

**MODERADOR: Guillermo Pozzi**

Vicepresidente ASAGIR. Presidente 5<sup>o</sup> Congreso Argentino de Girasol.

## LOS AVANCES DEL MEJORAMIENTO GENÉTICO

**DISERTANTE: ABELARDO DE LA VEGA**

Ingeniero Agrónomo egresado de la Facultad de Agronomía de la UBA. Doctorado en Ciencias Agropecuarias en la misma universidad. Visitante Académico en la Universidad de Queensland y CSIRO, Australia. Es mejorador de girasol de la compañía ADVANTA, ha contribuido a la creación de 38 híbridos comerciales registrados en distintos países. Actualmente, coordina todas las actividades de investigación de girasol de la compañía a nivel internacional. Ha publicado trabajos científicos en las áreas de ecofisiología y genética cuantitativa, con énfasis en el análisis de adaptación, selección indirecta, interacción, genotipo, ambiente y avance genético. Colabora en cursos de postgrado de varias universidades y fue miembro de la Comisión Directiva de ASAGIR.



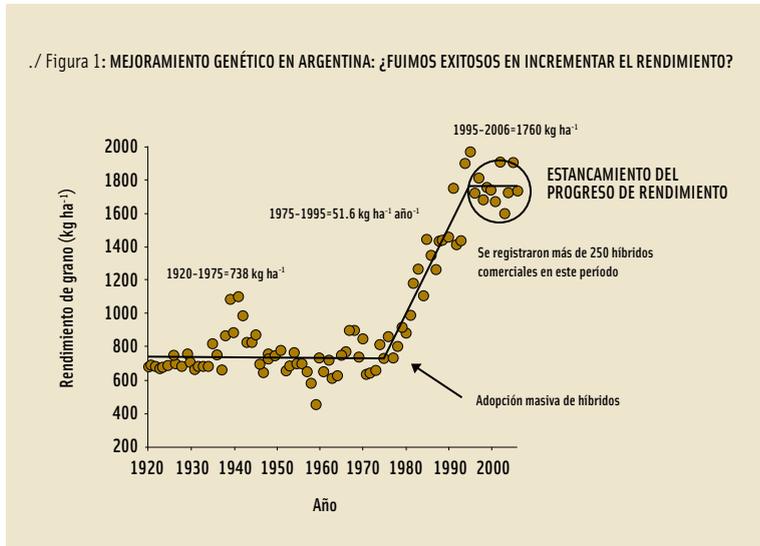
Cuando se observan las estadísticas del rendimiento de grano de girasol a lo largo de los años en la Argentina se ve que después de un período de veinte años de incremento sostenido de los rendimientos, a razón de más de 50 kg/ha<sup>-1</sup> por año<sup>-1</sup>, a partir de 1995, aproximadamente, ingresamos en un estancamiento a nivel país (ver Figura 1). Eso nos llevó a preguntarnos, en el Congreso ASAGIR 2007, si fuimos exitosos en incrementar el rendimiento de girasol en Argentina a partir del mejoramiento genético.

A partir de ese trabajo, hemos arribado a algunas conclusiones, pero también a algunos interrogantes. En principio, vamos a repasar algunas de las conclusiones o algunos de los aspectos del trabajo que presentamos en aquel Congreso para plantear los interrogantes nuevos y analizar cómo los contestamos.

### PREMISAS 2007

En primer lugar, habría que decir que este progreso del rendimiento en Argentina está medido en kilos de grano por hectárea y que el objetivo principal del mejoramiento genético de girasol es el incremento del ren-

./ Figura 1: MEJORAMIENTO GENÉTICO EN ARGENTINA: ¿FUIMOS EXITOSOS EN INCREMENTAR EL RENDIMIENTO?



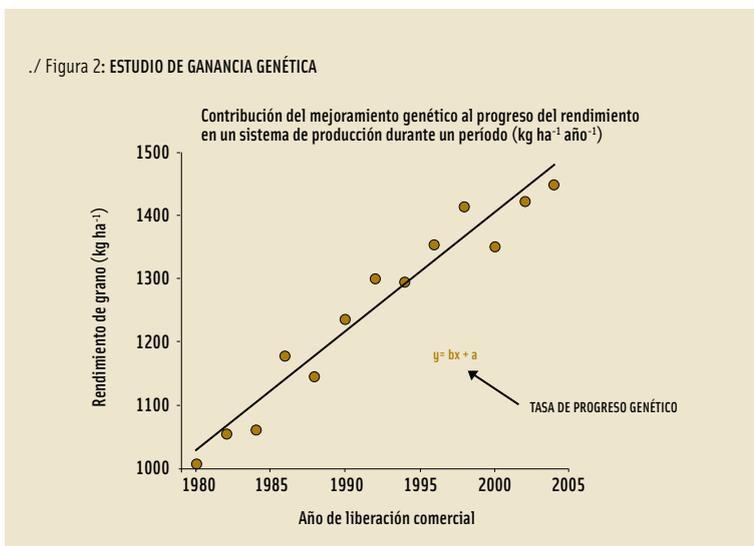
dimiento en kilos de aceite por hectárea. El rendimiento de aceite tiene como componentes al rendimiento de grano y al porcentaje de aceite. Por lo tanto, mejoras del rendimiento de aceite, asociadas a un incremento en dicho porcentaje, estarían ocultas en las estadísticas nacionales.

Por otro lado, todos sabemos que el cultivo de girasol se ha desplazado geográficamente hacia ambientes más marginales. Esa declinación del ambiente pudo haber contrarrestado la mejora lograda en cuanto a la calidad de los híbridos a partir del mejoramiento genético.

Para separar el efecto ambiental y poder elucidar cuánto se avanzó a partir del mejoramiento genético, se debe hacer un análisis de ganancia genética que consiste, básicamente, en graficar los rendimientos de una serie histórica de híbridos en función de su año de liberación comercial (ver Figura 2). A partir de ahí, se traza una recta de regresión y la pendiente de esa recta se estima que es la tasa de progreso genético que se mide en  $\text{kg/ha}^{-1}$  por  $\text{año}^{-1}$ .

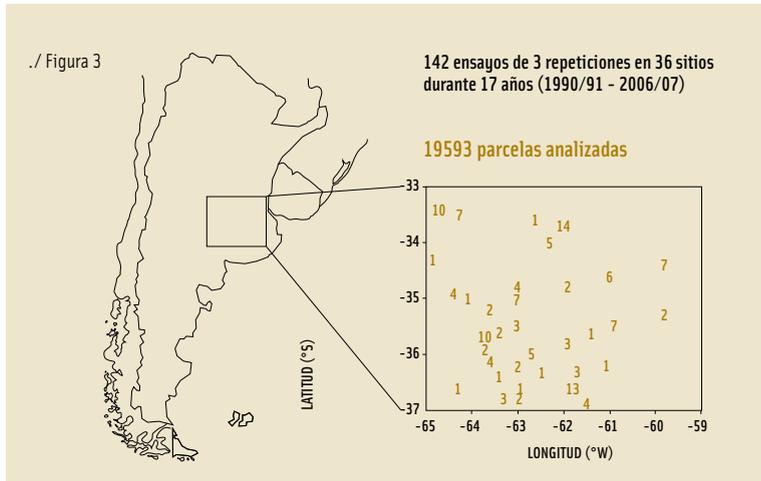
¿Cómo se estiman los rendimientos de una serie histórica de híbridos? Tradicionalmente, lo que se hace es tomar un conjunto de híbridos y evaluarlos en ensayos comparativos de rendimiento al final del período

./ Figura 2: ESTUDIO DE GANANCIA GENÉTICA



que se desea estudiar. Esto tiene algunas complicaciones. La principal es que es muy difícil conseguir todos los híbridos históricos ya que, normalmente, no se han mantenido. La segunda es que aquellos híbridos históricos han sido creados para un ambiente que no es necesariamente el ambiente actual de cultivo de una especie. Por lo tanto, serían evaluados en un ambiente diferente, pudiendo subestimarse o sobreestimarse la ganancia genética real lograda en el sistema de producción.

Lo ideal para usar en un análisis de ganancia genética son las series históricas de ensayos comparativos de rendimiento que tienen los semilleros, como las que presentó Antonio Hall en el trabajo de Brechas. En 2007, para responder a la pregunta de si habíamos tenido un progreso de rendimiento por el lado del mejoramiento genético, utilizamos una serie histórica de 142 ensayos de 3 repeticiones, en 36 sitios, conducidos a lo largo de 17 años en la región central argentina. En total, se analizaron más de 19.000 parcelas de ensayos en conjunto (ver Figura 3). Cada uno de los puntos es una de las localidades; el número indica la cantidad de ensayos conducidos en dicha localidad, en los 17 años. Todo el análisis corresponde a la región girasolera central.



Este tipo de base de datos presenta una complejidad a la hora del análisis. Los híbridos participantes en los ensayos comparativos de rendimiento van cambiando a lo largo de los años y eso hace que la base esté fuertemente desbalanceada y que, de hecho, en una base de datos de 17 años, no haya ningún híbrido que haya sido evaluado a lo largo de todo ese tiempo. Sin embargo, hoy existen métodos, como los modelos lineales mixtos, que permiten acomodar el desbalance de la base de datos y que utilizamos en este trabajo. En este método, los híbridos presentes en más de un año ligan la base de datos y permiten estimar predictores de rendimiento para todos los híbridos participantes. Esos predictores no son más que medias ponderadas por el desbalance de los datos. Estos análisis permiten, además, comparar genuinamente híbridos que aún no fueron evaluados nunca en el mismo ensayo, gracias a todos los híbridos que ligan la base de datos de esta manera.

Las siguientes son las conclusiones que obtuvimos en 2007: se duplicó el rendimiento de granos a campo, en la Argentina, entre los años '75 y '95, debido a un reemplazo de las variedades por híbridos alrededor de los primeros años de la década del '70 y a la mejora en las prácticas agronómicas. Entre 1982 y 2006, cuando las estadísticas nacionales no mostraron un incremento en el rendimiento de grano –cuando se limpia



Hacemos crecer su futuro

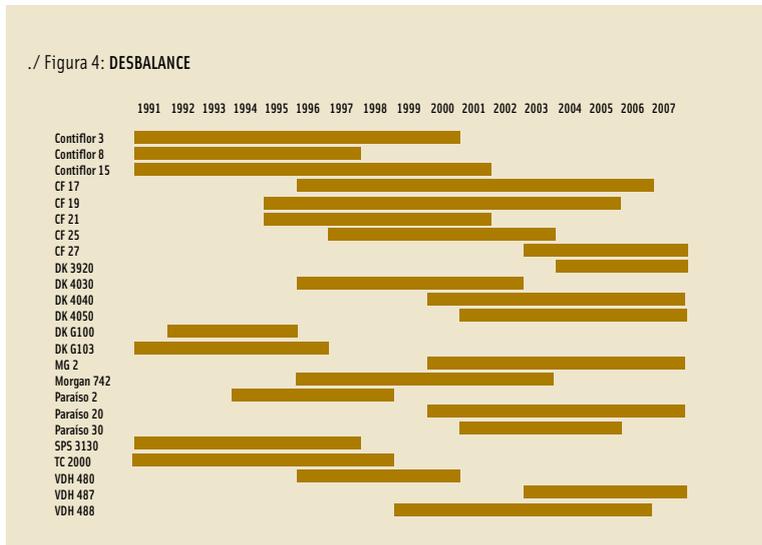
## Superiores, así son los girasoles Advanta

Producidos a partir del mayor pool genético de girasol en Argentina, originado en los programas de mejoramiento vegetal de las empresas Continental, Zéneca y Van der Have, y la constante incorporación de germoplasma de todas las regiones productoras del mundo.

