

(Formerly MENDELIANA)



December 2021

Volume XXXII

Issue 2

E-ISSN: 1852-6322

BAG

Journal of Basic & Applied Genetics

Breeding in Argentina

Mejoramiento Genético en la Argentina

Journal of the Argentine Society of Genetics
Revista de la Sociedad Argentina de Genética

www.sag.org.ar/jbag
Buenos Aires, Argentina

BAG

Journal of Basic & Applied Genetics

V. XXXII - No.2

December 2021

Included in:



Cited by:



Editorial Board

Comité Editorial

Editor General:

Dra. Elsa L. Camadro

Facultad de Ciencias Agrarias
Universidad Nacional de Mar del Plata
Consejo Nacional de Investigaciones
Científicas y Técnicas
Balcarce, Argentina
camadro.elsa@inta.gob.ar

Editores Asociados:

Citogenética Animal

Dra. Liliana M. Mola

Departamento de Ecología, Genética y
Evolución. Facultad de Ciencias Exactas y
Naturales. Universidad Nacional de Buenos
Aires. Consejo Nacional de Investigaciones
Científicas y Técnicas. Buenos Aires, Argentina
limola@ege.fcen.uba.ar

Citogenética Vegetal

Dr. Julio R. Daviña

Instituto de Biología Subtropical. Universidad
Nacional de Misiones. Posadas, Argentina
julordavina@fceqyn.unam.edu.ar

Genética de Poblaciones y Evolución

Dr. Juan César Vilardi

Departamento de Ecología, Genética y
Evolución. Facultad de Ciencias Exactas y
Naturales. Universidad Nacional de Buenos
Aires. Consejo Nacional de Investigaciones
Científicas y Técnicas. Buenos Aires, Argentina
vilardi@bg.fcen.uba.ar

Genética Humana, Médica y Citogenética

Dra. Silvia Adela Ávila

Hospital Castro Rendón. Universidad Nacional
del Comahue. Neuquén, Argentina.
silvia347@gmail.com

Dra. María Inés Echeverría

Instituto de Genética. Facultad de Ciencias
Médicas. Universidad Nacional de Cuyo
Mendoza, Argentina
miecheve@fcm.uncu.edu.ar

Dr. José Arturo Prada Oliveira

Facultad de Medicina. Departamento de
Anatomía Humana y Embriología. Universidad
de Cádiz. Cádiz, España
arturo.prada@uca.es

Dr. Bernardo Bertoni Jara

Facultad de Medicina. Universidad de la
República, Montevideo, República Oriental del
Uruguay
bbertoni@fmed.edu.uy

Genética Molecular (Animal)

Dr. Guillermo Giovambattista

Instituto de Genética Veterinaria. Facultad de
Ciencias Veterinarias. Universidad Nacional de
La Plata. Consejo Nacional de Investigaciones
Científicas y Técnicas La Plata, Argentina
ggiovam@fcv.unlp.edu.ar

Genética Molecular (Vegetal)

Dr. Alberto Acevedo

Centro de Investigación de Recursos
Naturales. Instituto Nacional de Tecnología
Agropecuaria. Castelar, Argentina
acevedo.alberto@inta.gob.ar

Dr. Andrés Zambelli

Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad
Nacional de Mar del Plata. Balcarce, Argentina
andres.zambelli@mdp.edu.ar

Genética y Mejoramiento Animal

Dra. Liliana A. Picardi

Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad
Nacional de Rosario. Zavalla, Argentina
lpicardi@unr.edu.ar

Dra. María Inés Oyarzábal

Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad
Nacional de Rosario. Rosario, Argentina
moyazabr@unr.edu.ar

Genética y Mejoramiento Genético Vegetal

Dra. Natalia Bonamico

Facultad de Agronomía y Veterinaria.
Universidad Nacional de Río Cuarto. Río
Cuarto, Argentina
nbonamico@ayv.unrc.edu.ar

Dr. Ricardo W. Masuelli

Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad
Nacional de Cuyo. Consejo Nacional de
Investigaciones Científicas y Técnicas.
Mendoza, Argentina
rmasuelli@fca.uncu.edu.ar

Dr. Rodomiro Ortiz

Department of Plant Breeding. Swedish
University of Agricultural Science. Uppsala,
Suecia.
rodomiro.ortiz@slu.se

Dra. Mónica Poverene

Departamento de Agronomía. Universidad
Nacional del Sur. Bahía Blanca, Argentina
poverene@criba.edu.ar

Dr. Pedro Rimieri

Profesional Asociado, Asesor Científico –
Técnico. Instituto Nacional de Tecnología
Agropecuaria, Pergamino, Buenos Aires,
Argentina

Mutagénesis

Dr. Alejandro D. Bolzán

Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis.
Instituto Multidisciplinario de Biología Celular.
Consejo Nacional de Investigaciones
Científicas y Técnicas. La Plata, Argentina.
abolzan@imbice.gov.ar

Mutaciones Inducidas en Mejoramiento Vegetal

Ing. Agr. (M.Sc.) Alberto Raúl Prina

Instituto de Genética "Ewald A. Favret". Centro
de Investigación en Ciencias Veterinarias y
Agronómicas. Instituto Nacional de Tecnología
Agropecuaria. Castelar, Argentina.
prina.albertoraul@inta.gob.ar

Consultores Estadísticos:

Dr. David Almorza

Facultad de Ciencias del Trabajo,
Departamento de Estadística e Investigación
Operativa.
Universidad de Cádiz. Cádiz, España
david.almorza@uca.es

Dra. María Purificación Galindo Villardón

Facultad Medicina, Campus Miguel de
Unamuno. Universidad de Salamanca.
Salamanca, España
pgalindo@usal.es

Secretaría de Redacción:

Dra. María de las Mercedes Echeverría

Facultad de Ciencias Agrarias
Universidad Nacional de Mar del Plata
Balcarce, Argentina
mecheverria@mdp.edu.ar

Diseño y maquetación:

Mauro Salerno

maurosaler92@gmail.com

Corrección de estilo:

Dr. Mariano Santini

marianosantini@yahoo.com.ar

Dra. Gabriela A. Leofanti

Imagen de tapa:

Inflorescencias de rúcula o arugula
(*Eruca vesicaria* (L.) Cav.)

Gabriela A. Leofanti

Note from the General Editor

Nota del Editor General

Desde hace varias décadas, instituciones públicas provinciales y nacionales de la Argentina realizan una fecunda labor para el mejoramiento de la producción agropecuaria. En el marco de esa labor, los programas de mejoramiento genético han generado conocimientos básicos y de aplicación. En el mejoramiento genético de cereales de grano grueso y de grano fino, oleaginosas, hortalizas, frutales, y forrajeras se ha puesto de manifiesto la alta capacidad que tiene el país para la producción de cultivares comerciales mediante métodos clásicos (selección, hibridación, retrocruzamientos), con la relativamente más reciente incorporación de herramientas biotecnológicas (manipulaciones *in vitro*, transgénesis). En el mejoramiento genético animal, las dificultades que deben sortearse para formar una nueva raza de animales domésticos son mayores que las que se experimentan en la producción de cultivares de plantas. No obstante, mediante apareamientos dirigidos en ciclos de endocría y exocría acompañados de selección se han obtenido en el país productos genéticos comerciales.

En el libro de su autoría *Principles of Plant Breeding* (1960; John Wiley & Sons, NY), el Dr. R.W. Allard escribió: *...The probable future of plant breeding can perhaps be best illustrated by an examination of the contributions it has had in the past*... Por extensión, el objetivo de la publicación de este fascículo especial sobre mejoramiento genético en plantas y animales es dejar registro de los objetivos, métodos, avances y logros de algunos programas argentinos consolidados, como reconocimiento a la relevante tarea realizada y en cuanto ejemplos para futuras generaciones de mejoradores de la aplicación de los principios y métodos de la Genética en el desarrollo de germoplasma básico y de productos genéticos comerciales.

Elsa L. Camadro

Contents

Contenidos

ARTICLE 1 RESEARCH

9 – 13

—



CONTRIBUTION OF THE GENETIC IMPROVEMENT OF TALL FESCUE (*Festuca arundinacea* SCHREB.) IN ARGENTINA: SYNTHESIS OF ACHIEVEMENTS AND ADVANCES

CONTRIBUCIÓN DEL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE FESTUCA ALTA (*Festuca arundinacea* SCHREB.) EN ARGENTINA: SÍNTESIS DE LOS LOGROS Y AVANCES

Rimieri P.

ARTICLE 2 RESEARCH

15 – 23

—



PEA (*Pisum sativum* L.) BREEDING: ADVANCES OF THE BREEDING PROGRAM AT UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO

MEJORAMIENTO DE ARVEJA (*Pisum sativum* L.): AVANCES DEL PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO

Gatti I., Cazzola F., Bermejo C.J., Guindón M.F., Espósito M.A., Cointry E.L.

ARTICLE 3 RESEARCH

25 – 31

—



COMPLEMENTARY TOOLS UTILIZED IN THE PEA (*Pisum sativum* L.) BREEDING PROGRAM AT UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO

HERRAMIENTAS COMPLEMENTARIAS UTILIZADAS EN EL PROGRAMA DE MEJORAMIENTO DE ARVEJA (*Pisum sativum* L.) DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO

Guindón M.F., Cazzola F., Bermejo C.J., Espósito M.A., Gatti I., Cointry E.L.

ARTICLE 4 RESEARCH

33 – 40

—



APPLICATION OF DIFFERENT METHODOLOGIES IN LENTIL (*Lens culinaris* MEDIK) BREEDING

APLICACIÓN DE DIFERENTES METODOLOGÍAS EN EL MEJORAMIENTO DE LENTEJA (*Lens culinaris* MEDIK)

Bermejo C.J., Maglia F., Palacios T., Espósito M.A., Cazzola F., Guindón M.F., Gatti I., Cointry E.L.

ARTICLE 5 RESEARCH

41 – 50

—



FRUIT QUALITY IMPROVEMENT THROUGH THE INCORPORATION OF WILD SPECIES GENES IN THE TOMATO (*Solanum lycopersicum* L.)

MEJORAMIENTO DE LA CALIDAD DEL FRUTO POR LA INCORPORACIÓN DE GENES DE ESPECIES SILVESTRES EN EL TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.)

Pereira da Costa J.H., Cambiaso V., Picardi L.A., Pratta G.R., Rodríguez G.R.

ARTICLE 6
RESEARCH

51 – 58



MAGRARIO: A NEW GENOTYPE TO PRODUCE QUALITY SHEEP MEAT

MAGRARIO: UN NUEVO GENOTIPO PARA PRODUCIR CARNE OVINA DE CALIDAD

L.A. Picardi

ARTICLE 7
RESEARCH

59 – 70



CROSSING STRATEGY FOR BREEDING CAMPERO CHICKENS. AN INTA-UNIVERSITY COLLABORATIVE PROJECT

ESTRATEGIA DE CRUZAMIENTOS PARA EL MEJORAMIENTO DE POLLOS CAMPEROS. UN PROYECTO COLABORATIVO INTA-UNIVERSIDAD

Canet, Z.E., Dottavio, A.M., Romera, B.M., Librera, J.E., Advínculo, S.A., Martines, A., Di Masso, R.J.

ARTICLE 8
OPINION

71 – 74



AGRONOMIC ASPECTS OF RELEVANCE IN BASE POPULATIONS FOR PLANT BREEDING

ASPECTOS AGRONÓMICOS DE RELEVANCIA EN POBLACIONES UTILIZADAS COMO BASE PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL

Rimieri, P.

CONTRIBUTION OF THE GENETIC IMPROVEMENT OF TALL FESCUE (*Festuca arundinacea* SCHREB.) IN ARGENTINA: SYNTHESIS OF ACHIEVEMENTS AND ADVANCES




CONTRIBUCIÓN DEL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE FESTUCA ALTA (*Festuca arundinacea* SCHREB.) EN ARGENTINA: SÍNTESIS DE LOS LOGROS Y AVANCES

Rimieri P.¹

¹ Estación Experimental
Agropecuaria Pergamino,
Instituto Nacional de Tecnología
Agropecuaria (INTA), Pergamino,
Buenos Aires, Argentina.

Corresponding author:
Pedro Rimieri
primieri730@gmail.com

 ORCID 0000-0002-6291-8998

ABSTRACT

Tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.) is represented in Argentina by adapted populations of the continental morphotype, which are long persistent. It is the main perennial forage species cultivated in the temperate region of the country, producing forage for extensive grazing. The development of fescue plant breeding and its contribution to the achievement of higher productivity and better nutritional value with modern synthetic cultivars was the aim of this project. The characters considered were: adaptation and persistence in adverse environments, digestibility, leaf softness and tolerance to rust. The most representative cultivars of the stages and selection criteria considered in this work were: *Pergamino El Palenque* MAG, *Palenque Plus* INTA, *Brava* INTA, *Baguala* and *Luján* INTA.

Key words: tall fescue, plant breeding, cultivars, germplasm.

RESUMEN

La festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.), está representada en la Argentina por poblaciones adaptadas del morfotipo continental, que son largamente persistentes. Es la principal especie forrajera perenne cultivada en la región templada en el país, productora de forraje en pastoreo directo. En este trabajo se presenta el desarrollo del mejoramiento genético y la contribución del mismo para el logro de una mayor productividad y mejor valor nutritivo con cultivares sintéticos modernos. Los caracteres considerados fueron: adaptación y persistencia en ambientes adversos, digestibilidad, flexibilidad de lámina de la hoja, y tolerancia a roya. Los cultivares más representativos de las etapas y criterios de selección considerados en este trabajo fueron: *Pergamino El Palenque* MAG, *Palenque Plus* INTA, *Brava* INTA, *Baguala* y *Luján* INTA.

Palabras clave: festuca alta, mejoramiento genético, cultivares, germoplasma.

Cite this article as:

Rimieri P. 2021. CONTRIBUTION OF THE GENETIC IMPROVEMENT OF TALL FESCUE (*Festuca arundinacea* SCHREB.) IN ARGENTINA: SYNTHESIS OF ACHIEVEMENTS AND ADVANCES. BAG: Journal of Basic and Applied Genetics Vol XXXII Issue 2: 9–13.

