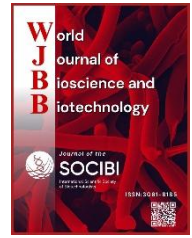




SOCIBI
Sociedad Científica Internacional
de Biotecnólogos A.C.

World Journal of Bioscience and Biotechnology 2026, 2 (1):29-42

Journal homepage: <https://socibiotech.com/journals/wjbb>



MINIREVIEW

ISSN: 3061-8185



Herramientas del fitomejoramiento moderno para obtener nuevos cultivares

Modern plant breeding tools to obtain new cultivars

Rodomiros Ortiz 

Departamento de Fitomejoramiento, Universidad Sueca de Ciencias Agrícolas (SLU), P.O. Box 190, SE-234 22, Lomma, Suecia



Rodomiros Ortiz
rodomiros.ortiz@slu.se

ABSTRACT

The modernization of plant breeding stems from the strategic convergence of biotechnology and big data analytics to address the climate crisis with more resilient, sustainable, and high-quality cultivars that meet consumer demand. Using high-density molecular markers, plant breeders identify specific genes and select superior genotypes without waiting for the trait to express physically, drastically reducing breeding cycles. This precision is enhanced by high-throughput phenotyping, where drones and sensors capture environmental variables that are integrated into predictive genomics models. Algorithms simultaneously analyze genealogical and structural information to estimate the genetic value of individuals, enabling the prioritization of crosses with the

greatest potential for success across diverse ecosystems. Meanwhile, bioinformatics acts as the engine that processes these massive volumes of data to locate candidate genes, while gene editing makes precise modifications that introduce resilience traits with surgical accuracy. Finally, the resulting germplasm undergoes rigorous molecular validations and local adaptation tests, ensuring that the new cultivars are not only productive but also sustainable and capable of ensuring global food sovereignty. This review builds upon the historical context of plant domestication and evolution, while integrating contemporary advancements in agrobiotechnology, thereby bridging different strands of research to present a cohesive narrative on the future of plant breeding.

Keywords: Bioinformatics, climate change, gene editing, genomics, high-throughput phenotyping, resilience.

RESUMEN

La modernización del fitomejoramiento surge de la convergencia estratégica entre biotecnología y análisis masivo de datos para enfrentar la crisis climática con cultivares más resilientes, sostenibles y con calidad para satisfacer a los consumidores. Mediante el uso de marcadores moleculares de alta densidad, los fitomejoradores identifican genes específicos y seleccionan genotipos superiores sin esperar a la expresión física del rasgo, lo cual reduce drásticamente los ciclos de mejoramiento genético. Esta precisión se potencia con la fenotipificación de alto rendimiento, donde drones y sensores capturan variables ambientales que se integran a modelos de genómica predictiva. Los algoritmos analizan simultáneamente información genealógica y estructural para estimar el valor genético de los individuos, permitiendo priorizar los cruzamientos con mayor potencial de éxito en diversos ecosistemas. Por su parte, la bioinformática

actúa como el motor que procesa estos volúmenes masivos de datos para localizar genes candidatos, mientras que la edición génica efectúa modificaciones puntuales que introducen caracteres de resiliencia con exactitud quirúrgica. Finalmente, el germoplasma resultante atraviesa rigurosas validaciones moleculares y pruebas de adaptación local, garantizando que los nuevos cultivares no solo sean productivos, sino también sostenibles y capaces de asegurar la soberanía alimentaria global. Este artículo se basa en el contexto histórico de la domesticación y la evolución de las plantas, al tiempo que integra los avances contemporáneos en agrobiotecnología, uniendo así diferentes líneas de investigación para presentar una narrativa coherente sobre el futuro del fitomejoramiento.

Palabras clave: Bioinformática, cambio climático, edición genética, genómica, fenotipado de alto rendimiento, resiliencia.

Received: 20 December 2025 / Received in revised form: 9 March 2026 / Accepted: 25 March 2026 / Published online: 26 March 2026.

