

Posibles repercusiones del uso de la información digital sobre secuencias de recursos genéticos para los tres objetivos del Convenio sobre la Diversidad Biológica

Informe del CGIAR presentado ante la Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica¹

Resumen

La Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica (CDB) instó a las organizaciones e interesados directos pertinentes a que presentaran “opiniones e información pertinente sobre las posibles repercusiones del uso de la información digital sobre secuencias de recursos genéticos para los tres objetivos del Convenio”. El Grupo Consultivo para la Investigación Agrícola Internacional (CGIAR) realiza investigaciones estratégicas relacionadas con el desarrollo agrícola para garantizar la seguridad alimentaria, con la misión de beneficiar a los pequeños agricultores de los países en desarrollo. La experiencia del CGIAR registrada hasta la fecha confirma que los datos digitales sobre secuencias del genoma¹ pueden desempeñar una función importante en la ordenación y la utilización sostenible de la diversidad biológica y en la distribución de los beneficios asociados con el uso de dicha diversidad. Con respecto a la conservación, los datos digitales sobre secuencias del genoma se han utilizado para evaluar la diversidad genética de las colecciones *ex situ* y para identificar el germoplasma único en los campos de los agricultores no incluido en las colecciones *ex situ*; esta información de referencia es fundamental para la formulación de estrategias más eficaces de conservación *ex situ* e *in situ*. En relación con la utilización sostenible, la información sobre secuencias del genoma, combinada con datos sobre fenotipos y de otro tipo, puede emplearse para identificar genotipos bien adaptados a diferentes condiciones agroecológicas cambiantes. La integración de la información sobre secuencias del genoma en los programas de mejoramiento de cultivos es cada vez más útil, en concreto, para hacer un uso eficaz de la diversidad genética en la agricultura sostenible. El beneficio más importante que habrá de compartirse a raíz del uso de la información sobre secuencias del genoma en la investigación y el desarrollo relacionados con la agricultura y el fitomejoramiento es la mejora de la seguridad alimentaria y los medios de vida. Otros

¹ Por “secuencia del genoma” se entienden las secuencias derivadas del ácido desoxirribonucleico (ADN) y del ácido ribonucleico (ARN) e incluyen la secuenciación de lectura corta y larga y todos los marcadores moleculares derivados, como los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP).

beneficios no monetarios asociados con el uso de la información sobre secuencias del genoma por parte de los Centros del CGIAR son la mejora del acceso de los agricultores a tecnología, el fortalecimiento de la capacidad institucional de las organizaciones de investigación de los países en desarrollo, el intercambio de resultados de la investigación y el desarrollo económico local y regional. Los beneficios monetarios vinculados con el uso de los recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura (RFAA) por parte de los Centros están amparados en gran medida por el Sistema multilateral de acceso y distribución de beneficios del Tratado Internacional sobre los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (TI/RFAA). El Sistema multilateral regula el acceso a los recursos genéticos en sí y no a la información sobre secuencias genéticas. Una opción que está siendo examinada actualmente respecto a la revisión del Sistema multilateral —esto es, la introducción de un sistema de suscripción— podría redundar en la disolución de la distinción entre el acceso a los recursos genéticos en sí y su utilización y la información genómica, puesto que la distribución de los beneficios se basaría en el total de ventas de semillas, que a su vez reflejaría los beneficios para el usuario comercial del acceso a recursos genéticos y datos sobre secuencias del genoma y la utilización de los mismos.

La capacidad tecnológica para generar datos sobre secuencias del genoma, actualmente conocida como tecnologías de secuenciación de próxima generación, se ha incrementado más rápidamente que la capacidad para utilizar en la práctica dicha información. Las inversiones relativamente pequeñas en la generación inicial de secuencias del genoma deben complementarse posteriormente con inversiones considerablemente mayores para analizar comparativamente tales secuencias, a fin de vincular la variabilidad genética con rasgos fenotípicos o rendimientos útiles, “optimizar” esos rasgos y, en última instancia, elaborar nuevas variedades de cultivos con miras a su introducción y uso en los campos agrícolas.

La experiencia del CGIAR en la generación y el uso de secuencias del genoma es todavía relativamente reciente, aunque respecto al análisis de las colecciones de germoplasma se han realizado muchos más avances. Prevemos que la información sobre secuencias del genoma desempeñará una función cada vez más importante en los programas del CGIAR de conservación y mejoramiento de los recursos genéticos y que, a su vez, generará beneficios para los agricultores que disponen de pocos recursos en los países en desarrollo. El CGIAR subraya la importancia del fomento de la capacidad de las organizaciones de investigación y desarrollo (I+D) de los países en desarrollo para generar y utilizar información sobre secuencias del genoma como parte de sus propios programas de conservación y mejoramiento de cultivos, y para poder participar en igualdad de condiciones en programas de investigación y desarrollo coordinados y financiados a nivel internacional. Como parte de su misión, el CGIAR busca que los asociados nacionales en los países en desarrollo puedan aprovechar estas y otras tecnologías potencialmente revolucionarias y en rápida evolución para mejorar la estabilidad y la seguridad alimentarias y cerrar posibles brechas tecnológicas. A tal fin, los Centros del CGIAR imparten capacitación y transfieren tecnología a científicos de países en desarrollo con objeto de que las repercusiones y ventajas derivadas de los datos digitales sobre secuencias puedan reportar beneficios a todos.

1. Introducción

El CGIAR presenta este informe en respuesta a una petición formulada por la Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica (CDB) en la que insta a las organizaciones e interesados directos pertinentes a que presenten “opiniones e información pertinente sobre las posibles repercusiones del uso de la información digital sobre secuencias de recursos genéticos para los tres objetivos del Convenio”.

El CGIAR

El CGIAR es una asociación mundial de investigación para la seguridad alimentaria en el futuro. La ciencia del CGIAR se dedica a reducir la pobreza, reforzar la seguridad alimentaria y nutricional y mejorar los recursos naturales y los servicios ecosistémicos. Su investigación se lleva a cabo en 15 Centros del CGIAR en estrecha colaboración con centenares de asociados, entre ellos, instituciones nacionales y regionales de investigación, organizaciones de la sociedad civil (OSC), el mundo académico, organizaciones de desarrollo y el sector privado. Nuestra misión consiste en “fomentar las ciencias y la innovación en la agricultura para que las poblaciones pobres, especialmente las mujeres, puedan alimentar adecuadamente a sus familias y mejorar su productividad y resiliencia para participar en el desarrollo económico y la ordenación de los recursos naturales ante el cambio climático y otros desafíos”. El ámbito geográfico principal de la investigación y el desarrollo del CGIAR son los países y regiones en desarrollo.

Dada la naturaleza de nuestra misión, las redes en las que operamos y nuestro *modus operandi*, nuestra experiencia en el uso de la información sobre secuencias genéticas será más pertinente para la conservación y utilización sostenible de la agrobiodiversidad y la distribución de los beneficios derivados de la utilización de los recursos genéticos para la alimentación y la agricultura. Aunque algunos Centros del CGIAR tienen una cierta experiencia en la generación y utilización de la información sobre secuencias genéticas de animales y peces, a efectos del presente informe, nos centraremos, principalmente, en las implicaciones de la generación y el uso de la información sobre las secuencias derivadas de los recursos fitogenéticos para los tres objetivos del CDB.

Objetivos del Convenio sobre la Diversidad Biológica

El CDB tiene tres objetivos, tal y como se estipula en el artículo 1:

- 1) la conservación de la diversidad biológica;
- 2) la utilización sostenible de sus componentes;
- 3) la participación justa y equitativa en los beneficios que se deriven de la utilización de los recursos genéticos.

Después de la Sección introductoria, el informe está dividido en tres secciones separadas acerca de cómo puede contribuir, y así lo ha hecho, la información sobre secuencias genéticas a cada uno de estos objetivos.

La agrobiodiversidad y los recursos genéticos para la alimentación y la agricultura

Según la Conferencia de las Partes en el Convenio sobre la Diversidad Biológica (CDB) “la expresión diversidad biológica agrícola [...] incluye todos los componentes de la diversidad biológica que constituyen el ecosistema agrícola: las variedades y la variabilidad de animales, plantas y microorganismos en los niveles genético, de especies y de ecosistemas que son necesarios para mantener las funciones principales de los ecosistemas agrarios, su estructura y procesos”².

Prácticamente toda la labor que están realizando los Centros del CGIAR sobre la generación y el uso de datos sobre secuencias genéticas está relacionada con la conservación y la utilización sostenible de la diversidad genética intraespecífica y la distribución de los beneficios derivados de esos usos.

¿Qué se entiende por información sobre secuencias genéticas y por qué es útil (en términos muy generales)?

El ADN de todo organismo vivo sobre la tierra codifica los elementos fundamentales de su vida. Las secuencias de ADN únicas se transmiten de un organismo a otro y estas pueden resultar útiles en la clasificación taxonómica y la identificación de genes únicos y ayudar asimismo a determinar combinaciones génicas que codifican rasgos valiosos para la producción sostenible de alimentos en un entorno en evolución. Si bien cada vez es más fácil acceder a secuencias del genoma completo, el uso de esta información para reportar beneficios sigue estando muy por detrás de la tecnología para generar datos sobre secuencias. Actualmente, se están empleando con éxito marcadores genéticos —segmentos minúsculos de ADN dispersos por todo el genoma— para el genotipado de individuos y, con cierto éxito, para identificar individuos en programas de mejoramiento que contienen rasgos de importancia agronómica. En los programas de conservación de recursos genéticos, el genotipado es una poderosa herramienta para ayudar a determinar las lagunas en las colecciones y garantizar la conservación de la valiosa diversidad genética única de forma segura con miras a su uso futuro de forma más eficaz. Respecto a los programas de conservación y las comunidades indígenas, la caracterización genética única de las variedades vegetales existentes puede utilizarse para establecer información de referencia para el trabajo futuro evaluando la conservación, o la pérdida, de las variedades mantenidas por los agricultores, así como para documentar el impacto sobre la diversidad de los campos agrícolas con diferentes metodologías de intervención, entre ellas, la reintroducción de variedades nativas extinguidas localmente, conservadas *ex situ*.

Las variedades (de los agricultores o mejoradas o sus antepasados silvestres) representan combinaciones de secuencias genéticas que sustentan los rasgos de cada variedad en concreto, en

² Conferencia de las Partes en el Convenio sobre la Diversidad Biológica. Decisión V/5, Apéndice: *Diversidad biológica agrícola: examen de la fase I del programa de trabajo y aprobación de un programa de trabajo para varios años*. CDB. Montreal, 2000.

interacción con el entorno donde se cultivan. Aunque una variedad puede ser única en su conjunto, las secuencias genéticas individuales (por ejemplo, la codificación de la variedad de maduración temprana o tardía) pueden expresarse de la misma forma en muchas variedades diferentes. También puede ocurrir lo contrario: el mismo rasgo, por ejemplo, la maduración temprana, puede estar asimismo bajo el control de diferentes secuencias en diferentes variedades. La expresión de un determinado gen puede verse ampliamente influenciada por el medio ambiente. El carácter único de una variedad se deriva de la combinación de esas secuencias genéticas y la influencia del entorno. La combinación de una variedad en concreto es el resultado de centenares y miles de años de selección aleatoria, ambiental, de los agricultores y obtentores.

La información digital sobre secuencias puede permitir:

- a los encargados de bancos de germoplasma, evaluar y cuantificar con precisión el nivel de variación entre los individuos en un lote único de semillas o entre las muestras del banco de germoplasma. Esto puede garantizar el control de calidad, así como el mantenimiento, distribución y utilización apropiados de las colecciones del banco de germoplasma;
- a los científicos agrónomos, obtener la información genética de referencia necesaria para comparar los genotipos *ex situ* con la diversidad mantenida por los agricultores en condiciones *in situ*, mejorar la comprensión de la diversidad presente en esos cultivos y animales domesticados en general y determinar la diversidad presente y ausente en el banco de germoplasma o en los paisajes que gestiona la comunidad;
- a los criadores, comprender y utilizar la diversidad existente para formular estrategias de mejoramiento más eficaces a fin de alcanzar los objetivos en materia de ganancia genética;
- a los países y poblaciones locales y comunidades indígenas, cuantificar y caracterizar potencialmente con exactitud y de manera holística la diversidad que conservan *in situ*, determinar la diversidad que se encuentra en mayor riesgo, así como la diversidad única o utilizada por la comunidad o que se halla en los distintos campos agrícolas.
- a los gobiernos, colaborar con los agricultores y otros gestores de recursos naturales para establecer prioridades en materia de conservación con objeto de mantener la diversidad y supervisar las poblaciones *in situ* a nivel genético, así como comprender cómo responden las poblaciones a los cambios de temperatura, agua, fertilizantes, nutrientes y ordenación, entre otras cuestiones.

Si bien los datos sobre secuencias genéticas son una poderosa herramienta, no son la panacea ni pueden utilizarse de forma aislada de otras tecnologías. Aunque cada vez es más barato obtener grandes cantidades de datos, aún no se dispone, ni en el hemisferio norte ni en el sur, de herramientas

para reunirlos a fin de utilizarlos ampliamente para fomentar ganancias genéticas³ en la mayor parte de cultivos, ganado y peces. Los Centros del CGIAR participan a diversos niveles en la secuenciación y genotipado completo o de alta densidad del genoma de plantas cultivadas (entre ellas, plátano [banano], yuca, garbanzo, caupí, cacahuete [maní], mijo, maíz, guandul, patata [papa], arroz, sorgo, batata, trigo y ñame), como líderes y en calidad de miembros de consorcios más amplios.

Aunque la secuenciación del genoma y caracterización genética pueden ayudar a establecer una distinción entre “lo que es lo mismo” y “lo que es diferente” desde el punto de vista genético, un obstáculo importante en el desarrollo de estas herramientas es la falta de datos morfológicos (fenotípicos) complementarios, necesarios para interpretar plenamente los datos digitales sobre secuencias. La mayor parte de los rasgos están bajo un control genético complejo que comporta múltiples formas de múltiples genes que interactúan en redes. Por tanto, a menudo no resulta fácil comprender las hipótesis de causa y efecto para un determinado gen respecto a un determinado rasgo. La capacidad de un cultivo para tolerar la sequía, por ejemplo, depende de la anatomía y arquitectura de las raíces, hojas y tallos, su ritmo de desarrollo a lo largo del ciclo vital en relación con la evolución de la sequía y de atributos difíciles de medir de la capacidad fotosintética y respiratoria y otras características bioquímicas y fisiológicas de la planta (como la caída de las hojas). Ninguno de estos mecanismos de tolerancia a la sequía es sencillo y es probable que ninguno se deba a un único gen. Esto mismo sucede con los animales: rasgos clave en el ganado como el peso en el destete, la tolerancia al calor y la resistencia a enfermedades dependen de múltiples características reguladas por múltiples genes. Los Centros del CGIAR y sus asociados están adquiriendo experiencia en el uso del fenotipado de alto rendimiento. Sin embargo, este proceso es costoso y requiere grandes inversiones en conocimientos especializados y recursos.

