestros recursos fitogenéticos. Programas como DIVAGIS, GenAIEx y RookCase están disponibles en la red, para ser usados con fines investigativos y pedagógicos. Su manejo es sencillo y su uso debe ser práctica común en programas académicos afines en nuestras instituciones de educación superior. El uso de estos programas (de libre acceso) permitió determinar la distribución espacial de 27 especies forestales en tres parcelas localizadas en el campus de la Universidad del Pacífico, Buenaventura-Colombia (En: trabajo de grado Karina Angulo).

DIVA-GIS puede emplearse para analizar la distribución de especies con el objeto de dilucidar patrones geográficos, ecológicos, y genéticos. Está orientado a investigadores que no disponen de sistemas de información geográfica (GIS) comerciales, o para cualquier persona que necesita una herramienta GIS especializada en analizar las distribuciones de especies. DIVA-GIS puede ayudar a mejorar la calidad de los datos al encontrar las coordenadas de las localidades empleando diccionarios geográficos (gazeteers), y mediante la comprobación de coordenadas existentes utilizando superposiciones de áreas (consultas espaciales), de sitios de colecta con bases de datos de límites administrativos. Así mismo, pueden crearse mapas de distribución. Las funciones analíticas en DIVA-GIS incluyen el mapeo de riqueza y diversidad; mapeo de la distribución de rasgos específicos; y la identificación de áreas con diversidad complementaria (En: <http://www.diva-gis.org/>). DIVA-GIS puede ayudar a mejorar la calidad de los datos al encontrar las coordenadas de las localidades empleando diccionarios geográficos (gazeteers), y mediante la comprobación de coordenadas existentes utilizando superposiciones de áreas (consultas espaciales), de sitios de colecta con bases de datos de límites administrativos. Asimismo, pueden crearse mapas de distribución. Las funciones analíticas en DIVA-GIS incluyen el mapeo de riqueza y diversidad; mapeo de la distribución de rasgos específicos; y la identificación de áreas con diversidad complementaria. DIVA-GIS también puede extraer datos climáticos para todas las localidades en la tierra; y mapear la

diversidad basada en datos de marcadores moleculares (DNA). Puede también emplearse para el análisis de autocorrelación espacial, y en modelamiento de nichos ecológicos utilizando los algoritmos BIOCLIM y DOMAIN [con predicciones para climas presentes y futuros] (En: <http://www.diva-gis.org/>).

GenAlEx realiza pruebas de Mantel, autocorrelación espacial multivariante con base en datos moleculares y coordenadas geográficas (En:). El programa GenAlEx oferta herramientas y opciones analíticas de autocorrelación para este tipo de pruebas, incluyendo datos genéticos. La autocorrelación espacial es un fenómeno común en los ensayos genéticos forestales, (Zas et al., 2008). Afecta la estimación de los componentes de la varianza, parámetros genéticos derivados, la predicción de los valores de mejora y a la precisión de estas predicciones (Zas et al., 2008). Las nuevas características del programa incluyen cálculo de los nuevos estimadores de Estructura de la población: $G'(ST)$, $G''(ST)$, D de Jost (est) y $F'(ST)$ a través de AMOVA, cálculo de índice de Shannon, el análisis de desequilibrio de ligamiento de los datos bi-alélicas y pruebas de heterogeneidad para el análisis de autocorrelación espacial. GenAlEx lee la información contenida en una hoja de trabajo de Excel, que consta de parámetros esenciales, etiquetas, etiquetas opcionales y los propios datos. Hay disponibles varias opciones para que los usuarios estructuren sus datos apropiadamente, desde datos en una hoja de trabajo preexistente, hasta

opciones para la importación automática, edición y estructuración de datos resultantes de un sistema de genotipado o secuenciación. En el diseño de GenAEx, el objetivo ha sido, en lo posible, hacer el manejo de datos fácil y eficiente (En: <http://biology.anu.edu.au/GenAEx/Welcome.html>).

RookCase Microsoft Excel 97VBA, usa la interface visual y objetos de Excel para ingreso y salida de datos, mediante seis formatos de ingreso. Cada forma presenta ventanas y constantes para una de 11 funciones que calcula I, C, Join-Counts, li, Ci, o Gi and Gi *. El Código de funciones esta explícitamente documentado con respecto a ingreso de variables y salida, dado que el usuario puede fácilmente modificar/usar las funciones ROOKCASE. El programa calcula Autocorrelación Espacial, Índice de Morán I, de Greary C, Join-Count, Gi, G*i, importa IDRISI y aleatoriza para simulaciones Montecarlo (Sawada, 1999).

REFLEXIÓN. El objetivo de este documento es promover: (i) los esfuerzos de las localidades en favor de la conservación y uso de sus recursos fitogenéticos como un medio para contribuir al desarrollo sostenible de la región y de la eco-región de la cual forma parte; (ii) la aplicación de herramientas analíticas de libre acceso al manejo de los recursos fitogenéticos con énfasis en especies locales; (iii) el estudio de los aspectos que determinan cómo los agricultores deben manejar la diversidad, incluyendo el papel del hombre y la mujer, y así contribuir al debate sobre las políticas que afectan el manejo, la disponibilidad y el uso de los recursos fitogenéticos.

BIBLIOGRAFÍA

Chorley, P. 1987. Genetic Resources Characterization. *Euphytica* 45: 985-988.

CIMMYT-IBPGR, 1991. Descriptores para Maíz. Rome.

CIMMYT-IBPGR, 1997. Descriptores para Maíz. Rome.

Herrera, Estrella, 1993. Maize genetic resource in acid soils. In: *Latinamerican Maize Congress*. CIMMYT El Batán México. Sept 2-7, 1998.

IPGRI, 2003. Los recursos fitogenéticos en las América. www.ipgri/cgiar.org.

Star, J. E y Estes, H. 1990. Software Plant Genetic Resources. *Biometric* 34:356-358.

Sawada, M. 1999. ROOKCASE: An Excel 97/2000 Visual Basic (VB) Add-in for Exploring Global and Local Spatial Autocorrelation. *Bulletin of the Ecological Society of America*, 80(4):231-234.

Zas R, P Martíns, R de la Mata. 2008. AUTOCORRELACIÓN ESPACIAL: UN PROBLEMA COMÚN...MENTE OLVIDADO. *Cuad. Soc. Esp. Cienc. For.* 24: 139-145 (2008).