

Recibido 17 de marzo de 2011 // Aceptado 26 de agosto de 2011 // Publicado online 02 de noviembre de 2011

Evolución del rendimiento y otros atributos agronómicos en el germoplasma comercial de girasol argentino (1986-2006)

GONZÁLEZ, J.¹; DE LA VEGA, A.J.²; MANCUSO, N.¹; LUDUEÑA, P.¹

RESUMEN

El mejoramiento genético de girasol en la Argentina resultó en un progreso genético constante para rendimiento en todas las regiones de cultivo de esta especie. En este trabajo, se aplicaron análisis de modelos lineales mixtos y multivariados a una serie histórica de 17 años de ensayos de la red de ensayos territoriales (RET) conducidos en la EEA Pergamino, con el objetivo de contribuir al conocimiento de la variabilidad para caracteres fenotípicos de híbridos de girasol obtenidos entre 1986 y 2006. El análisis de clasificación sobre la matriz híbridos \times atributos fenotípicos permitió agrupar los 64 híbridos evaluados por al menos 3 años en 5 grupos que difieren en los años promedio de registro comercial de los híbridos que los componen. El análisis de componentes mostró asociación positiva entre el rendimiento de aceite y sus determinantes rendimiento de grano y concentración de aceite, ausencia de asociación entre ambos determinantes y asociación positiva entre ciclo a floración y altura, estando ambos caracteres negativamente asociados a la concentración de aceite, positivamente asociados al rendimiento de grano y no asociados al rendimiento de aceite. Dos grupos de híbridos de diferente origen genético convergieron a lo largo de años de mejoramiento en un nuevo tipo, de alto rendimiento de grano y aceite, y ciclo y altura intermedios. Los híbridos modernos ya no presentan la variabilidad de tipo agronómico que presentaban los más antiguos.

Palabras clave: híbridos de girasol, rendimiento, concentración de aceite, características agronómicas, análisis de cluster

ABSTRACT

Sunflower breeding in Argentina resulted in a constant genetic progress for yield in all growing regions of this species. In this study, we applied linear mixed models and multivariate analyses to an historical series of 17 years of trials belonging to the territorial trial net (RET), conducted at the Pergamino Research Station of INTA. The aim was to contribute to the knowledge of the variability observed for phenotypical traits in sunflower hybrids released during the period 1986-2006. Cluster analysis applied to the hybrid \times attribute matrix allowed grouping the 64 hybrids tested for at least 3 years into 5 groups differing in the average year of release of the component hybrids. Principal component analysis showed positive association between oil yield and its immediate determinants grain yield and oil concentration, lack of association between both determinants and positive association between time to flowering and height; both traits being negatively associated with oil concentration, positively associated with grain yield and showing lack of association with oil yield. Two groups of hybrids of different genetic origin converged through years of plant breeding into a new type of high grain and oil yield and intermediate maturity and height. Modern hybrids do not longer show the variability for agronomic traits that the old hybrids used to present.

Keywords: sunflower hybrids, yield, oil concentration, agronomic traits, cluster analysis

1 Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) Estación Experimental Agropecuaria Pergamino, C.C. 31 (2700) Pergamino, Argentina E-mail: pergira@pergamino.inta.gov.ar

2 Advanta Semillas SAIC, C.C. 559 (2600) Venado Tuerto, Argentina. Dirección actual: Pioneer Hi-Bred Services Co. H-2040 Budaors, Hungría.

INTRODUCCIÓN

El girasol (*Helianthus annuus* L.) se cultiva en la Argentina entre los 26° S (Chaco) y los 39° S (Sur de Buenos Aires), incluyendo ambientes subtropicales y templados. A lo largo de las últimas décadas, el trabajo de mejoramiento genético, conducido tanto por organismos públicos como por empresas privadas, ha impactado fuertemente sobre la evolución del cultivo. Por un lado, se logró un progreso genético constante para rendimiento de aceite en todas las regiones girasoleras de país (López Pereira *et al.*, 1999; Sadras *et al.*, 2000; de la Vega *et al.*, 2007a; de la Vega y Chapman, 2010), lo que permitió contrarrestar la marginalización ambiental sufrida como consecuencia de la expansión del cultivo de soja. Por el otro, se materializó un cambio en las características agronómicas de los híbridos registrados en diferentes épocas, observándose que dos grupos genotípicos claramente diferenciados (Grupo 1: híbridos de grano estriado, ciclo intermedio a largo en la región central, alto rendimiento de grano y bajo porcentaje de aceite; Grupo 2: híbridos de grano negro, ciclo intermedio a corto en la región central, bajo rendimiento de grano y alto porcentaje de aceite) convergieron en un nuevo tipo de alto rendimiento de grano, alto porcentaje de aceite y ciclo intermedio (de la Vega *et al.*, 2007b; de la Vega y Chapman, 2010).

El Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) conduce desde hace más de dos décadas la Red de Ensayos Territoriales de Girasol (RET) que abarca los diferentes ambientes de la región girasolera argentina. La base histórica de ensayos multi-ambientales generada a través de la RET constituye una fuente de información valiosa para analizar la evolución de los cultivares a través de sus principales parámetros de productividad. La utilización de grandes bases históricas de ensayos permite analizar una muestra amplia de genotipos y ambientes y acomodar los efectos de las interacciones genotipo \times ambiente del sistema (DeLacy *et al.*, 1996), aunque requiere de herramientas estadísticas complejas, que permitan ordenar el desbalance que surge por el hecho de que los genotipos en evaluación cambian a lo largo de los años (Kempton, 1984; DeLacy *et al.*, 1996; Smith *et al.*, 2005).

En este trabajo, se utilizaron modelos lineales mixtos y métodos multivariados para analizar la serie histórica de ensayos de la RET conducidos en la EEA Pergamino, donde se evaluó una proporción importante de los híbridos comerciales registrados en el período 1986-2006. El objetivo general fue contribuir al conocimiento de la variabilidad para caracteres fenológicos y productivos de híbridos de girasol convencionales, o sea, excluyendo materiales resistentes a herbicidas del grupo de las imidazolinonas, obtenidos a lo largo del citado período de 20 años, utilizando una base que contenga híbridos comerciales de distintas empresas en proporciones similares.

MATERIALES Y MÉTODOS

La información analizada provino de los ensayos de girasol de la RET conducidos en la EEA Pergamino INTA (33° 57' S; 60° 34' W) entre las campañas agrícolas 1991/92 y 2008/09, con excepción de la campaña 1993/94. El sitio se encuentra en la zona norte de la pampa húmeda, sobre un suelo Argiudol típico de la serie Pergamino. El clima de la región es templado, con una precipitación anual media de 973 mm. El diseño estadístico de los ensayos fue de bloques completos aleatorizados, con 3 repeticiones y parcelas de 3 surcos de 6,0 m, con un espaciamiento entre surcos de 0,7 m. Se condujeron en secano con labranza convencional, aplicándose fertilizantes y agroquímicos según cada necesidad particular.

Las fechas de siembra se encontraron dentro de la ventana de siembra del cultivo en la región girasolera central (desde el 17/10 -campaña 1991/92- al 14/11 -campaña 2002/03-). A lo largo de los 17 años de ensayos analizados se evaluó un total de 114 híbridos comerciales, registrados entre los años 1986 y 2006 (fuente: Instituto Nacional de Semillas, INASE). Los caracteres analizados fueron: altura de planta (cm), tiempo a floración (días desde siembra), rendimiento de grano (kg ha^{-1}), concentración de aceite (%) y rendimiento de aceite (kg ha^{-1}). El dato de rendimiento de grano (11% de humedad) se obtuvo a partir de la cosecha del surco central de cada parcela, eliminando la primera y la última planta (3.99 m^2). La concentración de aceite se determinó por resonancia magnética nuclear (Granlund y Zimmerman, 1975). El rendimiento de aceite se obtuvo a partir del rendimiento de grano y la concentración de aceite.