<https://doi.org/10.29267/wjbb.2026.2.1.29-42>

1. Introducción

La domesticación de plantas, la evolución de los cultivos y el mejoramiento genético constituyen un proceso evolutivo continuo e interconectado que ha transformado la biodiversidad global bajo la influencia de la selección artificial (Beermink *et al.*, 2025). Este ciclo comenzó con la domesticación, cuando la selección humana de plantas silvestres fijó características fundamentales; como la pérdida de la dehiscencia o el aumento del tamaño del fruto, y continuó con la evolución de los cultivos, que permitió la diversificación en cultivares tradicionales y razas locales adaptadas a nichos específicos (Gómez-Fernández, 2025). Actualmente, el mejoramiento genético moderno aprovecha este legado mediante herramientas científicas avanzadas (Ortiz, 2015). Por ejemplo, mediante el fitomejoramiento por cruzamientos y selección, junto con herramientas modernas como el estudio integral de los genomas y la modificación dirigida del material genético es posible optimizar de forma acelerada características específicas como el rendimiento, la resiliencia ante el estrés abiótico y la resistencia a patógenos en cultivares que han sido modificados durante siglos. En última instancia, estos tres pilares están unidos por la intervención humana, que ha guiado la transición desde ancestros silvestres hasta cultivos de alto rendimiento. Hoy, el conocimiento del genoma (Tang *et al.*, 2010) permite enfrentar los desafíos climáticos y garantizar la seguridad alimentaria global. En este contexto, el presente artículo de revisión expone cómo el mejoramiento vegetal moderno integra la biotecnología, la genómica y el análisis de grandes volúmenes de datos ('big data') para desarrollar cultivares más resilientes y sostenibles, especialmente frente al cambio climático.

2. El continuo de la transformación vegetal: De la naturaleza a la mesa

La domesticación de plantas, la evolución de los cultivos y el mejoramiento genético moderno no constituyen eventos aislados, sino que forman un continuo evolutivo unificado por la selección artificial. Su hilo conductor ha sido la capacidad humana de dirigir el cambio biológico. Este proceso dinámico comenzó con la transición de especies silvestres a formas domesticadas, continuó con la diversificación de razas locales y culmina hoy en el desarrollo de cultivares de élite. El conocimiento de la genética vegetal ha facilitado convertir las plantas silvestres en cultivos más productivos y resistentes, contribuyendo al suministro de alimentos a nivel mundial.

A lo largo de milenios, la humanidad ha transformado las especies vegetales mediante la selección de características deseables como, por ejemplo, el aumento del tamaño de las semillas, la pérdida de mecanismos de dispersión natural, la mejora del sabor y la eliminación de compuestos amargos. Esta actividad dio lugar al desarrollo de las diversas razas locales. Este fenómeno de coevolución gradual, impulsado frecuentemente por una selección inconsciente, generó una codependencia biológica en la que las plantas perdieron su aptitud para la vida silvestre a cambio de una mayor utilidad agrícola. Este

proceso culminó en el denominado «síndrome de domesticación» (Hammer, 1984), que es un conjunto convergente de alteraciones genéticas que provocaron cambios estructurales profundos en la morfología y fisiología de las plantas, redefiniendo por lo tanto su arquitectura para satisfacer las necesidades humanas.

Tras la domesticación inicial, los cultivos se dispersaron y diversificaron en una vasta gama de cultivares locales, adaptándose a diversos entornos y necesidades mediante la selección empírica de los agricultores y procesos de hibridación o introgresión que ampliaron su base genética (Ramstein *et al.*, 2019). En la actualidad, el fitomejoramiento avanzado potencia este legado al integrar la genética mendeliana con herramientas biotecnológicas modernas, como la genómica y la edición genética, que permite modificar los cultivos con más precisión (Priyadarshan y Ortiz, 2025). Este enfoque transita desde los cruzamientos convencionales hasta la selección asistida por marcadores para optimizar características complejas, incluyendo la resistencia a patógenos, la tolerancia al estrés abiótico y el rendimiento máximo. Aprovechando las bases genéticas de la domesticación así como la diversidad generada durante la evolución de los cultivos (Purugganan, 2019), se acelera el progreso agrícola, al mejorar las características que superan los objetivos alcanzables por los métodos tradicionales. De esta manera se contribuye a la resiliencia de los sistemas alimentarios.

Existe una relación intrínseca y circular entre la domesticación, que sentó las bases de la agricultura, la evolución de los cultivos, que expandió ese potencial mediante la diversificación y la adaptación local, y el fitomejoramiento moderno, que transforma estas plantas con herramientas biotecnológicas de alta precisión para los sistemas alimentarios globales. Esta interconexión permite que el estudio profundo de la genética de la domesticación temprana potencie un fitomejoramiento más inteligente, facilitando incluso la re-domesticación *de novo* o la reintroducción estratégica de alelos beneficiosos provenientes de ancestros silvestres. Al recuperar las características de resiliencia y variabilidad genética que se perdieron durante los "cuellos de botella evolutivos" (o las reducciones en la diversidad genética durante la domesticación y selección), no solo mejora la productividad, sino que se fortalece la plasticidad de los cultivos frente a los desafíos ambientales emergentes.