En resumen, la información sobre secuencias de ADN en sí tiene, actualmente, un valor limitado, aunque su potencial es enorme puesto que se están elaborando herramientas y métodos para hacer un uso más eficaz y selectivo de la misma. La secuenciación del genoma completo puede proporcionar una valiosa información. Sin embargo, actualmente, se utilizan mucho más los marcadores de ADN para el genotipado y a la hora de tratar de entender la base genética de los rasgos en cuestión. Estos marcadores ayudan cada vez más a acelerar el mejoramiento y las ganancias genéticas en todo el mundo. Muchos programas de mejoramiento, también en los países en desarrollo, han comenzado a utilizar estos métodos para efectuar una rápida selección de variedades y razas con rasgos importantes para ellos.

³ Por “ganancia genética” se entiende el grado de aumento en el rendimiento, entre la generación original y la siguiente en las mismas condiciones, de los rasgos de interés de los individuos seleccionados objeto de programas de mejoramiento genético.

2. Contribución de la información digital sobre secuencias genéticas para la conservación de la diversidad biológica

Las principales obligaciones de las Partes Contratantes con respecto a la conservación se establecen en el artículo 8 del CDB (“Conservación *in situ*”), el artículo 9 (“Conservación *ex situ*”) y el artículo 7 (“Identificación y seguimiento” a efectos de la conservación y utilización sostenible)⁴.

En 2010, la Conferencia de las Partes en el CDB aprobó las Metas de Aichi para la biodiversidad. En la Meta 13 de Aichi se establece lo siguiente: “para 2020, se mantiene 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 han desarrollado y puesto en práctica estrategias para reducir al mínimo la erosión genética y salvaguardar su diversidad genética.”

Uno de los principales problemas vinculados con la consecución de la Meta 13 de Aichi es cómo identificar y cuantificar la diversidad genética que ha de mantenerse. Los responsables de las colecciones *ex situ* han tratado durante mucho tiempo de definir la diversidad de los cultivos que albergan a fin de identificar las principales lagunas, o falta de diversidad, en las colecciones y conservarla de forma segura. La caracterización de la diversidad *in situ*, tanto respecto a los cultivos como al ganado, también ha sido uno de los principales objetivos de diversos actores que participan en la conservación de la diversidad agrícola. Ello sigue siendo un objetivo difícil de alcanzar, a pesar de la labor realizada respecto a la elaboración de metodologías de secuenciación del ADN. No obstante, ello será posible cuando pueda efectuarse la secuenciación del conjunto de colecciones *ex situ* y muestras representativas de la diversidad *in situ*. En el pasado, se han utilizado descriptores morfológicos para caracterizar las colecciones *ex situ* y distinguir las diferencias genéticas de una muestra a otra. Este sistema funciona y sigue siendo la forma habitual de clasificar las colecciones *ex situ*. Se ha aplicado el mismo criterio al estudio de poblaciones de animales y cultivos *in situ*. Sin embargo, los descriptores morfológicos tienen un valor limitado en la evaluación de individuos estrechamente relacionados, pero genéticamente diversos, y en la definición de la gama de diversidad genética que existe en las variedades locales de cultivos o razas nativas de animales domesticados concretos, y entre ellos. La definición de la diversidad genética utilizando descriptores morfológicos se complica además por la amplia plasticidad ambiental de estos caracteres morfológicos. Los datos sobre secuencias de ADN serán las mejores herramientas disponibles, una vez que se puedan obtener a una escala lo suficientemente amplia, para describir la diversidad y analizar el grado de diversidad *in situ* y para contribuir a la conservación a largo plazo de la máxima diversidad posible de modo que todos los elementos de la

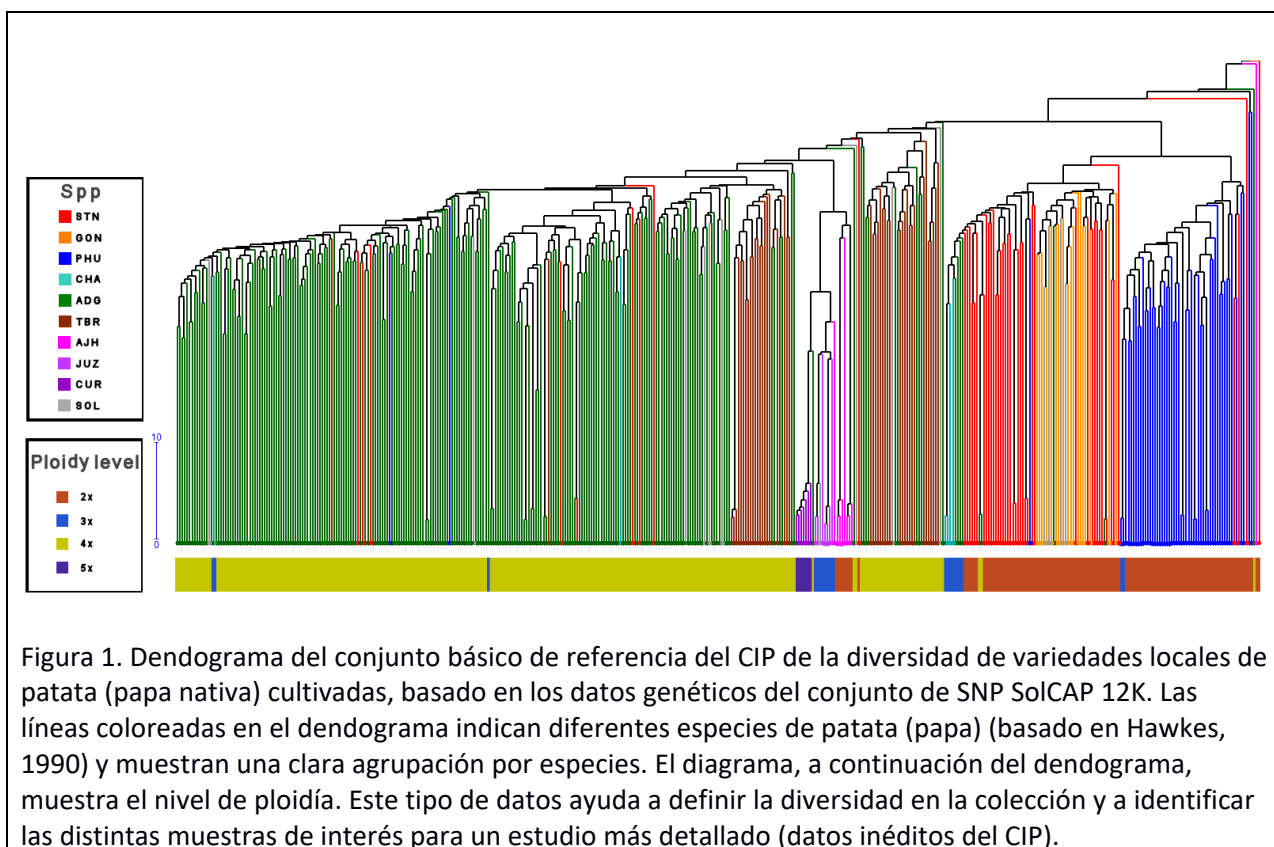
⁴ En el Anexo 1 se proporciona una enumeración de los componentes de biodiversidad respecto a los que debe realizarse un seguimiento desde el nivel del paisaje hasta las especies y a nivel genético. En el tercer párrafo se hace referencia a la “descripción de genomas y genes de importancia social, científica o económica”.

diversidad presentes en una planta cultivada o especie de ganado se conserven a largo plazo para la humanidad. Así, los datos sobre secuencias de ADN son un medio poderoso, y tal vez el único, para ayudar a los encargados de los bancos de germoplasma, organizaciones agrícolas nacionales, empresas, comunidades indígenas e investigadores a alcanzar plenamente esta Meta de Aichi y cuantificar la diversidad existente, *in situ* y *ex situ*, de los principales cultivos y especies de animales domesticados.

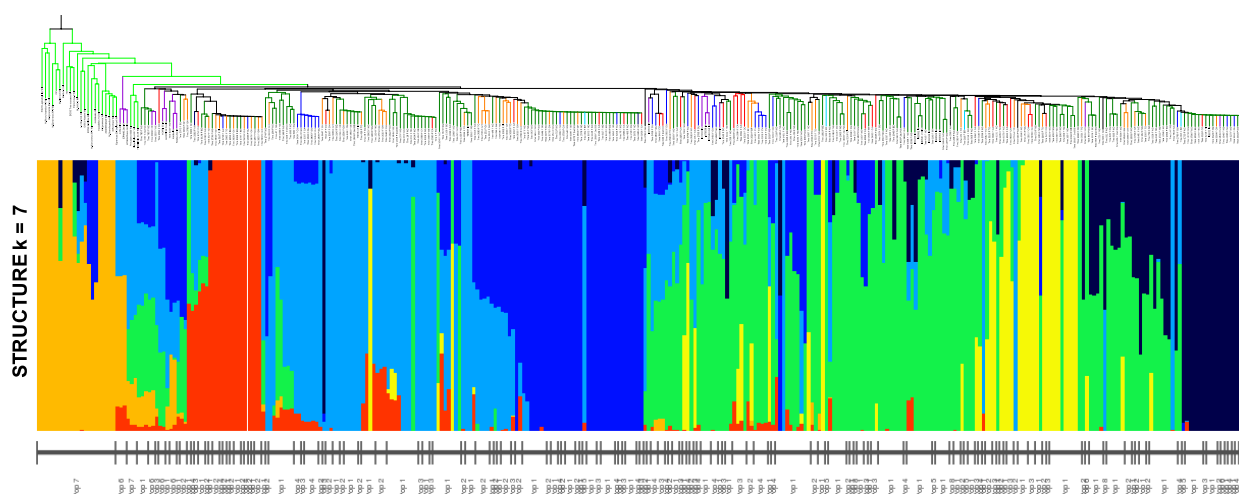
Desde su creación, el CGIAR ha invertido en la conservación de la agrobiodiversidad *ex situ* y la utilización sostenible de este recurso para cumplir su misión. La falta de conocimientos acerca de la diversidad genética ha supuesto un obstáculo y, por lo tanto, el CGIAR ha integrado estas nuevas tecnologías con el fin de caracterizar mejor la diversidad de los cultivos, comprender las relaciones entre las muestras conservadas e identificar y subsanar las deficiencias en el mantenimiento de las colecciones *ex situ* de los Centros del GCIAl a nivel mundial para la comunidad internacional. A título ilustrativo, en el Recuadro 1, se recoge la experiencia del Centro Internacional de la Papa (CIP) en la caracterización genética de un conjunto de variedades locales de patata (papa) del banco de germoplasma *ex situ*. Estudios como este pueden mostrar el grado de parentesco entre individuos en las colecciones *ex situ* y pueden utilizarse en la identificación de nuevos alelos no conservados *ex situ* cuando se realiza un genotipado similar *in situ*. En el Recuadro 2, se presenta la estructura genética de las muestras mantenidas en la colección *ex situ* de yuca del Instituto Internacional de Agricultura Tropical (IITA).

Recuadro 1. Muestras de genotipos del CIP para comprender la estructura genética de la colección de patata (papa) *ex situ*

En el Perú, los agricultores cultivaban tradicionalmente entre 20 y 40 variedades locales diferentes de patata (papa) como una forma de seguro; al plantar tal diversidad, algunas variedades locales producirán una cosecha incluso en años de mala cosecha, sosteniendo a los agricultores hasta la siguiente. A lo largo de los últimos decenios, la siembra de diferentes variedades nativas de patata (papa) por parte de algunas comunidades ha disminuido gradualmente y muchas familias cultivan ahora menos de 10. El banco de germoplasma del CIP ha ejecutado un programa para restituir, o repatriar, las variedades locales recolectadas de estas zonas y contribuir así al establecimiento de sistemas de apoyo que permitan a las comunidades indígenas proseguir con sus prácticas agrícolas tradicionales en las que la diversidad desempeña una función clave en la sostenibilidad a largo plazo. Uno de los desafíos asociados con esta labor de restauración es que se desconoce la diversidad existente de hace 50 ó 100 años, o incluso la diversidad actual en el banco de germoplasma *ex situ*. Así, el banco de germoplasma del CIP ha genotipado recientemente su colección completa de variedades locales de patata (papa) y batata cultivadas, sentando las bases para la evaluación de la diversidad presente en la colección *ex situ*.



Recuadro 2. Comprensión de la estructura y la diversidad genética de la colección internacional de yuca mantenida por el IITA



El análisis del cladograma de 340 muestras de 319 lotes de yuca (25 especies silvestres, 281 variedades locales de diversas colecciones de referencia *ex situ* o *in situ* del IITA y 14 cultivadas), genotipadas con marcadores de SNP 38K DArTseq, refleja la diversidad genética disponible y la relación entre lotes

procedentes de diferentes regiones del África occidental (IITA, inédito). Los diferentes colores indican los países de los que se han recolectado originalmente.

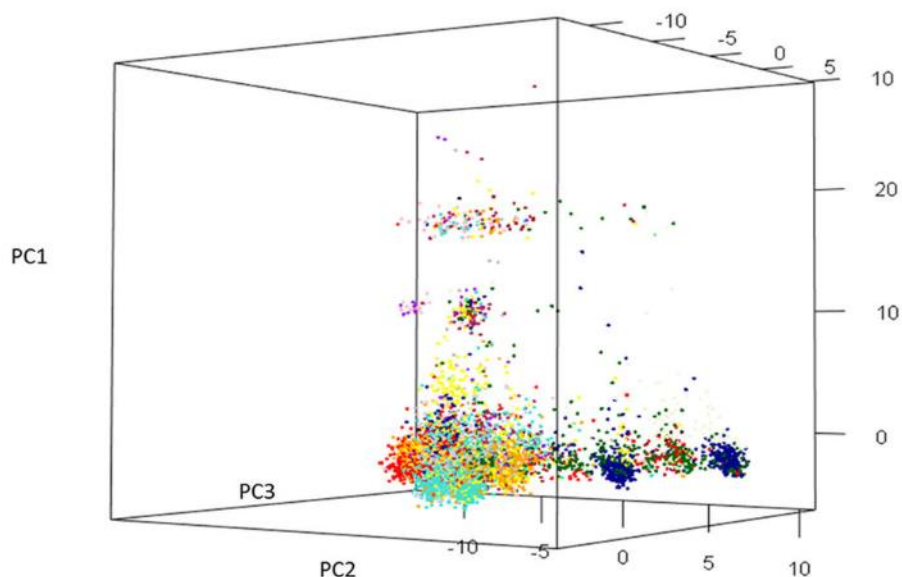
Los Centros del CGIAR buscan maximizar el uso de sus colecciones mediante la caracterización de los recursos fitogenéticos y compartir la información sobre el germoplasma que conservan. Sin embargo, a menudo no basta con identificar los posibles rasgos de interés, ya que el gran tamaño de las colecciones hace que sea casi imposible la incorporación y el uso de estos rasgos en los programas de mejoramiento. La creación de subconjuntos más pequeños, o conjuntos básicos de referencia, puede ayudar a los programas de mejoramiento a utilizar tales rasgos como, por ejemplo, las variedades locales de trigo de México presentadas en el Recuadro 3, las colecciones del Instituto Internacional de Investigación de Cultivos para las Zonas Tropicales Semiáridas (ICRISAT) en el Recuadro 4 y el arroz africano en el Recuadro 5. La información genética ayuda a establecer estos conjuntos básicos de una forma razonable, garantizando la representación de la diversidad de las colecciones en el conjunto básico, y proporciona directrices para que los obtentores puedan utilizarlos de una forma más efectiva.