**AGUARA 4 AGUARA 5 CF 31 CF 33 CF 101 VDH 487 CF 27 CL·  
CF 201 CF 202 CL· CF 503 CL· OLISUN 3 OLISUN 4 CF 501 HO**

el efecto ambiental, que es lo que permite hacer estas metodologías de análisis— se incrementó el rendimiento de aceite en la región central a razón de 11,5 kg de aceite por hectárea por año. Durante este período confluyeron dos grupos antiguos de híbridos (antiguos estriados y los antiguos negros) en un grupo nuevo de alto rendimiento de grano y alto porcentaje de aceite, con ciclo relativamente intermedio. Por último, se mantuvo el rendimiento de grano a campo gracias a esta mejora genética a pesar del desplazamiento del cultivo hacia ambientes más marginales. (ver Figura 4)

Si tenemos en cuenta lo presentado por Antonio Hall acerca de cuánto de la variabilidad total para el rendimiento está explicada por el efecto ambiental —es decir, diferencias generales entre ambientes para todos los híbridos—, y además consideramos cuánto de esa variación está explicada por el efecto genotípico —que era más de diez veces menor que lo que explica la variación ambiental— pensar que una mejora genética permitió contrarrestar la declinación del ambiente por el desplazamiento del cultivo a ambientes más marginales es, de por sí, un logro del cual nos podríamos enorgullecer.



### DIFERENCIAS ENTRE LAS TRES REGIONES GIRASOLERAS

Este incremento de rendimiento y las conclusiones obtenidas en el año 2007 (ver Figura 5) se limitan a la región girasolera Central (Sur de Córdoba y San Luis, Suroeste de Santa Fe, Nordeste de La Pampa, Norte y Oeste de la provincia de Buenos Aires). Los nuevos interrogantes que se plantean tienen que ver con que el girasol se siembra a lo largo de tres regiones que difieren significativamente en el modo en que influyen sobre el comportamiento relativo de los híbridos. ¿Qué significa esto? Vimos que, cuando se dividía la variación de rendimiento, parte de esa variación estaba asociada al efecto ambiental, es decir, a las diferencias medias entre ambientes para todos los genotipos. Hay que tener en cuenta que las tres regiones girasoleras importantes (Norte –Norte de Santa Fe y Chaco–, la Central y la Sur –Sudeste y Sudoeste de Buenos Aires–) influyen sobre el comportamiento relativo de los híbridos de manera diferente a lo largo de los años. Es decir, esta interacción genotipo-ambiente, que sería interacción genotipo por región, es repetible a lo largo de los años.

Para ejemplificar este fenómeno, he utilizado tres híbridos que ya no se encuentran en el mercado. Son híbridos liberados al mercado hace más de veinte años, a fines de los '80: Confiflor 15, Morgan 734 y Pioneer 6440. Tomamos los predictores de rendimiento obtenidos para las



tres regiones. El número que está al lado de cada punto es el número de parcelas analizadas del híbrido y demuestran que los predictores de rendimiento son bastante exactos. Proviene de un número de parcelas sumamente amplio y fueron evaluados a lo largo de muchos años.

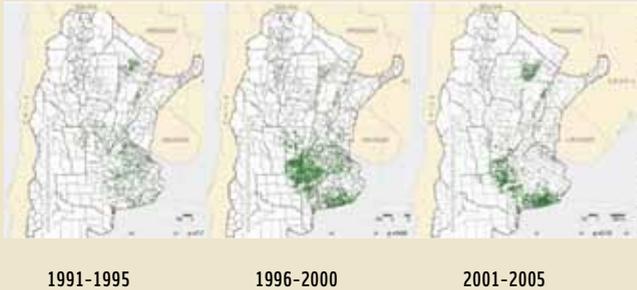
El híbrido Contiflor 15 presenta un comportamiento relativo superior a Pioneer 6440 y a Morgan 734 en la región Central a lo largo de los años. Mientras que Pioneer 6440 era significativamente mejor a Contiflor 15, en términos de rendimiento de aceite, en la región Sur, y Morgan 734 superaba significativamente también a Contiflor 15, también en términos de rendimiento, en la región Norte. Lo que vemos es que los comportamientos relativos de los híbridos se cruzan entre regiones, lo que significa que hay una interacción cualitativa entre genotipo y ambiente que debe ser tenida en cuenta, tanto por los mejoradores, a la hora de seleccionar, como por los productores, a la hora de elegir el híbrido a sembrar.

Este fenómeno, ejemplificado con tres híbridos contrastantes, se observa a lo largo de los años con todos los híbridos comerciales que hemos evaluado. Existen híbridos que presentan adaptación específica a una de las tres regiones, otros que presentan adaptación amplia a dos de las tres regiones y, en algunas excepciones, híbridos que presentan adaptación amplia a las tres regiones. Pero la interacción genotipo por región existe. En otros trabajos hemos encontrado que el progreso genético de un híbrido seleccionado en la región Central por rendimiento, no necesariamente se traducirá en progreso genético dentro de la región Norte o de la región Sur.

Si esto es así, dado que estas diferencias entre las tres regiones en términos de discriminación genotípica existen, nos preguntamos si las conclusiones del 2007, que eran específicas para la región Central, aplican a las tres regiones girasoleras. Y si no es así, ¿cuál fue el impacto de las diferencias entre regiones, en términos de su influencia sobre el comportamiento relativo de los híbridos, sobre el progreso genético dentro de cada una de las regiones?

Por otro lado, la dinámica del área sembrada en girasol a lo largo de los años de marginalización del cultivo afectó principalmente a la región Central más que a las otras regiones. Si vemos el gráfico donde está la distribución del área sembrada (ver Figura 6), todos coincidirán en que esta tendencia se sigue acentuando. En el quinquenio 1996-2000, entre

./ Figura 6: DINÁMICA DEL ÁREA SEMBRADA DE GIRASOL

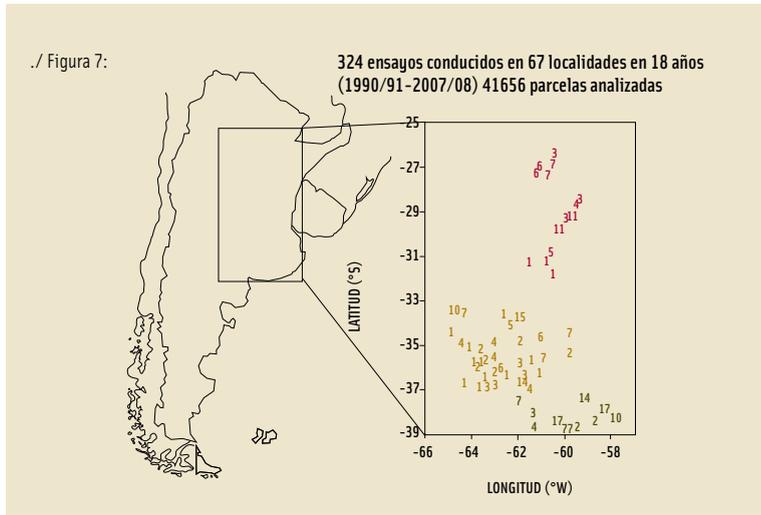


el 60 y el 65% del cultivo estaba sembrado en la región Central. Por lo tanto, su participación relativa era sumamente importante. Pero, a lo largo de los años, el cultivo deja los ambientes centrales y se mueve hacia ambientes más secos del Oeste y del Sudoeste de la región, y la mayor parte de la disminución del área sembrada ocurre en la región Central, que pasa de representar del 60 al 65% del área en la Argentina a menos del 35%, mientras que las regiones Norte y Sur cobran mucha más importancia relativa.

Si observamos la evolución de los rendimientos vemos, en coherencia con los datos presentados por Antonio Hall, que los más altos ocurren en la región Central. Entonces, si ésta disminuyó significativamente su participación relativa en el conjunto del cultivo de girasol en la Argentina, es esperable una merma en el rendimiento promedio a nivel país. Esta merma esperable no sucedió, ya que fue contrarrestada por la mejora tanto de las prácticas agronómicas como de la genética.

### **NUEVAS CONCLUSIONES**

¿Qué efecto tienen los cambios en las contribuciones relativas de cada región sobre la ganancia genética? Para contestar esta pregunta, realizamos un análisis similar al que habíamos hecho en el año 2007 para la región Central, pero esta vez agregando 2 años más de ensayos, es decir, tenemos 18 años de análisis en total. Entre la campaña 1990/91



y la 2007/08, en 67 localidades de las tres regiones, hay 324 ensayos analizados en conjunto, lo que da un total de más de 40.000 parcelas analizadas para llegar a estas conclusiones (ver Figura 7).

En la Figura 7, cada número representa la posición de una localidad de ensayos y el número es la cantidad de ensayos conducidos a lo largo de esos 17 años, en cada una de esas localidades. A partir de ese análisis de modelos lineales mixtos, que permite acomodar el efecto del desbalance de este tipo de ensayos, obtuvimos predictores insesgados del rendimiento de aceite para cada una de las tres regiones y los graficamos contra del año de liberación comercial, en las regiones Norte, Central y Sur (ver Figura 8). Lo primero que notamos es la misma distribución de rendimientos entre las tres regiones. Los rindes más altos siguen estando siempre en la región que sufrió la mayor pérdida de área, la Central.

Por otro lado, cuando vemos la distribución de los rendimientos de los híbridos en función de su año de liberación comercial, lo que observamos es que se distribuyen en una especie de triángulo. Hay muchos híbridos liberados al mercado que no se sitúan sobre la frontera de ganancia genética que muestra la totalidad de los híbridos. Esto se debe a diferentes motivos: (1) pueden ser híbridos que no tienen el comporta-

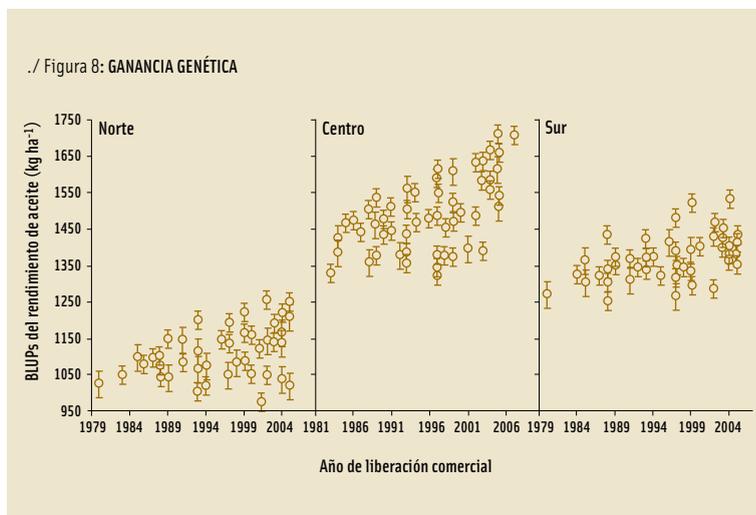


# **Bolsa de Cereales**

## **156 años de trayectoria junto al agro**

[www.bolsadecereales.com](http://www.bolsadecereales.com)



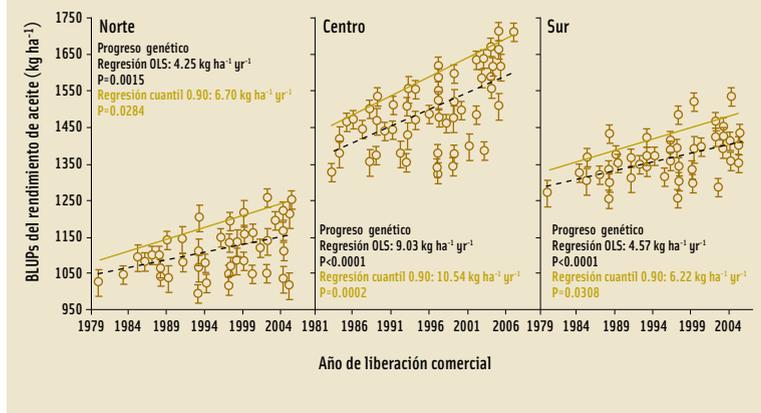


DE LA VEGA & CHAPMAN, 2010

miento relativo a campo que se esperaba cuando se los seleccionó; (2) pueden ser híbridos liberados adrede para segmentos de baja tecnología; o (3) conversiones de híbridos liberados anteriormente a, por ejemplo, alto oleico o a CL, que, cuando son liberados más tarde, no se ubican sobre esta frontera de rendimientos crecientes.