El número de híbridos en común entre dos años de ensayos varió de 0 a 39, siendo el ACA 884 el híbrido más evaluado, con 15 años en total. Con el objetivo de ordenar este desbalance de la base de datos, la información de rendimiento de grano, porcentaje de aceite y rendimiento de aceite (1194 parcelas en total) se analizó utilizando un modelo lineal mixto con términos residuales separados para cada ensayo (Van Eeuwijk *et al.*, 2001; Smith *et al.*, 2005). Se empleó un modelo de simetría compuesta, en el que la observación fenotípica y_{ijm} del híbrido i evaluado en la repetición m del ensayo j se modeló como:

$$y_{ijmn} = \mu + e_j + (r/e)_{jm} + g_i + (ge)_{ij} + \varepsilon_{ijm}$$

donde μ es la media general; e_j el efecto fijo del ensayo j , $(r/e)_{jm}$ el efecto aleatorio de la repetición m anidada dentro del ensayo j y está $\sim \text{NID}(0, \sigma^2_r)$, $m = 1, \dots, r$, g_i el efecto aleatorio del híbrido i y está $\sim \text{NID}(0, \sigma^2_g)$, $i = 1, \dots, g$, $(ge)_{ij}$ el efecto aleatorio de la interacción entre el híbrido i y el ambiente j y está $\sim \text{NID}(0, \sigma^2_{ge})$ y ε_{ijm} es el término aleatorio residual correspondiente al híbrido i en la repetición m del ambiente j (error experimental) y está $\sim \text{NID}(0, \sigma^2_{\varepsilon(j)})$. En el caso de los datos de altura y tiempo a floración, se utilizó un modelo similar, pero que contempla varianzas homogé-

neas entre ambientes y no incluye el efecto de interacción genotipo \times ambiente, ya que no se contó con datos para estos atributos en la totalidad de los años de evaluación. Se utilizó máxima verosimilitud restringida (REML; Patterson y Thompson, 1975) para estimar los componentes de varianza de los efectos aleatorios del modelo y obtener mejores predictores lineales insesgados (BLUPs; Robinson, 1991) de los efectos genotípicos, o sea, medias ajustadas por la naturaleza desbalanceada de los datos. Dichos BLUPs permiten, bajo ciertos supuestos (Smith *et al.*, 2005), comparar genotipos que nunca se evaluaron en el mismo ensayo. Todos los análisis de modelos lineales mixtos se realizaron en GenStat (2008).

Con los BLUPs de los efectos genotípicos de los híbridos evaluados por al menos tres años (ver fig. 1) se construyó una matriz de 64 genotipos \times 5 atributos. Se aplicaron análisis de patrones (clasificación y ordenamiento; Williams, 1976) en la forma descrita por Yan y Rajcan (2002), para presentar las interrelaciones entre híbridos y atributos a lo largo de los años. Previa a los análisis, la matriz de BLUPs de híbridos \times atributos se estandarizó restando a cada valor la media del atributo y dividiendo el residual por la desviación estándar (Cooper *et al.*, 1996). Para el análisis de clasificación, se aplicó el método de agrupamiento jerárquico aglomerativo (Williams, 1976), con sumas de cuadrados incrementales (Ward, 1963) como criterio de fusión y distancia Euclídea como medida de disimilitud. Se construyó un dendrograma sobre la base de niveles de fusión, para investigar similitudes entre híbridos en términos de sus respuestas relativas para los 5 atributos. Se estimaron los componentes principales (PCs) de los cuadrados de las distancias Euclídeas usando un procedimiento de descomposición por valor singular (Gabriel, 1971). Con los resultados de este análisis se construyó el biplot de los dos primeros PCs, sobre el que se sobrepusieron los grupos genotípicos derivados del análisis de clasificación. Los criterios de interpretación de este tipo de gráfico están descritos por Yan y Rajcan (2002). Todos los análisis multivariados se realizaron en InfoStat (Di Rienzo *et al.*, 2010).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los análisis REML revelaron efectos genotípicos significativos para todos los atributos analizados y efectos de interacción genotipo \times año significativos para rendimiento de grano, concentración de aceite y rendimiento de aceite (tabla 1). Para estos últimos atributos, el componente de varianza asociado al efecto genotípico fue superior al de inter-

acción genotipo \times año, lo que resulta esperable, ya que como todos los ensayos se condujeron en la misma localidad, el efecto de interacción genotipo \times ambiente no incluyó interacciones genotipo \times año \times localidad, que normalmente explican la mayor parte de la interacción genotipo \times ambiente (Chapman y de la Vega, 2002).