3. Predicción genómica para la precisión en la selección

A diferencia de la selección asistida por marcadores (SAM), la selección genómica (SG) no se limita a identificar loci individuales, sino que utiliza marcadores distribuidos en todo el genoma para capturar incluso variantes de efecto pequeño y predecir el rendimiento con alta precisión (Meuwissen *et al.*, 2001). Este enfoque estima los efectos alélicos de manera imparcial basándose en una población de entrenamiento (TP, por sus siglas en inglés: training population), que ha sido genotipada y fenotipada, para calcular los valores

genéticos estimados genómicamente (GEBV, genomic estimated breeding values) en una población de mejoramiento (BP, breeding population) que solo requiere genotipado. Al desvincular el avance genético del fenotipado extensivo, la SG acelera la ganancia genética por unidad de tiempo, reduce los intervalos generacionales y optimiza la selección de parejas, siempre que se realicen reestimaciones frecuentes para mantener el desequilibrio de ligamiento entre marcadores y loci de características cuantitativas (QTL, quantitative trait loci). Además, en contextos de autofecundación, la SG potencia la obtención de genotipos superiores al incrementar la intensidad de selección y la heredabilidad, especialmente cuando el rasgo está controlado por más de 20 QTL (Mayor y Bernardo, 2009).

Los datos genómicos han transformado el fitomejoramiento al permitir la predicción del mérito genético mediante modelos de SG, los cuales superan en capacidad predictiva a los métodos basados en genealogía, especialmente al seleccionar líneas sin fenotipos observados. La eficacia de esta herramienta reside en la precisión de la predicción, que es la correlación entre el GEBV y el valor genotípico real. La exactitud está determinada por factores críticos de la población de entrenamiento (TP) como su tamaño (N), la densidad de marcadores (NM), la arquitectura genética del rasgo, la heredabilidad (h^2) y la extensión del desequilibrio de ligamiento (LD) entre marcadores y QTL. En consecuencia, un incremento en N , NM y h^2 optimiza la precisión del modelo (Desta y Ortiz, 2014), el cual debe ser lo suficientemente robusto para integrar no solo los efectos aditivos principales, sino también las interacciones epistáticas que contribuyen a la variación de la característica.

3.1 Caso de estudio: GS en papa tetrasómica

La papa (*Solanum tuberosum* L.; $2n = 4 \times = 48$ cromosomas) es el tercer alimento básico más importante a nivel mundial y enfrenta desafíos críticos de sostenibilidad debido a su vulnerabilidad a patógenos como *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary (oomiceto causante del tizón tardío), lo que históricamente ha forzado un uso costoso y ambientalmente riesgoso de pesticidas. A pesar de su relevancia económica y diversidad de consumo, el fitomejoramiento convencional basado en cruces de élite y selección fenotípica visual ha resultado en ganancias genéticas estancadas para el rendimiento de tubérculos; i.e., $< 0.4\%$ anual (Douches *et al.*, 1996; Ortiz *et al.* 2022b; Sood *et al.*, 2022). Esto evidencia la ineficiencia de los métodos tradicionales frente a la complejidad de este cultivo tetrasómico. No obstante, la reciente secuenciación del genoma de la papa (The Potato Genome Sequencing Consortium, 2011) ha marcado un cambio de paradigma hacia un enfoque intensivo en conocimiento, donde la SG surge como la herramienta estratégica para abordar el estancamiento genético y optimizar la resiliencia del cultivo mediante predicciones precisas y una mayor eficiencia en la selección de clones superiores (Slater *et al.*, 2016).

El mejoramiento *in silico*, es decir, la simulación computacional de procesos de mejoramiento genético, indica que la SG permite alcanzar ganancias genéticas a corto plazo significativamente mayores que el método fenotípico tradicional. La SG se consolida, por lo tanto, como una herramienta esencial en el fitomejoramiento moderno de la papa (Wu *et al.*, 2023). Este enfoque facilita la identificación precisa de progenitores mediante valores de mejoramiento estimados (Ortiz *et al.*, 2022a), la predicción del rendimiento de genotipos no observados en ambientes no probados (Ortiz *et al.*, 2023a) y la eliminación de alelos deletéreos en poblaciones endogámicas (Ortiz *et al.*, 2023b). Además, tanto los estudios *in silico* (Wu *et al.*, 2023) como los ensayos de campo en latitudes nórdicas (Ortiz *et al.*, 2024) sugieren que la SG es útil para seleccionar germoplasma mejorado de alto rendimiento en generaciones tempranas. Dada la complejidad de la papa como poliploide tetrasómico, los métodos de predicción multiambiente y multicaracterística (Cuevas *et al.*, 2023) apoyados en herramientas como el paquete de R StageWise (Endelman, 2023) optimizan la selección en generaciones tempranas al integrar índices multicaracterística y considerar la depresión por endogamia. Recientemente, el uso de índices de selección basados en GEBV estandarizados y ponderados ha demostrado ser eficaz para identificar clones que combinan simultáneamente altos rendimientos, gravedad específica óptima y una calidad de hojuelas superior (Pandey *et al.*, 2023).

