

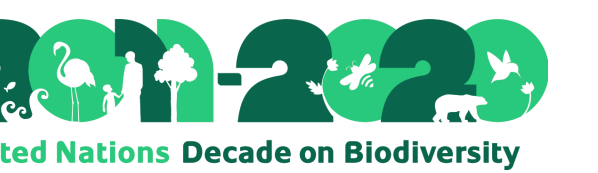
# Atlas Molecular

## Descubrir y Utilizar la Diversidad del Maíz



El Atlas Molecular es una herramienta desarrollada por el proyecto MasAgro – Biodiversidad que coordina CIMMYT con recursos de SAGARPA. Es una plataforma de información, conocimiento y búsqueda dinámica diseñada para ayudar a los científicos a desarrollar variedades mejoradas de maíz, con el propósito de que los agricultores mexicanos tengan acceso simple y rápido a nuevos materiales. Esta fuente de datos es muy valiosa como herramienta para proteger, conservar y aprovechar la diversidad del maíz.

Desde su origen en México y Centroamérica, el maíz ha sido modificado y domesticado por hombres y mujeres, adquiriendo un lugar importante en las culturas de agricultores, pueblos y naciones. La gran diversidad de maíz en México se debe a la diversidad geográfica y cultural del país, donde las variedades criollas están adaptadas a diferentes condiciones ambientales y son seleccionadas para usos específicos por los agricultores. La ciencia hoy permite caracterizar los maíces a nivel genético, observando así diferencias y similitudes en la secuencia de su ADN, lo que permite individualizar de manera exacta al material de interés. Esta información, combinada con otros datos propios de cada planta, permite al mejorador realizar una selección más precisa y rápida que con las estrategias convencionales de mejoramiento.



PIE DE IMPRENTA

1. César Daniel Petrolí, Biólogo Molecular/Especialista en genotipificación por secuenciación de alto rendimiento (CIMMYT). Carretera México-Veracruz Km. 45, El Batán, Texcoco, México, C.P. 56237, México (\*). c.petrol@cgiar.org, +52 (55) 5804 2004, ext. 2211.

2. Sarah Hearne, Genetista Molecular/Especialista en Mejoramiento Molecular (CIMMYT). (\*). S.Hearne@cgiar.org, +52 (55) 5804 2004, ext. 1379.

3. Kate Dreher, Coordinadora Especialista en Manejo de Datos de Germoplasma (CIMMYT). (\*). K.Dreher@cgiar.org, +52 (55) 5804 2004, ext. 2299.

4. Kevin Pixley, Director del Programa de Recursos Genéticos (CIMMYT). (\*). K.PIXLEY@CGIAR.ORG, +52 (55) 5804 2004, ext. 1397.

5. Bram Govaerts, Líder del Programa de Estrategias de Intensificación Sustentable para Latinoamérica, SIP/Sistemas de Agronomía. (\*). b.govaerts@CGIAR.ORG, +52 (55) 5804 2004, ext. 1137.

La GIZ ha puesto a disposición la presente plantilla para afiches por encargo del Ministerio Federal de Cooperación Económica y Desarrollo (BMZ) de Alemania. Las organizaciones antes mencionadas no asumen responsabilidad alguna por los contenidos de los afiches.

Diagramación a cargo de la empresa GeoMedia/MediaCompany.