El análisis de clasificación permitió agrupar los 64 híbridos evaluados por al menos 3 años en 5 grupos (fig. 1) compuestos por 8 a 19 híbridos cada uno. Estos grupos difieren en los años promedio de registro comercial de los híbridos que los componen, siendo los grupos 3 y 5 los que mejor representan el tipo agronómico de los híbridos modernos. Sin embargo, los grupos 1, 2 y 4 también incluyen híbridos liberados en los últimos años de la serie analizada, lo que puede deberse a las diferentes tasas de progreso genético experimentadas por los programas de mejoramiento de diferentes empresas. Esto determina que la diferencia promedio en años de registro de grupos genotípicos que expresan tipos agronómicos de diferentes períodos sea de sólo cuatro años.

La matriz penta-dimensional de BLUPs de efectos genotípicos se redujo por análisis de componentes principales a dos dimensiones, que retuvieron el 77% de la información original (fig. 2).

Los componentes inmediatos del rendimiento de aceite, o sea, rendimiento de grano y concentración de aceite, mostraron ausencia de asociación entre sí en términos de sus efectos de discriminación genotípica con los híbridos de mayor rendimiento de grano ubicados en el sector derecho del biplot y con aquellos de mayor concentración de aceite en el sector superior (fig. 2). Como era esperable, el rendimiento de aceite se asoció positivamente a ambos determinantes, aunque más fuertemente al rendimiento de grano. Los híbridos de mayor rendimiento de aceite se ubicaron en el cuadrante superior derecho del biplot, positivamente asociados al vector de este atributo, siendo los cultivares del grupo 3 aquellos que, en promedio, presentaron mayor rendimiento de aceite a lo largo de los años de evaluación en la RET. Se observó además una fuerte asociación positiva entre ciclo a floración y altura, estando ambos caracteres negativamente asociados a la concentración de aceite, positivamente asociados al rendimiento de grano y no asociados al rendimiento de aceite (fig. 2).

Los híbridos que se agruparon juntos en el análisis de clasificación (fig. 1) se ubicaron también juntos en el espacio Euclidiano (fig. 2). Los grupos genotípicos 1 y 4 son los más contrastantes en términos de sus tipos agronómicos. El

Fuente de variación	Tiempo a floración (d)	Altura (cm)	Rendimiento de grano de grano (kg ha ⁻¹)	Concentración de aceite (%)	Rendimiento de aceite (kg ha ⁻¹)
Genotipo	5.92 \pm 0.93	123 \pm 21	43194 \pm 9276	4.064 \pm 0.65	9046 \pm 2359
Genotipo \times año			18146 \pm 6562	1.084 \pm 0.15	7883 \pm 2048

Tabla 1. Componentes de varianza \pm errores estándar para 5 atributos genotípicos obtenidos a partir del análisis REML de 64 híbridos de girasol evaluados en Pergamino (1991/92 a 2008/09).