4. Edición génica para un fitomejoramiento de precisión

Los métodos de edición genética se perfilan como herramientas esenciales para el fitomejoramiento en el futuro cercano. Un avance destacado es, por ejemplo, la modificación de la proporción entre la amilosa (cadena lineal larga) y la amilopectina (altamente ramificada) en el almidón de la papa. La industria prefiere el almidón de amilopectina puro, ya que su procesamiento requiere menos energía y productos químicos, lo que favorece la sostenibilidad (Jobling, 2004). Andersson *et al.* (2017) lograron inactivar el gen de la sintasa de almidón unida a gránulos (*GBSS*) y alterar la calidad del almidón.

Aunque la edición genética puede mejorar varias características incluyendo el rendimiento, Khaipho-Burch *et al.* (2023) sugieren cautela para que las ganancias de productividad sean válidas, y proponen evitar genes ya utilizados en el fitomejoramiento convencional. Destacan, asimismo, que se deberían cumplir con cinco criterios de evaluación: uso de definiciones de rendimiento estandarizadas, ensayos replicados en múltiples sitios y años, manejo de campo alineado con las prácticas agrícolas reales, inclusión de grupos de control (cultivares locales adaptados), e integración mediante cruzamientos en germoplasma de élite.

Más allá de los desafíos científicos, existen consideraciones regulatorias para la implementación en fincas de cultivos editados genéticamente (Mehta, 2023), y han surgido disputas sobre derechos de propiedad intelectual (DPI) en el ámbito de la tecnología de edición genética clustered regularly interspaced short palindromic repeats (CRISPR). Existen cerca de 11,000 patentes relacionadas con la edición génica usando CRISPR (Ricroch, 2024), lo que ha generado disputas de alto perfil entre la Universidad de California y el Instituto Broad (Instituto Tecnológico de Massachusetts, MIT) (Cohen, 2020; Ledford, 2022). Por otra parte, una planta editada puede considerarse una variedad esencialmente derivada (VED), es decir, una variedad que conserva las características esenciales de la variedad inicial y se diferencia solo por la modificación realizada (UPOV 1991). Esto genera incertidumbre jurídica, ya que la comercialización de una VED requiere el consentimiento del propietario de la variedad original protegida (Smith, 2021).

5. Aplicación de la teoría de cambio: Del laboratorio al impacto real en fincas

En 2013 se inició una investigación respaldada por el Consejo Sueco de Investigación (VR) y la Agencia Sueca de Cooperación Internacional para el Desarrollo (SIDA), la cual se orientó en 2014 a evaluar la tolerancia al calor extremo del trigo duro (*Triticum durum* Desf.) en la cuenca del río Senegal. Este proyecto en un cereal caracterizado genéticamente como un poliploide disómico ($2n = 4 \times = 28$ cromosomas) ha sido objeto de un estudio coliderado por la Universidad SLU y el ICARDA, con la colaboración activa del Instituto Senegalés de Investigación Agrícola (ISRA) y el Centro de Investigación Agrícola y Desarrollo Rural de Mauritania (CNRADA).

Tras diez años de colaboración, este proyecto ha desarrollado cultivares de trigo duro tolerantes al estrés térmico, beneficiando a miles de agricultores y promoviendo el desarrollo agrícola en África Occidental. Actualmente, estos avances contribuyen a la seguridad alimentaria regional, fundamentan nuevas políticas públicas y son reconocidos como un modelo de adaptación frente al cambio climático.

Gracias al éxito de esta colaboración, más de 30,000 agricultores cultivan actualmente cultivares de trigo duro resistentes al calor, un hito que no solo ha impulsado el lanzamiento de semillas similares en Nigeria, sino que también ha elevado el producto interno bruto agrícola de Senegal en un 0.5%. Con una inversión inicial de SEK 16 millones (aproximadamente US\$ 2 millones), esta iniciativa ha logrado una rentabilidad excepcional al multiplicar por 30 el capital invertido, generando más de US\$ 75 millones anuales en nuevos ingresos brutos. Este impacto ha sido respaldado por el prestigioso Premio OLAM a la Innovación en Seguridad Alimentaria otorgado en 2017 al mejoramiento genético del trigo duro tolerante al calor, consolidando planes nacionales de expansión que están contribuyendo a la soberanía alimentaria de la región y

demostrando que la innovación científica es clave para la resiliencia económica frente al cambio climático.