Received: 11/12/2020

Accepted: 03/09/2021

General Editor: Elsa Camadro

DOI: 10.35407/bag.2021.32.02.01

ISSN online version: 1852-6322

LA ESPECIE

La festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.) es la gramínea forrajera perenne de clima templado de mayor importancia y difusión en la Argentina. Alógama, aloploidio de origen y hexaploide que se comporta como diploide. Las poblaciones adaptadas, del morfotipo continental, son largamente persistentes, resistentes a las sequías e inundaciones periódicas, con sistema radical profundo mejorador de la estructura del suelo, tolerantes a enfermedades y resistentes a plagas. El valor nutritivo es de bueno a mediano según el estado fenológico, el manejo agronómico aplicado y la categoría de animales utilizada, principalmente en la producción de carne. En otros países es común su utilización en estado reproductivo para heno y silaje.

PRODUCCIÓN Y UTILIZACIÓN

Desde hace casi 70 años, la festuca se convirtió en la principal especie forrajera perenne cultivada de la región templada de Argentina, productora de forraje en pastoreo directo, en estado vegetativo o comienzo de elongación de los tallos, para producción extensiva de carne.

La proporción de forraje utilizado sobre el total de la dieta varía según el tipo de actividad ganadera (cría, recría, invernada o ciclo completo) y según el grado de intensificación. El pasto es el recurso más barato disponible y en el caso de la carne bovina, muy pocas regiones en el mundo pueden producir sobre pasturas templadas durante todo el año. La festuca alta en Argentina es la especie que mejor responde a ese rol.

Desde 1951, en la Chacra Experimental Pergamino se produjo lo que podríamos denominar el “despegue de la forrajicultura argentina” (Villary y Serrano, 1963; Serrano, 1985). Se inició con la introducción de poblaciones y formación de colecciones para estudiar la adaptación de las mismas a los ambientes edafoclimáticos de la región pampeana (Boelcke y Echeverría, 1950). En la actualidad, dentro de un marco de sostenibilidad, se revaloriza la producción primaria de forraje de pasturas perennes en suelos de aptitud ganadera, lo que tiene implicancias en el mejoramiento genético de la festuca para lograr más productividad y mejor valor nutritivo.

La difusión de la festuca alta en la Argentina se inició en 1953, con la liberación al mercado nacional de la variedad denominada *Pergamino El Palenque MAG*.

La producción forrajera en base a ese cultivar de festuca en la región pampeana osciló entre 7.000 y 14.000 kg ha⁻¹año⁻¹ de materia seca (MS), ya sea en cultivo puro y principalmente en mezclas con trébol blanco, cebadilla criolla y alfalfa (Maddaloni, 1987). *Pergamino El Palenque MAG* fue el único cultivar difundido en ese período que estaba libre del hongo endófito *Acremonium coenophialum* Morgan-Jones y Gams, que provoca la

denominada festucosis, una intoxicación del ganado que generó perjuicios durante 30 años a la producción forrajera y a la utilización de la especie.

Desde 1990, la selección en germoplasma adaptado a los ambientes edafoclimáticos de la región pampeana permitió mejorar la producción y digestibilidad del forraje de festuca, con producciones significativamente superiores, entre 13 y 15%, y con mejoras en el valor nutritivo (3 a 7% DIVMS). De ese proceso selectivo se obtuvo el cultivar *Palenque Plus INTA* (Rimieri, 1995), con el que se generó un protocolo de manejo agronómico y del pastoreo para la producción de carne mediante ensayos de pastoreo en parcelas experimentales y en campos de productores. Ese proceso, vigente hasta la publicación de este trabajo, resultó en la implementación de sistemas pastoriles más eficientes con la combinación de manejo del pastoreo y la utilización de los nuevos cultivares del programa de mejoramiento iniciado en 1990 (Carrete, 2006; Scheneiter, 2006).

HISTORIA DEL MEJORAMIENTO EN LA ESTACIÓN EXPERIMENTAL PERGAMINO INTA

Pergamino El Palenque MAG, una población uniforme fenotípicamente, fue obtenida por H. Serrano en 1953, mediante selección para adaptación y persistencia en el germoplasma introducido en la década anterior, con predominio de las variedades Alta, Kentucky 31 y Goar, pertenecientes al morfotipo continental (Maddaloni y Ferrari, 2005).

En 1990 se inició un programa para la obtención y difusión de nuevos cultivares. Con los parámetros productivos y de adaptación conocidos de *Pergamino El Palenque MAG* y para determinar la variabilidad genética existente, se iniciaron estudios que permitieran conocer su potencial como fuente de nuevos cultivares (Ceroni, 1993). En 1995 se obtuvo el primer cultivar sintético de Argentina, *Palenque Plus INTA* (Rimieri, 1995). Entre 1995 y 2006 se seleccionaron y evaluaron genotipos derivados de este cultivar (Rimieri y Wolff, 2010) (Figura 1). Los nuevos cultivares desarrollados, *Brava INTA*, *Baguala* y *Luján INTA*, tuvieron mayor producción, sin afectar la adaptación y rusticidad del germoplasma de origen. *Brava INTA* y *Luján INTA* fueron los primeros cultivares sintéticos con flexibilidad de lámina de la hoja comprobada y con mayor digestibilidad *in vitro* e *in situ* del forraje.

La evaluación agronómica y de calidad forrajera se complementó con marcadores moleculares basados en microsatélites (SSR) (Holton, 2001; Rosso, Pagano y Rimieri, 2001; Rosso *et al.*, 2007; Cuyeu, 2008).

Desde 2008, se incorporaron al programa: a) la selección sobre un pool génico de una colección núcleo de germoplasma para aumentar la diversidad genética



Figura 1. Ensayo de evaluación y selección de cultivares sintéticos experimentales.

del germoplasma disponible y adaptado a la región pampeana, y b) el mejoramiento por adaptación a suelo salino-sódico en los cultivares del programa, mediante la implantación y evaluación durante 10 años en ese ambiente. A continuación se efectuó selección de genotipos tolerantes a la salinidad y la selección de familias de medios hermanos (FMH) generadas con esos genotipos para mejorar la *performance* en suelo salino-sódico.

CULTIVARES

Pergamino El Palenque MAG (1953)

Cultivar Población (*) (selección masal) de poblaciones introducidas y adaptadas, con adaptación general y persistencia.

Palenque Plus INTA (1995)

Cultivar sintético (**) de 40 genotipos paternos derivados de *Pergamino El Palenque MAG*.

Primer cultivar sintético obtenido e inscripto en el Registro Nacional de Cultivares (RNC), Instituto Nacional de Semillas (INASE) con calidad forrajera superior a *Pergamino El Palenque MAG*.

Cultivar representativo de una nueva etapa del mejoramiento con cultivares sintéticos modernos y con caracteres de adaptación general conservados y mejorados.

Brava INTA (2009)

Cultivar sintético de siete genotipos paternos derivados de *Palenque Plus INTA*.

Primer cultivar con flexibilidad de lámina de hoja inscripto en el Registro Nacional de Propiedad de Cultivares (RNPC), INASE.

(*) Variedad población o cultivar población: En plantas alógamas, variedad constituida por una población de base genética amplia resultante de una selección generalmente masal (Gallais y Bannerot, 1992).

(**) Cultivar sintético: Población artificial resultante de la multiplicación durante dos o tres generaciones de la descendencia de un inter cruzamiento entre clones, líneas o familias de medios hermanos seleccionados por su valor propio (*per se*) o en combinación (Gallais y Bannerot, 1992).

Este cultivar sintético tiene mayor relación lámina/tallo que *Palenque Plus INTA* y láminas más anchas (13 mm vs. 11 mm), de mayor flexibilidad (0,84 vs. 0,92), carácter asociado a mayor digestibilidad y calidad forrajera. Entre 2009 y 2016, con *Brava INTA* en pastoreo en suelos salinos con bajo carbono orgánico, se evaluó y confirmó la adaptación a esos suelos (Figura 2). En ese período, toleró dos sequías y tres inundaciones. En seis años de producción con manejo agronómico del pastoreo combinado con henificación eventual (Figura 3), que consideró el ambiente edáfico con limitantes, se lograron producciones de materia seca entre 4.500 kg ha⁻¹año⁻¹ y 7.000 kg ha⁻¹año⁻¹, que superó entre cuatro y seis veces la producción de la vegetación natural o naturalizada y con un rango de digestibilidad *in vitro* entre 55,9% y 71,7%.

Luján INTA (2013)

Cultivar sintético de 35 genotipos paternos derivados de *Palenque Plus INTA*.

Cultivar con flexibilidad de lámina de hoja y semierecto, inscripto en el RNPC, INASE. Es de base genética intermedia y se destaca por la mayor producción invernal y por el mayor valor nutritivo del forraje. Es compatible con alfalfa y otras mezclas, por el porte semierecto. En cultivo puro o consociado con leguminosas, muestra un excelente potencial productivo con más de 14.000 kg ha⁻¹año⁻¹ de MSy se destaca, además, por tolerar sequías temporarias.

Baguala (2009)

Cultivar sintético de 50 genotipos paternos derivados de selección recurrente en FMH intervarietales de la colección de trabajo del programa, para producción, sanidad y adaptación general. El cultivar *Baguala* tiene las láminas de las hojas rígidas similar a *Pergamino El Palenque MAG*, de similar adaptación general, muy macollador, con altura de planta menor, y panoja larga y piramidal.

Todos los cultivares obtenidos por el autor de este artículo, fueron distinguibles morfológicamente, agronómicamente y bioquímicamente (HPLC),

pertenecen al morfotipo continental y están libres de festucosis. La cromatografía HPLC complementó la diferenciación fenotípica y permitió un control preciso de la pureza varietal (Borrás y Rimieri, 1994).



Figura 2. Cultivar Brava INTA en suelo salino con bajo carbono orgánico, dos años después de implantado.



Figura 3. Rollo de heno del crecimiento estival de Brava INTA. Se observa el rebrote otoñal de la pastura

CARACTERES MEJORADOS

En el germoplasma de origen: adaptación y persistencia en ambientes adversos.

En los nuevos cultivares: digestibilidad, flexibilidad de hoja y tolerancia a roya, manteniendo adaptación y persistencia.

Re-seleccionados en *Brava INTA* y *Baguala*: adaptación a suelos con limitantes edáficas físicoquímicas como textura, estructura, condición de drenaje y salino-sódicos con inundaciones periódicas.

MÉTODOS UTILIZADOS

Se aplicaron principios y métodos de la genética y de la biometría, además de criterios propios relacionados al “arte” del mejoramiento, que fueron comprobados y complementados con herramientas bioquímicas y moleculares.

Los criterios de selección y los métodos, se aplicaron para la obtención de poblaciones mejoradas por policruzamiento de genotipos paternos (Syn 0) para generar un cultivar sintético, Syn 1, con incremento de semilla en dos generaciones (Syn 2 y Syn 3). La Syn 3 fue la semilla comercial (***).

PERSPECTIVAS DEL MEJORAMIENTO

Para el futuro, el programa de mejoramiento de festuca tendrá que lograr nuevas combinaciones de genes favorables en los nuevos cultivares sintéticos. Para tal fin y asistido por marcadores moleculares, habrá que seleccionar genotipos en el germoplasma de la colección núcleo y estimar la aptitud combinatoria con los genotipos selectos y adaptados del programa actual, complementados con ciclos de selección recurrente en poblaciones y FMH.

Con los resultados promisorios obtenidos en el cultivar *Brava INTA* en situaciones reales de estrés salino, habrá que formular criterios de selección en ambientes edáficos con limitantes físicoquímicas con los genotipos superiores (Martínez, 2020), mediante la implementación de ciclos de selección recurrente de genotipos y FMH: En ese proceso selectivo y en esos ambientes se podrán definir genotipos y familias para la obtención de nuevos cultivares sintéticos experimentales, aptos para esos suelos con limitantes, algunos de los cuales podrían ser inscriptos como cultivares comerciales más específicos para esos ambientes.

(***) Syn 0: Generación del intercruzamiento en diseño *polyross* o policruzamiento.

Syn 1, 2 y 3 Generaciones del cultivar sintético.

La festuca del tipo continental está mejor adaptada a los sistemas productivos de la región pampeana. Los únicos caracteres a mejorar están relacionados con el valor nutritivo del forraje y la tolerancia a suelos con limitantes físicoquímicas, ya que este germoplasma adaptado es tolerante a sequías e inundaciones periódicas aun estando libre de festucosis. Existe una gran diversidad de germoplasma naturalizado altamente contaminado con festucosis, resultado de introducciones incontroladas de poblaciones de menor valor agronómico que las del programa aquí mencionado y sin ventajas para programas de mejoramiento genético.

Por otro lado, con los cruzamientos intergenéricos entre *Lolium* y *Festuca*, los llamados festulolium, donde hay complementaciones teóricas por la calidad forrajera de *Lolium* y la rusticidad de *Festuca*, no se han logrado ni la persistencia ni el vigor de la festuca alta necesarios en sistemas pastoriles de la región pampeana.

Finalmente, podemos afirmar que tanto los cultivares de festuca aquí mencionados y descriptos, como los nuevos cultivares de similar o superior comportamiento agronómico que sigan acumulando genes favorables provenientes de germoplasma adaptado y probado, permitirán mejorar los sistemas productivos ganaderos de la región pampeana basados en festuca alta en pastoreo directo.