Recuadro 3. Caracterización de la diversidad genética del trigo criollo

(Tomado de Vikram *et al.* 2016)

Las variedades locales de trigo de México, denominadas asimismo “trigo criollo”, se introdujeron en las Américas desde el siglo XVI hasta el siglo XVIII y gradualmente se adaptaron a los entornos locales, incluidas muchas regiones afectadas por el estrés debido a las elevadas temperaturas y la sequía. Como tales, deberían tener una buena variación genética de tolerancia al estrés. La introducción de la diversidad genética de este tipo de trigo criollo en la cartera de programas de mejoramiento tiene el potencial para desarrollar la próxima generación de variedades de trigo. Teniendo presente este objetivo, un equipo de científicos del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) de México y la Junta de Biodiversidad del Punjab (India), llevó a cabo un estudio para: 1) caracterizar la colección de las variedades locales de trigo de México conservadas en el banco de germoplasma del CIMMYT; y 2) elaborar un conjunto básico de referencia utilizando múltiples variables. Por “conjunto básico de referencia” se entiende un subconjunto de una colección de recursos genéticos que representa la diversidad existente en toda la colección, pero que es lo suficientemente pequeño como para que los obtentores puedan evaluar los rasgos de interés. En el pasado, se han establecido conjuntos básicos de referencia a partir de una variable, por ejemplo, datos de genotipado o medidas de fenotipado o distribución geográfica. El uso simultáneo de múltiples tipos de variables (genotipo, fenotipo, geografía, etc.) ofrece una estimación sólida de la diversidad para su aplicación al fitomejoramiento. Como resultado, se caracterizaron 8 416 variedades locales de trigo que representaban una amplia gama de zonas agroecológicas de México mediante marcadores genéticos (DartSeq) y también mediante el fenotipado en lo referente a su potencial de rendimiento y tolerancia a la sequía y el calor y resistencia a la roya amarilla para identificar un conjunto básico de referencia que pudiera representar esta importante variación. Este conjunto básico de referencia refleja el 89 % de los alelos únicos presentes en el conjunto completo.

Figura 2. El gráfico tridimensional de análisis del componente principal muestra la distribución de los grupos de variedades locales de trigo de México con arreglo a los marcadores genéticos.



En total, 15 grupos se correspondían con los diferentes Estados de México. 1 = amarillo (México, Puebla), 2 = azul claro (México, Queretaro), 3 = azul oscuro (Chihuahua, Oaxaca), 4 = naranja (México, Puebla, Queretaro, Hidalgo), 5 = verde claro (Durango), 6 = verde oscuro (Chihuahua 95,5), 7 = rosa (Oaxaca, Tlaxcala, Toluca, Puebla), 8 = morado (Oaxaca), 9 = turquesa (México), 10 = marrón (México, Michoacan), 11 = rojo (Coahuila), 12 = gris (Tlaxcala, México, Michoacan), 13 = granate (Michoacan), 14 = beige (Chihuahua 95,5), 15 = negro (Guanajuato). PC1, PC2 y PC3 contribuyen al 10,5 %, el 8,2 % y el 6,9 % de la variación total, respectivamente.

Recuadro 4. Creación de “minicolecciones” de referencia para fomentar la utilización del germoplasma para el mejoramiento de cultivos

La diversidad del germoplasma es esencial para los programas de mejoramiento de cultivos. Sin embargo, aún no se ha utilizado en estos programas gran parte del germoplasma conservado en los bancos de germoplasma. Es necesario hacer un mayor uso del germoplasma en estos programas en aras de la sostenibilidad y la mejora de la producción agrícola en favor de la seguridad alimentaria. El banco de germoplasma del ICRISAT conserva, conforme a su mandato, más de 125 000 muestras de seis cultivos, así como cinco mijos pequeños procedentes de 144 países. La razón principal de la escasa utilización del germoplasma es la falta de información sobre rasgos de importancia económica y el gran tamaño de las colecciones. Para mejorar la utilización del germoplasma en programas de mejoramiento de cultivos, se crearon colecciones de referencia representativas (el 10 % de toda la colección) utilizando datos de carácter cuantitativo y cualitativo en garbanzo, guandul, cacahuete (maní), sorgo, mijo perla, mijo coracán, mijo de cola de zorra, mijo común, mijo de los arrozales, mijo koda y mijo pequeño. Lamentablemente, el número de muestras en estos conjuntos básicos de referencia seguía siendo demasiado grande para realizar una evaluación significativa en los programas de mejoramiento. Para superar esto, los científicos del ICRISAT (Upadhyaya y Ortiz, 2001) elaboraron el concepto de “minicolección de referencia” (el 10 % de la colección de referencia o el 1 % de toda la colección) y propusieron una estrategia de dos etapas utilizando datos de carácter cualitativo y cuantitativo de la minicolección. En una evaluación exhaustiva multidisciplinaria de minicolecciones de referencia se identificaron nuevas fuentes de variación para múltiples rasgos, entre ellas, la tolerancia a presiones

bióticas y abióticas, y rasgos nutricionales y agronómicos. Estos miniconjuntos de referencia se distribuyeron a obtentores de 36 países para su uso en programas de mejoramiento. La secuenciación de estas minicolecciones de referencia sería muy útil para determinar la variación de secuencias asociadas con los rasgos y ayudaría a identificar las líneas de germoplasma más útiles para su uso como progenitores en los programas de mejoramiento.

Recuadro 5. Variación genética y estructura de la población *Oryza glaberrima* y elaboración de un miniconjunto de referencia utilizando DArTseq

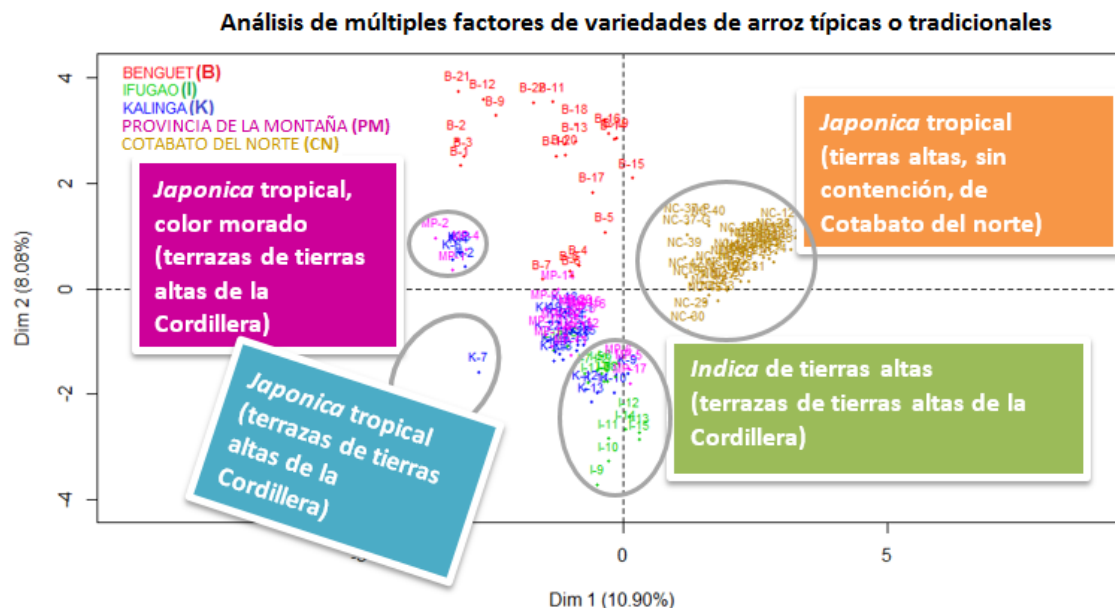
El banco de germoplasma del Centro Africano del Arroz conserva dos especies cultivadas (*Oryza sativa* y *O. glaberrima*) y cinco especies silvestres africanas (*O. longistaminata*, *O. barthii*, *O. punctata*, *O. brachyantha* y *O. eichingeri*); la mayor parte de ellas provienen de África. Estas muestras de arroz tienen mecanismos de adaptación o protección ante diferentes tipos de estrés abiótico y biótico, pero generalmente se caracterizan por una amplia gama de rasgos agronómicos no deseables. Para combinar rasgos de importancia económica tanto del arroz asiático (*O. sativa*) como del arroz africano, el Centro Africano del Arroz emprendió a comienzos del decenio de 1990 programas de mejoramiento interespecíficos, que se tradujeron en el desarrollo y la introducción de diversas variedades interespecíficas mejoradas para diversas zonas ecológicas en África. La hibridación interespecífica realizada con éxito entre las dos especies de arroz cultivado, que se introdujo bajo la denominación Nuevo Arroz para África (NERICA), demostró claramente la utilidad del germoplasma del arroz africano en el desarrollo de variedades mejoradas modernas que combinaran el alto potencial de rendimiento de los progenitores *O. sativa* y la adaptabilidad a diferentes tipos de estrés abiótico y biótico de los progenitores *O. glaberrima*. El análisis genético de la colección del Centro Africano del Arroz ha permitido la elaboración de miniconjuntos de referencia de 1 330 y 300 muestras, respectivamente. Los conjuntos y miniconjuntos de referencia representaban aproximadamente un 61 % y un 14 %, respectivamente, de toda la colección, y entre un 97 % y un 99 % del SNP y casi todas las frecuencias alélicas y genotípicas observadas en toda la colección *O. glaberrima*.

Como parte de los proyectos con el objetivo de contribuir a la conservación de variedades locales y tradicionales ricas desde el punto de vista genético mediante su cultivo y comercialización por parte de los agricultores, algunos Centros del CGIAR, en colaboración con organizaciones locales y nacionales, han aplicado herramientas genómicas para caracterizar genéticamente la diversidad local *in situ*. Un buen ejemplo, a este respecto, es el proyecto del arroz típico de Filipinas, que se expone en el Recuadro 6. En cuanto a los animales domesticados, una serie de estudios, como los que se indican en el Recuadro 7 sobre el camello bactriano, han utilizado los datos sobre secuencias genéticas para comprender la estructura genética de diferentes poblaciones de razas domesticadas, y la relación entre ellas, proporcionando así información útil para diseñar estrategias de conservación y establecer prioridades respecto a las medidas de conservación basadas en la erosión genética de determinadas poblaciones, razas o especies.

Recuadro 6. Aplicación de la caracterización genética a la conservación *in situ* y la utilización del arroz típico en Filipinas

El proyecto del arroz típico, que comenzó en 2014, es respaldado por el Departamento de Agricultura de Filipinas y el Instituto Internacional de Investigación sobre el Arroz (IRRI). Sus objetivos son aumentar la productividad, enriquecer el legado de variedades locales y empoderar a las comunidades que cultivan variedades nativas en ecosistemas marginales de arrozales en Filipinas. Algunas variedades nativas de arroz tienen una calidad de cocción, sabor, aroma, textura, color y valor nutricional excepcionales; otras también son resilientes, mostrando elevados niveles de resistencia a enfermedades y tolerancia al estrés ambiental. Sin embargo, los agricultores se enfrentan a retos a la hora de cultivar y comercializar estas variedades, incluida la falta de acceso a semillas de calidad, el bajo rendimiento, entre otras cuestiones. Algunas variedades nativas están desapareciendo gradualmente. El desarrollo de mercados y productos, junto con el mantenimiento de la biodiversidad en la región, es esencial para que los agricultores puedan seguir cultivando estas variedades de arroz amenazadas. Al caracterizar las variedades existentes, los científicos han aplicado análisis de ADN para comprender las relaciones entre variedades y demostrar la presencia de nuevos genes asociados con rasgos importantes, como la resistencia a las plagas y enfermedades que pueden proteger estas variedades nativas únicas contra el estrés. Esta labor aumentará los conocimientos de los agricultores acerca de la diversidad del arroz nativo y sus oportunidades de mercado.

En el marco de este proyecto, los agricultores y otras partes interesadas reconocieron la importancia de mantener estas variedades únicas para las generaciones futuras; por lo tanto, se están realizando progresos en lo que respecta a la conservación *ex situ* en virtud de un acuerdo de “caja negra” en los bancos de germoplasma nacionales (el Banco de Germoplasma del Instituto de Investigación del Arroz de Filipinas) e internacionales (el Banco Internacional de Germoplasma del Arroz del IRRI).



Análisis de varios factores realizado en FactoMineR (“R package”) que muestra las relaciones entre 119 variedades de arroz cultivadas *in situ* por los agricultores y se basa en los siguientes grupos de variables: 1) región de Filipinas = provincia de **origen** [variables categóricas: Región Administrativa de la Cordillera (RAC, terrazas del altiplano de regadío) = Benguet (B), Ifugao (I), Kalinga (K), Provincia de la Montaña

(PM) y Mindanao (Región XXII, tierras altas, sin contención) = Cotabato del Norte (CN)]; 2) **genotipado**, SNP 558 (categorías: A, T, C, G); 3) **rasgos morfológicos y agronómicos**, ocho variables categóricas y cuatro numéricas; 4) **calidad del grano**, una variable categórica y 21 numéricas; 5) **reacción a enfermedades** (BB) [variables categóricas: resistente (R), moderadamente resistente (MR), moderadamente susceptible (MV), susceptible (V)].

Recuadro 7. Comprensión de la diversidad genética del camello bactriano a efectos de la conservación

Debido a su tolerancia al frío, la sequía y las elevadas altitudes, los camellos bactrianos (*Camelus bactrianus*) se aprecian especialmente en las estepas y montañas del Asia central y podrían ser una fuente de rasgos potencialmente útiles en programas de cría, pero su número ha ido disminuyendo rápidamente en los últimos años. Las estrategias de conservación y cría se ven obstaculizadas debido, entre otros factores, a los escasos conocimientos sobre la diversidad genética de los camellos bactrianos y la relación entre las poblaciones existentes. Los científicos del Instituto Internacional de Investigación en Ganadería (ILRI), junto con asociados en la investigación de China y Mongolia, realizaron análisis genéticos utilizando marcadores microsatélites para caracterizar las poblaciones de camellos bactrianos en estos dos países. El estudio reveló diferencias significativas entre las poblaciones de China y de Mongolia, mostró el flujo génico en las poblaciones objetivo (posiblemente asociadas con el comercio a lo largo de la ruta de la seda y la trashumancia) y confirmó que los camellos bactrianos de China y Mongolia eran genéticamente diferentes y debían considerarse como poblaciones distintas en los programas de conservación y cría (Jianlin *et al.*, 2004).

3. Contribución de la información sobre secuencias genéticas para la utilización sostenible de la biodiversidad

Las obligaciones de las Partes Contratantes sobre la utilización sostenible de la biodiversidad se establecen en el artículo 10 (Utilización sostenible) y el artículo 7 (Identificación y seguimiento, a efectos de la conservación y utilización sostenible).

La variación genética natural ha permitido a los seres humanos seleccionar plantas, animales y microorganismos en los últimos 13 000 años y, mediante la aplicación de diversas técnicas y metodologías de mejoramiento, los seres humanos han logrado cambiar el genotipo de estos recursos y seleccionar la expresión diferencial de los rasgos (el fenotipo), a fin de obtener razas animales, variedades vegetales o cultivos y cepas de microorganismos que satisfagan sus necesidades nuevas y cambiantes.