Creemos que la verdadera ganancia genética del sistema está dada por esta frontera y no por la totalidad de los híbridos. Por lo tanto, buscamos un método que permita describirla. Ese método es el análisis de regresión de cuantiles (ver Figura 9). En rojo, tenemos la ganancia genética descrita por la regresión del cuantil 0,90 que, más o menos, describe bastante bien la frontera de estas distribuciones. Estos análisis sugieren que hemos tenido una ganancia genética significativa en las tres regiones, pero de diferente magnitud. En la región Norte, la ganancia genética es de 6,7 kg de aceite por hectárea por año. En la Central es de 10,5 kg y en la región Sur, de 6,2 kg. La región Central presenta una ganancia genética superior a las regiones Sur y Norte. Por otro lado, hay muchos más híbridos situados en la frontera de esta distribución en la región Central que en la región Norte y, especialmente, que en la región Sur. Por lo tanto, el número de híbridos que fue generando mejoras significativas

./ Figura 9: REGRESIÓN POR CUANTILES (0.90)



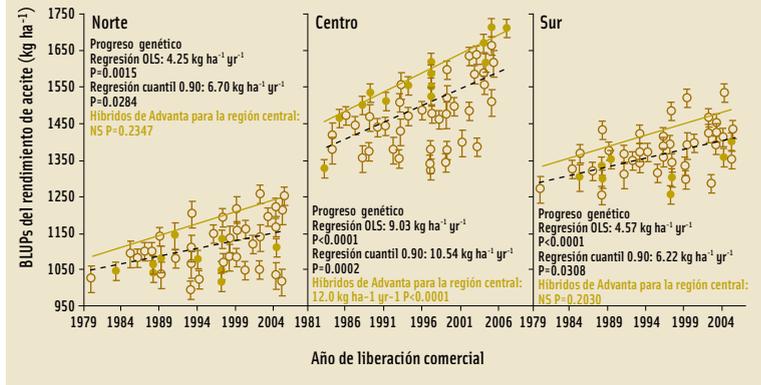
DE LA VEGA & CHAPMAN, 2010

de rendimiento a lo largo de las regiones varió, siendo mucho menor en la región Sur y en la región Norte. Creo que esto explica parcialmente el énfasis que hacía Pablo Calviño acerca de la importancia en la correcta elección de híbridos en la región Sur.

¿A qué se deben estas diferencias? Por un lado, uno podría encontrar la primera explicación en que la mayoría de los programas de mejoramiento de girasol en la Argentina, por una cuestión geográfica y por la distribución histórica del cultivo, estaban localizados en la región Central. De allí que la mejora para la región haya recibido mayores y más continuos esfuerzos de investigación. Pero también el Centro presenta mayor repetibilidad en sus datos. Allí es más precisa la información obtenida a partir de los ensayos comparativos de rendimiento. Y por eso, es mayor la ganancia por selección a partir de ensayos más precisos.

Dijimos que los análisis anteriores nos permitían predecir que, si realizábamos una selección específica para la región Central, no iba a haber una ganancia genética significativa en las regiones Sur y Norte. Los híbridos graficados en rojo (ver Figura 10) representan las líneas Contiflor, TC y CF, híbridos que fueron selectos específicamente para el Centro a través de ensayos en la región central. Allí presentan una ganancia gené-

./ Figura 10: EFECTO MEGA-AMBIENTE SOBRE LA GANANCIA GENÉTICA



DE LA VEGA & CHAPMAN, 2010

tica significativa y en las regiones Sur y Norte, para las cuales no fueron desarrollados, no representan ningún avance genético.

Estas diferencias entre regiones, en cuanto a su influencia sobre el comportamiento relativo de los híbridos, sumado a que la mayoría de los programas de mejoramiento estaban establecidos en la región Central, puede haber sido parte de la explicación de por qué la ganancia genética es mayor en el Centro que en las otras regiones. La otra parte tiene que ver con la repetibilidad de los datos (ver Figura 11). A partir de los análisis de modelos lineales mixtos, hemos obtenido coeficientes de variancia que nos permiten calcular heredabilidad en sentido amplio o repetibilidad.

¿Qué muestra la información contenida en la Figura 11? Simplemente la probabilidad de que los datos obtenidos en un ensayo reflejen lo que sucede realmente en el sistema de producción. Si nosotros estamos asumiendo una repetibilidad del 80%, para tomar una decisión certera estamos necesitando alrededor de 13 ensayos en la región Central y casi 20 en las regiones Norte y Sur. Eso es un llamado de atención, tanto a los mejoradores como a los productores y asesores que eligen híbridos a partir de los resultados de los ensayos comparativos de rendimiento publicados.

Esto no significa que los ensayos puedan contener errores, sino que lo que se llama error experimental, más la interacción genotipo x ambien-

te, hacen que se necesite más de un ensayo, en más de un año, en más de una localidad, para tomar una decisión de elección de genotipo con un cierto nivel de certeza.

Otra cosa interesante que se puede hacer a partir de estos análisis, ya que no sólo obtuvimos datos de rendimiento de aceite sino también de rendimiento de grano, porcentaje de aceite y tiempo de floración, es clasificar a los genotipos en función de todos estos atributos. Y para las tres regiones, hemos clasificado los genotipos en tres grupos. Un grupo al que llamaríamos “los estriados antiguos”; otro, “los negros antiguos” y, finalmente, “los híbridos modernos”. Cuando los analizamos en las tres regiones, nos muestran el siguiente gráfico (ver Figura 12).

Cuando hablamos de “los estriados antiguos” nos referimos a los híbridos de grano estriado de bajo porcentaje de aceite, alto rendimiento de grano y bajo nivel de sensibilidad al fotoperíodo, siendo de ciclo intermedio a largo en las regiones Central y Sur. Pongo como ejemplo a su híbrido más representativo: el Contiflor 3. Estos híbridos poseían, al menos, una línea que provenía de germoplasma local. “Los negros anti-



**ACA** SEMILLAS

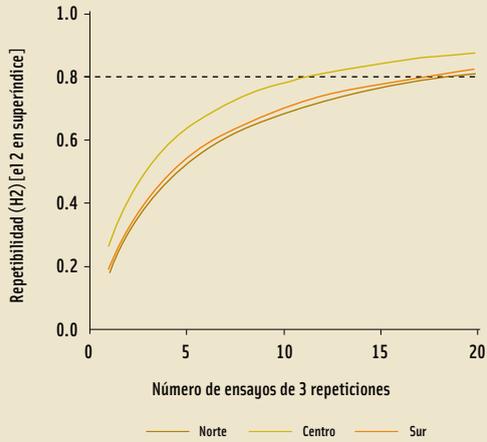
ASOCIACION de COOPERATIVAS ARGENTINAS

ACA 2031C • ACA211 CL • ACA 862 HO • ACA 861 • ACA 863  
ACA 872 • ACA 884 • ACA 885 • ACA 886 DM • ACA 887

ACA ES LÍDER DESDE HACE MÁS DE 20 AÑOS EN EL MERCADO DE GIRASOL, GRACIAS A LA RESISTENCIA A VUELCO Y LA ESTABILIDAD DE RENDIMIENTOS.

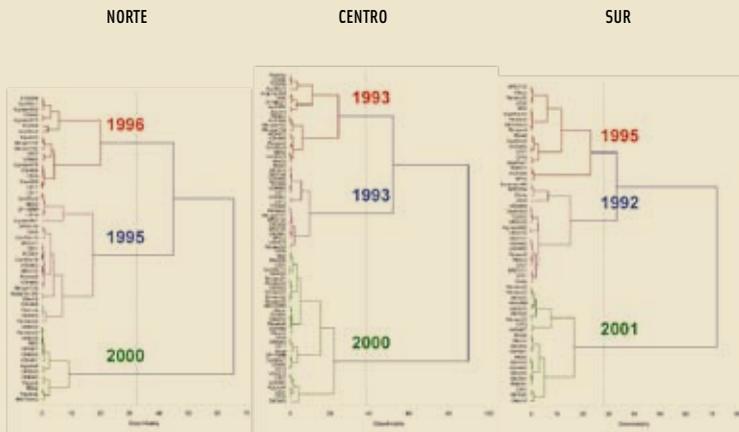
Av. Eduardo Madero 942 • Piso 5 • C1106ACW • Tel.: (54-11) 4310-1366/67/68/69 • Fax: (54-11) 4313-7571  
www.acacoop.com.ar • correo electrónico: insumos@acacoop.com.ar

./ Figura 11: EFECTO MEGA-AMBIENTE SOBRE LA REPETIBILIDAD



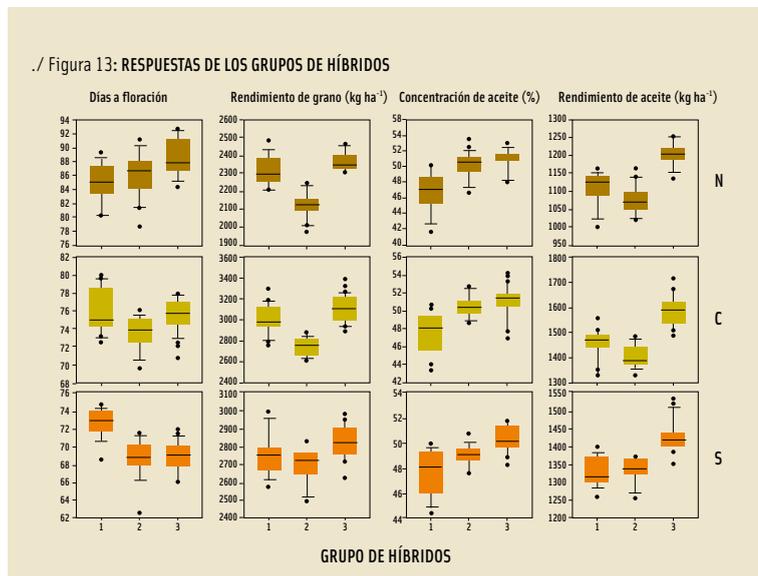
ADAPTADO DE DE LA VEGA & CHAPMAN, 2010

./ Figura 12: ANÁLISIS DE CLASIFICACIÓN



guos” eran híbridos sensibles al fotoperíodo, de ciclo intermedio/intermedio corto en las regiones Central y Sur, alto porcentaje de aceite, grano negro y bajo rendimiento de grano. Provenían, básicamente, de germoplasma del Este europeo y de Estados Unidos. Esos dos grupos de híbridos antiguos confluyeron en un nuevo grupo de mayor rendimiento de aceite por hectárea. En la Figura 13 presentamos en primer lugar siempre al grupo de “los estriados antiguos”, en segundo lugar el grupo de “los negros antiguos” y, en tercer lugar a “los híbridos modernos”. Tanto en la región Norte, como en la Central y Sur, los híbridos modernos presentan un rendimiento de aceite por hectárea significativamente superior a los dos grupos de híbridos antiguos (ver Figura 13).