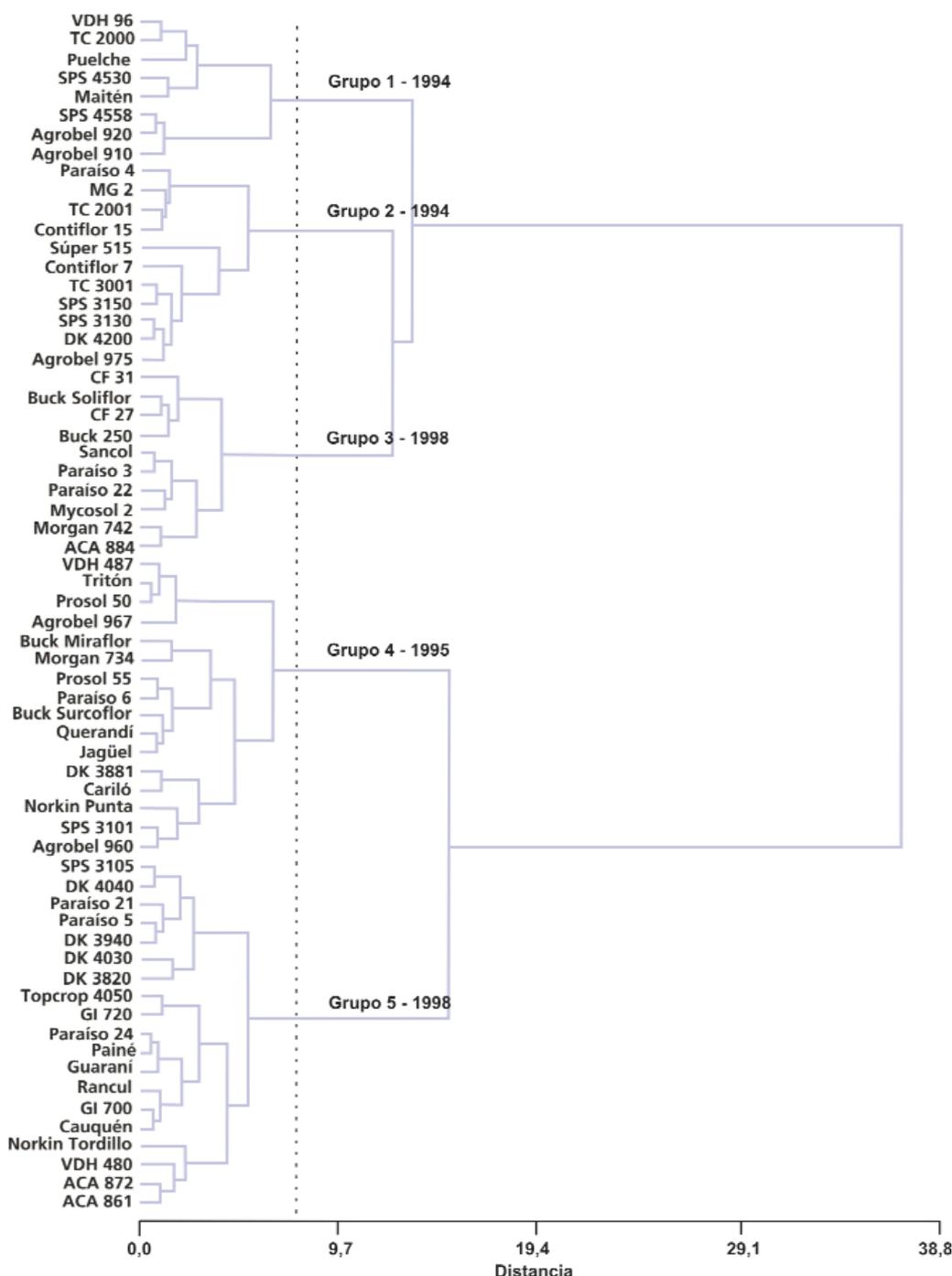


Figura 1. Dendrograma de agrupamiento de 64 híbridos de girasol de acuerdo a los BLUPs de los efectos genotípicos estimados para 5 atributos evaluados en 17 años de ensayos en Pergamino. Se detallan los años promedio de registro comercial de los híbridos de cada grupo genotípico.

grupo 1 está constituido principalmente por híbridos de grano estriado blanco, ciclo intermedio a largo, elevada altura, alto rendimiento de grano y baja concentración de aceite. El color blanco de la hipodermis de los aquenios de estos híbridos está determinado por el factor dominante *Hyp*, ligado a un QTL que afecta negativamente la concentración de aceite como consecuencia de una elevada relación pericarpio: pepita (León *et al.*, 1996). El grupo 4 está integrado por híbridos de grano negro con estrías grises, ciclo inter-

medio a precoz, baja altura, bajo rendimiento de grano y alta concentración de aceite. Ambos grupos de híbridos, de diferente origen genético (el grupo 1 contiene germoplasma estriado argentino; el grupo 4 deriva fundamentalmente de poblaciones y líneas del este europeo y Estados Unidos) (de la Vega *et al.*, 2007b; Bertero de Romano y Vázquez, 2003), convergieron a lo largo de años de mejoramiento genético en un nuevo tipo, bien representado por el grupo 3, de alto rendimiento de aceite, producto de combinar un rendimiento