BIBLIOGRAFÍA

- Boelcke O., Echeverría I. (1950) Valor y comportamiento de mezclas forrajeras comerciales para praderas permanentes en la región de Pergamino. Publicación, Estación Experimental Pergamino Vol. 26.
- Borrás F.S., Rimieri P. (1994) Identificación de cultivares comerciales de festuca alta por cromatografía líquida de alta performance de las prolaminas seminales. RIA, Revista de Investigaciones Agropecuarias, 25 (3): 55-60.
- Carrete J., Scheneiter O., Colabianchi B., Amendola C. (2006) Utilización de pasturas de alfalfa-festuca alta con dos sistemas de pastoreo II. Carga animal y producción de carne. Revista de Investigaciones Agropecuarias 35 (3): 19-28. INTA, Argentina.
- Ceroni J.C. (1993) Variabilidad genética e identificación varietal en la población de Festuca *El Palenque* M.A.G. Tesis para optar al Grado de Magister. V Curso de Postgrado en Mejoramiento Genético Vegetal (INTA - UNR), Argentina.
- Cuyeu A.R. (2008) Aplicación de Marcadores Moleculares a estudios de Variabilidad Genética en Poáceas Forrajeras Templadas. Tesis para optar el título de Doctor en Ciencias Aplicadas, UN de Luján, Bs. As., Argentina.
- Gallais A., Bannerot H. (1992) Amélioration des espèces végétales cultivées: objectifs et critères de sélection. Éditions Quæ, Paris.
- Holton T.A. (2001) Plant genotyping by analysis of microsatellites. En: Henry R.J. (Ed.), Plant genotyping. The DNA fingerprinting of plants. CABI Cambridge, UK, pp. 15-27.
- Maddaloni J. (1987) La festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.) y la producción de carne bovina en la región templada de la Argentina. En: Molestina C.J. (Ed.) Diálogo XIX, IICA/BID/PROCISUR, Montevideo, Uruguay.
- Maddaloni J, Ferrari L. (2005) Forrajeras y pasturas del ecosistema templado húmedo de la Argentina. U.N. de Lomas de Zamora, Facultad de Cs. Agrarias, Argentina.
- Martínez E.S. (2020) Respuesta a la selección en festuca alta para suelo salino-sódico. Tesis para optar al título de Magister en Genética Vegetal, INTA-UNR, Argentina.
- Rimieri P. (1995) <https://inta.gob.ar/variedades/palenque-plus-inta>. Expte. INASE N° 3780, 29/05/95.
- Rimieri P., Wolff R. (2010) La genética y el estado actual de la obtención y adopción de cultivares forrajeros en Argentina. BAG. Journal of Basic & Applied Genetics 21 (2): 1-7. <http://ppct.caicyt.gov.ar/index.php/bag/issue/view/4>.
- Rosso B., Pagano E., Rimieri P. (2001) Evaluation and utilization of the tall fescue germplasm collection at Pergamino INTA, Argentina. Proceedings of the XIX International Grassland Congress, Brasil, pp. 504.
- Rosso B.S., Rimieri P., Carrete J.R., Cattoni M.I., Cuyeu A.R., Pagano E.M. (2007) Caracterización agronómica, molecular y de la calidad nutricional de una colección de festuca alta [*Festuca arundinacea* Schreb.] del banco de germoplasma de Pergamino, Argentina. PROCISUR avances de investigación en Recursos Genéticos en el Cono Sur II, PROCISUR/IICA, Montevideo, Uruguay, pp. 169-175.
- Serrano H. (1985) Premio Academia Nacional de Agronomía y Veterinaria. <http://bibliotecadigital.bolsadecereales.com.ar/greenstone/collect/pubper/index/assoc/HASH1bob/d2948809.dir/Ejercicio%201986.pdf>, pp. 134-141.
- Scheneiter O., Carrete J., Amendola C. (2006) Utilización de pasturas de alfalfa-festuca alta con dos sistemas de pastoreo. Disponibilidad, composición y digestibilidad del forraje RIA. Revista de Investigaciones Agropecuarias, 35 (3): 3-18, INTA, Argentina.
- Villar A.D, Serrano H. (1963) Praderas permanentes para la región pampeana húmeda. Boletín de Divulgación Técnica N° 2, EEA Rafaela INTA, Santa Fe, Argentina.

PEA (*Pisum sativum* L.) BREEDING: ADVANCES OF THE BREEDING PROGRAM AT UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO



MEJORAMIENTO DE ARVEJA (*Pisum sativum* L.): AVANCES DEL PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO


Gatti I.¹, Cazzola F.², Bermejo C.J.², Guindón M.F.², Espósito M.A.^{2,3}, Cointy E.L.²

¹CIUNR, Consejo de Investigadores de la Universidad Nacional de Rosario, Rosario, Argentina;

²Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IICAR-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Zavalla, Argentina;

³Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA INTA Oliveros, Ruta Nacional 11 km 353, Oliveros, Santa Fe.

Corresponding author:
Cointy, E.L.
ecointy@unr.edu.ar

 ORCID 0000-0001-5906-7291

ABSTRACT

A pea breeding program to increase production in quantity and quality was started in 2005 in the College of Agrarian Sciences (FCA), National University of Rosario (UNR). The first steps were to gather an active collection of germplasm from around the world and to analyze genetic variability through morpho-agronomic and molecular traits in order to set objectives. In 2014, the National Institute of Agropecuarian Technology (INTA) and the FCA-UNR, joined forces to unite inter-institutional efforts for promoting the local development of pea genotypes adapted to the region. This program, using conventional methodologies, has so far obtained a new commercial line (Primogénita FCA-INTA) of green cotyledons, semi-leafless, with high adaptation to local agro ecological conditions and high yield potential. Breeding, nevertheless, is a slow process. Developing new pea varieties usually takes a decade or more when using traditional methodologies; thus, different alternatives were proposed for the reduction of this period. Doubled haploids and *in vitro* culture have been some of the methodologies developed; in pulses, however, they have not been efficiently implemented in breeding programs. In this context, *Speed Breeding* emerges as a technology that allows increasing the efficiency of the programs, while reducing costs and the required labor.

Key words: peas, conventional methodologies, *Speed Breeding*, doubled haploids.

RESUMEN

En 2005 se inició un programa de mejoramiento de arveja para aumentar la producción en cantidad y calidad en la Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), Universidad Nacional de Rosario (UNR). Los primeros pasos fueron reunir una colección activa de germoplasma de todo el mundo y analizar la variabilidad genética a través de rasgos morfo-agronómicos y moleculares. En 2014, el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) y la FCA-UNR unieron esfuerzos para promover el desarrollo local de genotipos de arveja adaptados a la región. Este programa, utilizando metodologías convencionales, ha obtenido hasta el momento una nueva variedad comercial (Primogénita FCA-INTA) de color de cotiledón verde, semi-áfila, con alta adaptación a las condiciones agroecológicas locales y alto potencial de rendimiento. El mejoramiento genético, sin embargo, es un proceso lento. El desarrollo de nuevas variedades requiere una década o más utilizando metodologías tradicionales, por lo que se propusieron diferentes alternativas para la reducción de este período. Los haploides duplicados y el cultivo *in vitro* han sido algunas de las metodologías desarrolladas, sin embargo, en legumbres no se han podido implementar de manera eficiente en los programas de mejoramiento. En este contexto, *Speed Breeding* surge como una tecnología que permite incrementar la eficiencia de los programas, reduciendo los costos y el trabajo requerido.

Palabras clave: arveja, metodologías convencionales, *Speed Breeding*, haploides duplicados.

Cite this article as:

Gatti I., Cazzola F., Bermejo C.J., Guindón M.F., Espósito M.A., Cointy E.L. 2021. MEJORAMIENTO DE ARVEJA (*Pisum sativum* L.): AVANCES DEL PROGRAMA DE MEJORAMIENTO DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO. BAG. Journal of Basic and Applied Genetics Vol XXXII Issue 2: 15–23.

Received: 10/09/2020

Accepted: 10/24/2020

General Editor: Elsa Camadro

DOI: 10.35407/bag.2021.32.02.02

ISSN online version: 1852-6322

INTRODUCCIÓN

Sistemática y origen geográfico

La arveja (*Pisum sativum* L.) es una especie diploide $2n=14$, anual y autógama perteneciente a la familia de las leguminosas (subfamilia: *Faboideae*, tribu: *Fabeae*). Presenta una importante ventaja ecológica al contribuir al desarrollo de una agricultura de bajos insumos debido a la fijación de nitrógeno atmosférico, y minimiza la necesidad de insumos externos (Smýkal *et al.*, 2012; Guindon *et al.*, 2018). Esta leguminosa es considerada la fuente más económica de proteínas (23–33%) tanto para la nutrición humana como animal (Cousin *et al.*, 1985; Gupta *et al.*, 2015). A su vez es uno de los cultivos más antiguos domesticados en el mundo (Zohary y Hopf, 2000).

El género *Pisum* incluye especies silvestres como *P. fulvum* originarias del Medio Oriente (Smýkal *et al.*, 2017) y especies cultivadas como *P. abyssinicum* provenientes de Yemen y Etiopía, y que probablemente, fue domesticada independientemente de *P. sativum*, y un conjunto de formas silvestres (*P. sativum* subsp. *elatius*) y formas cultivadas que comprenden la especie *P. sativum* en un sentido amplio (Trněný *et al.*, 2018) que son nativas de la región mediterránea de Europa y del centro y noroeste de Asia (Smýkal *et al.*, 2017). Dos acervos genéticos fueron encontrados en este género. El acervo genético primario incluye *P. sativum* con sus diferentes subespecies, variedades botánicas y comerciales, mientras que el acervo genético secundario está compuesto por *P. fulvum* y *P. abyssinicum* (Coyne *et al.*, 2020). Nuestro equipo de trabajo adoptó el sistema taxonómico de *Pisum* esbozado por Maxted y Ambrose (2001) y Bogdanova *et al.* (2020). Según este sistema generalizado, el género abarca tres especies, a saber, *P. sativum* L., subsp. *sativum* (incluye var. *sativum* y var. *arvense*); subsp. *elatius* (Bieb.) Aschers. & Graebn (incluye var. *elatius*, var. *brevipedunculatum* y var. *pumilio*), *P. fulvum* Sibth. & Sm. y *P. abyssinicum* A. Br.

Importancia económica

Es la segunda leguminosa más cultivada a nivel mundial con una producción de 16.205×10^6 tn en 2017 (FAO, 2019). La demanda de arveja es alta y sostenida dado el alto consumo en países asiáticos como India, China y Bangladesh, que son los principales consumidores del mundo. A nivel mundial, el mayor exportador es Canadá, seguido de Rusia y Estados Unidos y, en menor escala, Francia y Australia. En América del Sur, el principal productor y exportador de arveja es Argentina (Janzen *et al.*, 2014) estando en el noveno puesto entre los exportadores mundiales (Calzada y Treboux, 2019).

Producción en Argentina

En la Argentina el cultivo en secano se realiza en forma

extensiva cuando el objetivo es cosechar grano seco y en forma intensiva para obtener granos o vainas para consumo en fresco. La arveja para grano seco se cultiva tradicionalmente en la zona norte de la provincia de Buenos Aires y sudeste de Santa Fe. Entre ambas provincias suman más del 90% de la superficie sembrada en el país (Prieto y Vita, 2010). En los últimos años se ha extendido la propuesta productiva a la zona oeste y centro de Buenos Aires y Santa Fe, sur de Córdoba y oeste de Entre Ríos (De Bernardi, 2016). Del total de arvejas producidas, el 88–90% se destina a grano seco, el 7–8% a grano verde fresco para enlatado y/o congelado y el resto para chaucha fresca (SAGPyA, 2010). El cultivo en nuestro país está siendo considerado cada vez más como una alternativa viable, tanto por su rentabilidad como por sus beneficios como antecesor de los cultivos de verano. Se han realizado estudios que demuestran que el cultivo de soja rinde un 25% más cuando el cultivo anterior fue la arveja, y en el caso del maíz los rendimientos aumentan entre 2.000 y 2.500 kg/ha (Prieto, 2018). La arveja como antecesora posee dos ventajas importantes: la primera, que consume menos agua que el trigo (el 60% de lo que utiliza el cereal) y deja el segundo metro del perfil de suelo con toda el agua disponible. La otra ventaja es que el balance de nitrógeno que queda luego del cultivo, en comparación con el trigo, es menos negativo (Prieto, 2018).

Calidad de la arveja

Son alimentos concentrados con un alto porcentaje de materia seca y proteína, carbohidratos solubles, bajo contenido en grasas, fibras que varían en torno al 8% y sustancias minerales (Grusak, 2002). El contenido de proteína en las semillas varía del 17% al 40%, en contraste con los cereales (7–13%) e igual al contenido de proteína que se encuentra en la carne (18–25%) (Pandey *et al.*, 2016). En comparación con los cereales, son ricas en lisina y pobres en aminoácidos azufrados como la metionina y la cisteína. También son ricas en vitamina C y hay un aumento en el contenido de riboflavina y niacina después de la germinación (Swaminathan, 1988).

En nutrición humana, son utilizadas en una amplia variedad de platos y se consumen como semillas secas enteras o molidas. Se extraen aislados de almidón y proteínas de alta calidad y se han evaluado las características estructurales y funcionales de las semillas enteras para mejorar la alimentación (Brummer *et al.*, 2015). Debido a que las semillas secas contienen pocos factores antinutricionales, también se utilizan como fuente de proteínas principalmente en dietas monogástricas (Dotas *et al.*, 2014), y trabajos recientes han demostrado el valor de la arveja como reemplazo de la soja en las raciones para cerdos, aves, pescado y rumiantes (Anthony, 2017). Asimismo, el heno de arveja se utiliza como forraje en la dieta de los rumiantes

(Bastida García *et al.*, 2011). Al mismo tiempo, tienen una fuerte presencia en el mercado de alimentos procesados, con una gran diversidad de productos. La arveja enlatada rehidratada es uno de los productos con mayor volumen de exportación del sector de las verduras enlatadas en Argentina (después de las preparaciones de tomate) y tiene una participación de mercado mundial cercana al 1%, abasteciendo principalmente a países vecinos. Además, se utilizan en sopas instantáneas, *snacks*, productos de cereales congelados, hamburguesas y empanadas, barritas energéticas, harinas ricas en proteínas y fibra (20% y 17% respectivamente) y almidones, fibras y aislados o concentrados de proteínas que se utilizan para agregar en productos cárnicos cocidos, frescos y embutidos. La posibilidad de alimentar ganado vacuno, lechero, porcino y aves de corral con granos de arveja permite diversificar la producción e incorporar la ganancia en origen especialmente en las pequeñas explotaciones.