5.1. Superando los desafíos de campo: De la carencia a la excelencia

El proyecto se inició en enero 2014 con un optimismo cauteloso. Aunque las primeras plantas en Mauritania lograron producir semillas, la visita inicial de campo reveló obstáculos críticos; la estación de investigación no tenía experiencia previa con trigo, sus equipos eran limitados y su personal estaba especializado exclusivamente en arroz. Ante esto, la prioridad estratégica fue el fortalecimiento de capacidades, dotando a la estación de herramientas modernas y capacitando a técnicos locales en protocolos específicos para el trigo. Esta inversión en capital humano y técnico rindió frutos inmediatos; en una sola temporada, la calidad de los ensayos alcanzó estándares internacionales de excelencia. Las condiciones extremas del río Senegal con temperaturas que superan los 35°C durante todo el ciclo de cultivo, se convirtieron en el laboratorio perfecto para estudiar la adaptación al cambio climático. Gracias a este entorno único, los investigadores lograron descifrar los mecanismos genéticos y fisiológicos de la tolerancia al calor, acelerando el desarrollo de cultivares de trigo duro resilientes que hoy benefician a la región.

5.2. De la serendipia científica al impacto a gran escala

Lo que comenzó como un estudio estrictamente académico sobre la tolerancia al calor encontró una oportunidad inesperada en la cuenca del Río Senegal. Durante la temporada del harmatán (el viento cálido y cargado de polvo proveniente del noreste que domina el clima de África Occidental durante la temporada seca; noviembre–febrero) mientras los campos de arroz quedaban en barbecho porque el frío nocturno impedía su crecimiento, los ensayos de trigo duro revelaron un potencial extraordinario; rendimientos superiores a las 3 toneladas por hectárea (Sall *et al.*, 2018b). Esta ventana temporal no solo ofrecía agua de riego remanente y mano de obra disponible, sino que apuntaba directamente a una necesidad estratégica, ya que Mauritania y Senegal importan anualmente más de US\$ 100 millones en derivados del trigo para satisfacer la alta demanda de pasta y cuscús (Sall *et al.* 2019). Esta convergencia de factores impulsó al equipo a trascender las granjas de investigación. En 2016 se liberaron los primeros cultivares en Mauritania y, poco después, en Senegal (Sall *et al.*, 2025). El punto de inflexión llegó en 2018 en la aldea de Ndiayène Pendao, donde un grupo de agricultoras pioneras sembró las primeras semillas, obteniendo resultados que captaron la atención política y la confianza pública. En menos de una década, el proyecto ha escalado de unas pocas parcelas experimentales a más de 50,000 hectáreas cultivadas. Este éxito cruzó fronteras; inspirado por el modelo senegalés, OLAM Agri lanzó en 2023 la

variedad *LCRI Crown* en Nigeria, donde nuevamente las mujeres lideran la transformación con 100 hectáreas adoptadas en tiempo récord.

5.3. Construyendo un legado científico: Ciencia de vanguardia para el mundo

Para consolidar una base científica sólida, el proyecto impulsó la formación de tres doctorandos, quienes hoy lideran la investigación en este campo. Su labor, centrada en enfoques genómicos avanzados, permitió identificar con precisión los mecanismos y las regiones genéticas que activan la tolerancia al calor extremo (El Hassouni *et al.*, 2019; Sall *et al.*, 2024). Este rigor científico se ha traducido en 10 publicaciones de alto impacto, incluyendo estudios sobre la diversidad genética que revela la historia del intercambio de alelos en trigo duro (Kabbaj *et al.*, 2017), en el uso de la predicción genómica en trigo con más de 400 citas (Bassi *et al.*, 2016) o en la combinación del análisis de QTL y la predicción genómica en condiciones de sequía (Zaim *et al.*, 2020), lo que demuestra la relevancia mundial de los hallazgos. Más allá de las publicaciones, el proyecto ha democratizado el acceso a la innovación; a petición de la comunidad internacional, el germoplasma tolerante al calor se ha distribuido a más de 50 instituciones a nivel global. Al convertir estos descubrimientos en bienes públicos, se ha facilitado que empresas de mejoramiento y programas de investigación en todo el mundo desarrollen cultivares de trigo resilientes, permitiendo que el legado de esta colaboración trascienda las fronteras de África. La clave para este impacto radicó en una ciencia sólida, eficaz y con visión de futuro. Esta no fue una investigación estática, sino un motor de desarrollo en constante evolución que nunca dejó de perseguir la siguiente frontera tecnológica (Sall *et al.*, 2018a). Fue precisamente ese compromiso con la innovación disruptiva lo que permitió que los nuevos cultivares de trigo duro no se quedaran en el laboratorio, sino que llegaran con éxito a las manos y a los campos de los agricultores.