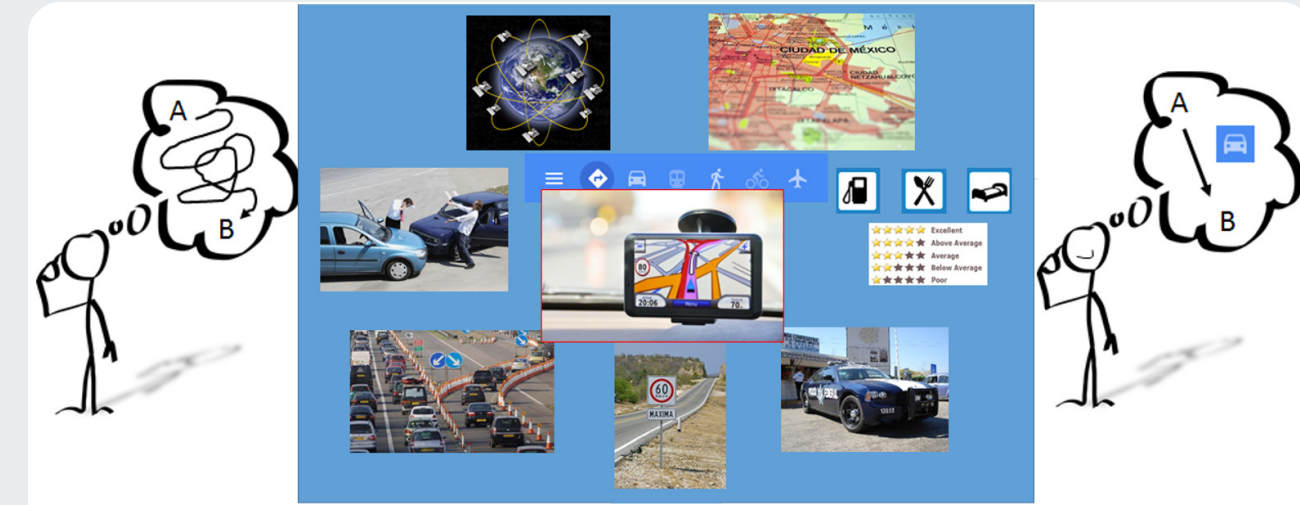
Para mayor información, sírvase utilizar el código QR que figura a continuación.

Diciembre 2016



Siglas	
SAGARPA	Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación
MasAgro	Modernización Sustentable de la Agricultura
	Tradicional
CIMMYT	Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo

# A



## “Navegación Satelital” (e.g. Waze o Google Maps)

Concepto del Atlas Molecular como herramienta para auxiliar al mejorador en la selección del mejor material genético.

El Atlas Molecular funciona como un moderno sistema de navegación en línea que reúne información de diferentes fuentes, por ejemplo mapas, rutas, destinos, gasolineras, hospitales, hoteles y restaurantes más próximos. Además, agrega continuamente nueva información de una comunidad de usuarios (informes de tráfico en tiempo real, accidentes, control policial, etc.) para ayudarlos a identificar y llegar a destino de una manera visual, interactiva, eficiente, eficaz y rápida.

El Atlas Molecular concentra información que asiste al mejorador en la selección del mejor material genético. Es un sistema de búsqueda para explorar y orientar el uso de la diversidad genética del maíz.

• Almacena datos genotípicos para crear perfiles genéticos que permiten individualizar y comparar materiales a nivel molecular.

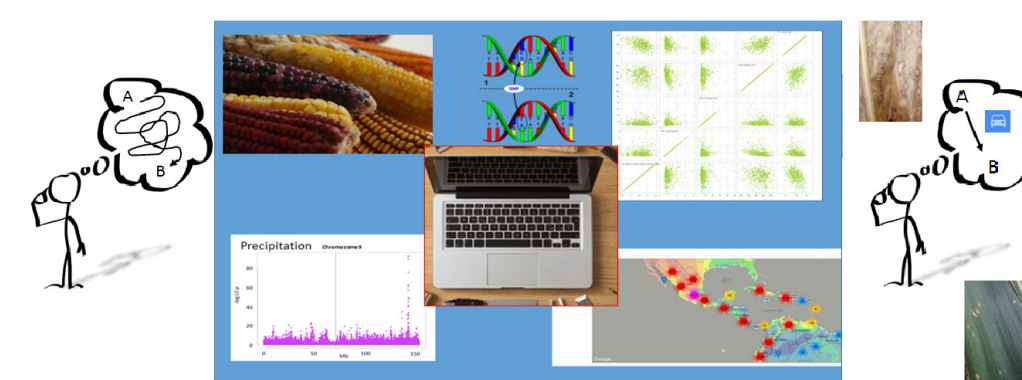
• Combina información agronómica, genealógica, taxonómica, climática, de adaptación, uso y producción de cada accesión o variedad para crear un marco de referencia e identificar el mejor material para un uso particular.

• Funciona como un mapa donde el mejorador explora la información relevante, observa tendencias o patrones que lo auxilian en la selección del material a mejorar rápida y eficazmente.

• Es una plataforma en línea que permite actualizar y mejorar de manera permanente la información, además de ofrecer acceso libre a cualquier persona interesada.