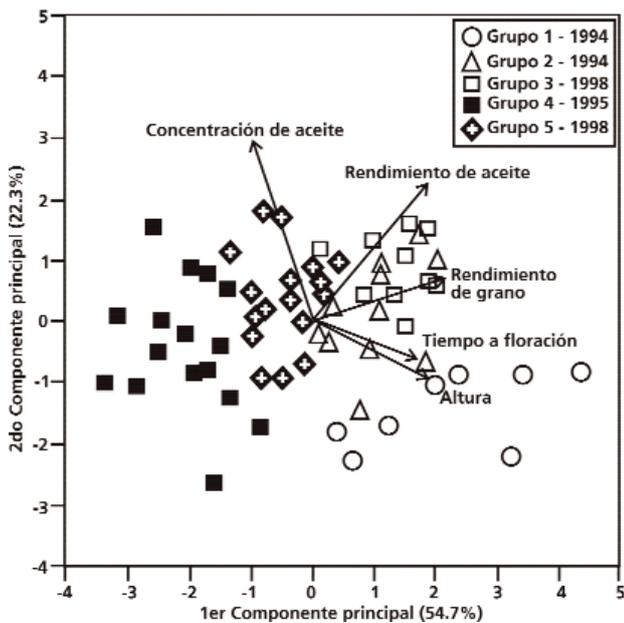


Figura 2. Biplot de los dos primeros componentes principales para 64 híbridos de girasol (puntos) y 5 atributos fenotípicos (vectores desde el origen) evaluados en 17 años de ensayos en Pergamino. Los grupos genotípicos derivados del análisis de clasificación están sobreimpresos. Se detallan los años promedio de registro comercial de los híbridos de cada grupo genotípico.

de grano similar a los híbridos del grupo 1 y una concentración de aceite similar a la de los híbridos del grupo 4, y ciclo y altura intermedios. Los grupos genotípicos 2 y 5 son pasos intermedios en este proceso de convergencia y tienden a ubicarse en el centro del biplot, asociándose a los valores medios de los atributos.

Es interesante destacar que los híbridos modernos (grupo 3) ya no presentan la variabilidad de tipo agronómico que

presentaban los más antiguos (grupos 1 y 4). Si se comparan, por ejemplo, las proyecciones perpendiculares de todos los híbridos del grupo 3 sobre los vectores de altura y ciclo con aquellas de los grupos 1 y 4 (fig. 2), se observa que ningún híbrido moderno es tan alto ni de ciclo tan largo como algunos híbridos del grupo 1 ni tan bajo ni de ciclo tan corto como algunos híbridos del grupo 4. Al mismo tiempo, se observa una clara evolución en concentración de aceite, no existiendo en la actualidad ningún híbrido que presente los bajos valores para este atributo que mostraban los híbridos del grupo 1.

Estudios previos demostraron que el avance genético logrado en girasol en la Argentina se debió tanto a la mejora del potencial de rendimiento de aceite en ambientes sin limitaciones (de la Vega *et al.*, 2007a) como a la resistencia a factores de estrés abióticos y bióticos, destacándose fuertemente el efecto positivo de la mejora por resistencia a *Verticillium dahliae* (Sadras *et al.*, 2000; de la Vega *et al.*, 2007a). Los hallazgos de este estudio confirman los previamente publicados (de la Vega *et al.*, 2007a, 2007b; de la Vega y Chapman, 2010), extendiendo sus conclusiones a un conjunto mayor de híbridos, a partir de la utilización de los datos de la RET, en cuanto a que el mejoramiento genético de girasol en la Argentina resultó en un claro incremento del rendimiento de aceite, haciendo confluir en este proceso a dos grupos genotípicos contrastantes en términos de tipo agronómico en un nuevo tipo que presenta menor variabilidad para ciclo, altura y concentración de aceite. El incremento de la concentración de aceite a lo largo de los años se debió a un proceso continuo de selección por este atributo, como forma de incrementar el rendimiento de aceite. Contrariamente, creemos que la disminución de la variabilidad para ciclo y altura se debe a que la selección por rendimiento resultó en una selección indirecta hacia un tipo intermedio para estos atributos, mejor adaptado a la oferta de recursos del ambiente de la región girasolera central argentina que los tipos extremos del pasado. Los resultados de este estudio no muestran una desaceleración del progreso genético en los últimos años, por lo que es esperable

que el rendimiento de aceite de girasol en la Argentina se siga incrementando en el futuro a partir del trabajo de mejoramiento. Este progreso se debería mayormente a un incremento del rendimiento de grano, ya que se estaría llegando a un límite biológico en cuanto a la concentración de aceite.

AGRADECIMIENTOS

Al grupo de trabajo Girasol de la EEA Pergamino.