Si vemos qué pasó con sus componentes de rendimiento, observamos que, en porcentaje de aceite, los híbridos modernos superan a ambos grupos de híbridos antiguos en las tres regiones. Aún los estriados del grupo de los modernos tienen un porcentaje de aceite muy superior a los antiguos híbridos estriados. En cuanto a rendimiento en grano, “los antiguos estriados” rendían más que los negros, pero menos que los



modernos, con la única excepción de la región Sur, donde los híbridos negros antiguos rendían tan bien o mejor que los estriados en cuanto a grano y presentaban mayor porcentaje de aceite.

Una cosa interesante con respecto a estos grupos es su diferente respuesta al fotoperíodo. El girasol tiene una respuesta de día largo. Es decir, se acorta al alargarse el fotoperíodo a emergencia y los híbridos más insensibles, como “los estriados antiguos”, eran precoces en la región Norte, intermedios-largos en la región Central y demasiado largos en la región Sur. El mejoramiento concentró los ciclos en el intermedio-largo en la región Norte, intermedio en el Centro e intermedio-precoc en el Sur. Ya no se observa la variabilidad que se observaba en el pasado. Respecto a una de las preguntas que existe hoy sobre el tema del manejo del ciclo, lo que podemos decir es que, del lado del mejoramiento, se han concentrado los ciclos en uno ideal para cada una de las regiones y ya no existe la variabilidad que existía anteriormente.

Por último, los híbridos IMI y alto oleico no se encuentran normalmente en la frontera de ganancia genética porque son conversiones. De todas maneras, en el caso de la región Central, su tasa de ganancia genética es mayor y esperamos que alcancen muy rápidamente a los híbridos convencionales.

Como conclusiones finales, podríamos decir que: (1) se incrementó el rendimiento de aceite en las tres regiones a razón de 6,7, 10,5 y 6,2 kilos de aceite por hectárea por año en las regiones Norte, Central y Sur, respectivamente; (2) la mayor tasa de ganancia genética en la región Central puede deberse a mayores y más continuos esfuerzos de mejoramiento y a presentar una mayor repetibilidad en cuanto a la precisión de sus ensayos; (3) el impacto de cada híbrido sobre el progreso genético difiere entre mega ambientes, de modo que híbridos específicamente selectos para la región Central, por ejemplo, no muestran progreso genético en las otras regiones; (4) se observa, tanto para la región Sur como la Norte, la confluencia, que habíamos visto anteriormente para la región Central, de dos grupos genotípicos antiguos en un grupo moderno de alto rendimiento de grano y alto porcentaje de aceite; y (5) los híbridos alto oleico y CL no se ubican en la frontera de la distribución de rendimiento, en función del año de liberación comercial de los híbridos evaluados, pero como se obtienen a través de un proceso de retro-cruza a partir de germoplasma ya mejorado, el progreso genético que experimentan es superior al que muestran los materiales convencionales.

MODERADOR: Guillermo Pozzi

## COMPETITIVIDAD DE LOS HÍBRIDOS DE GIRASOL ALTO OLEICO Y SU APOORTE A LA SALUD HUMANA

DISERTANTE: IGNACIO CONTI

Ingeniero Agrónomo egresado de la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de Mar del Plata. Egresado de la Maestría del Departamento de Agronomía de la Universidad de Purdue, Indiana, Estados Unidos. Se desempeñó en la Administración Zuberbuhler e Hijos, en Pioneer Argentina y en McCain Argentina. Actualmente, trabaja en Dow AgroSciences como Líder de Desarrollo de Productos para el negocio de Semillas y Biotecnología en el Cono Sur y como Líder del proyecto para nuevas tecnologías en los cultivos de maíz, soja y girasol.



Por los desafíos que está viviendo el cultivo de girasol en Argentina, es importante que reveamos algunos puntos. La agenda que propongo va a estar dividida en una situación actual que nos plantea desafíos en cuanto al progreso genético que ha tenido el cultivo, el área cultivada en nuestro país y algo que está directamente relacionado al producto final del cultivo de girasol, que son las grasas en la alimentación humana.

Consideramos que el girasol Alto Oleico es una excelente herramienta para convertir estos desafíos en oportunidades. Por eso, vamos a abordar la dinámica del área cultivada con esta especialidad, la competitividad alcanzada por los híbridos Alto Oleico y el aporte a la salud humana que tiene el producto final que surge de ellos.

El primer aspecto a desarrollar es la dinámica del cultivo de girasol en la Argentina, un cultivo que en la década del '90 creció de manera muy significativa, teniendo un pico sobre el final de la década que superó las 4 millones de hectáreas para, a partir del año 2000, tener una caída bastante estrepitosa con recuperaciones temporarias, pero con un capítulo muy oscuro en el último año, cuando cayó un 40% respecto de la campaña anterior y quedó por debajo de 1,5 millones de hectáreas totales en el país.

En lo que se refiere al desafío del progreso genético, el girasol es un cultivo que, a diferencia de la soja y el maíz, queda afuera de las tecnolo-

./ Figura 1: PROGRESO GÉNÉTICO EN GIRASOL

**A pesar de:**

- > Menor inversión en mejoramiento
- > Base genética estrecha
- > No adopción de transgénesis
- > Marginalización - cultivados en zonas menos productivas

**Se logró:**

- > Duplicar el rendimiento en grano desde 1975 a la fecha (progreso menor a otros cultivos)
- > Incrementar el porcentaje de aceite entre 1998 y 2006

gías vinculadas a las transgénesis (ver Figura 1). A ello hay que agregar el desplazamiento del cultivo hacia zonas menos productivas. A pesar de estos factores, logramos duplicar los rendimientos en granos de 1975 hacia delante y aumentamos en forma significativa los contenidos de aceite. Cabe destacar que estos progresos, en comparación a otros cultivos que hay en Argentina, como es el caso del maíz, siguen siendo menores.

### **LAS GRASAS Y LA SALUD HUMANA**

El último desafío tiene que ver con un tema que está ligado en forma directa al producto final que obtenemos del girasol: las grasas en la alimentación humana. Hoy, el alto contenido de grasas en la dieta provoca que dos tercios de los ataques cardíacos que se registran en Estados Unidos estén relacionados con ratios anormales de lo que denominamos el HDL o el LDL, que son el colesterol bueno y malo, como muestra la Figura 2. El 45% de los productos que encontramos en las góndolas contienen aceites que han sufrido un proceso de hidrogenación, que es el causante final de que los alimentos contengan grasas trans. A estos compuestos, las grasas trans, se les puede atribuir más de 30 mil muertes por año en Estados Unidos y, además, son los responsables del 40% de la diabetes tipo 2 que se diagnostica diariamente.

./ Figura 2: LAS GRASAS EN LA ALIMENTACIÓN HUMANA

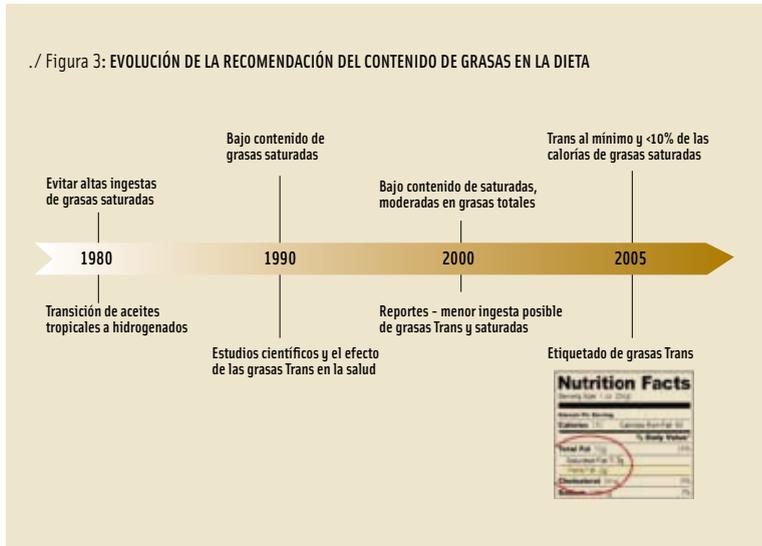
> 2/3 de los ataques cardíacos → Ratios anormales de colesterol HDL - LDL



- > 45% productos en góndolas → Aceites hidrogenados
- > Grasas Trans → 30.000 muertes / año (EEUU)
- > Grasas Trans → 40 % de la diabetes del tipo 2

Las grasas en la alimentación humana también han incrementado en forma significativa los índices de obesidad y esto trae aparejado mayores gastos en la atención médica debido a las enfermedades crónicas y discapacidades que tenemos.

Desde hace varios años, podemos diferir con claridad entre las que son consideradas grasas buenas de grasas malas. La recomendación del contenido de grasas ha evolucionado (ver Figura 3). Si nos remontamos a la década del '80, las recomendaciones de la dieta eran, simplemente, evitar las altas ingestas de grasas saturadas. La industria alimenticia tenía una transición de aceites tropicales a aceites hidrogenados. En la década del '90, la recomendación tenía que ver con un bajo contenido de grasas saturadas y comenzaban a aparecer los primeros estudios científicos que marcaban el efecto en la salud de las grasas trans. Ya para el año 2000, no solamente hablamos de bajo contenido de grasas saturadas, sino que, además, debía ser moderado el total de grasas que tuviera la dieta. Para ese momento, los reportes comienzan a hacer una recomendación clara de una menor ingesta posible de grasas trans y saturadas. En la actualidad, decimos que las grasas trans tienen que ser las mínimas posibles, que menos del 10% de las calorías tienen que ser aportadas por grasas saturadas. Diferentes países, incluido Argentina, comienzan



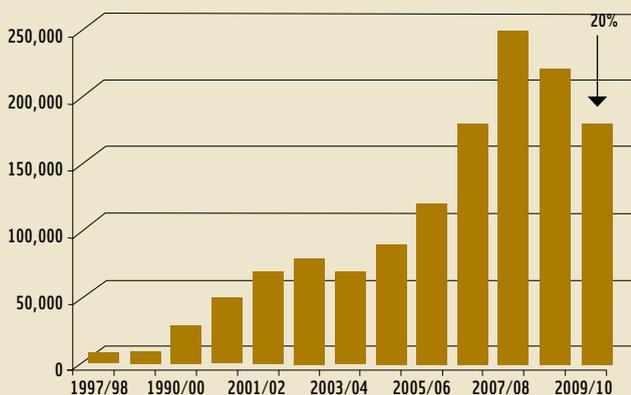
el etiquetado de los productos, donde ya no sólo hay que determinar el porcentaje de grasas totales que contiene un alimento, sino que hay que discriminar en qué conceptos de grasas trans o saturadas se representan esos porcentajes.

**OPORTUNIDAD: LOS ALTO OLEICO**

Creemos que el girasol Alto Oleico es una herramienta muy buena para tomar estos desafíos y convertirlos en oportunidades. Es una tecnología que está disponible desde 1976, que simplemente modifica el perfil de ácidos grasos llevando el contenido de ácido oleico a un 80%, versus el 15% que tienen los girasoles convencionales. Es una tecnología obtenida por mutagénesis y no por transgénesis. Eso quiere decir que no hay ningún gen externo del genoma del girasol incluido para lograr este cambio en el perfil de ácidos grasos.