• El usuario explora este repositorio de información filtrando los datos que se ajustan y son útiles a sus propósitos. Identifica materiales con las características deseadas, adaptados a diferentes condiciones ambientales y climatológicas, con diferentes alternativas genéticas que permitan valorar mejor las cruces para desarrollar un programa de mejoramiento.

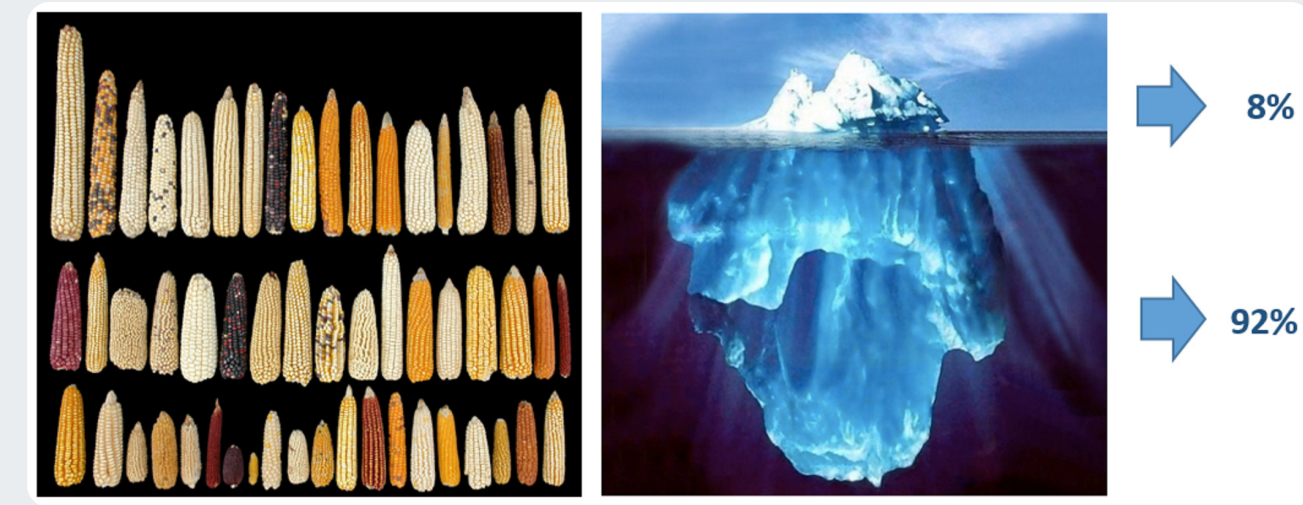
El Atlas Molecular ofrece un abanico de posibilidades para explorar nuevas opciones genéticas que respondan rápidamente a los desafíos de una población creciente, condiciones climáticas cambiantes, para impulsar la seguridad alimentaria en México y el mundo.



## “Navegación de los Recursos Genéticos” (Atlas Molecular: información y herramientas)

\*Etiquetas las accesiones de maíz con información genómica, agronómica, climatológica y geográfica agiliza el uso de la diversidad genética para crear nuevas variedades.

# C



Análisis de la diversidad genética global del maíz y empleo de estos datos para promover su uso y conservación, y responder a los desafíos productivos en México y el mundo.

• MasAgro-Biodiversidad realizó la caracterización genética de la colección completa del Banco Internacional de Germoplasma de Maíz del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT).

• La diversidad global de este cultivo se describió en un período breve y a un costo menor que el de otros métodos descriptivos.

• La mayor parte de la variación genética (~92%) ha sido poco utilizada en la producción de materiales mejorados de maíz.

• La información molecular obtenida ofrece una visión general de la diversidad genética del maíz, las distancias genéticas existentes entre poblaciones, el grado de parentesco entre híbridos, la detección de impurezas a través de diferencias genéticas mínimas, entre otras ventajas.

• Fue construido un mapa de diversidad genética del maíz para visualizar similitudes y diferencias entre líneas mejoradas con tolerancia a sequía y calor, todas las accesiones son pertenecientes al BIG del CIMMYT.

• Pueden formarse conjuntos más pequeños (colecciones nucleares) con menos muestras evaluadas que contengan la mayor cantidad de diversidad genética posible para ajustarse a las capacidades de evaluación de los mejoradores con menos recursos económicos.