6. Conclusión

La modernización del fitomejoramiento mediante la integración de la biotecnología y el análisis de “big data” aborda los desafíos que plantea el cambio climático y la necesidad de cultivares resilientes y sostenibles. Este trabajo se basa en un contexto histórico de domesticación y evolución de plantas, enfatizando así los procesos continuos e interconectados de domesticación de cultivos y mejoramiento genético impulsados por la selección artificial.

Avances clave en este campo, como la aplicación de la selección genómica y el uso de marcadores moleculares de alta densidad, han permitido a los fitomejoradores identificar genes específicos y seleccionar genotipos superiores con mayor eficiencia. Este progreso facilita incorporar fenotipado de alto rendimiento y genómica predictiva, junto con la integración de variables ambientales en los modelos de mejoramiento. Este

enfoque mejora la precisión de la selección y acelera los ciclos de mejoramiento. Al integrar estas diferentes áreas, el fitomejoramiento continúa evolucionando para contribuir a la seguridad alimentaria mundial en un contexto de condiciones ambientales cambiantes.

Un enfoque estratégico futuro para la mejora de los recursos genéticos en el fitomejoramiento sostenible debe comenzar con la definición de objetivos compartidos con los usuarios finales, seguida por la identificación de características de interés en poblaciones de mejora o bancos de germoplasma. Posteriormente, la variación genética se gestiona mediante herramientas genéticas y conocimiento 'ómico' (como genómica, transcriptómica, proteómica y metabolómica) para transferir genes de interés a materiales utilizables (líneas, clones o poblaciones) que faciliten los cruzamientos. En este proceso, la ingeniería genética; ya sea mediante transgenia o edición génica, es clave cuando los rasgos deseados no están presentes en el germoplasma disponible, mientras que los marcadores de ADN permiten monitorear cambios cromosómicos, asistir en la selección y estimar valores genéticos para optimizar la mejora poblacional. El germoplasma mejorado debe validarse mediante ensayos multiambientales y evaluaciones a lo largo de varios años, incluyendo investigación participativa para generar los datos necesarios para la liberación de cultivares, asegurando así que las tecnologías genéticas integradas en semillas aporten ganancias genéticas reales a agricultores, consumidores y otros actores de la cadena de valor del cultivo.

Agradecimientos

Al Consejo Sueco de Investigación Formas por financiar el proyecto Svensk potatisförädling desde 2009 y el proyecto “Predicción genómica en combinación con fenotipado de alta capacidad para aumentar el rendimiento del tubérculo de patata en un clima cambiante” (2020-2022); y al Consejo Sueco de Investigación Vetenskapsradet por la financiación de los proyectos U-Forsk2013-6500 “Implementación del mejoramiento molecular de trigo duro en la cuenca del Senegal; desarrollo de capacidades para afrontar el calentamiento global”, U-Forsk2017-05522 “Predicción genómica para suministrar trigo tolerante al calor a la cuenca del río Senegal” y U-Forsk2021-04956 “Suministro de alelos tolerantes al calor para aumentar los ingresos agrícolas a lo largo del río Senegal”.

REFERENCIAS

Andersson, M., Turesson, H., Nicolía, A., Fält, A. S., Samuelsson, M., & Hofvander, P. (2017). Efficient targeted multiallelic mutagenesis in tetraploid potato (*Solanum tuberosum*) by transient CRISPR-Cas9 expression in protoplasts. *Plant Cell Reports*, 36, 117–128. <https://doi.org/10.1007/s00299-016-2062-3>

Bassi, F. M., Bentley, A. R., Charmet, G., Ortiz, R., & Crossa, J. (2016). Breeding schemes for the implementation of genomic selection in wheat (*Triticum* spp.). *Plant Science*, 242, 23–36. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2015.08.021>

Beernink, B. M., An, H., Neik, T. X., & Lei, L. (2025). Editorial: Crop domestication and selection: An evolutionary view affecting the development of agronomic traits. *Frontiers in Plant Science*, 16, 1622204. <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1622204>

Cohen, J. (2020). The latest round in the CRISPR patent battle has an apparent victor, but the fight continues. *Science Insider*. <https://doi.org/10.1126/science.abe7573>

Cuevas, J., Reslow, F., Crossa, J., & Ortiz, R. (2023). Modeling genotype × environment interaction for single- and multi-trait genomic prediction in potato (*Solanum tuberosum* L.). *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 13, jkac322. <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkac322>

Desta, Z. A., & Ortiz, R. (2014). Genomic selection: Genome-wide prediction in plant improvement. *Trends in Plant Science*, 19, 592–601. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2014.05.006>