En el sector agrícola, la información genómica contribuye a la utilización sostenible de la biodiversidad en el contexto del mejoramiento de plantas y animales. En el sentido convencional, el mejoramiento se basa en la variación genética natural o inducida, unido a la selección eficaz de combinaciones genéticas favorables y la evaluación de fenotipos para identificar variantes de interés de rasgos deseables. El mejoramiento genético convencional se puede mejorar, y de hecho se ha mejorado, logrando que sea un proceso más breve y preciso con el uso de la información genómica.

Los economistas estiman que la tasa actual de ganancia genética en el mejoramiento de variedades y razas animales ha de duplicarse para mantener el ritmo de crecimiento de la población y los ingresos. Existen importantes retos científicos que deben superarse para desarrollar plenamente tecnologías que permitan alcanzar la tasa objetivo de ganancia genética. Para obtener información y conocimientos significativos acerca de los recursos genéticos, es necesario aprender a manejar e interpretar una gran cantidad de datos. Ello incluye la realización de análisis de datos para comprender cómo las diferencias en las secuencias genómicas conducen a diferencias en el potencial de adaptación, así como el valor productivo para el agricultor. Se trata de un enorme reto científico que no debe subestimarse. La función y acción de cada gen difiere dependiendo del órgano de la planta o animal, la edad o el estado de desarrollo del órgano, la etapa de desarrollo de la cosecha o animal, desde la siembra o nacimiento hasta el plato del consumidor, y el valor para el consumidor es el resultado de la integración de todos estos efectos durante toda la vida. Además, los efectos, la repercusión y la expresión de todos y cada uno de los genes dependen de una multitud de factores complejos, entre ellos, la completa composición del genoma, factores abióticos y bióticos y prácticas agronómicas. Por lo tanto, la selección de combinaciones genéticas adecuadas para satisfacer a agricultores, consumidores y mercados objetivo es una tarea descomunal. En general, los países en desarrollo no se han beneficiado en la misma medida que los países desarrollados de las ganancias genéticas (en forma de nuevas variedades y razas) obtenidas mediante técnicas convencionales de mejoramiento genético. Los niveles y las tasas de adopción de nuevas variedades mejoradas en el África subsahariana son inferiores y más lentos que en Europa y América del Norte. Cabe esperar que la nueva capacidad de secuenciación y fenotipado, combinado con nuevas técnicas de mejoramiento de plantas y animales, aceleren las ganancias genéticas a disposición de los agricultores de las regiones en desarrollo y contribuyan a cerrar la brecha entre los países desarrollados y en desarrollo a este respecto. Se abordará de nuevo este tema a continuación, en la Sección 4 de este documento, en relación con la participación en los beneficios. En el entretanto, el resto de esta Sección está dedicado a un debate técnico sobre el modo en que la información sobre secuencias genómicas puede contribuir a la utilización sostenible de la biodiversidad.

Marcadores moleculares como catalizadores de mejoramiento

Como parte de muchas de las nuevas técnicas de mejoramiento, los obtentores utilizan cada vez más marcadores moleculares —fragmentos de ADN que varían debido a un cambio en determinados lugares del genoma— como “indicadores” para identificar alelos concretos (formas o variantes de un gen) de interés en las razas o muestras, para seleccionar razas o líneas como progenitores para el cruzamiento o progenie con alelos favorables o perjudiciales al segregar poblaciones y realizar la predicción genómica (Collard y Mackill, 2008; McCouch *et al.*, 2012). Así, los marcadores moleculares pueden utilizarse individualmente para rastrear variantes individuales de genes (alelos) con efectos conocidos sobre los rasgos al segregar poblaciones. Este enfoque se utiliza a menudo para rasgos de herencia genética sencillos, como algunos rasgos de resistencia a enfermedades. Alternativamente, los marcadores que abarcan el genoma completo pueden utilizarse colectivamente para predecir valores de los rasgos a fin de seleccionar progenies prometedoras en un programa de mejoramiento. Este enfoque se denomina “selección genómica”.

Desde el decenio de 1980, se han desarrollado múltiples marcadores moleculares (de ADN) y las técnicas asociadas; algunos de ellos son más adecuados para la investigación sobre la diversidad, la evolución, el flujo génico y la herencia de rasgos de las poblaciones; otros son más apropiados para programas de mejoramiento (véase el Cuadro 1, a continuación). Los marcadores moleculares se basan en dos tipos de variaciones de secuencias o polimorfismos del ADN. En concreto: polimorfismos de un solo nucleótido (SNP), que son variaciones de un solo nucleótido en un lugar específico del genoma; y variaciones de presencia/ausencia (PAV), que son inserciones o eliminaciones de tramos de nucleótidos enteros. Las plataformas utilizadas para detectar y clasificar estos polimorfismos del ADN han evolucionado rápidamente en los últimos decenios y están pasando de la detección de polimorfismos del ADN mediante electroforesis (p. ej., el polimorfismo de longitud de los fragmentos de restricción [PLFR], el ADN polimórfico amplificado al azar [APAA] y el polimorfismo de longitud de fragmentos amplificados [PLFA], la repetición de secuencias únicas [SSR]) a la detección de polimorfismos en plataformas de secuenciación de próxima generación (NGS), que determinan la secuencia exacta de miles a millones de longitudes dadas de ADN en paralelo. Por tanto, el genotipado —identificación y análisis de diferentes marcadores moleculares (polimorfismo) en individuos, en las poblaciones y entre ellas— ha aumentado en sensibilidad, precisión y velocidad. La repetición de secuencias únicas ha sido la principal técnica electroforética de marcadores; no obstante, se está sustituyendo rápidamente por el polimorfismo de un solo nucleótido (SNP) como marcador molecular preferido con la capacidad de generar decenas de miles de marcadores genéticos a bajo costo (véase el Cuadro 1 más abajo).

Todos los métodos de marcadores basados en la secuenciación de próxima generación (NGS) —como el genotipado mediante secuenciación (GBS), la secuenciación por tecnologías de arreglos para diversidad (DARTseq) y la secuenciación del ADN asociado a sitios de restricción (RADseq)— utilizan plataformas de NGS para la secuenciación de subconjuntos definidos de fragmentos de ADN derivados de genomas individuales. La secuenciación de genomas completos es cada vez más asequible y sólida debido a la rápida mejora de las plataformas de secuenciación y, aunque no ha alcanzado su potencial de contribuir ampliamente a los programas de mejoramiento de cultivos, tiene un potencial enorme de cara al futuro. La combinación del genotipado de NGS y SNP tiene un costo relativamente bajo y es una herramienta rápida para el genotipado de poblaciones fructíferas y la aplicación de la selección de asociación del genoma completo (GWAS) y la selección genómica para la determinación de rasgos regulados por múltiples genes difíciles de identificar mediante técnicas convencionales debido a los complejos patrones de herencia genética. La comprensión de la herencia de tales rasgos se complica aún más por la notable influencia del medio ambiente sobre factores tales como el rendimiento y el estrés abiótico en plantas, el crecimiento y la fertilidad en animales y genomas complejos y extensos en cultivos como el trigo y la patata (papa).

Cuadro 1. Diversos tipos de marcadores moleculares para aplicaciones de mejoramiento y diversidad

Aspecto					
Marcador Molecular	Base de polimorfismo	Nivel de polimorfismo	Adecuado para	Ventajas	Desventajas
PLFR <i>Polimorfismos de longitud de los fragmentos de restricción</i>	Diferentes tamaños de alelos asociados con fragmentos de restricción generados por enzimas (endonucleasas)	Medio	Genética, p. ej., para hallar la ubicación de un gen específico en un cromosoma; flujo génico; estudios filogenéticos	Primer marcador de ADN aplicado al genotipado; útil para la confección de mapas de ligamiento genético	Requiere conocimientos previos acerca de la secuencia del ADN objeto de análisis y un tamaño muestral amplio; muy exigente desde el punto de vista técnico y del factor tiempo; difícil de automatizar; cobertura limitada del genoma (escasa reproducción de la región de codificación); poco utilizado actualmente
APAA <i>ADN polimórficos amplificados al azar</i>	Diferentes tamaños de alelos basados en la longitud de cebadores cortos complementarios a ADN determinado aleatoriamente en múltiples ubicaciones	Elevado	Diversidad, p. ej., especies estrechamente relacionadas; confección de mapas de genes	Barato; poco exigente desde el punto de vista técnico y del factor tiempo; produce un elevado número de bandas que pueden caracterizarse individualmente	Baja reproducibilidad; principalmente dominante; difícil de analizar; difícil de automatizar; es difícil realizar comparaciones entre estudios
PLFA <i>Polimorfismos de longitud de fragmentos amplificados</i>	Diferencias en la longitud de fragmentos de restricción amplificados selectivamente generados por endonucleasas	Elevado	Diversidad y genética, p. ej., estudios de la estructura de la población; evaluación y caracterización de recursos animales y vegetales	Puede generarse un número elevado de marcadores	Baja reproducibilidad

SSR <i>Repetición de secuencias únicas</i>	Repetición de secuencias únicas en tándem de uno a seis nucleótidos de longitud	Elevado	Diversidad, genética y mejoramiento, p. ej., distinguir entre genotipos estrechamente relacionados (estudios de población); estudios de desequilibrio de ligamiento (es decir, asociación de un locus causante de una enfermedad a un marcador)	Muy informativo (gran número de alelos, elevada heterozigosis); codominante; fácil de aislar; bajo sesgo de confirmación	Tasa de mutación elevada; comportamiento complejo de mutación; no lo suficientemente abundante; difícil de automatizar; la realización de comparaciones entre estudios requiere una preparación especial
SNP <i>Polimorfismos de un solo nucleótido</i>	Mutación de un solo nucleótido en un determinado lugar (locus) en una secuencia de ADN	Elevado	Diversidad, genética y mejoramiento, p. ej., la variación genética de diferentes especies y razas	Tasa de mutación baja; gran abundancia; fácil de transcribir; elevado potencial de automatización; es fácil realizar comparaciones entre estudios	Tasa de heterogeneidad importante entre sitios; caro de aislar; bajo contenido de información de un solo SNP
GBS <i>Genotipado mediante secuenciación</i>	Secuencias de los extremos de todos los fragmentos de restricción de ADN resultantes generados por una enzima de corte frecuente; genera un gran número de SNP	Elevado	Confección de mapas genéticos; genotipado de SNP en una gran variedad de especies y poblaciones útiles para mejoramiento, fitogenética y caracterización del germoplasma	Útil para especies con elevada diversidad y genomas extensos; rentable para el mejoramiento asistido por la genómica; elevada automatización; técnicamente más fácil de utilizar y menos exigente que RADseq	Gestión y análisis de gran cantidad de datos; tecnología patentada

DArTseq <i>Secuenciación de tecnologías de arreglos para diversidad</i>	Funciona sobre la base de un concepto de reducción de la complejidad del genoma —selección de genoma con genes activos predominantemente— (dirigido a secuencias de baja reproducibilidad)	Elevado	Mapas de alta resolución y disección genética detallada de rasgos; filogeografía (en animales); relación genética de especies; estudios del origen de las especies	Los métodos de reducción de la complejidad son sencillos y más baratos que otros métodos basados en el GBS; elevada reproducibilidad; alta representación de heterocigotos	Gestión y análisis de gran cantidad de datos; única fuente de tecnología patentada
RADseq Secuenciación del ADN asociado a sitios de restricción	Secuencias de regiones cortas (50-150 bases) que flanquean todos y cada uno de los sitios de restricción para una determinada endonucleasa	Alta (revela de centenares a miles de marcadores genéticos polimórficos en el subconjunto del genoma)	Estudios de diferenciación y selección de la población; filogeografía; genómica evolutiva y ecológica; confección de mapas de ligamiento	Costos relativamente bajos (mayor número de muestras) y sencillo; mayor cobertura por locus; no se requiere información genómica previa	Sesgo debido a deserción alélica, duplicados de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y varianza en profundidad de cobertura entre loci (todo lo anterior varía en función del método RADseq utilizado)

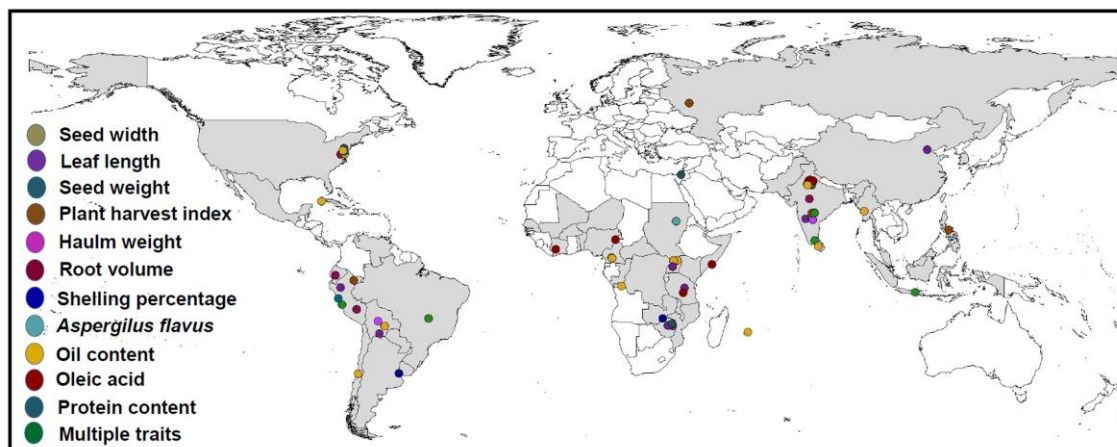
El uso de marcadores moleculares en el CGIAR ha permitido a los investigadores identificar genes que controlan rasgos importantes (Recuadro 5). Por ejemplo, los investigadores del IRRI identificaron un gen que regulaba la germinación en condiciones anaeróbicas que mejoraba la germinación del arroz en tales condiciones. La tolerancia a suelos anaeróbicos durante la germinación permite una germinación uniforme y el establecimiento de plántulas en anegamiento, y es un rasgo clave para el desarrollo del arroz tropical sembrado directamente, que es un modo de intensificación y racionalización de la producción de arroz. Los investigadores del ICRISAT han identificado marcadores moleculares de loci de rasgos cuantitativos que influyen en el contenido de hierro y cinc del grano en el sorgo, con posibles efectos a largo plazo respecto a la reducción de la malnutrición en los países productores y consumidores de sorgo. Los investigadores del CIAT y el IITA han identificado loci de rasgos cuantitativos asociados con la resistencia al ácaro verde de la yuca, la enfermedad del mosaico de la yuca y del estriado marrón de la yuca, un elevado contenido de provitamina A y de materia seca en raíces en almacenamiento. Los investigadores del CIMMYT han desarrollado y aplicado marcadores de producción, a disposición de los obtentores, respecto al contenido de provitamina A, resistencia al virus del estriado foliar del maíz (MSV), resistencia a la necrosis letal del maíz (MLN) y una elevada tasa de

inducción de haploides. La labor del CIAT sobre el forraje ha conducido a la identificación de la región genómica asociada con apomixis en especies *Urochloa*, lo cual ha facilitado la aceleración de los ciclos de reproducción y, por lo tanto, un avance más rápido en el desarrollo de gramíneas de mayor calidad. En el Recuadro 8, se presentan casos en que se han realizado estudios de asociación del genoma completo para identificar variantes genéticas relacionadas con los rasgos pertinentes. Los recuadros 9 y 10 se refieren a los avances en el uso de la información genómica y las herramientas para el mejoramiento de especies secundarias de cultivos y peces, respectivamente.