Planes de Mejoramiento

Los esfuerzos de mejoramiento para desarrollar nuevos cultivares han dado lugar en gran medida a la división del germoplasma de arveja en diferentes grupos, diferenciados principalmente por el uso final y el tipo de mercado (Zong *et al.*, 2009; Burstin *et al.*, 2015). En resumen, según la morfología del grano y el momento de su cosecha, las arvejas se pueden clasificar en:

- *Dried peas* (lisas o *field pea*), son las arvejas recolectados en plena madurez, en parte para consumo humano, pero principalmente para alimentación animal.
- *Green peas* (arrugadas o *garden pea*), las vainas se cosechan en la etapa R4 (vaina llena) para consumo humano como hortalizas frescas y los granos inmaduros para consumo directo, enlatado o congelado.

Los objetivos de mejoramiento dependen del tipo de arveja a producir. Nuestro grupo de trabajo se ha enfocado principalmente en el mejoramiento de arvejas secas estando, sin embargo, iniciando un programa para *Green peas*.

Para el caso de las arvejas secas manejamos tanto germoplasma correspondiente a arvejas con color de cotiledón amarillo como verde siendo, este último, el de cultivo más común en nuestro país.

En este tipo de materiales se busca la obtención de variedades semi-áfiliadas, que por tener reemplazado los folíolos por zarcillos, permiten una mayor incidencia de la radiación solar en las plantas permitiendo que maduren correctamente las vainas inferiores. Por otro lado, los zarcillos de las diferentes plantas en el cultivo se unen evitando así el vuelco de las mismas en la madurez que puede ser provocado por el peso de las vainas. Por el contrario, las plantas foliosas tienden a ser más susceptibles a las enfermedades foliares, pero presentan un mayor rendimiento.

En nuestro país, las variedades de mayor difusión son Facón que es de grano verde liso, foliosa, y semi-rastrera y Viper que presenta un grano verde liso, es semi-áfiliada y erecta; pero si se desea afianzar nuestro protagonismo en el mundo será necesario ofrecer otros tipos varietales, tales como arvejas de cotiledones amarillos, variedades con resistencia al blanqueado de la semilla, mejor estructura de planta (semiáfiliadas) y comportamiento sanitario superador, de tal manera de ir satisfaciendo las necesidades de otros mercados no tradicionales.

Se busca, asimismo, reducir los días a floración como la altura de la planta con el fin de obtener materiales precoces (con fechas a floración cercanas a 70 días) que permitan liberar más tempranamente el lote, a fin de poder realizar cultivos de segunda y plantas de 60–65 cm, ya que plantas de mayor altura son más susceptibles al vuelco, mientras que, las de menor altura resultan ser pobres competidoras con las malezas. Por otro lado, también se busca, como en todos los cultivos, un incremento de todas las variables productivas, estabilidad de la producción y la resistencia a factores bióticos y abióticos (Guindon *et al.*, 2018).

Nuestro programa de mejora comenzó con una etapa de *pre-breeding* mediante la construcción de una colección activa de arveja con la importación de materiales de los bancos de germoplasma del USDA (EEUU) y del *John Innes Pisum Collection* (UK) y materiales derivados de nuestro programa de mejora, contando actualmente con más de 300 entradas del género *Pisum* (*ssp. fulvum*, *abyssinicum* y *sativum*) como así también de las subespecies *asiaticum*, *elatius*, *jomardi*, *sativum* y *transcaucasicum* y diferentes cultivares dentro de cada subespecie, con materiales de grano liso (arveja seca) y de tipo rugoso (arveja hortícola para consumo fresco). Dicha colección se multiplica periódicamente y es evaluada a través de diferentes tipos de marcadores: morfológicos, agronómicos, ecogeográficos, moleculares y bioquímicos. Con el objetivo de contribuir a una mejor utilización de las accesiones en los programas de mejoramiento, Espósito *et al.* (2019) construyeron una colección núcleo (*core collection*). Para ello se evaluó la colección de germoplasma mediante rasgos morfológicos, caracterización molecular a través de marcadores SSR y SRAP y validando la misma, demostrando que la estrategia logarítmica con datos sobre valores genotípicos fue la estrategia superior.

Mediante siglos de selección empírica y mejoramiento se han desarrollado miles de variedades que se mantienen en colecciones de germoplasma en todo el mundo (Smýkal *et al.*, 2011). En Argentina, a pesar de haber inscriptas en el Registro Nacional de Cultivares más de 70 variedades correspondientes a diferentes empresas semilleras internacionales, solo se cultivan mayoritariamente, como se dijo con anterioridad, dos variedades. Esta situación hace necesaria la creación de nuevas variedades de origen nacional que se encuentren adaptadas a nuestras condiciones de cultivo.

Métodos de mejoramiento

El sistema más comúnmente utilizado para desarrollar cultivares de línea pura consiste en hibridar artificialmente dos o más líneas parentales seleccionadas, permitiendo que la primera generación filial (F_1) se autofecunde para obtener semilla F_2 y continuar avanzando hacia la homocigosis práctica, aproximadamente en las generaciones F_5 o F_6 , donde se inicia la evaluación de los productos obtenidos para determinar su potencial comercial. Durante el avance generacional se puede aplicar selección para reducir gradualmente la cantidad de productos obtenidos (método Genealógico o *Pedigree*) o llegar al final del proceso conservando la mayor variabilidad genética posible y, luego de la multiplicación de semillas, realizar la selección por el método de descendiente de semilla única o SSD (*Single Seed Descent*). En cualquier caso, los productos finales son líneas puras. Estos son los métodos que se utilizan en la mayor parte del mundo y en nuestro programa de leguminosas de grano.

Nuestro programa convencional de mejora

Se comenzó un trabajo de hibridación entre materiales de diferentes orígenes, pero con características sobresaliente, a fin de lograr la creación de poblaciones F_2 que pudiesen someterse a procesos de selección.

El INTA inició, a través de sus proyectos nacionales INTA PNHFA1123 (2006-09) y PNHFA1231 (2009-12) un programa de mejora de legumbres en general, denominado “Desarrollo de bases tecnológicas para el aumento de la competitividad con sostenibilidad de las Legumbres en Argentina”, estableciéndose un convenio específico entre la Facultad de Ciencias Agrarias de la UNR y la EEA INTA Oliveros con el objeto de obtener nuevas variedades de arveja y lenteja.

Como resultado de este esfuerzo conjunto nos encontramos en las etapas de licenciamiento de la primera variedad nacional y de origen estatal Primogénita FCA-INTA. Esta variedad surge del cruzamiento de la variedad Viper semi-áfila con color de cotiledón verde por la variedad DDR 14 creada por *The Indian Council of Agriculture Research*, foliosa, con color de cotiledón amarillo y vainas y grano grande. La variedad DDR 14 fue utilizada como progenitor masculino debido a los marcadores fenotípicos dominantes presentes que facilitaron la seguridad de la obtención de semillas provenientes del cruzamiento.

Este fue una de los cientos de cruzamientos efectuados en el año 2009, en la Sección Horticultura de la Facultad de Ciencias Agrarias, con materiales de la colección activa.

En el año 2010 se sembraron las semillas F_1 y se cosecharon las semillas F_2 . Desde el año 2012 al 2015 se realizó un esquema SSD. Una vez alcanzada la

homocigosis práctica se sembraron todas las semillas de las diferentes líneas obtenidas que fueron multiplicadas y sometidas a ensayos preliminares de rendimiento teniendo en cuenta también el porte de la planta. De esta selección surge la variedad PRIMOGÉNITA FCA INTA (Figura 1). En 2017 se consideró que la variedad estaba estabilizada y a partir de ese año se comenzaron las multiplicaciones en la EEA INTA Oliveros y se realizaron ensayos comparativos de rendimiento en diferentes localidades.

Esta nueva variedad se caracteriza por presentar un rendimiento superior a las variedades de uso corriente, con seis granos en promedio por vaina de un color verde, buen porte a cosecha, y resistencia parcial a oídio.

En ensayos de cuatro años (2016 al 2019) mostró un rendimiento de 2360,58 kg/ha frente a 1874,94 kg/ha de la variedad Viper.

La obtención de esta variedad requirió 10 años de trabajo y la evaluación de cientos de cruza. En general, nos encontramos con dos pasos clave en la mejora de esta especie y de otras leguminosas de grano: (a) la elección de progenitores a ser utilizados en los bloques de cruzamientos para la creación de variabilidad genética y b) la necesidad de incrementar la ganancia genética o eficiencia del proceso.

El desarrollo exitoso de nuevas variedades depende fundamentalmente de la selección de las líneas a hibridar a fin de lograr generaciones segregantes que muestren individuos superiores capaces de convertirse en nuevas variedades de cultivo.

En los programas de mejoramiento genético de cultivos autógenos, se efectúa una gran cantidad de hibridaciones cada año para posteriormente disponer de un gran número de líneas recombinantes en las generaciones posteriores, a fin de poder efectuar el proceso selectivo. No todas ellas podrán convertirse en variedades superiores, sino que sólo un número muy bajo de las mismas podrán cumplir con los requisitos del programa. Sería por lo tanto muy conveniente determinar qué materiales deben ser hibridados a fin de obtener variedades superiores.

Materiales a hibridar

La aparición de variantes transgresivas que puedan ser seleccionadas es sumamente importante ya que está conectada con la posibilidad de obtención de variedades superiores. Si bien los individuos transgresivos observados en la generación F_2 pueden ser altamente heterocigóticos podrá fijarse o mantenerse la heterosis si el vigor resulta de la acumulación de alelos dominantes (Jones, 1957; Sarawat *et al.*, 1994). Guindon *et al.* (2018) hallaron segregantes transgresivos favorables para diferentes caracteres cuantitativos y Cazzola *et al.* (2020) evaluaron la frecuencia de segregantes transgresivos en dos poblaciones F_2 y sus respectivas familias $F_{2:3}$,



Figura 1. Primogénita FCA-INTA. a: Planta en floración, b: etapa de formación de vainas.

obteniendo un 45% para todas las características estudiadas en las generaciones F_2 y, posteriormente, un 42% de estos segregantes transgresivos se manifestaron en la generación $F_{2,3}$, lo que sugiere que podrían producirse líneas superiores. La predicción de segregantes transgresivos puede realizarse a partir de diferentes metodologías. Sin embargo, Cattáneo *et al.* (2020) demostraron mediante la utilización de cruzamientos dialélicos de media matriz, entre 11 variedades de nuestra colección activa correspondientes a germoplasma de origen diferentes (Europa, Asia, América del Norte y América del Sur), que la evaluación de la aptitud combinatoria general de los parentales resultó ser eficiente como metodología para estimar *a priori* cruza heteróticas y segregantes transgresivos.

Aceleración de generaciones

Con respecto al segundo punto, el fitomejoramiento es un proceso lento. El desarrollo de nuevas variedades requiere una década o más, utilizando metodologías tradicionales. Es una operación logística a gran escala que involucra de miles a cientos de miles de plantas en la etapa inicial de fijación de la línea, pero el número se reduce en gran medida a un pequeño número seleccionado de líneas de mejoramiento avanzadas al final del proceso de mejoramiento (Lenaerts *et al.*, 2019). En la ecuación del mejorador, el tiempo de cada ciclo de cultivo es el más fácil de entender, el más barato de

manipular y el parámetro más poderoso para aumentar la ganancia genética (Cobb *et al.*, 2019).

Dentro de los métodos convencionales de mejoramiento, el método SSD (Goulden, 1941; Saxena *et al.*, 2019) nació de la necesidad de acelerar los programas mediante la endogamia rápida de una población antes de comenzar la selección y evaluación de plantas individuales, mientras se reduce la pérdida de genotipos durante las generaciones segregantes. Este método puede realizarse en contra-estación ya que no se efectúa selección en las primeras etapas. Brummer *et al.* (2011) y Atlin *et al.* (2017) sugirieron la siembra fuera de estación. Sin embargo, en un cultivo como la arveja, Ochatt y Sangwan (2010) determinaron que sólo se podrían obtener dos generaciones por año cambiando el hemisferio o tres con el uso de invernadero. Por otro lado, Sita *et al.* (2017) sugirieron que los viveros fuera de estación (siembra primavera-verano) en el mismo hemisferio no es una alternativa confiable debido a la pérdida significativa de material segregante por efecto de las altas temperaturas. Provoca el aborto de flores, vainas y granos.

Teniendo en cuenta estos inconvenientes nuestro grupo de trabajo comenzó a trabajar, a la par de los métodos estrictamente convencionales, con dos metodologías de aceleración:

- Cultivo de anteras
- *Speed Breeding*.