Douches, D. S., Maas, D., Jastrzebski, K., & Chase, R. W. (1996). Assessment of potato breeding progress in the USA over the last century. *Crop Science*, 36, 1544–1552. <https://doi.org/10.2135/cropsci1996.0011183X003600060024x>

El Hassouni, K., Belkadi, B., Filali-Maltouf, A., Tidiane-Sall, A., Al-Abdallat, A., Nachit, M., & Bassi, F. M. (2019). Loci controlling adaptation to heat stress occurring at the reproductive stage in durum wheat. *Agronomy*, 9, 414. <https://doi.org/10.3390/agronomy9080414>

Endelman, J. B. (2023). Fully efficient, two-stage analysis of multi-environment trials with directional dominance and multi-trait genomic selection. *Theoretical and Applied Genetics*, 136, 65. <https://doi.org/10.1007/s00122-023-04298-x>

Gómez-Fernández, A. (2025). Reconstructing the evolutionary history of herbaceous crops through trait-based ecology. *American Journal of Botany*, 112, e70107. <https://doi.org/10.1002/ajb2.70107>

Hammer, K. (1984). Das Domestikationssyndrom. *Kulturpflanze*, 32, 11–34.

Jobling, S. (2004). Improving starch for food and industrial applications. *Current Opinion in Plant Biology*, 7(2), 210–218. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2003.12.001>

Kabbaj, H., Sall, A. T., Al-Abdallat, A., Geleta, M., Amri, A., Filali-Maltouf, A., Belkadi, B., Ortiz, R., & Bassi, F. M. (2017). Genetic diversity within a global panel of durum wheat (*Triticum durum*) landraces and modern germplasm reveals the history of alleles exchange. *Frontiers in Plant Science*, 8, 1277. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01277>

Khaipho-Burch, M., Cooper, M., Crossa, J., de León, N., Holland, J., Lewis, R., et al. (2023). Genetic modification can improve crop yields — but stop overselling it. *Nature*, 621, 470–473. <https://doi.org/10.1038/d41586-023-02895-w>

Ledford, H. (2022). Major CRISPR patent decision won't end tangled dispute. *Nature*, 603, 373–374. <https://doi.org/10.1038/d41586-022-00629-y>

Mayor, P. J., & Bernardo, R. (2009). Genomewide selection and marker-assisted recurrent selection in doubled haploid versus F2 populations. *Crop Science*, 49, 1719–1725. <https://doi.org/10.2135/cropsci2008.10.0587>

Mehta, D. (2023). EU proposal on CRISPR-edited crops is welcome — but not enough. *Nature*, 619, 437. <https://doi.org/10.1038/d41586-023-02328-8>

Meuwissen, T. H., Hayes, B. J., & Goddard, M. E. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157, 1819–1829. <https://doi.org/10.1093/genetics/157.4.1819>

Ortiz, R. (2015). *Plant breeding in the omics era*. Springer.

Ortiz, R., Crossa, J., Reslow, F., Pérez-Rodríguez, P., & Cuevas, J. D. (2022a). Genome-based genotype × environment prediction enhances potato (*Solanum tuberosum* L.) improvement using pseudo-diploid and polysomic tetraploid modeling. *Frontiers in Plant Science*, 13, 785196. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.785196>

Ortiz, R., Reslow, F., Cuevas, J., & Crossa, J. (2022b). Genetic gains in potato breeding as measured by field testing of cultivars released during the last 200 years in the Nordic region of Europe. *Journal of Agricultural Science*, 160, 310–316. <https://doi.org/10.1017/S002185962200034X>

Ortiz, R., Reslow, F., Montesinos-López, A., Huicho, J., Pérez-Rodríguez, P., Montesinos-López, O. A., & Crossa, J. (2023a). Partial least squares enhance multi-trait genomic prediction of potato cultivars in new environments. *Scientific Reports*, 13, 9947. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-37169-y>

Ortiz, R., Reslow, F., Vetukuri, R., García-Gil, R., Pérez-Rodríguez, P., & Crossa, J. (2023b). Inbreeding effects on the performance and genomic prediction for polysomic tetraploid potato offspring grown at high Nordic latitudes. *Genes*, 14, 1302. <https://doi.org/10.3390/genes14061302>

Ortiz, R., Reslow, F., Vetukuri, R., García-Gil, M. R., Pérez-Rodríguez, P., & Crossa, J. (2024). Genomic prediction for inbred and hybrid polysomic tetraploid potato offspring. *Agriculture*, 14, 455. <https://doi.org/10.3390/agriculture14030455>