BIBLIOGRAFÍA

- BERTERO DE ROMANO A.B.; VAZQUEZ A. (2003) Origin of the Argentine Subflower varieties. *Helia* 26: 127-136.
- CHAPMAN S.C., DE LA VEGA A.J. (2002) Spatial and seasonal effects confounding interpretation of sunflower yields in Argentina. *Field Crops Res.* 73: 107-120.
- COOPER M.; BRENNAN P.S.; SHEPPARD J.A. (1996) A strategy for yield improvement of wheat which accommodates large genotype by environment interactions. In: Cooper, M., Hammer, G.L. (Eds.) *Plant Adaptation and Crop Improvement*. CAB International, ICRISAT & IRRI, Wallingford, UK, pp. 487-512.
- DELACY I.H.; BASFORD K.E.; COOPER M.; BULL J.K.; MCLAREN C.G. (1996) Analysis of multi-environment trials - An historical perspective. En: M. Cooper, G.L. Hammer (Ed.). *Plant Adaptation and Crop Improvement*. CAB INTERNATIONAL 1996, pp. 39-124.
- DE LA VEGA A.J.; CHAPMAN S.C. (2010) Mega-environment differences affecting genetic progress for yield and relative value of component traits. *Crop Science* 50: 574-583.
- DE LA VEGA A.J.; DELACY I.H., CHAPMAN S.C. (2007)a Progress over 20 years of sunflower breeding in central Argentina. *Field Crops Res.* 100: 61-72.
- DE LA VEGA A.J.; DELACY I.H., CHAPMAN S.C. (2007)b Changes in agronomic traits of sunflower hybrids over 20 years of breeding in central Argentina. *Field Crops Res.* 100: 73-81.
- DI RIENZO J.A., CASANOVES F.; BALZARINI M.G.; GONZALEZ L.; TABLADA M.; ROBLEDO C.W. (2010) InfoStat version 2010. InfoStat Group, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.
- GABRIEL K.R. (1971) The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika* 58: 453-467.
- GENSTAT (2008) GenStat® for Windows™ 11th Edition Introduction. VSN International, Oxford, UK. 309 p.
- GRANLUND M.; ZIMMERMAN D.C. (1975) Effect of drying conditions on oil content of sunflower (*H. annuus* L.) seeds as determined by wide-line nuclear magnetic resonance(NMR). *North Dakota Acad.Sci.Proc.* 27 (2): 128-132.
- KEMPTON R.A. (1984) The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. *J. Agr. Sci. Cam.* 103: 123-135.
- LEON A.J.; LEE M., RUFENER G.K.; BERRY S.T.; MOWERS R.P. (1996) Genetic mapping of a locus (*hyp*) affecting seed hypodermis color in sunflower. *Crop Sci.* 36: 1666-1668.
- LOPEZ PEREIRA M.L.; SADRAS V.O., TRAPANI N. (1999) Genetic improvement of sunflower in Argentina between 1930 and 1995. I. Yield and its components. *Field Crops Res.* 62: 157-166.
- PATTERSON H.D.; THOMSON R. (1975) Maximum likelihood estimation of components of variance. *Proceedings of the 8th International Biometrics Conference*, pp. 197-20.
- ROBINSON G.K. (1991) That BLUP is a good thing: the estimation of random effects. *Stat. Sci.* 6: 15-51
- SADRAS V.; TRAPANI N., PEREYRA V.; LOPEZ PEREYRA M., QUIROZ F.; MORTARINI M. (2000) Intraspecific competition and fungal diseases as source of variation in sunflower yield. *Field Crops Res.* 67: 51-58.
- SMITH A.B.; CULLIS B.R.; THOMPSON R. (2005) The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. *J. Agr. Sci.* 143: 1-14.
- VAN EEUWIJK F.A., COOPER M., DELACY I.H.; CECCARELLI S., GRANDO S. (2001) Some vocabulary and grammar for the analysis of multi-environment trials, as applied to the analysis of FPB and PPB trials. *Euphytica* 122: 477-490.
- WARD J.H. (1963) Hierarchical grouping to optimise and objective function. *J. Am. Stat. Assoc.* 58: 236-244.
- WILLIAMS W.T. (1976) *Pattern Analysis in Agricultural Science*. Elsevier Scientific Publishing Co., Amsterdam.
- YAN W.; RAJCAN I. (2002) Biplot Analysis of Test Sites and Trait Relations of Soybean in Ontario. *Crop Sci.* 42: 11-20.