Recuadro 8. Ejemplos de avances respecto al mejoramiento de cultivos por parte de los centros del CGIAR mediante estudios de asociación del genoma completo

Los datos digitales sobre secuencias genéticas obtenidos a partir de técnicas de genotipado de alto rendimiento han modificado drásticamente la capacidad de analizar germoplasma muy diverso a gran escala en los bancos de germoplasma para identificar variaciones alélicas vinculadas a rasgos agronómicos. Los estudios de asociación del genoma completo realizados por el CGIAR en relación con el arroz (McNally *et al.*, 2009; Zhao *et al.*, 2011), el maíz (Yang *et al.*, 2011; Romero Navarro *et al.*, 2017), el trigo (Ogbonnaya *et al.*, 2007), el cacahuete (maní) (Pandey *et al.*, 2014), el sorgo (Upadhyaya *et al.*, 2016), el plátano (banano) (Sardos *et al.*, 2016) y la yuca (Wolfe *et al.*, 2016) han llevado a la identificación de marcadores moleculares y de diversidad útiles para una amplia gama de rasgos.

Como ejemplo, en un estudio llevado a cabo sobre un conjunto de referencia de muestras del banco de germoplasma del ICRISAT, se han identificado marcadores genéticos asociados con 36 rasgos agronómicamente importantes en el cacahuete (maní), abriendo nuevas perspectivas para el futuro de los programas de selección. La figura siguiente se ha tomado del estudio indicado.



Fuente: Pandey *et al.* 2014

Recientemente, se ha establecido una plataforma de investigación de alta resolución de libre acceso para facilitar la confección de mapas de asociación del genoma completo del arroz, que se describe en McCouch *et al.*, 2016.

Recuadro 9. Consorcio de cultivos africanos secundarios

El Consorcio de cultivos africanos secundarios (AOCC), en el que participan el Centro Mundial de Agrosilvicultura (ICRAF) y otras organizaciones, se estableció en 2014-15 con el objetivo de reforzar los medios de vida de los pequeños agricultores mediante la mejora del acceso, la calidad y los mercados de 101 cultivos secundarios seleccionados. El AOCC representa un amplio abanico de actores, tanto públicos (gubernamentales, organizaciones no gubernamentales [ONG], organizaciones internacionales, organizaciones intergubernamentales [OIG]) como privados (empresas de productos alimenticios, productos básicos y tecnologías) que están interesados en todo el ecosistema de cultivos secundarios. El AOCC está desarrollando recursos genómicos mediante la secuenciación del genoma completo y de la diversidad utilizando tecnologías punteras de secuenciación y genotipado. Ello beneficiará a millones de pequeños agricultores, que son los principales guardianes de este tesoro. La secuenciación lleva principalmente a desarrollar paneles de SNP para estos cultivos, 50 de los cuales son árboles perennes. Está previsto que estos avances se incluyan en los programas nacionales de selección por conducto de la Nueva Alianza para el Desarrollo de África (NEPAD), que es la organización de desarrollo de la Unión Africana (UA) para toda África. La Academia de Fitomejoramiento de África (AfPBA), una iniciativa para el fomento de la capacidad que se emprendió bajo los auspicios del AOCC, imparte capacitación a unos 120 obtentores vegetales de África sobre el uso de herramientas genómicas en programas de mejoramiento de los sistemas nacionales de investigaciones agronómicas.

Recuadro 10. Aplicación de la genómica al mejoramiento del pescado

Desde 1988, WorldFish ha utilizado la cría selectiva para desarrollar y gestionar variedades de mejoramiento genético de la tilapia cultivada de rápido crecimiento. Estas variedades se han difundido en al menos 16 países, principalmente de regiones en desarrollo, y la cultivan millones de acuicultores en pequeña escala como fuente de alimentos, ingresos y nutrición en todo el mundo. El uso de herramientas de selección genómica para la selección de animales basada en marcadores genéticos permitirá a WorldFish ampliar su investigación sobre el mejoramiento genético de la tilapia cultivada más allá del enfoque centrado únicamente en el crecimiento e introducir la selección respecto a características que, de lo contrario, son difíciles de medir, como la resiliencia y la eficiencia de los piensos.

En una etapa preliminar, los científicos de WorldFish y los asociados del Instituto Roslin y otras organizaciones de investigación, identificaron 13 215 marcadores de SNP y 12 490 marcadores (dominantes) silicoDArT de la reserva de genitores de dos programas de cría selectiva (la variedad de mejoramiento genético de la tilapia cultivada procedente de Malasia y la variedad Abbassa de Egipto) y comenzaron a ensayar estos marcadores para una selección genómica rápida con miras a su uso en los programas de cría de tilapia.

Ingeniería genómica y biología sintética

A fines del decenio de 1970, los investigadores documentaron levaduras y bacterias que integraban ADN exógeno en su genoma aleatoriamente. Desde entonces, la denominada “ingeniería genómica” se ha centrado en la introducción de nuevo material genético en los genomas de organismos y en el control

de su expresión. Se han modificado genéticamente animales, microorganismos y plantas a nivel experimental y comercial. Las bacterias y hongos modificados genéticamente se utilizan para un número creciente de aplicaciones en la industria de biorremediación, alimentación, textil y papel, la generación de productos farmacéuticos y sanitarios y en la agricultura. Los primeros cultivos modificados genéticamente que se comercializaron fueron los tomates con una prolongación de su vida útil (1994), patatas (papas) resistentes a insectos (1995), soja resistente a herbicidas (glifosato) (1996) y papaya resistente a virus (1998). Veintiún años después de la comercialización del primer cultivo transgénico, ahora unos ocho millones de agricultores de 26 países cultivan 185,1 millones de hectáreas (Servicio Internacional para la Adquisición de Aplicaciones Agrobiotecnológicas [ISAAA], 2016).

En el último decenio más o menos, las nuevas tecnologías tales como nucleasas programables, por ejemplo, nucleasas de dedos de cinc y Cas9 guiadas por ARN de sistemas de repeticiones palindrómicas cortas agrupadas y regularmente interespaciadas (CRISPR) en bacterias, han llevado a la denominada ingeniería genómica de precisión (o edición del genoma), a saber: la inducción de modificaciones específicas en el genoma, sus contextos (p. ej., marcas epigenéticas) o sus productos (p. ej., transcripciones) (Schiml y Puchta, 2016; Petolino *et al.*, 2016). Las modificaciones específicas del genoma incluyen la inducción de mutaciones en loci preseleccionados para interrumpir la función de uno o más genes concretos, editar secuencias existentes para reproducir antiguos alelos o introducir otros nuevos e introducir nuevo material genético en loci o regiones específicos del genoma. También es posible cambiar las modificaciones del ADN, tales como la metilación, con el fin de modular la expresión génica. Cuando se combina con la capacidad de sintetizar químicamente las moléculas de ADN a costos cada vez más bajos, la ingeniería genómica puede permitir múltiples variaciones nuevas que habrán de diseñarse y ensayarse en todo locus génico deseado, incluyendo combinaciones multifactoriales (Puchta, 2017).

Aunque tecnologías y procesos tales como la edición del genoma y la biología sintética⁵ se encuentran todavía en una fase relativamente temprana de desarrollo y son difíciles de aplicar, se está avanzando rápidamente. Estos tienen el potencial de reducir considerablemente el tiempo necesario para que los conocimientos generados en el laboratorio se traduzcan en productos comercializables, permitiendo la modificación directa de alelos desfavorables en alelos favorables en germoplasma o razas valiosos desde el punto de vista agronómico, reduciendo así el número de ciclos de reproducción requeridos. En definitiva, si estas tecnologías siguen desarrollándose y son ampliamente accesibles, los agricultores podrían solicitar que se realice un conjunto específico de cambios a un cultivar altamente valorado como parte del proceso de mejoramiento. En respuesta, podría concebirse e introducirse rápidamente un nuevo rasgo genético o combinación de características genéticas en un cultivar para mejorar su resistencia al estrés, calidad nutricional o características estructurales, logrando que se ajuste más al

⁵ A efectos del presente documento, por “biología sintética” se entiende la introducción de amplios conjuntos de genes que codifican o modifican vías bioquímicas completas o crean nuevos organismos artificiales, gracias a una combinación de potentes tecnologías informáticas y de ingeniería.

sistema de cultivo tradicional o al paisaje agrícola moderno. En el Recuadro 11, se presentan dos casos en los que se ha incorporado la edición de genes en programas de fitomejoramiento de los Centros del CGIAR.

Recuadro 11. Ejemplos de edición de genomas de los Centros del CGIAR

Edición de genes para el mejoramiento de arroz, yuca y frijol en programas de investigación del CIAT

El Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) comenzó a trabajar en la edición del genoma en 2014 con el arroz y, desde entonces, también ha ensayado CRISPR/Cas9 (tecnologías de repeticiones palindrómicas cortas agrupadas y regularmente interespaciadas que generan endonucleasa Cas9, con cortes en sitios específicos en el ADN, guiada por ARN adaptado) en la yuca y el frijol a nivel experimental (ensayos de laboratorio y de campo bajo confinamiento), hasta la fecha. La atención de la investigación del CIAT está orientada hacia el logro de la resistencia a virus y bacterias, la mejora de la calidad nutricional y la consecución de semillas híbridas en el arroz, la mejora de la calidad del almidón y la generación de resistencia a herbicidas en la yuca, la mejora de la calidad nutricional en el frijol y la detección temprana de patógenos a efectos de diagnóstico. Trabajando en una prueba teórica respecto al sistema de CRISPR/Cas9 en el arroz, los investigadores del CIAT indujeron una mutación en un gen que regulaba la formación de raquis de hojas y carpelos de flores obteniendo follaje con efecto de caída y floración de inducción masculina. Esta metodología se está evaluando para eliminar los genes de resistencia a los antibióticos como marcadores seleccionables del arroz transgénico que expresen un mayor contenido de cinc y hierro (Valdés, 2016; Russell, 2015).

Edición de genes en el CIMMYT: resistencia a enfermedades y calidad del grano

El CIMMYT está editando genes mediante el sistema CRISPR/Cas9 para la tolerancia al estrés y rasgos de calidad en el maíz y el trigo. La necrosis letal del maíz (MLN), una enfermedad prevalente en África oriental causada por una combinación de dos virus, plantea una amenaza significativa para la seguridad alimentaria en esa región. El CIMMYT, en colaboración con DuPont Pioneer (denominado actualmente DowDuPont), ha identificado una fuente importante de resistencia al MLN y está a punto de aislar el gen responsable. La mayor parte de los híbridos de África se generan a partir de la combinación de tres progenitores. La resistencia al MLN identificada por el CIMMYT es recesiva, lo cual significa que cada una de las líneas parentales en los híbridos tendría que modificarse para conferir un fenotipo resistente a los híbridos. La mejora por retrocruzamiento convencional es un proceso que requiere mucho tiempo y una gran cantidad de recursos. Además, es casi imposible recrear la estructura original de los progenitores híbridos puesto que el genoma residual del progenitor donante resistente provoca inhibición variable en el rendimiento del grano. El CIMMYT y DowDuPont editarán el gen susceptible en su forma resistente directamente en los progenitores de los híbridos comerciales susceptibles de África. Ello no solo ahorra años de tiempo, sino que también impide toda posibilidad de inhibir el rendimiento modificando precisamente un solo locus.

En el trigo, el CIMMYT tiene previsto concentrar sus esfuerzos en la edición de genes en la creación de variaciones adicionales para una resistencia duradera a la roya, el modo preferido de resistencia por los obtentores, y la mejora de los iones metálicos (cinc y hierro) mediante la reducción de fitato en el grano.

Cómo promover la utilización sostenible mediante usos complementarios de la información sobre secuencias de genes y conocimientos de los agricultores

La selección en el sector formal es solamente uno de los componentes de la utilización sostenible de los recursos genéticos de cultivos y animales domesticados.

La información sobre secuencias genéticas puede hacer contribuciones útiles a programas de mejoramiento impulsados por los agricultores, como un modo de complementar los conocimientos de los agricultores y la contribución a la base de conocimientos para la gestión a nivel local y las futuras iniciativas de mejoramiento. En el Recuadro 12, se ofrece un ejemplo de Bioversity International. La secuenciación genética también es una herramienta útil y fiable para medir los niveles de la adopción de variedades mejoradas por parte de los agricultores, como se muestra en el Recuadro 13.

Recuadro 12. Combinación de la evolución y la selección de variedades por parte de los agricultores participantes mediante el genotipado: variedades nativas de trigo de Etiopía

En un estudio reciente realizado por Bioversity International en el marco del programa “Seeds for Needs”, se combinaron enfoques participativos, de genómica y genética cuantitativa para rastrear la base genética de las preferencias de los pequeños agricultores respecto a los rasgos del trigo duro de Etiopía. Dos comunidades de pequeños agricultores evaluaron 400 variedades de trigo de Etiopía, principalmente nativas, para hallar rasgos de interés local en dos lugares en las tierras altas de Etiopía. Para cada variedad de trigo, los agricultores realizaron evaluaciones cuantitativas respecto a sus preferencias de época de floración, morfología de la espiga, capacidad de amacollamiento y calidad general. Se midieron 10 rasgos agronómicos y fenológicos simultáneamente en las mismas variedades, proporcionando los medios para compararlos con los rasgos de los agricultores. Se efectuó un genotipado de variedades de trigo duro respecto a más de 80 000 marcadores de SNP y los datos obtenidos se utilizaron en un estudio de asociación del genoma completo que resultó en una disección molecular de los criterios elegidos por los pequeños agricultores. Se hallaron 124 loci de rasgos cuantitativos (LRC) putativos que afectaban a los rasgos de los agricultores y 30 LRC putativos que afectaban a rasgos métricos. El estudio mostró que podían asociarse los conocimientos tradicionales de los pequeños agricultores con LRC respecto a los fenotipos deseados. Estos resultados demuestran que es factible y conveniente recabar la participación de comunidades agrícolas para evaluar directamente amplias colecciones de genotipos empleando un determinado conjunto resumido de rasgos acordados previamente. La combinación de la selección de variedades y el fitomejoramiento moderno participativos no solo puede acelerar las ganancias genéticas en el mejoramiento centrándose en pequeños sistemas de explotación agrícola, sino que también conduce al mejoramiento de variedades que se ajustan en mayor medida a las necesidades de los pequeños agricultores (Kidane *et al.* 2017).

Recuadro 13. Evaluación de la adopción de variedades mejoradas de yuca por parte de los agricultores de Colombia mediante el uso de SNP

Para estimar la adopción de variedades mejoradas de yuca —un cultivo de raíces de propagación vegetativa producido por pequeños agricultores y consumido como alimento básico en muchos países, entre ellos, Colombia—, el CIAT caracterizó el genotipo de 436 muestras de tallos de yuca que representaban las variedades identificadas o mencionadas por los agricultores de 217 hogares.