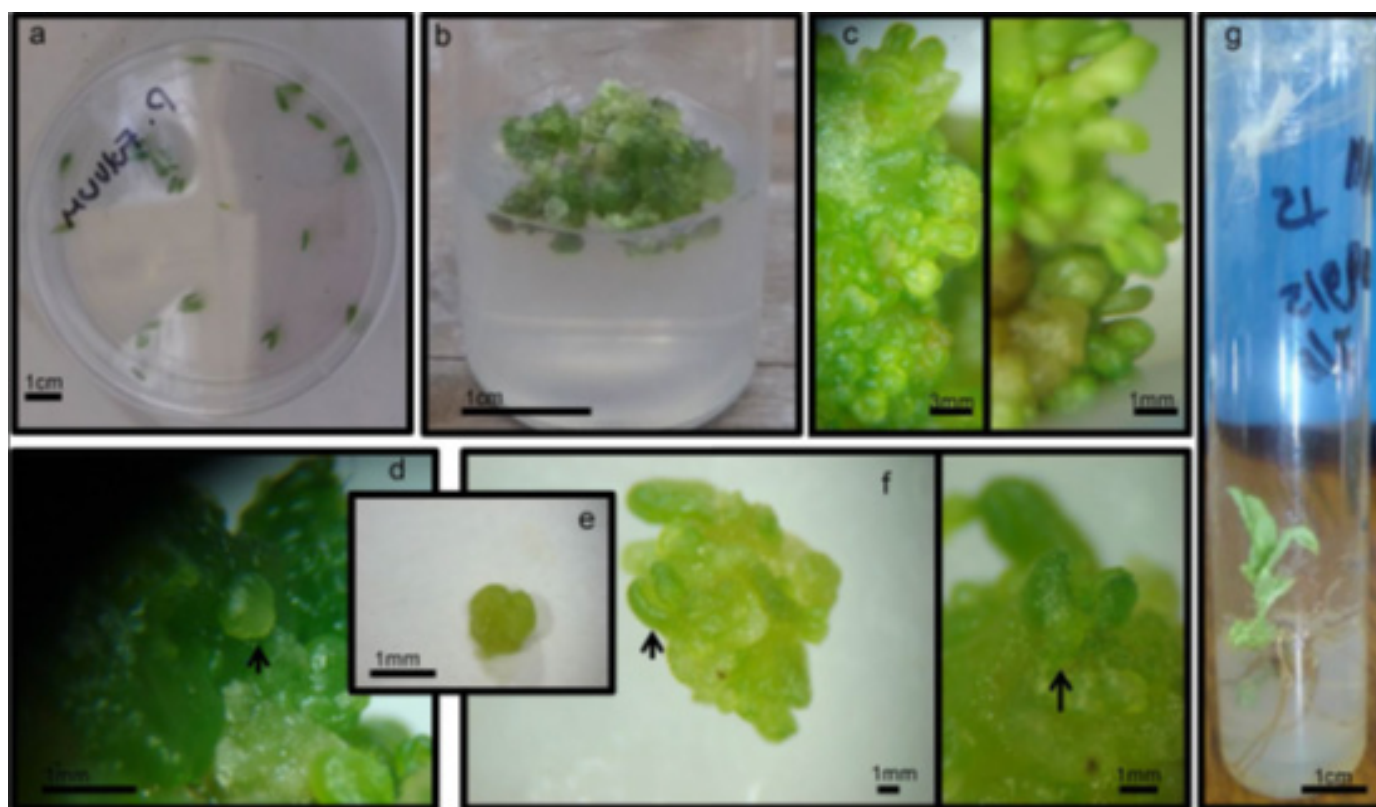


Figura 2. a) Botones florales de *P. fulvum* en el estado uninucleado; b) formación de callo embriogénico verde; c) callo en diferentes etapas de embriogénesis somática en el medio de maduración del embrión; d, e y f) embriones en estado globular (d); corazón (e); cotiledonal (f); g) plántulas desarrollada en medio de regeneración.

Cultivo de anteras

La inducción de haploides por cultivo *in vitro* de células gametofíticas, particularmente gametofitos masculinos, es de enorme importancia en los programas de mejoramiento de cultivos (Pratap *et al.*, 2018). La producción de doble haploides (DH) o haploides duplicados, permite desarrollar genotipos completamente homocigotos a partir de padres heterocigóticos en una sola generación y permite fijar los gametos recombinantes directamente como líneas homocigóticas fértiles (Pratap *et al.*, 2006; Forster *et al.*, 2007). Sin embargo, las leguminosas han sido descritas como recalcitrantes a este enfoque (Germana *et al.*, 2011; Gatti *et al.*, 2016) por lo que su implementación no es factible además de ser costosa por el equipo requerido reduciendo también las posibilidades de recombinación (Liu *et al.*, 2016). Sin embargo, Bermejo *et al.* (2020) estudió la competencia androgénica de diferentes especies de arveja (tanto silvestres como cultivadas). Se realizó un estudio comparativo de la respuesta androgénica entre diferentes taxones del género *Pisum*, tanto del acervo genético primario como secundario. Se encontraron diferencias significativas en el porcentaje de producción de callos y plantas entre las diferentes especies y subespecies. Las dos formas silvestres, *Pisum*

fulvum Sibth. & Sm. y *Pisum sativum* subsp. *elatius* (Bieb.) Aschers. & Graebn., regeneraron vástagos a partir del cultivo de anteras con una elevada eficiencia (67% y 38%, respectivamente), convirtiéndose en fuentes potenciales de competencia androgénica (Figura 2). Entre los genotipos cultivados de *P. sativum*, la variedad botánica arvense regeneró vástagos en un porcentaje del 40% siendo también un buen candidato para el estudio de la androgénesis. *P. fulvum*, *P. sativum* subsp. *elatius* y *P. sativum* ssp. *sativum* var. *arvense* se identificaron como altamente sensibles al cultivo de anteras, útiles para transferir la competencia androgenética a variedades comerciales.

Speed Breeding

El concepto de *Speed Breeding* se inspiró en los esfuerzos de la NASA para cultivar en el espacio, utilizando cámaras cerradas y fotoperíodo extendido. Al observarse la obtención de plantas adultas de trigo y cebada, más rápidamente se convirtió en la norma en las actividades de investigación de cereales en la Universidad de Queensland (UQ), Australia (Hickey *et al.*, 2019). Incluye el crecimiento de plantas en cámaras o invernaderos. Esta aceleración rápida de generaciones fue desarrollada en diferentes cultivos con el fin de acortar el ciclo del



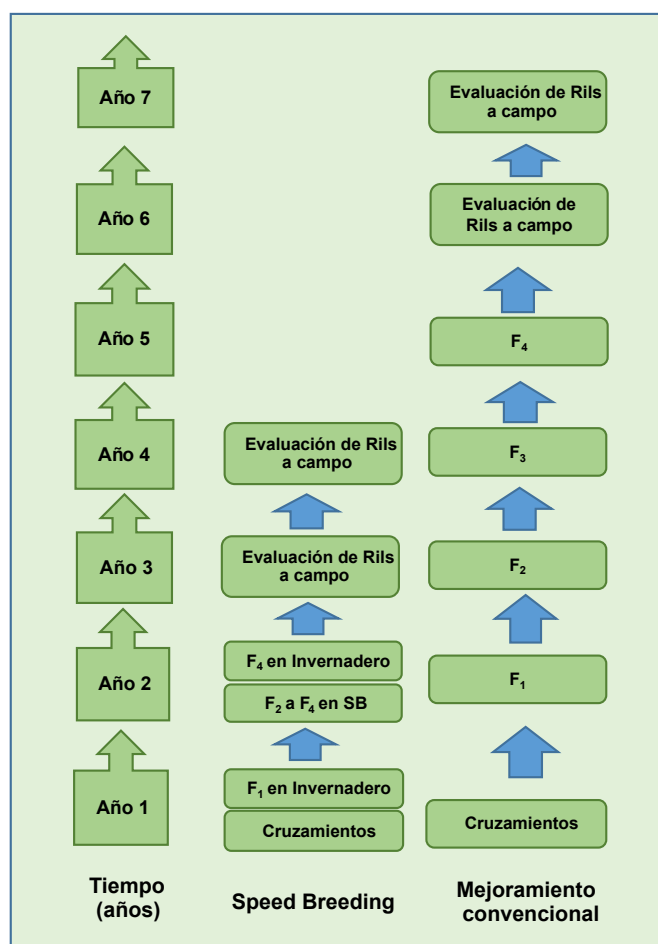
Figura 3. a) Plántulas de arveja en el sistema de *Speed Breeding*; b) plantas con flores y vainas.

mismo y aumentar la eficiencia de los programas de mejora.

Se desarrollaron diferentes protocolos para distintas especies tales como maní (O'Connor *et al.*, 2013), arroz (Collard *et al.*, 2017), cebada y trigo (Watson *et al.*, 2018), soja (Nagatoshi *et al.*, 2018) y garbanzo (Samineni *et al.*, 2019).

Cazzola *et al.* (2020) desarrollaron un protocolo para el cultivo de arveja trabajando en cámaras de cría, utilizando luz artificial con fotoperíodos inductivos (22 hs luz), temperatura y humedad controladas y cosecha anticipada de granos (24 días post-antesis) (Figura 3). Se utilizó un sistema hidropónico con el agregado de la antigiberelina Flurprimidol para reducir el tamaño de las plantas y una metodología SSD que es la más aconsejada ya que sólo requiere una semilla por planta F_2 . La ventaja del sistema radica en el hecho de poderse iniciar en cualquier momento del año e independizarse de las condiciones bióticas y abióticas, aumentar la eficiencia de los programas significativamente ya que se reduce el espacio necesario (266 pl/m²), reduciendo considerablemente los costos y labores necesarias, pero la gran ventaja es que pueden obtenerse cinco generaciones por año. En la actualidad se encuentran en evaluación en el Campo Experimental de la Facultad de Ciencias Agrarias de la UNR 150 nuevas Rils provenientes de hibridaciones dirigidas y obtenidas por el sistema de *Speed Breeding*.

Estos últimos avances en los sistemas de cultivos controlados resultan en una gran oportunidad para incorporarlos a los diferentes programas de mejora. Esquemáticamente un programa de mejora con SB y un programa convencional se presentan a continuación:



BIBLIOGRAFÍA

- Anthony J.B. (2017) Peas and beans. In: Atherton J. (Ed.) Crop production science in horticulture (series). CABI, Oxfordshire, pp. 66–93.
- Atlin G.N., Cairns J.E., Das B. (2017) Rapid breeding and varietal replacement are critical to adaptation of cropping systems in the developing world to climate change. *Global Food Secur.* 12: 31–37.
- Bastida García J.L., González Ronquillo M., Domínguez Vara I.A., Romero Bernal J., Castelán Ortega O. (2011) Effect of field pea (*Pisum sativum* L.) level on intake, digestion, ruminal fermentation and *in vitro* gas production in sheep fed maintenance diets. *Anim. Sci. J.* 82: 654–662.
- Bermejo C., Guindón F., Palacios T., Cazzola F., Gatti I., Cointry E.L. (2020) Comparative androgenetic competence of various species and genotypes within the genus *Pisum* L. *Plant Cell Tiss Organ Cult.* doi.org/10.1007/s11240-020-01934-y.
- Bogdanova V.S., Shatskaya N.V., Mglinets A.V., Kosterin O.E., Vasiliev G.V. (2020) Discordant evolution of organellar genomes in peas (*Pisum* L.) *BioRxiv.* doi.org/10.1101/2020.05.19.104224.
- Brummer F.C., Barber W.T., Collier S.M., Cox T.S., Johnson R., Murray S.C., Olsen R.C. (2011) Plant breeding for harmony between agriculture and the environment. *Front Ecol. Environ.* 375 9: 561–568.
- Brummer Y., Kaviani M., Tosh S.M. (2015) Structural and functional characteristics of dietary fibre in beans, lentils, peas and chickpeas. *Food Res. Intl* 67: 117–125.
- Burstin J., Salloignon P., Chabert Martinello M., Magnin Robert J.B., Siol M., Jacquin F., Chauveau A., Pont C., Aubert G., Truntzer C., Duc G. (2015) Genetic diversity and trait genomic prediction in a pea diversity panel. *BMC Genomics* 16: 105.
- Calzada J., Treboux J. (2019) Panorama del mercado nacional e internacional de legumbres. AÑO XXXVII –Nº Edición 1912, 28 de junio de 2019, Bolsa de Comercio de Rosario, Argentina.
- Cattáneo R.M. (2020) Estimación y predicción de segregantes transgresivos en poblaciones F₂ provenientes de hibridaciones entre líneas de arveja de diferentes orígenes geográficos. Tesis Doctoral, Universidad Nacional de Rosario, Rosario, Argentina.
- Cazzola F., Bermejo C.J., Cointry E. (2020) Transgressive segregations in two pea F₂ populations and their respective F₂:3 families. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 55. doi: 10.1590/S1678-3921.pab2020.v55.01623.
- Cazzola F., Bermejo C.J., Guindon M.F., Cointry E. (2020) Speed breeding in pea (*Pisum sativum* L.), an efficient and simple system to accelerate breeding programs. *Euphytica* 216, 178. doi.org/10.1007/s10681-020-02715-6.
- Cobb J.N., Juma R.U., Biswas P.S., Arbelaez J.D., Rutkoski J., Atlin G., Hagen T., Quinn M., Ng E.W. (2019) Enhancing the rate of genetic gain in public-sector plant breeding programs: lessons from the breeder's equation. *Theor. Appl. Genet.* 132: 627–645.
- Collard B.C.Y., Beredo J.C., Lenaerts B., Mendoza R., Santelices R., Lopena V., Verdeprado H., Raghavan C., Gregorio G.B., Vial L., Demont M., Biswas P.S., Iftikharuddaula K.F., Rahman K.A., Cobb J.N., Rafiqul Islam M. (2017) Revisiting rice breeding methods—evaluating the use 384 of rapid generation advance (RGA) for routine rice breeding. *Plant Prod. Sci.* 20: 337–352.
- Cousin J.R., Massager A., Vingere A. (1985) Breeding for yield in common peas. The peas Crops. In: Hebblethwaite P.H., Heath M.C., Dawkins T.C.K. (Eds.) Butterworths, pp. 115–129.
- Coyne C., Kumar S., von Wettberg E.J.B., Marques E., Berger J.D., Redden R.J., Ellis T.H.N., Brus J., Zablazská L., Smýka P. (2020) Potential and limits of exploitation of crop wild relatives for pea, lentil, and chickpea improvement. *Legume Sci.* e36. doi.org/10.1002/leg3.36.
- Dahl W.J., Foster L.M., Tyler R.T. (2012) Review of the health benefits of peas (*Pisum sativum* L.). *British J Nutrition* 108: 3–10.
- De Bernardi L. (2016) Informe de Arvejas (*Pisum sativum*). Subsecretaría de Mercados Agropecuarios. Buenos Aires Argentina, pp 13.
- Dotas V., Bampidis V.A., Sinapis E., Hatzipanagiotou A., Papanikolaou K. (2014) Effect of dietary pea (*Pisum sativum* L.) supplementation on growth performance, and carcass and meat quality of broiler chickens. *Livestock Sci.* 164: 135–143.
- Espósito M.A., Gatti I., Cointry E. (2019) Construction and validation of core collections in *Pisum* sp. using different methodologies. *Legume Res.* 42 (6): 743–749.
- FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations (2019) Faostat. Available at: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize> (Accessed on: Aug. 12, 2019).
- Forster B.P., Herberle Bors E., Kasha K.J., Touraev A. (2007) The resurgence of haploids in higher plants. *Trends Plant Sci.* 12 (8): 368–375.
- Gatti I., Guindón F., Bermejo C., Espósito A., Cointry E. (2016) *In vitro* tissue culture in breeding programs of leguminous pulses: use and current status. *Plant Cell Tiss. Organ. Cult.* 127 (3): 543–559.
- Germáná M.A. (2011) Anther culture for haploid and doubled haploid production. *Plant Cell Tiss. Organ Cult.* 104: 283–300.
- Goulden C.H. (1941) Problems in plant selection. In: Proceedings of the 7th international congress genetics, vol. 1039, pp. 132–133.
- Grusak M.A. (2002) Enhancing mineral content in plant food products. *J. Am. Coll. Nutr.* 21: 178S–183S.
- Guindon M.F., Martin E., Cravero V., Cointry E.L. (2018) Transgressive segregation, heterosis and heritability for yield-related traits in a segregating population of *Pisum sativum* L.