• La creación de poblaciones de pre-mejoramiento a través de datos moleculares moviliza nuevos genes a los programas de mejoramiento para responder rápidamente a las enfermedades que atacan al maíz, incrementar su tolerancia a sequía y calor, y aprovechar más eficientemente los nutrientes del suelo.

• Las regiones genómicas asociadas a un mejor rendimiento están descubriéndose en maíces que no se usan en los programas de mejoramiento, de ahí la importancia de conocer mejor la diversidad del maíz y preservar la para superar los desafíos productivos nacionales y mundiales.

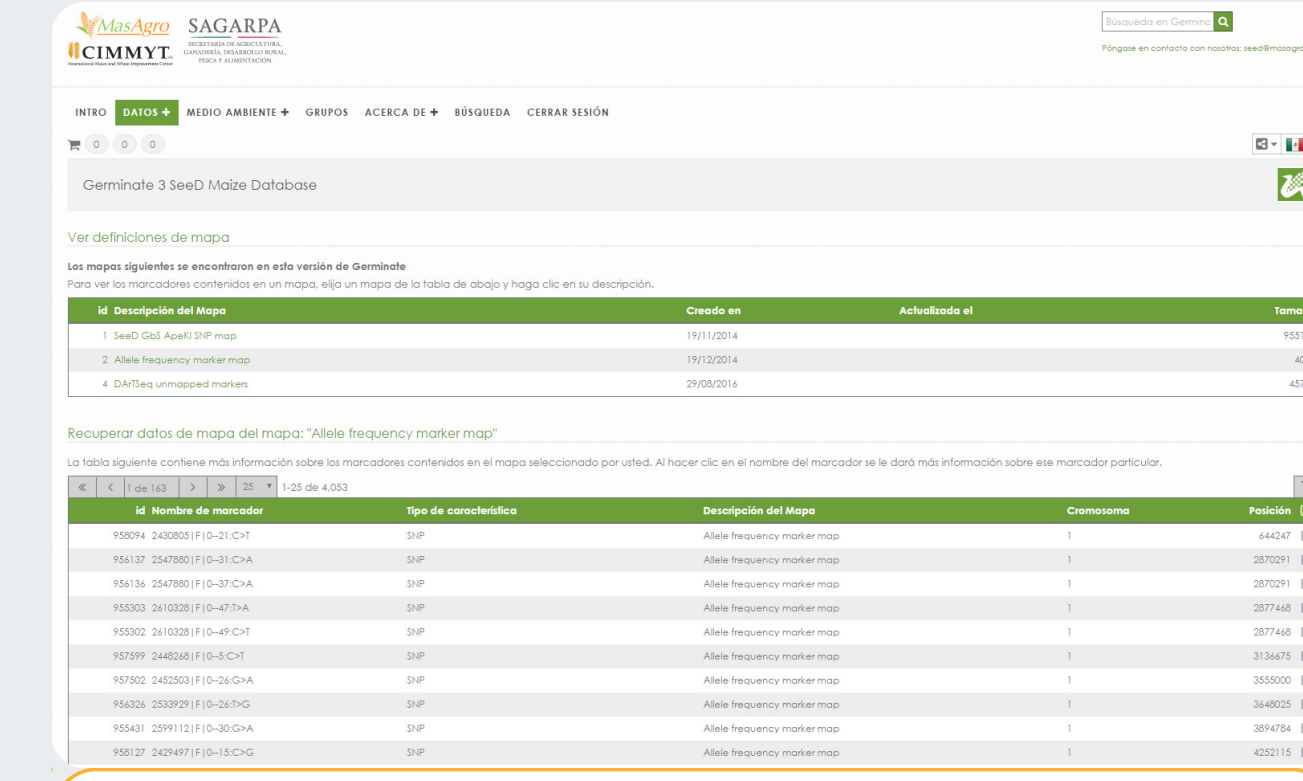
Análisis de la diversidad genética global del maíz a partir de 28,000 accesiones pertenecientes al Banco Internacional de Germoplasma (BIG) de Maíz del CIMMYT.

Resistencia al Complejo Mancha de Asfalto fue identificada en maíces nativos, los cuales son utilizados para desarrollar materiales mejorados y hacer frente a esta enfermedad que afecta directamente al rendimiento de este cultivo.

Hemos identificado genes de resistencia a sequía distribuidos a través de seis cromosomas, y algunos de estos genes estaban ausentes en las líneas élite para esta característica.