Utilizando un conjunto de 93 polimorfismos de un solo nucleótido (SNP), se comparó el material genético con muestras principalmente de América Latina albergadas en el banco de germoplasma del CIAT, a fin de determinar su relación genética. Entre los resultados, la información genómica reveló la clasificación errónea de variedades mejoradas cultivadas respecto a variedades locales (37 variedades mejoradas y 180 variedades locales, según la clasificación realizada por los propios agricultores, frente a 20 variedades mejoradas y 197 variedades locales con arreglo a los SNP); ello permitió estimar de forma más precisa la superficie de tierras cultivadas con variedades mejoradas (casi un 13% mediante la caracterización del ADN vs un 24% con arreglo a los agricultores). Puesto que la aplicación de prácticas agronómicas adecuadas está relacionada con las variedades, la identificación errónea puede tener efectos negativos sobre la producción y el rendimiento logrado con los materiales cultivados. Al parecer, los servicios de extensión fueron decisivos en la adopción de variedades mejoradas puesto que, en los lugares donde se ofrecían activamente estos servicios, la información sobre la identificación de las variedades mejoradas y su prevalencia por parte de los agricultores coincidía con la información del ADN. Por último, se identificaron 60 cultivares únicos de yuca no presentes en el banco de germoplasma del CIAT, mostrando la diversidad genética de los cultivos en América Latina, e informando las estrategias de conservación *ex situ* e *in situ* y utilización sostenible (Floro IV, en prensa).

La mayor rapidez a la hora de crear variedades y razas de animales mejoradas no comporta en sí un uso sostenible de la biodiversidad ni contribuye al desarrollo sostenible. Las variedades y razas mejoradas han de incorporarse en sistemas agrícolas sostenibles desde el punto de vista económico, social y ambiental. Ello requerirá los correspondientes avances y contribuciones en materia de agronomía, agua, edafología, ecología del paisaje, análisis de mercado, desarrollo de cadenas de valor, ciencias sociales, servicios de extensión y sistemas de suministro de semillas integrados.

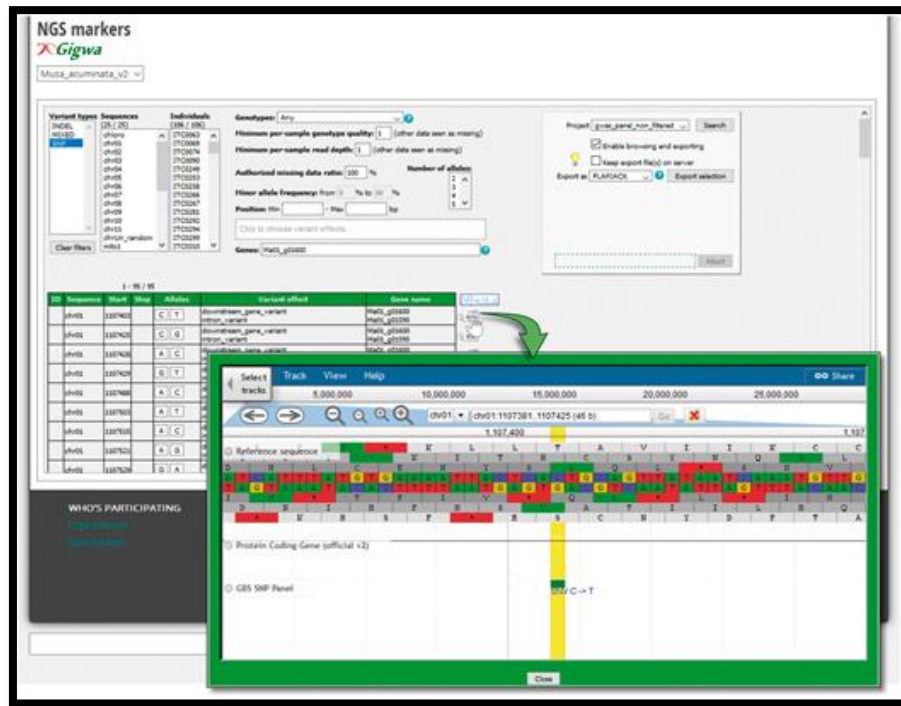
Sistemas de información para la utilización sostenible

El amplio genotipado, vinculado con los rasgos medidos, permite realizar búsquedas en depósitos de germoplasma de material que contiene elementos genéticos o características de rasgos deseados con vistas a su utilización directa en la producción o su introducción en programas para el desarrollo de nuevas variedades. Es fundamental establecer estos sistemas de información para facilitar el uso de información sobre secuencias genéticas, junto con otro tipo de información pertinente, a fin de contribuir, en última instancia, a la utilización sostenible de la biodiversidad. Estos sistemas de información se están elaborando dentro y fuera del CGIAR respecto a muchos cultivos (p. ej., arroz, maíz y plátano [banano]). En el Recuadro 14, se proporcionan dos ejemplos.

Recuadro 14. Ejemplos de sistemas de información mantenidos por los Centros del CGIAR que proporcionan acceso a datos

Sistema de información de germoplasma de *Musa*

A continuación, se muestra una captura de pantalla del sistema de información de germoplasma de *Musa* (<https://www.crop-diversity.org/mgis/>). Este sistema permite a los usuarios explorar la diversidad de genes alélicos en un panel de muestras de plátano (banano) (*Musa* spp.). Esta herramienta y los métodos conexos se describen en Ruas *et al.* 2017.



Base de datos de SNP del arroz

A continuación, se muestra una captura de pantalla de la Base de datos de SNP del arroz (<http://snp-seek.irri.org>) que permite realizar consultas asociadas con 3 024 muestras de arroz secuenciadas. Se describe en [Mansueto et al. Nucleic acid research 2016](#).



4. Información sobre secuencias genéticas y participación justa y equitativa en los beneficios derivados de la utilización de RFAA

La participación en los beneficios en el marco del CDB se regula directa e indirectamente en el artículo 8 letra j) (participación en los beneficios derivados de la utilización de conocimientos tradicionales), el artículo 12 (investigación y capacitación), el artículo 15 (acceso a los recursos genéticos), el artículo 16 (transferencia de tecnología), el artículo 17 (intercambio de información), el artículo 18 (cooperación científica y técnica), el artículo 19 (gestión de la biotecnología y distribución de sus beneficios), el artículo 20 (recursos financieros) y el artículo 21 (mecanismo financiero).

La preocupación acerca de la escasa participación en los beneficios condujo a la negociación del Protocolo de Nagoya sobre acceso a los recursos genéticos y participación justa y equitativa en los beneficios que se deriven de su utilización. El Anexo 1 del Protocolo de Nagoya incluye la siguiente lista no exhaustiva de posibles beneficios monetarios y no monetarios que podrían distribuirse entre las Partes proveedoras de recursos genéticos y conocimientos tradicionales (Recuadro 15).

Recuadro 15. Protocolo de Nagoya, Anexo 1, Beneficios monetarios y no monetarios
1. Entre los beneficios monetarios pueden incluirse, sin limitaciones: a) Tasas de acceso o tasa por muestra recolectada o adquirida de otro modo; b) Pagos por adelantado; c) Pagos hito; d) Pago de regalías; e) Tasas de licencia en caso de comercialización; f) Tasas especiales por pagar a fondos fiduciarios que apoyen la conservación y utilización sostenible de la diversidad biológica; g) Salarios y condiciones preferenciales si fueron mutuamente convenidos; h) Financiación de la investigación; i) Empresas conjuntas; j) Propiedad conjunta de los derechos de propiedad intelectual pertinentes. 2. Entre los beneficios no monetarios pueden incluirse, sin limitaciones: a) Intercambio de resultados de investigación y desarrollo; b) Colaboración, cooperación y contribución en programas de investigación y desarrollo científicos, particularmente actividades de investigación biotecnológica, de ser posible en la Parte que aporta los recursos genéticos; c) Participación en desarrollo de productos; d) Colaboración, cooperación y contribución a la formación y capacitación; e) Admisión a las instalaciones <i>ex situ</i> de recursos genéticos y a bases de datos; f) Transferencia, al proveedor de los recursos genéticos de conocimientos y de tecnología en términos justos y más favorables, incluidos los términos sobre condiciones favorables y preferenciales, de ser convenidos, en particular, conocimientos y tecnología en los que se haga uso de los recursos genéticos, incluida la biotecnología, o que son pertinentes a la conservación y utilización sostenible de la diversidad biológica; g) Fortalecimiento de las capacidades para transferencia de tecnología; h) Creación de capacidad institucional;

- i) Recursos humanos y materiales para fortalecer las capacidades para la administración y aplicación de la reglamentación en materia de acceso;
- j) Capacitación relacionada con los recursos genéticos con la plena intervención de los países que aportan recursos genéticos y, de ser posible, en tales países;
- k) Acceso a la información científica pertinente a la conservación y utilización sostenible de la diversidad biológica, incluidos inventarios biológicos y estudios taxonómicos;
- l) Aportes a la economía local;
- m) Investigación dirigida a necesidades prioritarias tales como la seguridad de la salud humana y de los alimentos, teniendo en cuenta los usos nacionales de los recursos genéticos en la Parte que aporta los recursos genéticos;
- n) Relación institucional y profesional que puede dimanar de un acuerdo de acceso y participación en los beneficios y de las actividades subsiguientes de colaboración;
- o) Beneficios de seguridad alimentaria y de los medios de vida;
- p) Reconocimiento social;
- q) Propiedad conjunta de los derechos de propiedad intelectual pertinentes.

Distribución de beneficios monetarios

Las variedades vegetales mejoradas son la fuente de los beneficios monetarios de los que gozan distintos agricultores en todo el mundo; a una escala más amplia, contribuyen al crecimiento económico nacional y regional. Como se ha señalado anteriormente, se prevé que la información sobre secuencias del genoma desempeñe un papel cada vez más importante en las iniciativas futuras de desarrollo de los cultivos y, por consiguiente, en los beneficios monetarios para agricultores, comunidades, empresas y países.

El Tratado Internacional sobre los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (TI/RFAA) establece disposiciones sobre la distribución de los beneficios monetarios aplicables a la mayor parte de las iniciativas de investigación y desarrollo en las que participa el CGIAR, que incluyen el acceso, la conservación, la mejora y la distribución de RFAA a los receptores subsiguientes. Por consiguiente, los receptores de RFAA de los Centros del CGIAR también tienen la obligación de respetar las condiciones de distribución de los beneficios monetarios en virtud del TI/RFAA. En resumen, el TI/RFAA exige a los usuarios que efectúen pagos del 0,7% de las ventas de semillas de las variedades de plantas comercializadas que incorporen material al que hayan tenido acceso al amparo del Sistema multilateral, salvo cuando ese producto esté a disposición de otras personas para investigación y mejoramiento ulteriores. Los pagos se efectúan a un Fondo internacional de distribución de beneficios y se distribuyen tras la decisión adoptada por el Órgano Rector del TI/RFAA al respecto.

El TI/RFAA (al igual que el CDB y el Protocolo de Nagoya) es aplicable al ámbito de los recursos genéticos físicos y no a la información sobre secuencias del genoma en sí. Por un lado, la información sobre secuencias del genoma aporta valor a las colecciones de RFAA y hace que sea más aconsejable utilizarlas. Si estas colecciones están amparadas por el Sistema multilateral, las condiciones relativas a la participación en los beneficios monetarios se aplicarán, en última instancia, a las variedades de plantas desarrolladas y comercializadas finalmente y que incorporan material genético del Sistema multilateral,

incluido el material mantenido y mejorado por el CGIAR. Por otro lado, también es posible que la información sobre secuencias genéticas de interés o valiosas del material al amparo del Sistema multilateral facilite a los usuarios la información necesaria para identificar las mismas secuencias de material genético no incluido en el Sistema multilateral, lo que les permitiría eludir las disposiciones sobre la participación en los beneficios monetarios que, de lo contrario, se aplicarían.

Las condiciones del acceso y la distribución de beneficios en virtud del Tratado se están examinando actualmente con el objetivo de incrementar a) el flujo de pagos de los usuarios al Fondo de distribución de beneficios y b) la gama de material incluida en el Sistema multilateral. Una opción que se está considerando es la creación de un sistema de suscripción, en virtud del cual los usuarios de RFAA aceptarían suscribirse al Sistema multilateral por un determinado número de años (por ejemplo, 10) durante el que efectuarían pagos al Fondo de distribución de beneficios en función de todas sus ventas de semillas, independientemente de que los productos de RFAA comercializados incorporen o no material del Sistema multilateral. La adopción de este sistema eliminaría la distinción entre los recursos genéticos en sí y la información digital sobre secuencias en cuanto a la distribución de los beneficios monetarios. El hecho de que un usuario acceda o utilice los datos o el material genético sería indiferente en la medida en que efectúe los pagos al Sistema en función de las ventas.

Hay razones adicionales para respaldar un enfoque de suscripción basadas en los desafíos relacionados con la atribución de la contribución de la información sobre secuencias genéticas (y los recursos genéticos en sí). A continuación, se dan tres ejemplos de casos en los que se plantean tales desafíos.

En primer lugar, muchos marcadores podrían contribuir a definir regiones favorables del genoma que podrían contener múltiples genes de importancia. Podría haber varias opciones respecto al uso de un marcador molecular específico para definir una determinada región del genoma. En este caso, ¿cómo es posible asignar un valor al elegir una u otra opción?

En segundo lugar, una variación de secuencias favorable podría estar presente en múltiples genotipos, incluidos los genotipos procedentes tanto del Sistema multilateral de acceso y distribución de beneficios como de otros lugares. ¿Cómo se pueden atribuir o asignar valores a una secuencia del dominio público que queda fuera de las disposiciones del Tratado?

En tercer lugar, los rasgos complejos están controlados por múltiples genes que interactúan entre sí de diferentes maneras en distintos entornos. El efecto de un gen sobre un rasgo agronómico depende de otros genes que contiene el genoma. El valor comercial de un producto depende de la combinación específica de genes y no es simplemente la suma de los efectos de cada gen. ¿Cómo se pueden distinguir los beneficios monetarios de un gen respecto a otro?

Estas son solo algunas hipótesis en las que se ponen de relieve los desafíos relativos a la atribución de beneficios. Podrían evitarse mediante la adopción de un enfoque de suscripción en virtud del cual los beneficios monetarios se basan en el total de las ventas de los cultivos y no requieren el seguimiento o rastreo de la utilización de determinadas secuencias genéticas, ni de los datos al respecto, en el

desarrollo de nuevos productos de RFAA. Mediante este tipo de enfoque simplificado, se espera poder evitar los posibles desincentivos en lo que se refiere al uso de información sobre secuencias del genoma en el futuro y apoyar un enfoque proactivo para el desarrollo y el uso de nuevas tecnologías para la investigación y el desarrollo agrícolas.