La dinámica del girasol Alto Oleico tiene una historia mucho más reciente que la del girasol en Argentina, teniendo crecimientos bastante sostenidos a partir del año 2000. Lo más importante del gráfico siguiente (ver Figura 4) es que, en un escenario donde el girasol cayó en un 40%

./ Figura 4: GIRASOL AO - DINÁMICA ÁEREA (has)

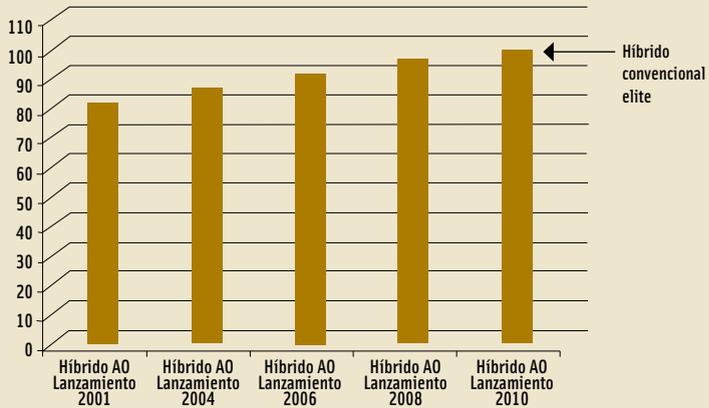


en su totalidad, el Alto Oleico solamente lo hizo en un 20%. Es decir, es la mitad de la caída que tuvo el girasol convencional en el total del país. Este es el primer indicio de los beneficios que tiene este tipo de cultivo para los productores y por los cuales no están dispuestos a perder la superficie lograda.

La competitividad de los Alto Oleico y la brecha que existía con los girasoles convencionales, en el inicio de los años 2000/2001 era un punto claro. Los primeros lanzamientos de las compañías estaban entre un 80/85% del rendimiento relativo bonificado de un híbrido elite convencional que ya existía en el mercado. Estamos convencidos de que esa brecha ha sido cerrada. Hoy podemos hablar claramente de híbridos que fueron lanzados al mercado la campaña pasada, y que muestran el 100% del rendimiento bonificado de un híbrido elite convencional (ver Figura 5).

El gráfico a continuación trata de confirmar esto. Es un ensayo específico de girasoles Alto Oleico provisto por la Red ASAGIR para la localidad de Balcarce (ver Figura 6). Me interesa destacar dos cosas. La primera es la amplia oferta de genética en híbridos Alto Oleicos que existe hoy en

./ Figura 5: GIRASOL AO - COMPETITIVIDAD. Rendimientos bonificados relativos (%)



./ Figura 6: GIRASOL AO - COMPETITIVIDAD. Red ASAGIR - Híbridos AO, Balcarce 2009/10

CULTIVAR	EMPRESA	% ACEITE	REND. BONIF. (KG/HA)
NTO 4.0	DOW AGROSCIENCES	49.9	3929
OLISUN 4	ADVANTA	48.0	3796
DK 3945	MONSANTO	46.9	3644
<b>P24</b>	<b>NIDERA (TESTIGO CONVENCIONAL)</b>	<b>48.3</b>	<b>3588</b>
A OLEICO 10	SEMINIUM	50.2	3558
AROMO 11	NIDERA	49.0	3475
DM 220 AO	DON MARIO	43.6	3431
SERRANO AO	PRODUSEM	43.4	3395
AUSIGOLD 61	NUSEED	47.7	3376
<b>VDH 487</b>	<b>ADVANTA (TESTIGO CONVENCIONAL)</b>	<b>46.4</b>	<b>3300</b>
SRM 822 AO	SURSEM	47.6	3238
SIERRA	ZETA	44.1	3083
KWSOL 590 CLHO	KWS	46.8	3024
SPS 3200 AO	SPS	44.8	3005
ARGENSOL 50 AO	ARGENETICS	47.4	2877
<b>ACA 885</b>	<b>ACA (TESTIGO)</b>	<b>47.0</b>	<b>2789</b>
NK 34 AO	SYNGENTA	45.6	2594

el mercado, ya no concentrado en una empresa, sino que ya son varias las empresas que brindan soluciones en este área. A la vez mostrarles, en un ranking que está ordenado por rendimiento bonificado, cómo los híbridos Alto Oleico se intercalan con rendimientos de híbridos testigos que fueron introducidos en este ensayo. La idea es marcar la competitividad de los híbridos. Vemos cómo varios de esos híbridos Alto Oleico hoy pueden estar a la altura de cualquier híbrido convencional.

Para lograr esta competitividad hubo un gran esfuerzo en lo que se refiere a herramientas de mejoramiento. Uno de los puntos principales es volcarse a tener las conversiones de las líneas que forman los híbridos en etapas más tempranas. Esto involucra un riesgo para todas las compañías que trabajan en el segmento de Alto Oleico, ya que, al iniciar en forma más temprana las conversiones, muchas de esas líneas pueden ser descartadas en el proceso de selección y desarrollo de un híbrido. Pero, a su vez, nos posicionan para tener más éxito al momento de lanzar híbridos competitivos al mercado.

El otro punto importante son las conversiones completas. Cuando hablamos de recurrencia genética mayores al 99%, podemos indicar que, en la actualidad, híbridos reconocidos en el mercado están exactamente con la misma genética. Lo único que cambia es que están en versión Alto Oleico.

La competitividad también se ha logrado con herramientas de soporte al manejo tradicional, que hacen que el girasol y, en forma específica el Alto Oleico, haya utilizado herramientas que son de avanzada para otros cultivos. Podemos dividir esto en herramientas moleculares, que se usan en cultivos que han tenido progresos mucho más avanzados, como ha sido el maíz (ver Figura 7). Podemos hablar de mejoramiento, y allí podemos destacar lo que es el Forward Breeding, es decir, el mejoramiento en forma adelantada, ya con líneas convertidas a la tecnología Alto Oleico, que posibilita no tener que esperar a lanzar un híbrido convencional al mercado para luego retrasarse dos años en el lanzamiento de la versión con la nueva tecnología. Tenemos también herramientas analíticas, aquel software de soporte que puede tener el mejoramiento con asistencia de marcadores moleculares. Y en el caso del girasol Alto Oleico, y quizá el punto más importante de la calidad del aceite, todas las herramientas de química analítica avanzada, que permiten hacer un monitoreo de la



### VENTAJAS COMPARATIVAS

¿Cuáles son las ventajas comparativas que tiene hoy el aceite de girasol Alto Oleico? Sobre todo, su estabilidad oxidativa natural. Permite no tener que pasar por un proceso de hidrogenación, que recordemos es el proceso que genera finalmente las grasas trans. Por ser rico en monoinsaturados, por tener ese alto valor superando el 85% de ácido oleico es líquido a temperatura ambiente y facilita su manipuleo. Tiene altos niveles de alfatocoferoles, que son una fuente importante de vitamina E y acá entre los aceites saludables podemos marcar una ventaja sobre el aceite de oliva.

Un punto que atañe más a la industria alimenticia es que el aceite de girasol Alto Oleico está considerado entre los más saludables, sin conferir un fuerte sabor, lo que lo hace de mucho valor para esa industria. En la gráfica (ver Figura 9) se muestra cómo, en un producto muy consumido por todos nosotros, el mismo producto hecho con un aceite hidrogenado tiene un aporte significativo, tanto de grasas trans como de grasas saturadas. Sin embargo, cuando vemos ese mismo producto hecho con

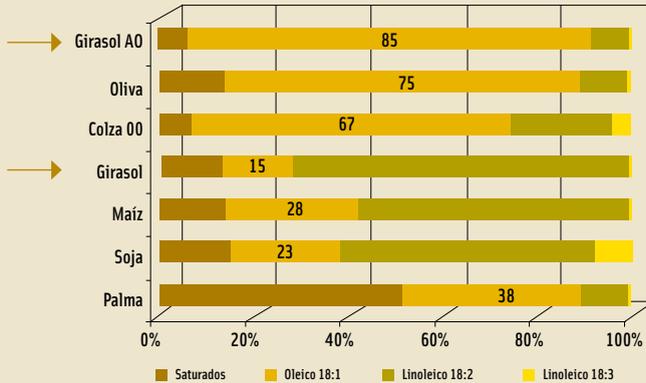
*Con 30 años de experiencia en la industrialización  
de las materias primas del agro pampeano,  
nuestros productos son altamente valorados por  
sus cualidades de pureza y naturalidad.*

ACEITES • MAYONESAS • NUTRICION ANIMAL



[www.gentedelapampasa.com.ar](http://www.gentedelapampasa.com.ar)

./ Figura 8: ALTO OLEICO - SU APORTE A LA SALUD HUMANA. Óptimo perfil ácidos grasos

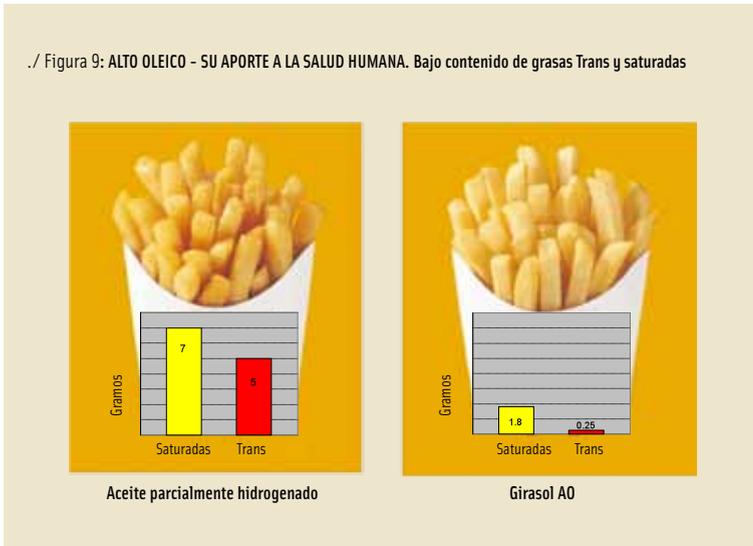


un aceite de girasol Alto Oleico, ese aporte en gramos, tanto de grasas saturadas como de grasas trans, se reduce al mínimo.

Para correlacionar los desafíos con las oportunidades, siendo el primer desafío el área cultivada, cuando vemos que en la última campaña agrícola el cultivo de girasol cayó un 40%, podemos observar cómo el girasol Alto Oleico solamente lo hizo en un 20%. Esto nos da un claro indicio de la oportunidad que tenemos para seguir creciendo en el área de esta especialidad.

En lo que se refiere a competitividad, vimos un cultivo de girasol que logró progresos genéticos aceptables, pero menores, versus otros cultivos. En ese mismo escenario, hoy el Alto Oleico alcanza los rendimientos de los híbridos convencionales. Además, suma tecnologías; este es un punto que no marcamos anteriormente, pero significa que nos permite entrar en el mercado de híbridos que no solamente tienen un valor agregado por la mejora en el aceite sino que también suman tecnologías –como la tolerancia a herbicidas– que facilitan el manejo agronómico a los productores. Concluimos, entonces, que el girasol Alto Oleico puede aportar mayor rendimiento y más valor para el productor.

./ Figura 9: ALTO OLEICO - SU APOORTE A LA SALUD HUMANA. Bajo contenido de grasas Trans y saturadas



Finalmente, cuando nos referimos al aporte a la salud humana, hoy vemos una recomendación tendiente al mínimo de grasas trans y grasas saturadas. En ese sentido, el girasol Alto Oleico, por su óptimo perfil de ácidos grasos, es el que más va a disminuir el aporte de estas dos grasas en la alimentación humana.

Para cerrar, consideramos que el girasol Alto Oleico es una herramienta muy interesante para capturar esa demanda creciente de aceites saludables que está viviendo hoy el mundo.

MODERADOR: Guillermo Pozzi

---

## **MEJORAMIENTO ASISTIDO POR MARCADORES MOLECULARES: UNA HERRAMIENTA PODEROSA PARA ENFRENTAR LOS DESAFÍOS DEL CULTIVO DE GIRASOL**

---



**DISERTANTE: MARÍA EUGENIA BAZZALO**

Doctorada en Biología de la Universidad de Buenos Aires (UBA). Fue docente universitaria e investigadora del Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Actualmente, es responsable del Laboratorio de Patología de ADVANTA Semillas. Sus investigaciones están orientadas a resolver aspectos sanitarios referidos al girasol. Ha contribuido en las investigaciones sobre la patología del cultivo, particularmente en lo que hace a *Sclerotinia sclerotiorum*.