- Experimental Agriculture, Cambridge University Press. pp. 1–11.
- Gupta R.K., Gangoliya S.S., Singh N.K. (2015) Reduction of phytic acid and enhancement of bioavailable micronutrients in food grains. *J Food Sci and Tech* 52 (2): 676–684.
- Hickey L.T., Hafeez A., Robinson H., Jackson S.A., Leal Bertoli S.C.M., Tester M., Gao C., Godwin I.D., Hayes B.J., Wulff B.B.H. (2019) Breeding crops to feed 10 billion. *Nat. Biotechnol.* 37 (7): 744–754. Doi:10.1038/s41587-019-0152-9.
- Janzen J.P., Brester G.W., Smith V.H. (2014) Dry peas: trends in production, trade, and price. Montana: Agricultural Marketing Policy Center (AMPC. Briefing, 57).
- Jones D.F. (1957) Gene action in heterosis. *Genetics* 42: 93–101.
- Lenaerts B., Collard B.C., Demont M. (2019) Review: Improving global food security through accelerated plant breeding. *Plant Sci.* 287: 110207. Doi: 10.1016/j.plantsci.2019.110207.
- Liu H., Zwer P., Wang H., Liu C., Lu Z., Wang Y., Yan G. (2016) A fast generation cycling system for oat and triticale breeding. *Plant Breeding* 135: 574–579. Doi: 10.1111/pbr.12408.
- Maxted N., Ambrose N. (2000) Peas (*Pisum* L.) Chapter 10. In: Maxted N., Bennett S.J. (Eds.) *Plant Genetic Resources of Legumes in the Mediterranean*. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, pp. 181–190.
- Nagatoshi Y., Fujita Y. (2018) Accelerating Soybean Breeding in a CO₂-Supplemented Growth Chamber. *Plant Cell Physiol.* 60: 77–84.
- Ochatt S.J., Sangwan R.S. (2010) *In vitro* flowering and seed set: acceleration of generation cycles. In: Davey M.R., Anthony P. (Eds.) *Plant Cell Culture: Essential Methods*. Chichester: John Wiley & Sons, pp. 97–110.
- O'Connor D.J., Wright G.C., Dieters M.J., George D.L., Hunter M.N., Tatnell J.R., Fleischfresser D.B. (2013) Development and application of speed breeding technologies in a commercial peanut breeding program. *Peanut Sci.* 40: 107–11.
- Pandey M.K., Roorkiwal M., Singh V.K., Ramalingam A., Kudapa H., Thudi M., Chitikineni A., Rathore A., Varshney R.K. (2016) Emerging Genomic Tools for Legume Breeding: Current Status and Future Prospects. *Front. Plant Sci.* doi.org/10.3389/fpls.2016.00455.
- Pratap A., Prajapati U., Singh C.M. (2018) Potential, constraints and applications of *in vitro* methods in improving grain legumes. *Plant Breed.* 137: 235–249.
- Pratap A., Sethi G.S., Chaudhary H.K. (2006) Relative efficiency of anther culture and chromosome elimination techniques for haploid induction in triticale × wheat and triticale × triticale hybrids. *Euphytica* 150: 339–345.
- Prieto G.M., Vita E.A. (2010) El cultivo de arveja. Informe técnico AER INTA Arroyo Seco. 5pp.
- Prieto G.M. (2018) Arveja, una alternativa para potenciar la secuencia de cultivos en la zona núcleo. https://www.clarin.com/rural/arveja-alternativa-potenciar-secuencia-cultivos-zona-nucleo_o_HJU8AUbGQ.html (accesado Septiembre 2020).
- SAGPyA (2010) <https://www.argentina.gob.ar/agroindustria/agricultura-ganaderia-y-pesca> (accesado September 2020).
- Samineni S., Sen M., Sajja S.B., Gaur P.M. (2019) Rapid generation advance (RGA) in chickpea to produce up to seven generations per year and enable speed breeding. *The Crop J.* 8: 164–169.
- Sarawat P., Stoddard F.L., Marshall D.R., Ali R. (1994) Heterosis for yield and related characters in pea. *Euphytica* 80: 39–48.
- Saxena K.B., Saxena R.K., Hickey L.T., Varshney R.K. (2019) Can a speed breeding approach accelerate genetic gain in pigeonpea? *Euphytica* 215: 202. Doi: <https://doi.org/10.1007/s10681-019-2520-4>.
- Sita K., Sehgal A., Hanumantha Rao B. (2017) Food Legumes and Rising Temperatures: Effects, Adaptive Functional Mechanisms Specific to Reproductive Growth Stage and Strategies to Improve Heat Tolerance. *Front. Plant Sci.* 8: 1658. Doi: 10.3389/fpls.2017.01658.
- Smykal P., Kenicer G., Flavell A.J., Corander J., Kosterin O., Redden R.J., Ford R., Coyne C.J., Maxted N., Ambrose M.J., Ellis T.H.N. (2011) Phylogeny, phylogeography and genetic diversity of the *Pisum* genus. *Plant Genetic Res.* 9: 4–18.
- Smykal P., Aubert G., Burstin J., Coyne C.J., Ellis N.T.H., Flavell A.J., Ford R., Hýbl M., Macas J., Neumann P., McPhee K.E., Redden R.J., Rubiales D., Weller J.L., Warkentin T.D. (2012) Pea (*Pisum sativum* L.) in the genomic era. *Agronomy* 2: 74–115.
- Smykal P., Hradilová I., Trněný O., Brus J., Rathore A., Bariotakis M., Das R.R., Bhattacharyya D., Richards C., Coyne C.J., Pirintsos S. (2017) Genomic diversity and macroecology of the crop wild relatives of domesticated pea. *Sci. Rep.* 7 (1): 1–10.
- Swaminathan M. (1988) *Handbook of food science and experimental foods*. Bangalore: Bangalore Printing and Publishing Co., Ltd, pp. 125–127.
- Trněný O., Brus J., Hradilová I. (2018) Molecular evidence for two domestication events in the pea crop. *Genes* 9 (11): 535. doi.org/10.3390/genes9110535.
- Watson A., Ghosh S., Williams M. (2018) Speed breeding is a powerful tool to accelerate crop research and breeding. *Nat. Plants* 4: 23–29.
- Zohary D., Hopf M. (2000) *Domestication of Plants in the Old World: The Origin and Spread of Cultivated Plants in West Asia, Europe and the Nile Valley*. Editorial Oxford University Press, UK.
- Zong X., Yang T., Liu R., Zhu Z., Zhang H., Li L., Zhang X., He Y., Sun S., Liu Q., Li G., Guo R., Hu X., Shen B., Ma J., Zhang T. (2019) Chapter 6: Genomic Designing for Climate-Smart Pea. In: *Genomic Designing of Climate-Smart Pulse Crops*. Chittaranjan Kole ed. New Delhi, India. doi.org/10.1007/978-3-319-96932-9.

COMPLEMENTARY TOOLS UTILIZED IN THE PEA (*Pisum sativum* L.) BREEDING PROGRAM AT UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO

HERRAMIENTAS COMPLEMENTARIAS UTILIZADAS EN EL PROGRAMA DE MEJORAMIENTO DE ARVEJA (*Pisum sativum* L.) DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO


Guindón M.F.¹, Cazzola F.¹, Bermejo C.J.¹, Espósito M.A.^{1,3}, Gatti I.², Cointry E.L.¹

¹ Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IICAR-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Zavalla, Argentina;

² CIUNR, Consejo de Investigadores de la Universidad Nacional de Rosario, Rosario, Argentina;

³ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA INTA Oliveros, Ruta Nacional 11 km 353, Oliveros, Santa Fe.

Corresponding author:
Cointry, E. L.
ecointry@unr.edu.ar

 ORCID 0000-0001-5906-7291

Cite this article as:

Guindón M.F., Cazzola F., Bermejo C.J., Espósito M.A., Gatti I., Cointry E.L. 2021. HERRAMIENTAS COMPLEMENTARIAS UTILIZADAS EN EL PROGRAMA DE MEJORAMIENTO DE ARVEJA (*Pisum sativum* L.). BAG. Journal of Basic and Applied Genetics Vol XXXII Issue 2: 25–31.

ABSTRACT

Conventional breeding can be complemented by different strategies that increase the efficiency of the methodologies and the current rate of increase in yields in order to meet demand. The use of molecular markers with the aim of developing linkage maps of the species, the use of Blup (Best Linear Unbiased Prediction) for an efficient selection of progenitors to hybridize, the use of *in vitro* culture to artificially increase the number of F₁ plants or the use of digital phenotyping for efficient digital characterization that can be performed during the periodic and routine regeneration of accessions in germplasm collections.

Key words: Molecular markers, Blup, *in vitro* culture, digital phenotyping.

RESUMEN

El mejoramiento convencional puede ser complementado mediante diferentes estrategias que incrementen la eficiencia de las metodologías y la tasa actual de aumento de los rendimientos a fin de satisfacer la demanda. El uso de marcadores moleculares con el objetivo de desarrollar mapas de ligamiento de la especie, el uso de Blup (*Best Linear Unbiased Prediction*) para una selección eficiente de progenitores a hibridar, el uso del cultivo *in vitro* para incrementar artificialmente el número de plantas F₁ o el uso de fenotipificación digital para una eficiente caracterización digital que puede realizarse durante la regeneración periódica y rutinaria de accesiones en colecciones de germoplasma.

Palabras clave: Marcadores moleculares, Blup, cultivo *in vitro*, fenotipificación digital.

Received: 10/14/2020

Accepted: 10/29/2020

General Editor: Elsa Camadro

DOI: 10.35407/bag.2021.32.02.03

ISSN online version: 1852-6322

Available online at
www.sag.org.ar/jbag

INTRODUCCIÓN

La arveja (*Pisum sativum* L.) es una leguminosa autógama de estación fría y anual que se origina en áreas del Medio Oriente, el este del Cáucaso, Irán y Afganistán, y el oeste de la cuenca mediterránea (Smýkal *et al.*, 2011). Su genoma está organizado en siete pares de cromosomas ($2n=2x=14$) y el tamaño del genoma haploide se estima en 4,45 Gb (Smýkal *et al.*, 2012). Fueron y son hasta el día de hoy una fuente importante de alimento para animales y humanos. La especie es rica en proteínas, almidón de digestión lenta, azúcares solubles, fibra, minerales y vitaminas (Dahl *et al.*, 2012).

Teniendo en cuenta que el aumento de la población mundial requerirá una mayor producción de cultivos es necesario entonces, incrementar la tasa actual de aumento de los rendimientos para satisfacer esta demanda (Tester y Langridge, 2010). Para ello pueden recurrirse a diferentes estrategias.

Utilización de marcadores moleculares

En este contexto, el desarrollo de mapas de ligamiento se constituye en una herramienta útil para maximizar la probabilidad de éxito, ya que son herramientas poderosas para la investigación genética y el mejoramiento, y son el primer paso en: a) el análisis de rasgos cualitativos y cuantitativos; b) la introgresión de genes deseables y loci de rasgos cuantitativos (QTL); y c) clonación posicional o basada en mapas de genes responsables de rasgos económicamente importantes (Semagn *et al.*, 2006). Diferentes tipos de marcadores se han utilizado para desarrollar mapas de ligamiento de densidad moderada en arveja. Loridon *et al.* (2005), Sun *et al.* (2014) y Yang *et al.* (2015) utilizaron SSR (Simple Sequence Repeats); Deulvot *et al.* (2010) utilizaron SNP (Single Nucleotide Polymorphisms); Mishra *et al.* (2009) emplearon ISSR (Inter Simple Sequence Repeats) y Barilli *et al.* (2010) construyeron sus mapas usando STS (Sequence Tagged Sites). Nosotros propusimos el uso de Sequence Related Amplified Polymorphism (SRAP) (Li y Quiros, 2001) para generar una serie de marcadores distribuidos en todos los cromosomas de arveja. Desde su desarrollo, estos marcadores se han empleado en una amplia gama de especies para la estimación de la diversidad genética (Bermejo *et al.*, 2014; Zheng *et al.*, 2017; Kumar y Agrawal, 2017), en la construcción de mapas (Martin *et al.*, 2013; Padmakar *et al.*, 2015) y en análisis QTL (Liu *et al.*, 2016; Martin *et al.*, 2016).

Para su desarrollo se generó una población de mapeo F_2 derivada de un cruzamiento inicial entre dos cultivares DDR11 (The Indian Council of Agriculture Research) y Zav25 (material local derivado de nuestro programa) que son contrastantes para la mayoría de las características relacionadas con el rendimiento, como el número de vainas y semillas por parcela. Se evaluaron

un total de 25 combinaciones de cebadores SRAP en plantas F_2 y en ambas líneas parentales, generando 208 bandas/marcadores polimórficos. Este primer mapa de ligamiento (Guindón *et al.*, 2016) constó de 112 marcadores genéticos distribuidos en 7 grupos de ligamiento (LG), que cubren un total de 528,8 cM. La longitud de los LG varió de 47,6 a 144,3 cM (media 75,54 cM), con 9 a 34 marcadores.