Otra opción que parece racional y sencilla desde el punto de vista de las organizaciones de investigación y desarrollo que se ocupan de la conservación, el acceso, la distribución y la utilización de recursos genéticos —pero que actualmente no recibe mucho apoyo de una serie de Partes Contratantes— sería que las Partes Contratantes convinieran en efectuar pagos ellas mismas al Fondo de distribución de beneficios en función del total de ventas de semillas dentro de sus jurisdicciones. Todos los usuarios de esos países podrían disfrutar de la facilidad de acceso a los recursos genéticos en el Sistema multilateral. Con arreglo a esta hipótesis, al igual que la opción de suscripción descrita anteriormente, la distinción entre el acceso a los recursos genéticos en sí y su uso, por un lado, y el acceso a datos sobre secuencias genéticas y su uso, por otro, desaparece a efectos prácticos, así como los desafíos vinculados con la atribución, debido a que los pagos al Fondo de distribución de beneficios reflejan presumiblemente el valor para el usuario que comercializa el acceso a los recursos genéticos o los datos sobre secuencias genéticas o ambos.

Distribución de beneficios no monetarios

El principal *modus operandi* del CGIAR respecto a su misión consiste en generar beneficios no monetarios para los países en desarrollo mediante la colaboración con asociados de esos países. Por lo tanto, no es de extrañar que su labor relacionada con la genómica dé lugar a una serie de beneficios no monetarios, enumerados en el Anexo 1 del Protocolo de Nagoya, a menudo combinados, dependiendo de la naturaleza de los proyectos y asociaciones en cuestión.

Tal vez los beneficios más importantes, en general, de la utilización por parte del CGIAR de la información sobre secuencias del genoma son los “beneficios de seguridad alimentaria y de los medios de vida” (Anexo 1, artículo 2, letra o), tal y como figura en el Recuadro 15 *supra*). En la Sección anterior, se ha puesto de relieve una serie de casos en que la información genómica ha desempeñado, o puede desempeñar, un papel importante en el descubrimiento de genes y combinaciones de genes que, en última instancia, pueden contribuir al desarrollo de nuevas variedades de cultivos y razas de animales más productivas, nutritivas, resistente a enfermedades, menos dependientes de insumos químicos y adaptadas a condiciones climáticas cambiantes, por nombrar algunos. Todos estos rasgos son importantes para la seguridad alimentaria y los medios de vida de los pequeños agricultores.

Dado el surgimiento relativamente reciente de tecnologías de secuenciación de próxima generación, y el tiempo y esfuerzo necesarios para desarrollar nuevas variedades vegetales y razas de animales, aún no existen muchos ejemplos de cadenas de investigación y desarrollo completamente desarrolladas, que comienzan con la generación de datos básicos sobre secuencias y terminan con la introducción de cultivares y razas adoptados por los agricultores. Sin embargo, es evidente que cada vez serán más comunes los nuevos métodos de mejoramiento que se basan en el uso de datos sobre el genoma,

contribuyendo al desarrollo de nuevas variedades y razas de animales adaptadas y más productivas, que son esenciales para la agricultura sostenible. En el Recuadro 16, se presenta un caso concreto en que el uso de herramientas genómicas conducirá a un producto que puede tener enormes repercusiones para la salud de millones de personas en el África subsahariana.

Recuadro 16. La promesa del bioenriquecimiento con provitamina A del maíz mediante el descubrimiento de una variación genética natural

En el marco de un proyecto financiado por el Departamento de Agricultura de los Estados Unidos de América, el Programa de desafío sobre bioenriquecimiento (Harvest Plus) y el Programa Borlaug de becas, entre otros, los investigadores del CIMMYT y varias instituciones educativas y de investigación han participado en iniciativas para desarrollar cultivos de maíz con niveles mejorados de los precursores de la vitamina A⁶. El maíz es un cultivo de subsistencia importante en el África subsahariana, donde la carencia de vitamina A es común y puede conducir a ceguera y a un aumento de la vulnerabilidad a infecciones. Los investigadores han estado trabajando para identificar las variaciones naturales en la cantidad de carotenoides producidos en los granos de maíz a través de estudios de asociación, mapas de ligamiento, análisis de expresión y mutagénesis. La variación natural en el locus de licopeno ciclasa afecta al flujo a través de determinadas vías de carotenoides, incidiendo en el desarrollo ulterior de los compuestos de la provitamina A. La selección de alelos con los marcadores moleculares identificados a través de los datos sobre secuencias permitirá a los obtentores producir granos de maíz mejorando los niveles de vitamina A, lo que podría tener un efecto transformador respecto a la mejora del estado nutricional de millones de personas en el África subsahariana.

Uno de los retos respecto a la introducción de nuevas tecnologías genómicas es asegurar que se utilizan de manera que contribuyan al desarrollo sostenible y generen beneficios para los países en desarrollo y los agricultores que disponen de pocos recursos en los países en desarrollo. Existe un riesgo de que la introducción de estas tecnologías beneficie a los países desarrollados más que a los países en desarrollo, y perpetúe, en lugar de disminuir, la brecha tecnológica entre el hemisferio norte y el sur. Para asegurar que las tecnologías de secuenciación de próxima generación se aplican en beneficio de los países en desarrollo, es importante que las organizaciones nacionales de investigación agrícola de los países en desarrollo participen en calidad de asociados en la identificación de desafíos y corrientes de investigación y desarrollo basadas en la genómica para hacer frente a esos retos, y que participen de forma efectiva en la investigación y el desarrollo.

La transferencia de tecnología (Anexo 1, artículo 2, letra f), las asociaciones y la colaboración (artículo 2, letra b) y la capacitación (artículo 2, letra j) son esenciales para garantizar que los países en desarrollo puedan utilizar estas tecnologías y beneficiarse de ellas. Los recuadros 17, 18, 19, 20 y 21 muestran casos en que las asociaciones, la transferencia de tecnología, el intercambio de información y la

⁶ Harjes *et al.* Natural genetic variation in *lycopene epsilon cyclase* tapped for maize biofortification. *Science* 319:330-33, 18 de enero de 2008.

capacitación con la participación de los Centros del CGIAR permiten llevar a cabo actividades de investigación y reforzar la capacidad de otros actores en los países en desarrollo para utilizar eficazmente los recursos genómicos.

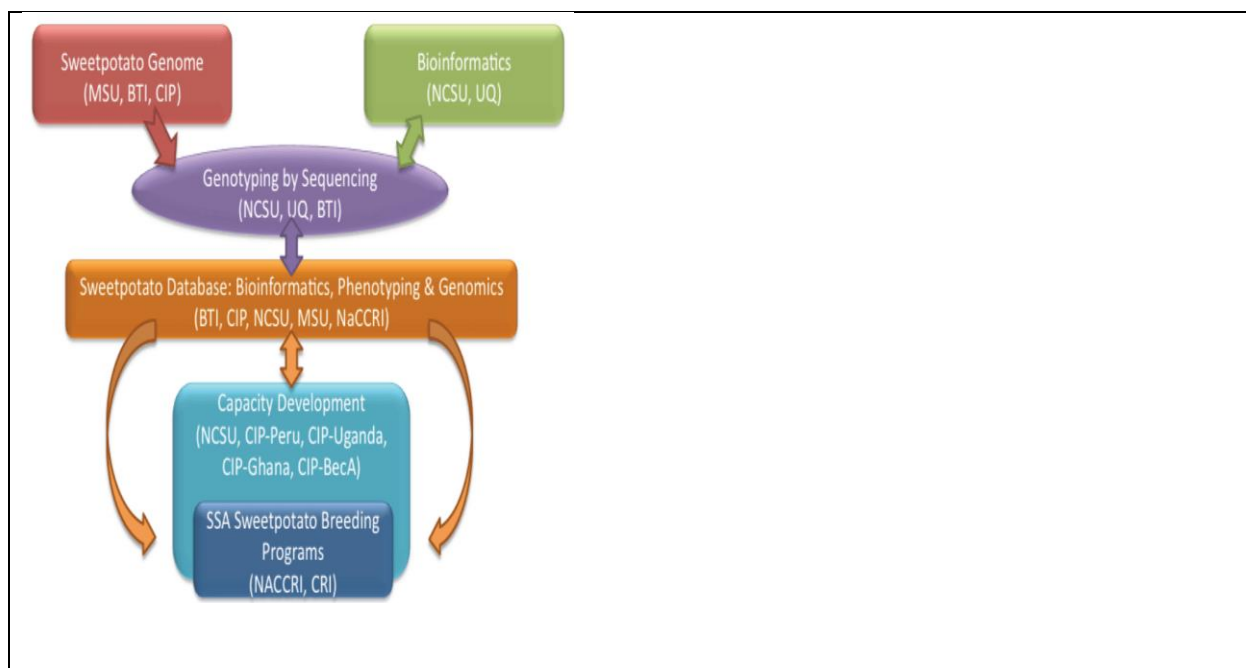
Recuadro 17. Cómo abordar los desafíos del cambio climático a través de la cogeneración y transferencia de tecnologías para la caracterización genética y el mejoramiento de cultivos

El CIMMYT, el ICARDA y el IRRI vienen colaborando con organizaciones nacionales de investigación de 13 países de África y Asia meridional en la cogeneración y el intercambio de tecnologías para la caracterización genética y el mejoramiento del trigo, la cebada y el arroz asistidos por marcadores, centrándose en los rasgos y alelos que son importantes para la adaptación de los cultivos al cambio climático. Estos esfuerzos están teniendo lugar en el marco de cuatro proyectos financiados por el Fondo de distribución de beneficios del TI/RFAA como parte de la tercera ronda de proyectos apoyados por el Fondo. La capacitación de investigadores de plantas, obtentores e informáticos procedentes de los países participantes y de otros países sobre el uso de herramientas genómicas es un componente fundamental de los cuatro proyectos.

Recuadro 18. Cómo aumentar la capacidad de los programas de mejoramiento de África para incorporar herramientas genómicas en el mejoramiento de la batata

El Proyecto sobre herramientas genómicas para la batata (GT4SP) está financiado por la Fundación Bill y Melinda Gates y dirigido por la Universidad Estatal de Carolina del Norte, en colaboración con el Centro Internacional de la Papa (CIP), el instituto Boyce Thomson de la Universidad Cornell, la Universidad Estatal de Michigan, la Universidad de Queensland-Brisbane (Australia), la Organización Nacional de Investigación Agrícola de Uganda, el Instituto Nacional de Investigaciones sobre Recursos de Cultivos de Uganda y el Consejo de Investigación Científica e Industrial y el Instituto de Investigación de Cultivos de Ghana.

El proyecto pretende desarrollar herramientas modernas de genómica, genética y bioinformática para facilitar el mejoramiento de los cultivos y fomentar las ganancias genéticas en la batata, un cultivo comercial importante desde el punto de vista de la seguridad alimentaria con un elevado potencial reconocido para reducir el hambre, la carencia de vitamina A y la pobreza en el África subsahariana y cultivado predominantemente en pequeñas explotaciones por agricultoras pobres. Uno de los componentes del proyecto (que se representan en la Figura, a continuación) se centra en el fomento de la capacidad. Se están organizando talleres y seminarios de capacitación tradicionales y basados en la web dirigidos a organizaciones asociadas de África para facilitar el acceso a marcadores moleculares y su utilización en programas de mejoramiento.



Recuadro 19. Asociaciones y fomento de la capacidad en el marco de la iniciativa “MasAgro Biodiversidad” dirigida por el CIMMYT

La iniciativa “MasAgro Biodiversidad” (Descubriendo la diversidad genética de la semilla [Seeds of Discovery, Seed]) dirigida por el CIMMYT tiene por objeto aumentar la utilización eficaz y equitativa de los recursos genéticos del maíz y el trigo conservados en los bancos de germoplasma y la participación en los beneficios derivados de los mismos. Se está creando una plataforma públicamente accesible de germoplasma, datos, herramientas y servicios a través de asociaciones entre los sectores público y privado que aportan experiencia y recursos para el proyecto (véase <http://seedsofdiscovery.org/es/catalogo/>). El fomento de la capacidad, que incluye proyectos de tesis de licenciados, seminarios técnicos, proyectos de científicos visitantes y herramientas informáticas públicamente disponibles, constituye la piedra angular de una estrategia para mejorar y ampliar las repercusiones de los proyectos y proporcionar un marco equitativo para la innovación científica y la distribución de beneficios.

A comienzos de 2016, las “convocatorias de propuestas” públicas de científicos mexicanos han invitado a formular peticiones de colaboración con el proyecto MasAgro Biodiversidad, o para trabajar en el mismo, sobre objetivos concretos definidos por los usuarios para reforzar los programas de los usuarios. En 2016, se recibieron 11 propuestas, cinco de las cuales se ejecutaron. Los temas eran la caracterización de la resistencia a la roya amarilla de las muestras de trigo de México; la caracterización genómica de las muestras de maíz en el banco de germoplasma de la Universidad de Guadalajara; el desarrollo y validación de modelos informáticos para seleccionar muestras del banco de germoplasma basados en la frecuencia alélica; recursos genéticos del maíz forrajero de las tierras altas de México; y análisis de variedades locales de maíz pigmentado. Los científicos provenían de tres universidades y el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) de México. En 2017, se recibieron nueve propuestas, ocho de las cuales se están ejecutando. Los temas incluyen la confección de mapas asociados con la adaptación en las tierras altas de la zona central de

México; la identificación de regiones genómicas de la variedad de maíz reventón mexicano “Palomero Toluqueño” asociada a la adaptación a zonas de montaña; la calidad nutricional del maíz; la identificación de patrones heteróticos para líneas de maíz de una empresa privada mediana; la identificación de marcadores moleculares asociados con la expansión del maíz reventón (la calidad del estallido); la búsqueda de fuentes de resistencia a la enfermedad del carbón parcial del trigo; y dos proyectos sobre diversidad genómica del café. Los científicos provenían de tres universidades, una institución de investigación pública nacional, una empresa privada productora de semillas y el INIFAP de México. Los dos proyectos de café son especialmente interesantes porque los científicos mexicanos obtuvieron financiación y se acercaron al CIMMYT para ayudarles a ejecutar un proyecto similar a MasAgro Biodiversidad a fin de caracterizar la diversidad de la colección de germoplasma del café de México.

Además de las convocatorias de propuestas anuales, siete instituciones, la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), el INIFAP-Sinaloa (México), el Centro Nacional de Recursos Genéticos (CNRG) de México, el Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE) (Costa Rica), el ICARDA, el IITA y una empresa privada productora de semillas de México han utilizado los servicios de genotipado del proyecto MasAgro Biodiversidad para mejorar su propia investigación. Casi 300 científicos y técnicos han participado en diversos talleres técnicos y 34 estudiantes han realizado sus proyectos de tesis de doctorado, maestría o licenciatura en el marco de MasAgro Biodiversidad.

Recuadro 20. Ejemplos de programas de fomento de la capacidad en los Centros del CGIAR

Capacitación de obtentores vegetales de la Academia de Fitomejoramiento de África en el ICRAF-AOCC

El AOCC y el ICRAF junto con la Universidad de California en Davis (Estados Unidos de América), establecieron la Academia de Fitomejoramiento de África (AfPBA), que imparte capacitación a unos 120 obtentores vegetales de África durante un período de cinco años (2015-2020). Aproximadamente, se imparte capacitación a 25 obtentores al año. Hasta la fecha, se ha capacitado a unos 50 obtentores y se está formando a otros 25 en la actualidad. El programa cuenta con un proceso de selección inclusivo que tiene en cuenta la representación geográfica y de género, así como diversos cultivos, especialmente árboles y cultivos secundarios. Para obtener más información, véase:

<http://africanorphancrops.org/africa-plant-breeding-academy/>.