---



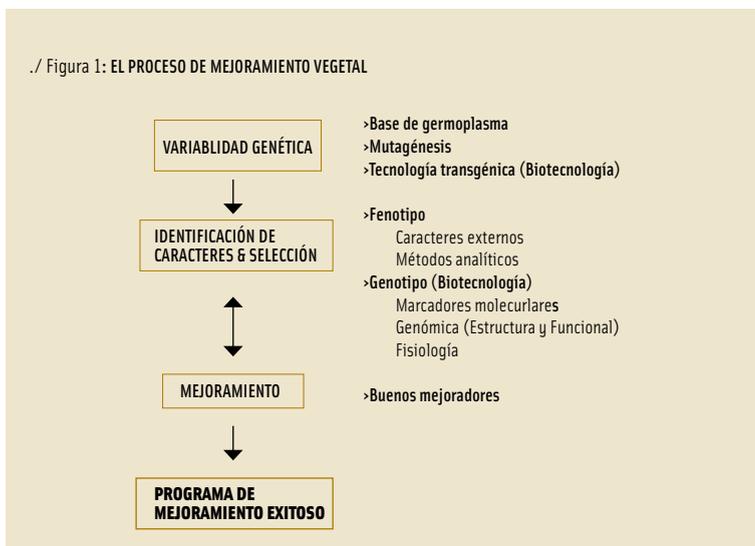
**DISERTANTE: ANDRÉS ZABELLI**

Doctorado en Ciencias Bioquímicas de la Facultad de Ciencias Exactas de la Universidad Nacional de La Plata (UNLP). Es docente de la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad de Mar del Plata. Fue becario e investigador adjunto del CONICET y *Postdoctoral Research Associate, School of Biological Sciences, University of Manchester*. Actualmente, es Gerente de Biotecnología de Advanta Semillas y desarrolla sus actividades en el Centro de Biotecnología de Balcarce. Es autor de numerosos trabajos científicos y es docente del Posgrado en Mejoramiento Vegetal de la Facultad de Agronomía de la UNMdP.

El objetivo de esta presentación es hacer una breve descripción sobre el uso de algunas herramientas biotecnológicas en el mejoramiento de girasol, dirigida fundamentalmente a todos aquellos participantes de la cadena de comercialización del girasol que no están familiarizados con estas metodologías. La idea es construir un puente que permita comunicarnos y podamos comprender los alcances y ventajas que su aplicación conlleva.

¿Qué implica un proceso de mejoramiento vegetal? En primer lugar, disponer de variabilidad genética (ver Figura 1). En segundo término,

./ Figura 1: EL PROCESO DE MEJORAMIENTO VEGETAL



poder identificar, dentro de esa fuente de germoplasma, los caracteres de interés agronómico y disponer métodos para seleccionarlos, para finalmente abordar el proceso de mejoramiento propiamente dicho, es decir, cruzar aquellas líneas que consideremos adecuadas para lograr una ganancia genética.

Si nos referimos a variabilidad genética, obviamente, la fuente principal es disponer de una base de germoplasma. Otra herramienta que permite incrementarla es la utilización de mutagénesis, como forma de generar variabilidad genética no existente en la naturaleza, y una alternativa es la utilización de herramientas biotecnológicas como la transgenia.

Si nos referimos a lo que implica la identificación de caracteres y su selección, obviamente, puede hacerse observando las plantas y siguiendo el fenotipo de interés, ya sea haciendo una evaluación de caracteres externos o utilizando métodos analíticos. Pero también puede hacerse determinando el genotipo. Es decir, caracterizar la base genética de la especie en cuestión y buscar establecer las relaciones que hay entre esos genes y el fenotipo. Esto constituye una aplicación biotecnológica. Para ello, necesitamos contar con marcadores moleculares de ADN y que ade-

más podamos correlacionarlos con características morfológicas, fisiológicas o metabólicas vinculados a atributos agronómicos.

Sin embargo si aludimos al mejoramiento, lo que fundamentalmente se requiere es de buenos mejoradores. Aunque pueda resultar obvio, esto apunta a desmitificar el uso de la biotecnología, pensando que ella puede reemplazar al mejorador. Todo lo contrario: las herramientas biotecnológicas tienen que ser aplicadas en mancomunidad con el mejoramiento clásico. Todos estos elementos son los que van a contribuir a que se logre un programa de mejoramiento exitoso.

### **AMPLIAR LA NOCIÓN DE BIOTECNOLOGÍA**

Si nos referimos a las aplicaciones de la biotecnología al mejoramiento vegetal, en general, se la asocia con el desarrollo de transgénicos. Esto, sin ser un una opinión negativa sobre ellos, constituye una interpretación sesgada ya que en general se desconoce que la aplicación del término biotecnología tiene alcances más allá de los transgénicos y que incluye la aplicación de otras herramientas. Entre ellas podemos mencionar los marcadores moleculares de ADN, fundamentalmente utilizados para la selección asistida (ver Figura 2). También permiten caracterizar la diversidad genética del germoplasma, lo cual constituye un elemento de particular interés ya que permite conocer la variabilidad disponible y, sobre todo, establecer cuáles son las líneas más contrastantes, en términos genéticos, lo cual es relevante para cualquier programa de mejoramiento. Asimismo, podemos utilizar estas herramientas en lo que es el mapeo cromosómico, o sea, establecer las regiones del genoma que contienen aquellos genes que gobiernan características o atributos de interés.

Dentro de las aplicaciones de la biotecnología, hay un capítulo que es el de la genómica. Si se quieren establecer las bases moleculares que determinan una característica fenotípica de interés, se debería explorar la información disponible sobre las secuencias del genoma de un cultivo dado, para así llegar a identificar cuáles son los genes asociados con esa característica. Aquí se abre todo un espectro de abordajes que implican la secuenciación del ADN, la catalogación de los genes y la identificación de regiones variables entre individuos. Ello permitirá realizar lo que se llama mapeo por asociación, cuya aplicación nos acerca a la investigación, caracterización e identificación de genes o QTL (*quantitative trait locus/loci*)

./ Figura 2: LA BIOTECNOLOGÍA Y EL MEJORAMIENTO VEGETAL



**OTRAS APLICACIONES DE LA BIOTECNOLOGÍA**

**USO DE MARCADORES MOLECULARES DE ADN**

- >Selección asistida por marcadores moleculares
- >Caracterización de la diversidad genética del germoplasma
- >Mapeo cromosómico

**GENÓMICA**

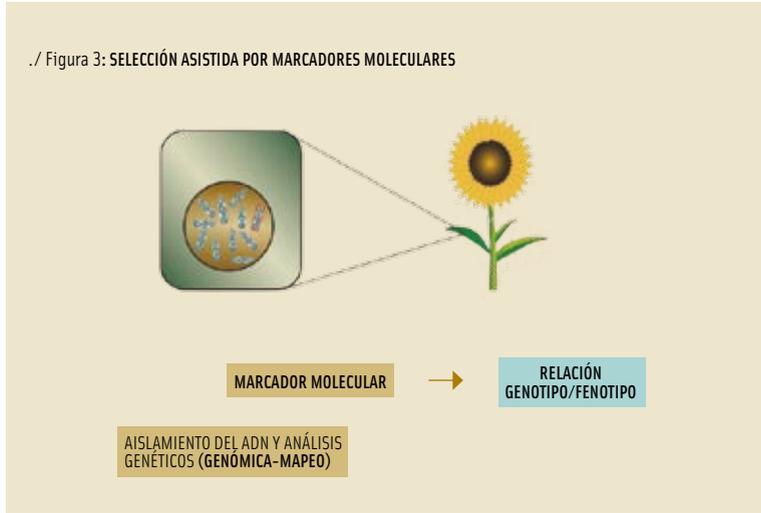
- >Mapeo por asociación
- >Estrategia de genes candidatos

relacionados a la manifestación de caracteres complejos. Sobre esta base se podrán diseñar marcadores moleculares útiles para la selección.

¿Qué implica hablar de selección asistida por marcadores moleculares? La planta de girasol está constituida por células. Si pudiéramos analizar cada una de ellas veríamos que están constituidas por un núcleo y un citoplasma. Dentro de ese núcleo, está contenido todo el material genético (ADN). Utilizando las herramientas biotecnológicas disponibles, se puede aislar el núcleo de esa célula o, mejor dicho, aislar el ADN y, mediante la utilización de herramientas de la genómica y del mapeo, se puede establecer cuál es la región del genoma que está asociada a una característica de interés agronómico (ver Figura 3). O sea, que esa región constituirá el marcador molecular, la que estará en desequilibrio de ligamiento con la característica agronómica de interés lo que determina que existe relación entre el genotipo y el fenotipo: cuando esto se cumple, definir uno implica definir el otro.

Podríamos definir el mejoramiento genético como aquella actividad que lleva a identificar dentro de una base de germoplasma, las mejores variantes alélicas (es decir de genes), y las mejores combinaciones (ha-

./ Figura 3: SELECCIÓN ASISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES



plotípos) de esos genes, asociados a la manifestación de caracteres o atributos de interés agronómico. Si nos referimos a métodos de selección, compararemos, básicamente, las dos grandes alternativas que disponemos (ver Figura 4). Uno puede hacer una clasificación basada en el fenotipo (lo que se ha realizado desde los inicios de la agronomía), o utilizando marcadores moleculares. ¿Qué implica esto? Cuando uno trabaja haciendo una selección fenotípica debe ver la manifestación y cuantificarla. Salvo en los casos en los que se esté evaluando algún tipo de parámetro como por ejemplo resistencias a patógeno que se pongan de manifiesto en estadios primordiales, se requerirá evaluar la planta adulta. Cuando uno trabaja haciendo selección por marcadores moleculares, dado que estamos investigando el genoma y éste se mantiene inalterado a lo largo del desarrollo de la planta, uno puede hacer el aislamiento del ADN en estadios muy primordiales de la planta. Por lo tanto, si uno conoce el gen o dispone del marcador molecular que está asociado a la característica de interés, se puede hacer la identificación y selección de plantas en etapas tempranas del desarrollo, mediante el análisis de su ADN.

Cuando se trabaja con marcadores moleculares no se necesita aguardar a que el carácter de interés se manifieste. Eso trae una gran ventaja:

./ Figura 4: SELECCIÓN FENOTÍPICA Y ASISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES

**Mejoramiento genéticos:** identificar dentro de una base de germoplasma las mejores variantes alélicas (**gen/QTL**) y sus mejores combinaciones (**haplotipos**) asociadas a la manifestación de caracteres de interés agronómico

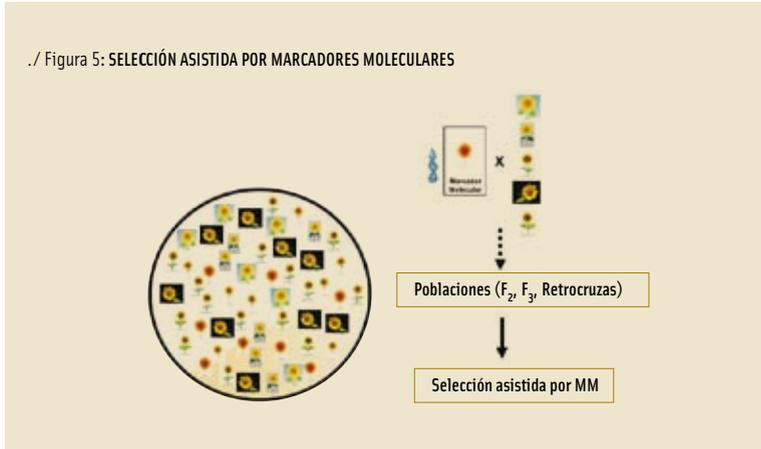
SELECCIÓN	
Fenotipo	Marcadores moleculares
Plantas adultas (generalmente)	Plántulas (siempre posible)
Esperar la manifestación de interés	No es necesario esperar la manifestación del carácter

] Ahorro de tiempo

un significativo ahorro de tiempo que acelera el proceso de selección. Veamos cómo se utilizan este tipo de herramientas: supongamos que tenemos una línea de girasol de alto interés porque posee un atributo que nos interesa sobremanera, y además que disponemos de ese marcador molecular, asociado a ese atributo, el proceso de mejoramiento se iniciará cruzando esa línea con otras líneas. Entonces, dependiendo de la estrategia de mejoramiento que se escoja, se generarán poblaciones  $F_2$ ,  $F_3$ , o también se puede hacer una retrocruza (ver Figura 5). Por lo tanto, dentro de esas poblaciones tendremos individuos con distintas variantes alélicas (genotípicas). Si se dispone de un marcador molecular asociado a esa característica, podrán seleccionarse aquellas plantas que contengan el o los alelos asociados al atributo de interés. De esa forma, se puede trabajar con grandes cantidades de plantas y seleccionarlas en estadios primordiales, separando aquellos individuos que sean de interés. Esto es básicamente la selección asistida por marcadores moleculares.