Posteriormente y en un trabajo en conjunto con el Dr. Thomas Warkentin del Crop Development Centre, Department of Plant Sciences, de la Universidad de Saskatchewan, (Canadá), se profundizó en el desarrollo de un mapa de ligamiento genético usando SRAP, SSR y SNP para identificar QTL que controlan los caracteres relacionados con el rendimiento. Una población F_2 y sus familias $F_{2:3}$ derivadas de un cruce inicial entre cvs. Explorer (desarrollada por Svalof Weibull en Suecia), variedad a semi-áfila, con color verde de cotiledón y vainas y granos de tamaño intermedio y DDR14 (desarrollada por Indian Council of Agriculture Research), foliosa, con cotiledón color amarillo, vainas y granos de gran tamaño, fueron evaluadas con SRAP, SSR y técnicas GBS, que demostraron ser eficientes, generando un conjunto de 872 marcadores polimórficos para mapeo de ligamiento. El mapa resultante constó de 128 genes marcadores distribuidos en 9 grupos de ligamiento (LG) (Figura 1 a y b), que cubrieron 655,5 cM. La longitud de los LG osciló entre 49,1 y 114,8 cM, con 8 a 26 marcadores. La detección de QTL fue realizado utilizando el método mapeo de intervalo compuesto (CIM). Se detectaron un total de 45 QTL a través del generaciones y ambientes evaluados. Todos ellos fueron QTL importantes que explicaron más del 10% de la variación fenotípica (Guindón *et al.*, 2019b).

Estos estudios nos permiten aplicar estos conocimientos en el programa de mejora asistida por marcadores moleculares.

Selección eficiente de progenitores a hibridar: Uso de BLUP

Diferentes criterios han sido empleados para la selección de variedades a hibridar para generar una población F_2 susceptible de ser seleccionada. Un primer criterio está basado en la explotación de la heterosis para diferentes caracteres agronómicos luego de la hibridación ya que existe una correlación positiva entre heterosis y alta frecuencia de líneas recombinantes transgresivas (Rieseberg *et al.*, 1999; Espósito *et al.*, 2014; Joshi *et al.*, 2015; Guindón *et al.*, 2018). Un segundo criterio consiste en la selección de variedades basado en sus valores fenotípicos, pero no es el más adecuado al estar estos valores fenotípicos influenciados por el efecto de las desviaciones ambientales. Un tercer criterio está basado en la utilización de valores genotípicos.

Lorenzana y Bernardo (2009) evaluaron la precisión de diferentes métodos para la predicción de valores

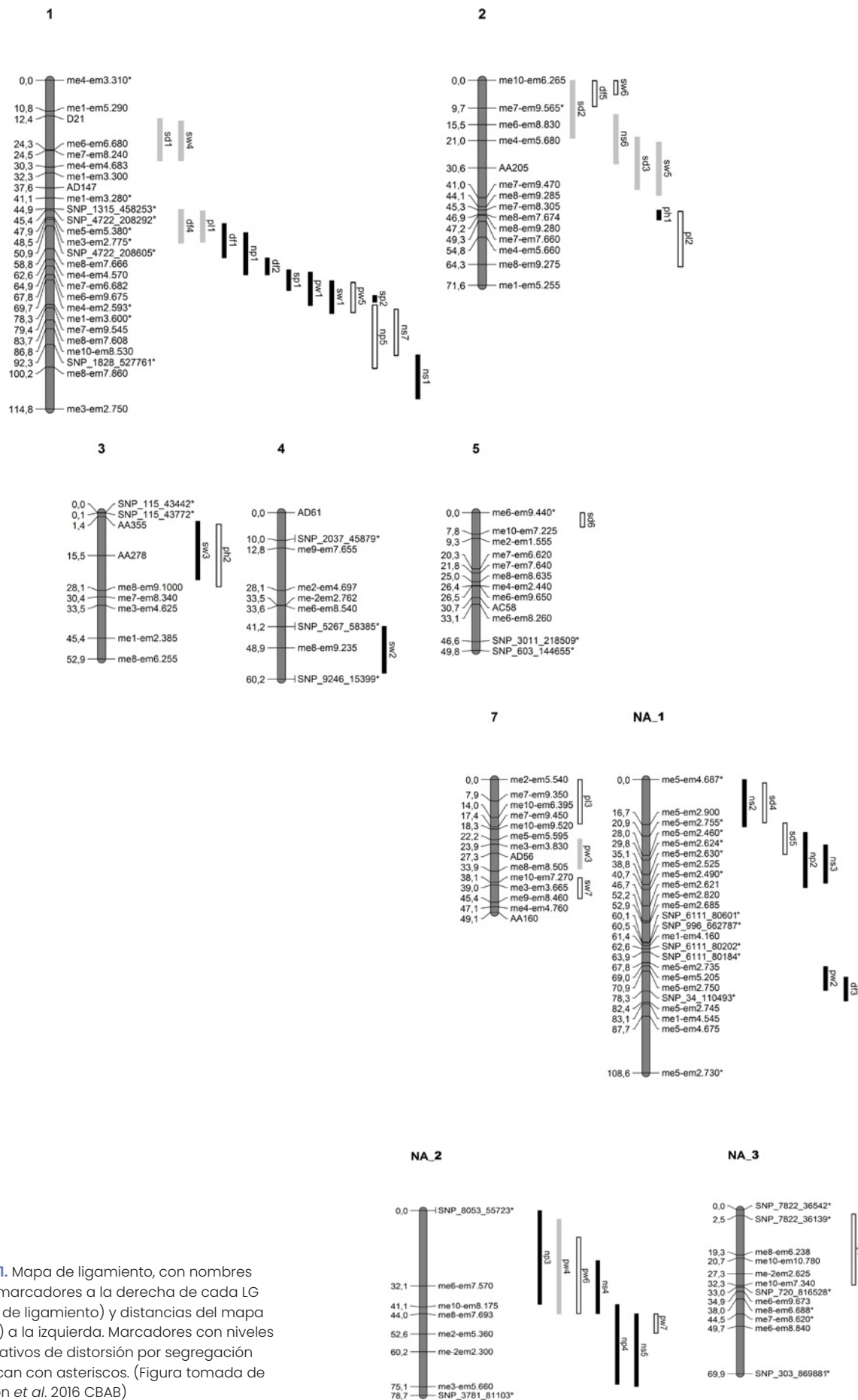


Figura 1. Mapa de ligamiento, con nombres de los marcadores a la derecha de cada LG (grupo de ligamiento) y distancias del mapa (en cM) a la izquierda. Marcadores con niveles significativos de distorsión por segregación se indican con asteriscos. (Figura tomada de Guindón *et al.* 2016 CBAB)

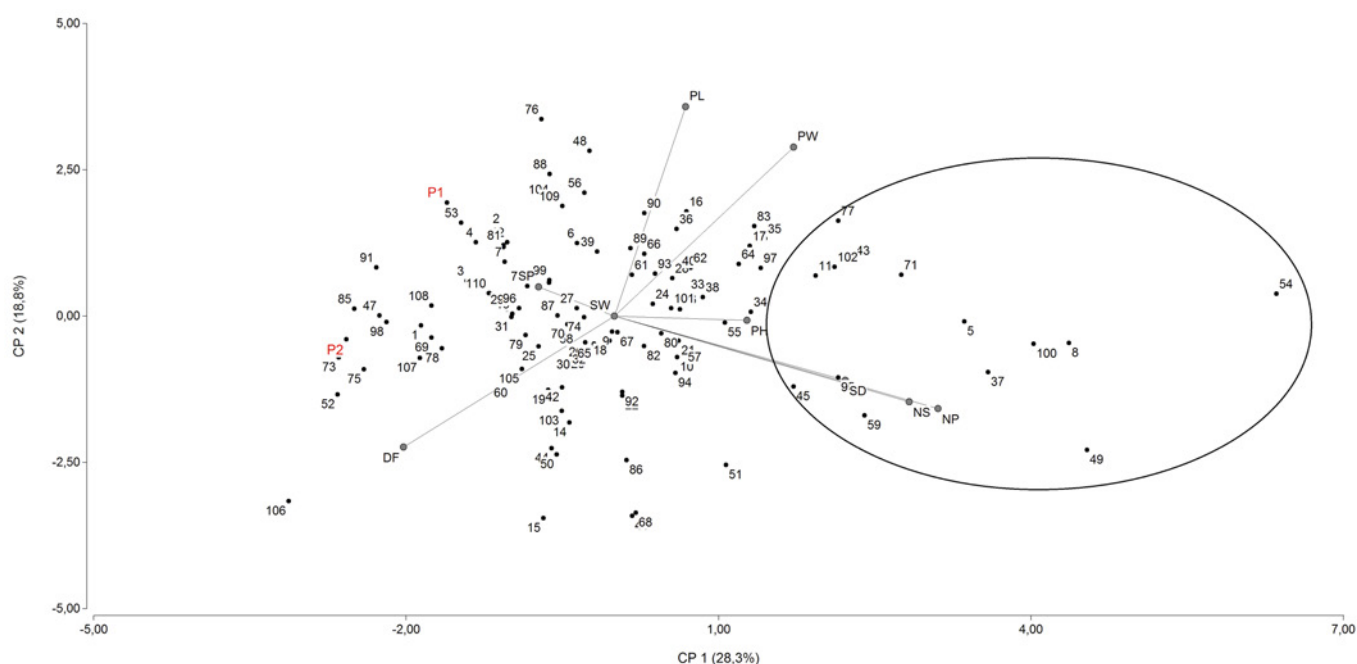


Figura 1. Relaciones entre las 110 familias F_3 derivadas de Explorer (P2) y DDR14 (P1) en base al análisis de componentes principales. Las familias dentro del círculo son transgresivas para número de semillas y vainas. La posición de los padres es indicada en rojo.

genotípicos y concluyeron que el enfoque BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) es el mejor método para predecir los valores genotípicos en poblaciones biparentales ya que se corrigen mejor las variaciones extrañas, se pueden analizar datos desbalanceados y se puede incorporar la información del pedigrí (Piepho *et al.*, 2008).

Guindón *et al.* (2018) aplicaron BLUP para la predicción de valores genotípicos utilizando datos morfológicos de diferentes años correspondientes a las variedades progenitoras, la generación F_1 y las poblaciones F_3 ya que la población F_2 al no poderse replicar fue imposible establecer el modelo lineal para la obtención de los valores BLUP. Este análisis permitió la corrección por efectos ambientales. Estas estimaciones se utilizaron para el análisis genético de diferentes caracteres. Se observó heterosis para número de vainas (27,1%) y número de semillas (23,3%), caracteres que tienen un efecto directo sobre el rendimiento.

Un análisis de componentes principales (PCA) se realizó utilizando datos de BLUP para obtener una representación gráfica de la estructura de relaciones de las 110 familias F_3 (Figura 2). Se calcularon las distancias de Manhattan y la matriz de distancias se sometió a un análisis de agrupamiento utilizando el promedio ponderado.

Mediante el uso de BLUP y de un análisis de componente principales, fue posible elegir familias con buen desempeño lo que muestra la importancia de estas metodologías para los programas de mejora de arveja.

Uso del cultivo *in vitro*

En los programas de mejoramiento se requiere una gran cantidad de individuos F_2 para realizar el proceso de selección correctamente, pero a menudo hay pocas plantas disponibles ya que ciertos cruzamientos producen pocas semillas F_1 , probablemente debido a diferencias en la estructura de la flor que dificultan la castración manual. Para obtener más semillas F_2 , es necesario entonces proceder a incrementar artificialmente el número de plantas F_1 .

Se han reportado estudios de regeneración *in vitro* en arveja, utilizando diferentes explantos, como nudos cotiledonales (Rajput y Singh, 2010), cotiledones (Pniewsky *et al.*, 2003), folíolos inmaduros (Fujioka *et al.*, 2000), embriones cigóticos (Sánchez y Mosquera, 2006) y semillas maduras (Zhihui *et al.*, 2009). Espósito *et al.* (2012) desarrollaron un protocolo rápido, eficiente y reproducible para la regeneración de brotes *in vitro* y el enraizamiento de dichos vástagos para la obtención de múltiples genotipos F_1 usando semillas maduras (Figura 3).

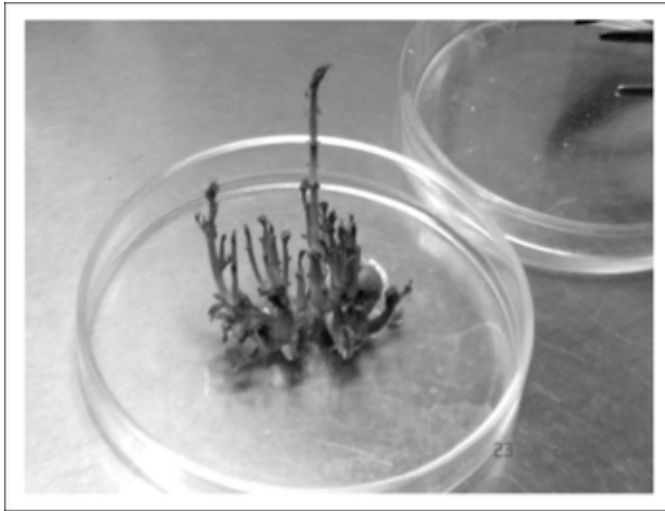


Figura 3. Múltiples vástagos desarrollados de la semilla original.

Las plántulas regeneradas se trasplantaron al suelo en macetas, encontrándose que el 60% de los vástagos regenerados enraizaron en un período de seis semanas. Generalmente, las tasas de mortalidad se debieron a tallos y raíces débiles que no pudieron adquirir los nutrientes del suelo cuando son transferidas del medio agarizado. Las plántulas que desarrollaron normalmente se trasplantaron a macetas y en invernadero cultivándose hasta la madurez.