Fomento de la capacidad en África sobre genómica y genética cuantitativa de animales

Cada año, Biociencias para África del Este y Central (BECA) y el Instituto Internacional de Investigación en Ganadería (ILRI) organizan conjuntamente un curso sobre genómica y genética cuantitativa de animales. La finalidad de esta colaboración es reforzar la capacidad de la comunidad científica africana en el entendimiento y la aplicación de métodos de genómica y genética cuantitativa para respaldar la investigación en aras de mejorar los productos agrícolas y la seguridad alimentaria en la región. El curso de capacitación de 10 días de duración sobre genética y genómica de animales se centra en individuos de países del África central y oriental que actualmente están afiliados a un programa nacional de investigación o universidad en los países beneficiarios. Se lleva a cabo en el campus del ILRI de Nairobi. La participación está subvencionada, en algunos casos. El curso incluye conferencias y sesiones prácticas sobre genética de poblaciones, modelos lineales mixtos, marcadores genéticos, GWAS y selección genómica, entre otros temas. Los participantes también tendrán sesiones prácticas programadas.

Plataforma gratuita y accesible para todos de aprendizaje en línea para acelerar el desarrollo de variedades de maíz y trigo mejorados

Una plataforma de aprendizaje en línea creada en colaboración con la iniciativa Seeds of Discovery (Seed) del CIMMYT (en México), el Instituto Nacional de Botánica Agrícola (NIAB) (Cambridge, Reino Unido) y Diversity Arrays Technology Pty (Canberra [Australia]) que comprende módulos teóricos y prácticos de aprendizaje a distancia acerca de cómo mejorar la utilización de la diversidad genética en el trigo y el maíz. Los módulos están disponibles en línea de forma gratuita y están abiertos a toda persona que desee tener acceso a ellos. El primer módulo se centra en la teoría de datos genotípicos, su importancia para la diversidad genética, cómo se utiliza y las tecnologías empleadas para generar y analizar los datos. El segundo módulo se centra en el uso práctico de KDSmart, una aplicación basada en Android para registrar información sobre los rasgos físicos (datos fenotípicos) de las variedades de maíz y trigo *in situ*. Los módulos se complementan con vídeos que muestran cómo ayudar a los usuarios potenciales a resolver los problemas encontrados en sus investigaciones y explican los objetivos y resultados de la iniciativa Seeds of Discovery. La creación de la plataforma y los módulos fue impulsada por la necesidad de llegar a un número mucho mayor de investigadores que a través de los espacios limitados de los cursos y talleres presenciales ofrecidos por Seed sobre el análisis de la diversidad genética, el mejoramiento y el uso de los conjuntos de datos y herramientas informáticas. Los módulos se dirigen a estudiantes de postgrado, investigadores, obtentores vegetales y miembros de universidades. Inicialmente se elaboró en español, para responder a las necesidades relativas al fomento de la capacidad de usuarios de México y América Latina, pero ahora estará disponible en inglés para llegar a un abanico más amplio de personas interesadas en la caracterización y utilización de la diversidad genética.

Puede encontrarse más información en el siguiente enlace:

<http://seedsofdiscovery.org/new-online-learning-platform-offers-capacity-development-for-all/>

Recuadro 21. Cómo lograr un equilibrio en el uso de información digital sobre el genoma en el marco del SAGA del CIMMYT

El Servicio de Análisis Genético para la Agricultura (SAGA) del proyecto de Seeds of Discovery (Seed), financiado por el gobierno de México y ejecutado por el CIMMYT desde 2011, ha utilizado la tecnología DArTseq para caracterizar genéticamente el 100 % de la colección de maíz del CIMMYT (unas 29 000 muestras) y aproximadamente el 40 % de las 150 000 muestras de la colección de trigo del CIMMYT. Instituciones públicas y privadas como la UNAM (México), el INIFAP-Sinaloa (México), el CNRG (México), el CATIE (Costa Rica), el ICARDA, el IITA y una empresa privada productora de semillas de México han utilizado los servicios de genotipado del proyecto Seed para mejorar su propia investigación. Muchos de los investigadores mexicanos colaboran con Seed, para abordar sus necesidades específicas en el marco del programa (como la tolerancia al calor o la sequía, la resistencia a enfermedades) y oportunidades (como la mejora de la calidad nutricional, la mejora de la productividad del forraje) en sus propios proyectos. En la esfera del fortalecimiento de la capacidad de investigación agrícola en México, varias instituciones públicas y empresas privadas se han beneficiado de la formación de 267 participantes que asistieron a 18 seminarios técnicos. Estudiantes de diferentes niveles (16 de doctorado, 10 de maestría y 15 de licenciatura) y están realizando sus proyectos de tesis sobre temas relacionados con la agricultura, con el apoyo de Seed.

Otro desafío —mucho más cerca del extremo posterior de la cadena de I+D—, que es común a todos los programas de mejoramiento de cultivos y animales, incluidos los que integran el uso de información sobre secuencias del genoma) es asegurar que las variedades y razas mejoradas son utilizadas realmente por los agricultores. Si, al final, no están disponibles las semillas de calidad de las variedades mejoradas para su uso por parte de los agricultores, todos los esfuerzos de investigación anteriores se perderán y nadie se beneficiará. Los factores que pueden contribuir a esta situación —como las deficiencias en los sistemas de semillas, la falta de extensión efectiva, la falta de inversión, escasos vínculos con el mercado, entre otras cuestiones— quedan fuera del alcance de este documento. Sin embargo, es importante subrayar que estas cuestiones fundamentales tienen un impacto significativo en la distribución de los beneficios que pueden generarse a través del uso de la información sobre secuencias genéticas en el mejoramiento de los cultivos.

Compartir los resultados de la investigación también es un beneficio importante (artículo 2, letra b), al igual que el acceso a las colecciones *ex situ* de recursos genéticos y los datos relacionados (artículo 2, letra e). Por supuesto, los datos sobre secuencias genéticas en sí son resultado de la investigación, al igual que los marcadores, la información sobre loci de rasgos cuantitativos (LRC), los rasgos y las plataformas de genómica creadas para facilitar otros tipos de investigaciones.

La política del CGIAR consiste en abordar todos los resultados de estas investigaciones como bienes públicos mundiales, para que estén públicamente disponibles para su uso por otras personas. El CGIAR adoptó en 2012 una política sobre la gestión de bienes intelectuales y, en 2013, una política de acceso abierto, y en ambas se subraya este planteamiento básico. La política sobre bienes intelectuales permite a los centros restringir el acceso a un determinado bien intelectual, en caso necesario, para su desarrollo o difusión ulteriores en cumplimiento de la misión del CGIAR. Sin embargo, aun en los casos en que tales restricciones estén justificadas, en dicha política se especifica que el bien intelectual debe estar disponible libremente para las organizaciones públicas en los países en desarrollo para fines de investigación y mejoramiento.

Los Centros del CGIAR comparten información sobre los recursos genéticos en las colecciones internacionales que albergan a través de sus propias bases de datos y de los sitios web GRIN Global y Genesys. Una iniciativa importante del CGIAR es participar en el establecimiento del denominado Sistema mundial de información y alerta sobre los recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura (GLIS) en virtud del TI/RFAA. Finalmente, en el marco del Sistema mundial de información GLIS, los bancos de germoplasma del CGIAR establecerán identificadores digitales de objetos (DOI) para todos los recursos genéticos que se hallen en sus colecciones internacionales de RFAA. Estos identificadores proporcionarán un medio para garantizar que los resultados de la investigación, incluida la investigación genómica, están asociados con los RFAA conservados por los Centros y a disposición de la comunidad internacional en el marco del TI/RFAA, y que puede realizarse un rastreo a tal efecto.

Como en el caso de los cultivos, se espera que la información sobre secuencias del genoma desempeñará un papel cada vez más importante en iniciativas futuras de selección o cría de animales, con el consiguiente aumento de los beneficios derivados de la ganadería y la acuicultura, que habrán de

distribuirse entre agricultores, comunidades, empresas y países. Los patrones y el sentido del intercambio de germoplasma animal son Norte-Norte, Norte-Sur y, en cierta medida, Sur-Sur, pero más limitados Sur-Norte. Las estrategias de mejoramiento dirigidas a los países en desarrollo deben adaptarse a las particularidades y necesidades de los sistemas en pequeña escala, donde las razas locales tienen un mayor potencial para contribuir significativamente al desarrollo rural. En este escenario, se espera que los beneficios no monetarios tengan un mayor impacto, sobre todo si se presta especial atención a apoyar a las comunidades que conservan razas y agroecosistemas específicos y se fomentan programas de mejoramiento descentralizados basados en la comunidad, adaptados a comunidades específicas (Köhler-Rollefson y Meyer. 2015; Marshall, K. *et al.* 2009).

Publicaciones citadas

Collard, B.C., Mackill, D.J. 2008. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 12; 363(1491):557.

Floro IV, V., Labarta, R., Becerra López-Lavalle, L. A., Martínez, J. M. y Ovalle, T. M. 2017. Household determinants of the adoption of improved cassava varieties using DNA fingerprinting to identify varieties in farmer fields: A case study in Colombia. *Journal of Agricultural Economics*, en Press.

Hawkes J. G. 1990. *The potato: evolution, biodiversity and genetic resources*. Belhaven Press, Oxford (Reino Unido).

Servicio Internacional para la Adquisición de Aplicaciones Agrobiotecnológicas (ISAAA). 2016. *Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops: 2016*. ISAAA Brief n.º 52. ISAAA: Ithaca (Nueva York).

Jianlin, H., Ochieng, J.W., Lkhagva, B. y Hanotte, O. 2004. Genetic diversity and relationship of domestic Bactrian camels (*Camelus bactrianus*) in China and Mongolia. *Journal of Camel Practice and Research* 11(2): 97.

Kidane, Y., Mancini, C., Mengistu, D., Frascaroli, E., Fadda, C., Pè, M. E. y Dell'Acqua, M. 2017. Genome Wide Association Study to Identify the Genetic Base of Smallholder Farmer Preferences of Durum Wheat Traits. *Front. Plant Sci.* 8:1230.

Köhler-Rollefson. I. y Meyer, H. 2015. *Access and Benefit-sharing of Animal Genetic Resources*. Bonn: The ABS Capacity Development Initiative. Ober-Ramstadt: The League of Pastoral People and Endogenous Livestock Development.

Marshall, K., Quiros-Campos, C., van der Werf, J.H.J., Kinghorn, B. 2009. Marker-based selection within small-holder production systems in developing countries. *Livestock Science.* 136 (1)

McCouch, S. *et al.* 2016. Open access resources for genome-wide association mapping in rice. *Nature communications.* 7

- McCouch, S. McNally, K.L., Wang, W. y Sackville Hamilton, R. 2012. Genomics of gene banks: A case study in rice. *Am J Bot.*, 99 (2):407
- McNally, K.L. *et al.* 2009. Genomewide SNP variation reveals relationships among landraces and modern varieties of rice. *Proc Natl Acad Sci U S A.*,106(30):12273
- Ogbonnaya, F. C., Imtiaz, M., DePauw, R. M., 2007. Haplotype diversity of preharvest sprouting QTLs in wheat. *Genome.* 50(2):107.
- Pandey, M. K. *et al.* 2014. Genomewide Association Studies for 50 Agronomic Traits in Peanut Using the 'Reference Set' Comprising 300 Genotypes from 48 Countries of the Semi-Arid Tropics of the World. *PLoS ONE.* 9(8)
- Petolino, J. F., Srivastava, V., Daniell, H. 2016. Editing Plant Genomes: a new era of crop improvement. *Plant Biotechnology Journal.* 14 (2): 435
- Puchta, H. 2017. Applying CRISPR/Cas for genome engineering in plants: the best is yet to come. *Current Opinion in Plant Biology.* 36:1–8
- Romero Navarro *et al.* 2017. A study of allelic diversity underlying flowering-time adaptation in maize landraces. *Nature Genetics.* 49: 476
- Ruas, M., *et al.* 2017. MGIS: managing banana (*Musa* spp.) genetic resources information and high-throughput genotyping data. *Database*, vol. 2017
- Russell, N. 2015. Genome Editing: as Easy, Useful and Safe as it sounds? Disponible en: <http://blog.ciat.cgiar.org/genome-editing-as-easy-useful-and-safe-as-it-sounds/> (consultado el 21 de septiembre de 2017)
- Sardos, J. *et al.* 2016. A Genome-Wide Association Study on the Seedless Phenotype in Banana (*Musa* spp.) Reveals the Potential of a Selected Panel to Detect Candidate Genes in a Vegetatively Propagated Crop. *PLoS ONE.* 11(5)
- Schimpl S. y Puchta, H. 2016. Revolutionizing plant biology: multiple ways of genome engineering by CRISPR/Cas. *Plant Methods.* 12:8
- Upadhyaya, H. y Ortiz, R. 2001. A mini core subset for capturing diversity and promoting utilization of chickpea genetic resources in crop improvement. *R. Theor Appl Genet.* 102: 1292.
- Upadhyaya, H. *et al.* 2016. Association mapping of germinability and seedling vigor in sorghum under controlled low-temperature conditions. *Genome.* 59(2):137
- Valdés, S., D. Marín, G. Delgado, M. Prías, M. Endo, T. Seiichi M. Ishitani, P. Chavarriaga, J. Tohme. *Editing the genome of rice (IR64) to remove selectable markers.* Ninth Latin American and Caribbean

Agricultural and Forestry Biotechnology Meeting “IX Encuentro REDBIO 2016-PERU”. 27 de junio-1.º de julio de 2016. Lima (Perú)

Vikram, P. *et al.* 2016. Unlocking the genetic diversity of Creole wheats. *Sci. Rep.* 6: 23092.

Wolfe, M. D. *et al.* 2016. Genome-Wide Association and Prediction Reveals Genetic Architecture of Cassava Mosaic Disease Resistance and Prospects for Rapid Genetic Improvement. *Plant Genome*. 9(2)

Yang, X. S. *et al.* 2011. Gene expression biomarkers provide sensitive indicators of in planta nitrogen status in maize. *Plant Physiol.* 157(4):1841-52

Zhao, K. *et al.* 2011. Genome-wide association mapping reveals a rich genetic architecture of complex traits in *Oryza sativa*. *Nat Commun.* 13; 2: 467.

ⁱ El presente informe fue redactado por un equipo básico integrado por Michael Halewood (Bioversity), Isabel López Noriega (Bioversity), Dave Ellis (CIP), Carolina Roa (CIAT), Mathieu Rouard (Bioversity) y Ruairaidh Sackville Hamilton (IRRI). También contó con la colaboración de Matthew Morell (IRRI), Marianne Banziger (CIMMYT), Etienne Duveiller (Centro Africano del Arroz), Hari D Upadhyaya (ICRISAT), Kevin Pixley (CIMMYT), Theresa Gresl (CIMMYT), Marie-Noelle Ndjiondjop (Africa Rice), Michael Abberton (IITA), Peter Wenzl (CIAT), Alice Muchugi (ICRAF), Elise Perset (SMO), Prasad Hendre (ICRAF), Marianne Yazbek (ICARDA), Hugo Campos (CIP), Carlo Fadda (Bioversity) y Rajneesh Paliwal (IITA).