Están en desarrollo análisis de huellas de selección en líneas élite de CIMMYT para identificar las regiones genómicas que fueron fijadas a través de décadas de selección, además de aquellas regiones que no fueron seleccionadas y que podrían contener genes útiles para las nuevas condiciones ambientales.

# E



Germinate3 es un repositorio de información público, sencillo y dinámico, donde la comunidad científica y agrícola puede explorar materiales útiles para el desarrollo de variedades mejoradas.

• Cada día se producen “tsunamis” de información que ofrecen nuevos recursos para estudiar, aprovechar y resguardar la biodiversidad. El reto es desarrollar bases de datos que puedan almacenar, administrar y asociar dicha información

• Germinate3 proporciona acceso abierto, en línea, a datos relacionados con más de 20 mil accesiones del BIG de Maíz del CIMMYT y de otros materiales de MasAgro-Biodiversidad.

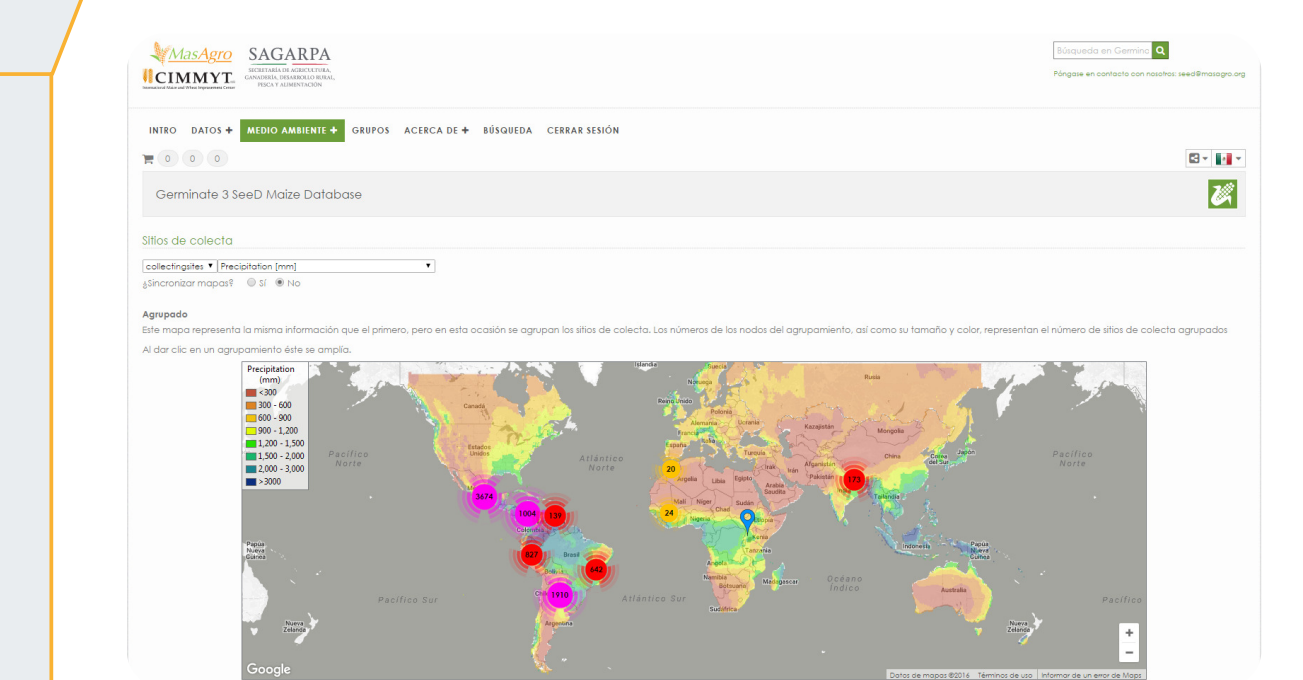
• Los usuarios pueden investigar, seleccionar y descargar información sobre las variedades locales, poblaciones, líneas élites y otros recursos.

• Germinate3 proporciona las coordenadas geográficas del lugar de colecta, así como datos climáticos curados a partir de un subconjunto de sitios de colecta.

• También están disponibles, a partir de un conjunto de ensayos, datos fenotípicos que incluyen mediciones tales como altura de la planta, altura de espiga, tiempo a floración masculina y femenina, rendimiento, entre otros.