Una aplicación muy corriente y que brinda muchas ventajas es la selección asistida por marcadores en la introgresión por retrocruza (ver Figura 6). Supongamos que se tiene una línea recurrente de elite y una línea donadora de un atributo de interés que el mejorador quiere cruzar.

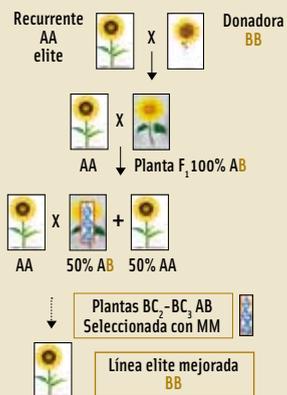
./ Figura 5: SELECCIÓN ASISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES



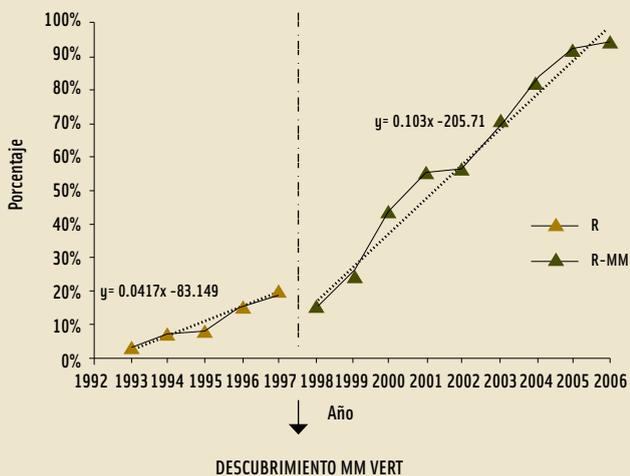
Obviamente, va a obtener una planta  $F_1$  que va a ser heterocigota. La retrocruza implica cruzar la planta  $F_1$  con el recurrente, lo que generará una descendencia que será en promedio 50% heterocigota para el atributo y 50% homocigotas sin el atributo. Por lo tanto, si uno dispone del marcador molecular asociado, puede, dentro de esa población, seleccionar aquellos individuos heterocigotas para el marcador. Si estamos trabajando con un atributo que es recesivo, no lo podríamos poner de manifiesto a menos que autofecundemos esos individuos y analicemos la segregación, de manera de encontrar aquellos que sean homocigotas. En este punto, la utilización del marcador es crucial porque nos permite anticiparnos a la presencia de ese atributo sin necesidad de autofecundar.

Veamos un ejemplo de aplicación de selección con marcadores moleculares en nuestro programa de mejoramiento de girasol de Venado Tuerto. En el gráfico vemos cómo ha evolucionado la cantidad de líneas del germoplasma comercial de ADVANTA con resistencia a Verticillium (ver Figura 7). En el año 1997 se descubre un marcador molecular asociado a la resistencia al patógeno. Se ve cómo fue el crecimiento de la cantidad de líneas convertidas hasta antes y después del descubrimiento del marcador. Se advierte claramente que su utilización en la selección trajo aparejado un aumento significativo en la cantidad de líneas convertidas por año.

./ Figura 6: SELECCIÓN ASISTIDA POR MARCADORES - Introgresión por retrocruza



./ Figura 7: EJEMPLO 1: INTROGRESIÓN DE RESISTENCIA A VERTICILUM EN GIRASOL



Otro de los ejemplos de selección asistida por marcadores es el apilamiento de QTL de resistencia a *Sclerotinia* (ver Figura 8). *Sclerotinia sclerotiorum* produce una enfermedad conocida como podredumbre del capítulo de girasol, cuyos daños pueden generar pérdidas de hasta el 100%. No se ha encontrado una resistencia total a la enfermedad, por lo tanto, el desafío experimental es ver si es posible aumentar los niveles de resistencia a través de la combinación de genes provenientes de distintas fuentes donadoras. El desarrollo de esta estrategia implica identificar las fuentes de resistencia y generar poblaciones segregantes resistente (R) x sensible (S). Una vez obtenidas se enfrentan las plantas al patógeno y de cada individuo se colectan los datos fenotípicos (R y S), que son genotipificados mediante la utilización de marcadores de ADN distribuidos a lo largo del genoma del girasol. Utilizando análisis estadísticos adecuados se busca la asociación entre la segregación de la resistencia y la segregación de alguno o algunos marcadores de manera de identificar QTL o eventualmente genes que están asociados a esa resistencia. En definitiva, esto apunta a desarrollar marcadores moleculares asociados a esa resistencia aptos para la selección asistida.

Básicamente, si uno tiene una línea de elite y dos fuentes donadoras, lo que se hace es combinar las dos fuentes de resistencia en una misma

./ Figura 8: EJEMPLO 2: APILAMIENTO DE QTL DE RESISTENCIA A SCLEROTINIA



- > Enfermedad: podredumbre del capítulo del girasol
- > Los daños pueden alcanzar el 100% de pérdidas a cosecha
- > No se ha encontrado resistencia total a la enfermedad

**Desafío experimental:** ¿Es posible aumentar los niveles de resistencia a través de la combinación de genes provenientes de distintas fuentes donadoras?

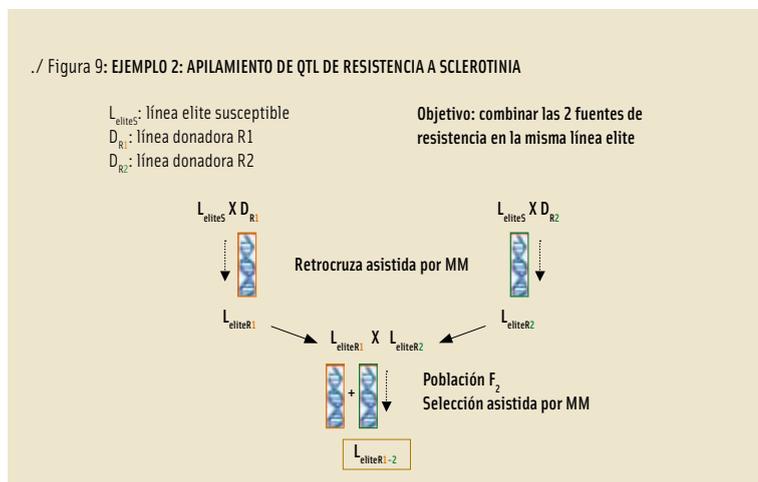
**Etapas:**

- > Identificación de fuentes de resistencia ( $D_{R1}$  Y  $D_{R2}$ )
- > Poblaciones de mapeo (familias  $F_{2,3}$ )
- > Colección de datos moleculares y fenotípicos
- > Localización de QTL en distintos grupos de ligamiento e identificación de **Marcadores Moleculares asociados**

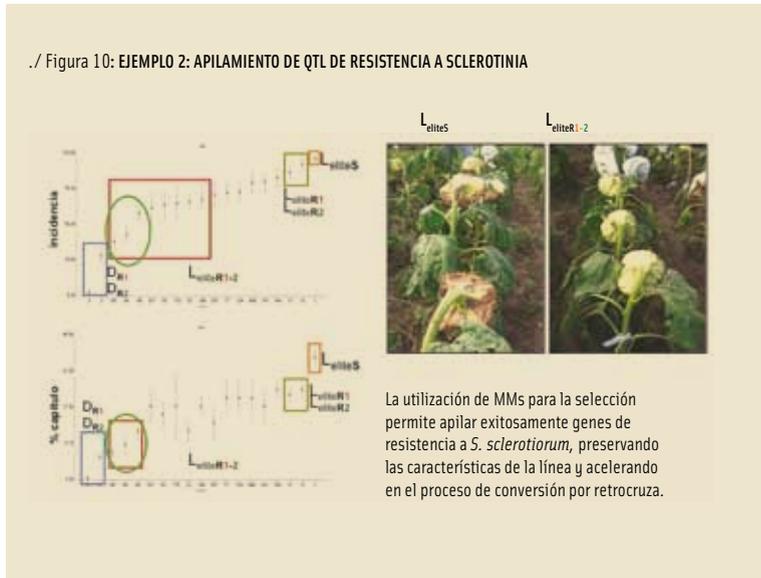
línea. Por lo tanto, es necesario hacer una retrocruza de la línea elite con cada una de las fuentes de resistencia disponibles, utilizando el marcador molecular asociado a cada una de ellas para la selección de los individuos portadores de los QTL de interés (ver Figura 9). Una vez identificados, se los cruzará para obtener una población  $F_2$  y utilizando ahora los dos marcadores asociados a cada una de las fuentes de resistencia se identificarán los individuos de la población que tienen ambas fuentes de resistencia.

Una vez identificados los individuos con ambos QTL se estudió la incidencia de la enfermedad y el porcentaje de capítulo afectado. Pudo demostrarse que aquellos individuos de la población portadores de los QTL apilados (seleccionados de una población  $F_{2:3}$ ) mostraron un incremento significativo en la resistencia. Por lo tanto, la utilización de esta herramienta nos ha permitido generar una línea de elite que tiene una resistencia a la podredumbre significativamente mayor respecto a la línea elite original (S) y a la línea con sólo uno de los QTL (ver Figura 10). O sea, que la utilización de estos marcadores nos ha permitido apilar los dos genes de resistencia, preservando las características de las líneas de elite.

Otra aplicación de mucho auge en la actualidad es el uso de marcadores moleculares para el Mapeo por Asociación, estrategia que separa



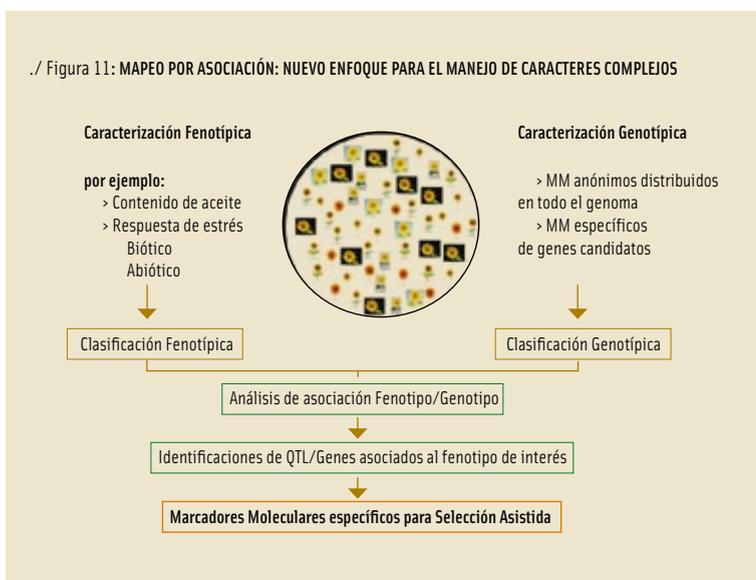
./ Figura 10: EJEMPLO 2: APILAMIENTO DE QTL DE RESISTENCIA A SCLEROTINIA



el manejo de caracteres complejos. Cuando nos referimos a caracteres complejos hablamos de caracteres que están gobernados por tres o más genes o QTL. Muchas compañías semilleras están utilizando este tipo de herramientas y se prevé una amplia aplicación para el futuro. El Mapeo por Asociación implica una caracterización genotípica de una base de germoplasma utilizando marcadores moleculares dispersos por todo genoma y con la alta densidad de cobertura.