- Pandey, J., Scheuring, D. C., Koym, J. W., Endelman, J. B., & Vales, M. I. (2023). Genomic selection and genome-wide association studies in tetraploid chipping potatoes. *The Plant Genome*, 16, e20297. <https://doi.org/10.1002/tpg2.20297>
- Priyadarshan, P. M., & Ortiz, R. (2025). *Plant breeding 2050: Next-gen crops*. Springer.
- Purugganan, M. D. (2019). Evolutionary insights into the nature of plant domestication. *Current Biology*, 29, 705–714. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2019.05.053>
- Ramstein, G. P., Jensen, S. E., & Buckler, E. S. (2019). Breaking the curse of dimensionality to identify causal variants in breeding. *Theoretical and Applied Genetics*, 132, 559–567. <https://doi.org/10.1007/s00122-018-3267-3>
- Ricroch, A. (2024). CRISPR processes patents in green biotechnology: Collaborative licensing models. En A. Ricroch et al. (Eds.), *A roadmap for plant genome editing*. Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-031-46150-7_27
- Sall, A. T., Bassi, F. M., Cisse, M., Gueye, H., Ndoeye, I., Filali-Maltouf, A., & Ortiz, R. (2018a). Durum wheat breeding: In the heat of the Senegal River. *Agriculture*, 8, 99. <https://doi.org/10.3390/agriculture8070099>
- Sall, A. T., Bassi, F. M., Kabbaj, H., Guèye, H., Cisse, M., Menoum, S. O. E., Zaim, M., Sagne, F., Kumar, S., & Ortiz, R. (2025). ‘Amina’, ‘Dioufissa’, and ‘Haby’: Heat tolerant durum wheat cultivars adapted to the Senegal River Basin. *Journal of Plant Registrations*, 19, e20413. <https://doi.org/10.1002/plr2.20413>
- Sall, A. T., Chiari, T., Legesse, W., Seid-Ahmed, K., Ortiz, R., van Ginkel, M., & Bassi, F. M. (2019). Durum wheat (*Triticum durum* Desf.): Origin, cultivation and potential expansion in sub-Saharan Africa. *Agronomy*, 9, 263. <https://doi.org/10.3390/agronomy9050263>
- Sall, A. T., Cisse, M., Gueye, H., Kabbaj, H., Ndoeye, I., Filali-Maltouf, A., Belkadi, B., El-Mourid, M., Ortiz, R., & Bassi, F. M. (2018b). Heat tolerance of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) elite germplasm tested along the Senegal River. *Journal of Agricultural Science*, 10, 2. <https://doi.org/10.5539/jas.v10n2p217>
- Sall, A. T., Kabbaj, H., Menoum, S. E., Cisse, M., Geleta, M., Ortiz, R., & Bassi, F. M. (2024). Durum wheat heat tolerance loci defined via a north–south gradient. *The Plant Genome*, 17, e20414. <https://doi.org/10.1002/tpg2.20414>
- Slater, A. T., Cogan, N. O., Forster, J. W., Hayes, B. J., & Daetwyler, H. D. (2016). Improving genetic gain with genomic selection in autotetraploid potato. *The Plant Genome*, 9. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2016.02.0021>

Smith, J. S. C. (2021). The future of essentially derived variety (EDV) status: Predominantly more explanations or essential change. *Agronomy*, 11, 1261. <https://doi.org/10.3390/agronomy11061261>

Sood, S., Bhardwaj, V., Kumar, V., Das, R., Gupta, V. K., Mangal, V., et al. (2022). Genetic progress in 50 years of potato breeding in India: Where do we stand? *European Journal of Agronomy*, 141, 126620. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2022.126620>

Tang, H., Sezen, U., & Paterson, A. H. (2010). Domestication and plant genomes. *Current Opinion in Plant Biology*, 13, 160–166. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2009.10.008>

The Potato Genome Sequencing Consortium. (2011). Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. *Nature*, 475, 189–195. <https://doi.org/10.1038/nature10158>

UPOV. (1991). *International convention for the protection of new varieties of plants*. International Union for the Protection of New Varieties of Plants.

Wu, P. Y., Stich, B., Renner, J., Muders, K., Prigge, V., & van Inghelandt, D. (2023). Optimal implementation of genomic selection in clone breeding programs—Exemplified in potato: I. Effect of selection strategy, implementation stage, and selection intensity on short-term genetic gain. *The Plant Genome*, 16, e20327. <https://doi.org/10.1002/tpg2.20327>

Zaïm, M., Kabbaj, H., Kehel, Z., Gorjanc, G., Filali-Maltouf, A., Belkadi, B., Nachit, M. M., & Bassi, F. M. (2020). Combining QTL analysis and genomic predictions for four durum wheat populations under drought conditions. *Frontiers in Genetics*, 11, 316. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00316>