• Germinate3 puede conectarse con los programas computacionales de visualización y análisis de datos Fastjack y CurlyWhirly (<http://ics.hutton.ac.uk/curlywhirly>) para observar en 3-D datos de coordenadas (Análisis de Coordenadas Principales, Análisis de Componentes Principales) y Helium <http://ics.hutton.ac.uk/helium/>.

• La capacidad de combinar información de pasaporte con anotaciones genotípicas y fenotípicas proporciona a los investigadores una herramienta poderosa para analizar características cuantitativas.



Datos de precipitaciones en regiones y localidades específicas pueden ser utilizados como referencia para la búsqueda del material de interés.

Todos los datos de cada accesión o muestra se descargan en una base de datos denominada Germinate3, donde la información se deposita de manera organizada para encontrarla y utilizarla fácilmente.

Actualmente existen 33,5 mil muestras de maíz registradas, con más de 10 mil sitios de colecta y más de 1 millón de datos climatológicos.

Miles de millones de datos genéticos y cientos de miles de frecuencias alélicas de maíz han sido depositados en el repositorio Dataverse, conectado con Germinate3.

La medición de más de 90 características agronómicas diferentes y alrededor de 53,500 datos fenotípicos se encuentran en Germinate3.

## LAS METAS DE AICHI PARA LA DIVERSIDAD BIOLÓGICA OBJETIVOS ESTRATÉGICOS

**A**boronar las causas subyacentes de la pérdida de la diversidad biológica mediante la incorporación de la diversidad biológica en todo el gobierno y la sociedad

- Meta 1: Para 2020, a más tardar, las personas tendrán conciencia del valor de la diversidad biológica y de los pasos que pueden dar para su conservación y utilización sostenible.
- Meta 2: Para 2020, a más tardar, los valores de la diversidad biológica habrán sido integrados en las estrategias y procesos de planificación de desarrollo y de reducción de la pobreza nacionales y locales y se estarán integrando en los sistemas nacionales de contabilidad, según proceda, y de presentación de informes.
- Meta 3: Para 2020, a más tardar, se habrán eliminado, eliminado gradualmente o reformado los incentivos, incluidos los subsidios perjudiciales para la diversidad biológica, a fin de reducir al mínimo o evitar los impactos negativos, y se habrán desarrollado y aplicado incentivos positivos para la conservación y utilización sostenible de la diversidad biológica, de conformidad y en armonía con el Convenio y otras obligaciones internacionales pertinentes, tomando en cuenta las condiciones socioeconómicas nacionales.
- Meta 4: Para 2020, a más tardar, los gobiernos, empresas e interesados directos de todos los niveles habrán adoptado medidas o habrán puesto en marcha planes para lograr la sostenibilidad en la producción y el consumo y habrán mantenido los impactos del uso de los recursos nacionales dentro de límites ecológicos seguros.

**B** reducir las presiones directas sobre la diversidad biológica y promover la utilización sostenible

- Meta 5: Para 2020, se habrá reducido por lo menos a la mitad, y, donde resulte factible, se habrá reducido hasta un valor cercano a cero, el ritmo de pérdida de todos los hábitats naturales, incluidos los bosques, y se habrá reducido de manera significativa la degradación y fragmentación.
- Meta 6: Para 2020, todas las reservas de peces e invertebrados y plantas acuáticas se gestionarán y cultivarán de manera sostenible, lícita y aplicando enfoques basados en los ecosistemas, de manera tal que se evite la pesca excesiva, se hayan establecido planes y medidas de recuperación para todas las especies agotadas, las actividades pesqueras no tengan impactos perjudiciales importantes en las especies amenazadas y en los ecosistemas vulnerables, y el impacto de la actividad pesquera en las reservas, especies y ecosistemas se encuentren dentro de límites ecológicos seguros.
- Meta 7: Para 2020, las zonas destinadas a agricultura, acuicultura y silvicultura se gestionarán de manera sostenible, garantizándose la conservación de la diversidad biológica.
- Meta 8: Para 2020, se habrá llevado la contaminación, incluida aquella producida por exceso de nutrientes, a niveles que no resulten perjudiciales para el funcionamiento de los ecosistemas y para la diversidad biológica.
- Meta 9: Para 2020, se habrán identificado y priorizado las especies exóticas invasoras y vías de introducción, se habrán controlado o erradicado las especies prioritarias, y se habrán establecido medidas para gestionar las vías de introducción a fin de evitar su introducción y establecimiento.
- Meta 10: Para 2015, se habrán reducido al mínimo las múltiples presiones antropógenas sobre los arrecifes de coral y otros ecosistemas vulnerables afectados por el cambio climático o la acidificación de los océanos, a fin de mantener su integridad y funcionamiento.