Estos abordajes están asociados al desarrollo de tecnologías de microarreglos, que permiten utilizar un gran número de marcadores. Estos pueden desarrollarse gracias a la utilización de técnicas de secuenciación masiva, apuntando a la caracterización del genoma de girasol. Básicamente, si uno tiene una base de germoplasma, lo que se busca es hacer una caracterización fenotípica de algún carácter complejo (ver Figura 11). Por ejemplo, para contenido en aceite o respuesta a estreses bióticos o abióticos. Por otra parte se requiere realizar una caracterización genotípica detallada, o sea, conocer el grado de diversidad genotípica entre los materiales, de forma tal que podamos establecer un análisis de aso-

./ Figura 11: MAPEO POR ASOCIACIÓN: NUEVO ENFOQUE PARA EL MANEJO DE CARACTERES COMPLEJOS



ciación entre lo que es el fenotipo y el genotipo, y de este modo tratar de establecer las bases moleculares que están gobernando ese carácter complejo.

De esta forma, uno puede identificar genes o QTL asociados al fenotipo de interés. Así, podemos disponer de marcadores moleculares específicos, útiles para la selección asistida.

Como comentario final, quisiera señalar que la aplicación de las herramientas biotecnológicas está contribuyendo en forma muy clara a dinamizar el mejoramiento de girasol. En Argentina se está trabajando muy fuerte en este campo. Considero que el país es un líder mundial en cuanto a investigaciones biotecnológicas en girasol. Otro aspecto a destacar es que existen iniciativas de colaboración científica entre instituciones públicas y privadas. El ejemplo es el IP-PAE, un proyecto en el que participan distintas instituciones públicas y privadas, todas con el objetivo de mancomunar esfuerzos para la aplicación de herramientas biotecnológicas para el mejoramiento y el desarrollo de la cadena del girasol.

MODERADOR: Guillermo Pozzi

---

## **CARACTERIZACIÓN DEL IMPACTO DE DIVERSOS CARACTERES SOBRE EL PROGRESO GENÉTICO DEL GIRASOL**

---



**DISERTANTE: FEDERICO BÖCK**

Ingeniero Agrónomo egresado de la Facultad de Agronomía de la Universidad de Buenos Aires. Trabajó en el INTA Castellar y en el Instituto de Investigaciones Fisiológicas y Ecológicas Vinculadas a la Agricultura (IFEVA) de la FAUBA. Desempeñó tareas en Monsanto y, actualmente, es el responsable del Programa de Mejoramiento de Girasol de la empresa Syngenta.

Voy a comenzar mi presentación poniendo en marco cómo se relaciona esta presentación específica con el proyecto Brechas. El rendimiento en aceite de diferentes híbridos de girasol del mercado se asemeja a varios globos suspendidos en el aire a diferentes alturas. Si hacemos un zoom sobre uno de ellos, vemos que existe una brecha de rendimiento entre lo que observan los semilleros en sus ensayos de microparcels en distintas localidades y lo que está obteniendo el productor. Hoy existen programas de mejoramiento cuyo objetivo es seguir empujando esos globos hacia arriba. Para ello, se utilizan diferentes herramientas. Una de ellas tiene que ver con el fenotipado, es decir, la medición de caracteres específicos sobre híbridos y líneas de girasol para poder utilizarlos, posteriormente, en el mejoramiento genético y así orientar mejor los recursos, de una forma más eficiente, tratando de obtener un mayor progreso genético por cada peso invertido en investigación.

Si miramos un poquito la historia del mejoramiento de girasol a mediados del siglo pasado, veremos que se hacían selecciones sobre poblaciones. Después se empezaron a cultivar variedades de polinización abierta, y a mediados de la década del 70, con la aparición de la esterilidad citoplasmática descubierta por *Le Clerc*, en Francia, se hizo una adopción masiva de la tecnología de híbridos de girasol. Esto se hace a través de la recombinación de genes. Un ejemplo sencillo, una simplificación al máximo de cómo es un proceso de generación de una nueva línea

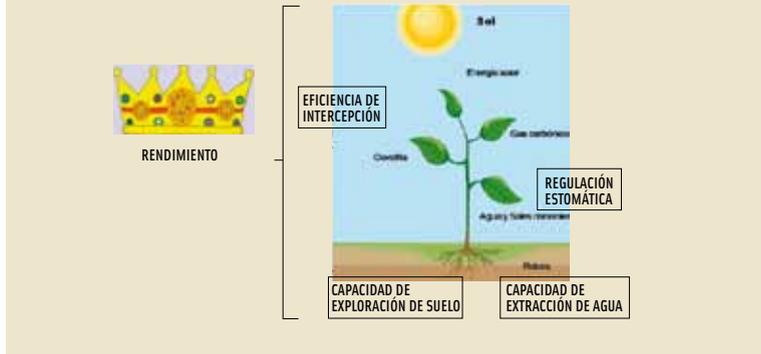
y de un nuevo híbrido, sería: a partir de dos hembras y de dos machos elite de un programa, se cruzan entre sí las hembras y los machos y se genera una nueva hembra y un nuevo macho que se cruzan entre sí para dar un nuevo híbrido. Este nuevo híbrido es evaluado en una red de ensayos en numerosas localidades. Ahí pueden ocurrir dos cosas: que ese nuevo híbrido rinda menos o igual que los híbridos que ya están presentes en el mercado, en cuyo caso ese híbrido se descarta, o que ese híbrido rinda más y, a su vez, tenga características fenotípicas aceptables, en cuyo caso ese híbrido avanza (ver Figura 1).

Podemos decir que nuestro rey, o el que domina nuestro trabajo, es el rendimiento. Nosotros trabajamos para mejorar el rendimiento. Hoy se puede ver el deterioro de los ambientes explorados por el cultivo y nosotros seguimos trabajando para mejorar el rendimiento aún en esos ambientes. Abelardo de la Vega nos mostró cuán exitosos han sido los distintos programas de mejoramiento de la Argentina en optimizar el rendimiento a través de los años.

Ahora bien, ¿qué hay detrás del rendimiento? Detrás del rendimiento tenemos una fuente de energía principal que es el sol y una máquina que la captura y la convierte en fotoasimilados (ver Figura 2). Luego, parte de esos fotoasimilados se convierten en granos, que es lo que estamos pretendiendo cosechar.



./ Figura 2: MEJORAMIENTO



Esas plantas que están sembradas en un lote tienen una determinada eficiencia de intercepción que está relacionada con la cobertura, es decir, los metros cuadrados de hoja por metros cuadrados de suelo que tenga el cultivo. A su vez, estos tienen vinculación con la arquitectura de las plantas.

Por otro lado, el girasol está siendo cultivado en ambientes donde la frecuencia de aparición de estreses hídricos es grande. Por lo tanto, es muy importante que nuestros cultivos tengan gran capacidad de exploración de suelo y, a su vez, gran capacidad de extracción de agua de ese suelo.

Por último, tenemos la regulación estomática, que es la que regula, por un lado, la transpiración y, por otro, el ingreso de dióxido de carbono disponible para hacer la fijación a través del proceso de fotosíntesis.

¿Cuáles fueron los objetivos de este trabajo? En primer lugar, caracterizar el impacto relativo de una serie de caracteres en el progreso genético de los híbridos de un programa de mejoramiento de girasol y de sus parentales. ¿Cuáles fueron los caracteres? La eficiencia de intercepción, la capacidad de exploración de suelo, la de extracción de agua y la de regulación estomática. El segundo objetivo fue identificar aquellos con mayor probabilidad de mejora para orientar los recursos del programa.

La herramienta fundamental de un programa de mejoramiento es la variabilidad, y la variabilidad dependerá del *pool* de germoplasma que estamos evaluando. Es así que cada *pool* de germoplasma va a tener algunos

caracteres en los cuales el progreso haya sido mayor y otros en los cuales haya sido menor. A su vez, dependiendo de cada *pool* de germoplasma, va a haber algunos caracteres para los cuales tendremos una fuente de mejora y va a haber otros *pools* en los cuales no tendremos esas fuentes de mejora. Por lo tanto, tendremos que buscarla fuera del programa.

Respecto de la metodología, se seleccionaron 19 parentales de híbridos comerciales en diferentes épocas del programa. Es decir, algunos parentales de híbridos que fueron al mercado en la década del '80, otros en la del '90 y otros más actuales. Tanto la performance de los híbridos como de los caracteres específicos de los híbridos y líneas fueron evaluados en Francia. En el primer caso, se evaluó sobre la red de ensayos de híbridos comerciales y en el segundo fueron ensayos de laboratorio.

En lo que hace a la eficiencia de intercepción, lo que se midió fue la superficie foliar total de los distintos híbridos y líneas, la altura de la hoja más grande —es decir, en qué posición respecto del suelo se ubicaba la hoja más grande de ese híbrido o de esa línea—, y la superficie de la hoja más grande (ver Figura 3). Allí lo que se observó fue la forma, o sea, la distribución del tamaño de hoja a lo largo del tallo. Lo que vimos fue que, a medida que se produce senescencia, que comienza en las hojas basales, va ascendiendo. En definitiva, aquellos híbridos que tenían las hojas más grandes más cerca del capítulo tenían mayor área foliar sobre el fin del ciclo.

En segundo lugar, se evaluó la capacidad de exploración de suelo, para lo cual se hicieron ensayos en macetas largas (ver Figura 4).



./ Figura 4: CAPACIDAD DE EXPLORACIÓN DE SUELO

- > Profundidad de raíces
- > Densidad de raíces



A continuación, se cortaron las raíces a distintas alturas, se lavaron y se pesaron las raíces de diferentes diámetros, con el objetivo de hacer una caracterización de la capacidad de exploración de suelo y la densidad de raíces.

Luego, sabemos que la capacidad de extracción de agua está relacionada con la capacidad de explorar suelo. Pero si suponemos dos híbridos con igual capacidad de exploración de suelo, sabemos que existe variabilidad, que hay híbridos que tienen mayor capacidad de extracción de agua que otros.

Y por último, la capacidad de regulación estomática, que fue evaluada en un ensayo de sequía progresiva, tomando muestras y analizando el contenido relativo de agua y su potencial osmótico.

Las conclusiones fueron: dentro del germoplasma analizado, el área foliar se encuentra optimizada, por lo que no sería el carácter de más impacto para producir mejoras dentro de ese grupo; la arquitectura de planta puede ser mejorada intentando colocar las hojas más grandes en el tercio superior de la planta; la capacidad de extracción de agua es también una buena fuente de variación con impacto aunque se encuentra cercana a los mejores testigos; y la capacidad de regulación estomática sería uno de los caracteres a mejorar con buenas posibilidades de reflejarse en la performance.

Finalmente, esta metodología es germoplasma-específica, dado que dependerá del nivel de progreso relativo de cada uno de los caracteres al momento de realizar la evaluación. Este trabajo demuestra que los programas de mejoramiento están focalizando los recursos para incrementar la ganancia genética.