**C** mejorar la situación de la diversidad biológica salvaguardando los ecosistemas, las especies y la diversidad genética

- Meta 11: Para 2020, al menos el 17% de las zonas terrestres y de las aguas interiores y el 10% de las zonas marinas y costeras, especialmente las que revisten particular importancia para la diversidad biológica y los servicios de los ecosistemas, se habrán conservado por medio de sistemas de áreas protegidas administrados de manera eficaz y equitativa, ecológicamente representativos y bien conectados, y de otras medidas de conservación eficaces basadas en áreas, y estas estarán integradas a los paisajes terrestres y marinos más amplios.
- Meta 12: Para 2020, se habrá evitado la extinción de especies amenazadas identificadas y se habrá mejorado y sostenido su estado de conservación, especialmente el de las especies en mayor disminución.
- Meta 13: Para 2020, se habrá mantenido la diversidad genética de las especies vegetales cultivadas y de los animales de granja y domesticados y de las especies silvestres emparentadas, incluidas otras especies de valor socioeconómico y cultural, y se habrán desarrollado y puesto en práctica estrategias para reducir al mínimo la erosión genética y para salvaguardar su diversidad genética.

**D** aumentar los beneficios de los servicios de la diversidad biológica y los ecosistemas para todos

- Meta 14: Para 2020, se habrán restaurado y salvaguardado los ecosistemas que proporcionan servicios esenciales, incluidos servicios relacionados con el agua, y que contribuyen a la salud, los medios de vida y el bienestar, tomando en cuenta las necesidades de las mujeres, las comunidades indígenas y locales y las personas pobres y vulnerables.
- Meta 15: Para 2020, se habrá incrementado la capacidad de recuperación de los ecosistemas y la contribución de la diversidad biológica a las reservas de carbono, mediante la conservación y la restauración, incluida la restauración de por lo menos el 15% de los ecosistemas degradados, contribuyendo así a la mitigación del cambio climático y a la adaptación a este, así como a la lucha contra la desertificación.
- Meta 16: Para 2015, el Protocolo de Nagoya sobre Acceso a los recursos genéticos y participación justa y equitativa en los beneficios que se derivan de su utilización estará en vigor y en funcionamiento, conforme a la legislación nacional.

**E** mejorar la aplicación a través de la planificación participativa, la gestión de los conocimientos y la creación de capacidad

- Meta 17: Para 2015, cada Parte habrá elaborado, adoptado como un instrumento de política o comenzado a poner en marcha una estrategia y un plan de acción nacionales en materia de diversidad biológica, eficaces, participativos y actualizados.
- Meta 18: Para 2020, se respetarán los conocimientos, las innovaciones y las prácticas tradicionales de las comunidades indígenas y locales pertinentes para la conservación y la utilización sostenible de la diversidad biológica, así como su uso consuetudinario de los recursos biológicos. Este respeto estará sujeto a la legislación nacional y a las obligaciones internacionales pertinentes y se integrará plenamente y estará reflejado en la aplicación del Convenio a través de la participación plena y efectiva de las comunidades indígenas y locales en todos los niveles pertinentes.
- Meta 19: Para 2020, se habrá avanzado en los conocimientos, la base científica y las tecnologías relativas a la diversidad biológica, sus valores y funcionamiento, su estado y tendencias y las consecuencias de su pérdida, y tales conocimientos y tecnologías serán ampliamente compartidos, transferidos y aplicados.
- Meta 20: Para 2020, a más tardar, debería aumentarse de manera sustancial, en relación con los niveles actuales, la movilización de recursos financieros para aplicar de manera efectiva el Plan Estratégico para la Diversidad Biológica 2011-2020, provenientes de todas las fuentes y conforme al proceso refundido y contenido en la Estrategia para la movilización de recursos. Esta meta estará sujeta a cambios según las evaluaciones de recursos necesarios que las Partes hayan llevado a cabo y presentado en sus informes.