Este procedimiento se puede utilizar en programas de mejoramiento lo que permitirá trabajar con más plantas siempre que los cruces tengan poca producción de semillas.

Uso de fenotipificación digital

La fenotipificación de plantas vincula la genómica con la ecofisiología y la agronomía. Por lo general, se realiza mediante tecnología no destructiva, automatizada y basada en imágenes, y genera información para la eficiente caracterización digital y que se puede realizar durante la regeneración periódica y rutinaria de accesiones en colecciones de germoplasma. Gatti *et al.* (2017) estudiaron 92 accesiones del género *Pisum* de diferentes especies y subespecies durante dos ciclos de cultivo midiendo caracteres asociados al tamaño y color de semillas y vainas utilizando imágenes digitales. Estas características obtenidas por fenotipificación digital, demostraron ser marcadores adecuados para la evaluación de la diversidad genética y útiles en el análisis evolutivo, permitiendo la discriminación de las principales especies silvestres y cultivadas del género *Pisum*. También se la ha utilizado para fenotipificar varios parámetros del estado fitosanitario, como contenido de clorofila (Dutta Gupta *et al.*, 2013), contenido de nitrógeno (Vollmann *et al.*, 2011) y estado

de la enfermedad (Porob *et al.*, 2017).

Durante el almacenamiento de la arveja pueden ocurrir pérdidas significativas en el color, debido a la pérdida de clorofila o al blanqueado de las semillas y este deterioro influye en la comercialización y en la decisión de compra por parte de los consumidores. La magnitud de esta pérdida de color puede ser estudiada a partir de la técnica de envejecimiento acelerado, que implica someter a las semillas a condiciones severas de temperatura y humedad relativa y usar el fenotipificación digital es para medir dicho deterioro. Guindón *et al.* (2019 a), demostraron la existencia de un comportamiento diferencial de las variedades en el mantenimiento del color verde de las semillas mediante esta metodología, pudiendo así también ser aplicada en procesos de selección durante la obtención de nuevas variedades.

BIBLIOGRAFÍA

- Barilli E., Satovic Z., Rubiales D., Torres A.M. (2010) Mapping of quantitative trait loci controlling partial resistance against rust incited by *Uromyces pisi* (Pers.) Wint. in a *Pisum fulvum* L. intraspecific cross. *Euphytica* 175: 151-159.
- Bermejo C., Gatti I., Caballero N., Cravero V., Martin E., Cointy E. (2014) Study of diversity in a set of lentil RILs using morphological and molecular markers. *Aust. J. Crop Sci.* 8: 689.
- Dahl W., Foster L., Tyler R. (2012) Review of the health benefits of peas (*Pisum sativum* L.). *British J. Nutrition* 108: 3-10.
- Deulvot C., Charrel H., Marty A., Jacquin F., Donnadieu C., Lejeune Hénaut I., Burstin J., Aubert G. (2010) Highly-multiplexed SNP genotyping for genetic mapping and germplasm diversity studies in pea. *BMC Genomics* 11: 468-478.
- Dutta Gupta S., Ibaraki Y., Pattanayak A.K. (2013) Development of a digital image analysis method for real-time estimation of chlorophyll content in micropropagated potato plants. *Plant Biotechnol. Rep.* 7: 91-97.
- Espósito M.A., Almirón P., Gatti I., Cravero V., López Anido F., Cointy E.L. (2012) A rapid method to increase F_1 plants number in breeding pea programs (*Pisum sativum* L.). *Genet. Mol. Res.* 1: 2729-2732.
- Espósito M.A., Bermejo C., Gatti I., Guindón M.F., Cravero V., Cointy E.L. (2014) Prediction of heterotic crosses for yield in *Pisum sativum* L. *Sci. Hortic.* 177: 53-62.
- Fujioka T., Fujita M., Iwamoto K. (2000) Plant regeneration of Japanese pea cultivars by *in vitro* culture of immature leaflets. *J. Jpn. Soc. Hortic. Sci.* 69: 656-658.
- Gatti I., Guindón F., Bermejo C., Cointy E.L. (2017) Analysis of variability and phylogeny in *Pisum* (*Pisum* spp.) using digital

- phenotyping and morphological traits. *AJCS* 11 (12): 1599-1605.
- Guindón M.F., Agüero M.G., Cointry E. Evaluación del cambio de color en arveja (*Pisum sativum* L.) por efecto del envejecimiento acelerado. Comunicaciones Libres XXI Congreso y XXXIX Reunión Anual de la Sociedad de Biología de Rosario, 26- 27 noviembre 2019 (a), Rosario, Santa Fe, p. 57.
- Guindón M.F., Martin E., Cravero V., Cointry E. (2018) Transgressive segregation, heterosis and heritability for yield related traits in a segregating population of *Pisum sativum* L. *Exp. Agric.* 55: 610-620.
- Guindón F., Martín E., Cravero V., Gali Krishna K., Warkentin T.D., Cointry, E.L. (2019b) Linkage map development by G BS, SSR and SRAP techniques and yield-related QTLs in pea. *Mol. Breed.* 39: 54-70.
- Guindón M.F., Martin E., Zayas A., Cointry E., Cravero V. (2016) Evaluation of SRAP markers for mapping of *Pisum sativum* L. *Crop Breed. Appl. Biotech.* 16: 182-188.
- Joshi D.J., Ravindrababu Y., Patel A.M., Chauhan S.S. (2015) Heterosis studies for grain yield and its contributing traits in field pea (*Pisum sativum* (L.) var. arvense). *Asian J. Bioscience* 10: 158-161.
- Kumar J., Agrawal V. (2017) Analysis of genetic diversity and population genetic structure in *Simarouba glauca* DC. (an important bio-energy crop) employing ISSR and SRAP markers. *Ind. Crop Prod.* 100: 98-207.
- Li G., Quiros C.F. (2001) Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in *Brassica*. *Theor. Appl. Genet.* 103: 455-461.
- Liu Z., Bao D., Liu D. (2016) Construction of a genetic linkage map and QTL analysis of fruit-related traits in an F₁ red fuji x hongrou apple hybrid. *Open Life Sci.* 11: 487-497.
- Lorenzana R.E., Bernardo R. (2009) Accuracy of genotypic value predictions for marker-based selection in biparental plant populations. *Theor. Appl. Genet.* 120: 151-161.
- Loridon K., McPhee K., Morin J., Dubreuil P., Pilet Nayel M.L., Aubert G., Rameau C., Baranger A., Coyne C., Lejeune Henaut I., Burstin J. (2005) Microsatellite marker polymorphism and mapping in pea (*Pisum sativum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 111: 1022-1031.
- Martin E.A., Cravero V.P., Lopez Anido F., Cointry E.L. (2016) QTLs detection and mapping for yield-related traits in globe artichoke. *Sci. Hortic.* 202: 156-164.
- Martin E., Cravero V., Portis E., Scaglione D., Acquaviva E., Cointry E. (2013) New genetic maps for globe artichoke and wild cardoon and their alignment with an SSR-based consensus map. *Mol. Breed.* 32: 177-187.
- Mishra R.K., Kumar A., Chaudhary S., Kumar S. (2009) Mapping of the *multifoliolate pinna (mfp)* leaf-blade morphology mutation in grain pea *Pisum sativum*. *J. Genet.* 88: 227-232.
- Padmakar B., Kanupriya C., Latha P.M., Prashant K.S., Dinesh M.R., Sailaja D., Aswath C. (2015) Development of SRAP and SSR marker-based genetic linkage maps of guava (*Psidium guajava* L.). *Sci. Hortic.* 192: 158-165.
- Piepho H.P., Möhring J., Melchinger A.E., Büchse A. (2008) BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica* 161: 209-228.
- Pniewsky T., Wachowiak J., Kapusta J. Legocki A. (2003) Organogenesis and long-term micropropagations polish pea cultivars. *Acta Soc. Bot. Pol.* 72: 295-302.
- Porob S., Naik G., Velingkar H., Amonkar D., Patil R., Bhat P. (2017) Plant Health Monitoring using Digital Image Processing. *IJETED* 7 (3): 147-151.
- Rajput V., Singh N.P. (2010) Studies on *in vitro* regeneration and direct organogenesis in pea (*Pisum sativum* L.). *Indian J Plant Physiol.* 15: 246-249.
- Rieseberg L., Archer M., Wayne R. (1999) Transgressive segregation, adaptation and speciation. *Heredity* 83: 363-372.
- Sanchez E.A., Mosquera T. (2006) Establishing a methodology for inducing the regeneration of pea (*Pisum sativum* L.) explants, 'Santa Isabel' variety. *Agron. Colomb.* 24: 17-27.
- Semagn K., Bjørnstad A., Ndjiondjop M. (2006) An overview of molecular marker methods for plants. *Afr. J. Biotech.* 5 (25):2540-2568.
- Smýkal P., Kenicer G., Flavell A.J., Corander J., Kosterin O., Redden R.J., Ford R., Coyne C.J., Maxted N., Ambrose M.J., Ellis N.T.H. (2011) Phylogeny, phylogeography and genetic diversity of the *Pisum* genus. *Plant Genet. Res.: Characterization and Utilization* 9: 4-18.
- Smýkal P., Aubert G., Burstin J., Coyne C., Ellis N., Flavell A., Ford R., Hýbl M., Macas J., Neumann P., McPhee K., Redden R., Rubiales D., Weller J., Warkentin T. (2012) Pea (*Pisum sativum* L.) in the Genomic Era. *Agronomy* 2: 74-115.
- Sun X., Yang T., Hao J., Zhang X., Ford R., Jiang J., Wang F., Guan J., Zong X. (2014) SSR genetic linkage map construction of pea (*Pisum sativum* L.) based on Chinese native varieties. *Crop J.* 2: 170-174.
- Tester M., Langridge P. (2010) Breeding technologies to increase crop production in a changing world. *Science* 327: 818-822.
- Vollmann J., Walter H., Sato T., Schweiger P. (2011) Digital image analysis and chlorophyll metering for phenotyping the effects of nodulation in soybean. *Comput. Electron Agric.* 75: 190-195.
- Yang T., Fang L., Zhang X., Hu J., Bao S., Hao J., Li L., He Y., Jiang J., Wang F., Tian S. (2015) High-throughput development of SSR markers from pea (*Pisum sativum* L.) based on next generation sequencing of a purified Chinese commercial variety. *PLoS One* 10: 1-14.

Zheng Y., Xu S., Liu J., Zhao Y., Liu J. (2017) Genetic diversity and population structure of Chinese natural bermudagrass (*Cynodon dactylon* L. Pers.) germplasm based on SRAP markers. PLoS One 12: e0177508. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0177508>.

Zhihui S., Tzitzikas M., Raemakers K., Zhengqiang M. (2009) Effect of TDZ on plant regeneration from mature seeds in pea (*Pisum sativum*). In Vitro Cell Dev. Biol. 45: 776-782.

—

APPLICATION OF DIFFERENT METHODOLOGIES IN LENTIL (*Lens culinaris* MEDIK) BREEDING



APLICACIÓN DE DIFERENTES METODOLOGÍAS EN EL MEJORAMIENTO DE LENTEJA (*Lens culinaris* MEDIK)

Bermejo C.J.¹, Maglia F.¹, Palacios T.¹, Espósito M.A.^{1,2}, Cazzola F.¹, Guindón M.F.¹, Gatti I.³, Cointry E.L.¹

ABSTRACT

Lentil (*Lens culinaris* Medik.) is a self-pollinating diploid ($2n=2x=14$) species belonging to the Fabaceae family. It is one of the oldest crops known, with 8,000 to 9,000 years of history and it is among the earliest domesticates from the Near East Fertile Crescent. The seeds have high nutritional value. This crop is an interesting substitute to wheat in cereal rotations but its importance is low due to a lack of suitable varieties with local adaptation. Some of the major problems that Argentinian lentil breeders face are the narrow genetic base of the current cultivated germplasm and its low yield potential. A lentil breeding program was initiated in 2004 to develop new varieties with adaptation to prevalent conditions in growing areas of Argentina. Germplasm was obtained from ICARDA (International Center for Agricultural Research in the Dry Areas) and local producers. Conventional breeding methods using hybridization and selection are being carried out to develop improved varieties, broaden the genetic base, and isolate superior recombinant inbred lines. Two new varieties have been obtained, one of the macrosperm type (Boyerito FCA) and the other of the microsperm type (Tacuarita FCA) through the application of mass selection in F_2 populations from the cross of selected materials. This program complements traditional breeding methods with biotechnological techniques such as transgenesis, use of molecular markers, *in vitro* embryo culture combined with the SSD method to shorten the breeding time, and digital phenotyping.

Key words: Lentil, conventional methodologies, *in vitro* embryo culture, biotechnology techniques, digital phenotyping.

RESUMEN

La lenteja (*Lens culinaris* Medik.) es una especie diploide autógena ($2n=2x=14$) perteneciente a la familia Fabaceae. Es uno de los cultivos más antiguos que se conocen, con 8.000 a 9.000 años de historia, y se encuentra entre los primeros domesticados en Medio Oriente. Las semillas tienen un alto valor nutricional. Este cultivo es un interesante sustituto del trigo en las rotaciones de cereales, pero su importancia es baja debido a la falta de buenas variedades con adaptación local. Uno de los principales problemas que enfrentan los mejoradores en nuestro país es la estrecha base genética del germoplasma cultivado y su bajo potencial de rendimiento. En 2004 se inició un programa de mejoramiento de lentejas para desarrollar nuevas variedades con adaptación a las condiciones predominantes en las áreas de cultivo de Argentina. El germoplasma se obtuvo del ICARDA (Centro Internacional de Investigación Agrícola en las Zonas Áridas) y de productores locales. Se utilizan métodos convencionales de mejoramiento basados en la hibridación y selección. Se han obtenido dos nuevas variedades, una del tipo macrosperma (Boyerito FCA) y la otra del tipo microsperma (Tacuarita FCA) mediante la aplicación de selección masal en poblaciones F_2 provenientes de la hibridación de materiales seleccionados. Este programa complementa los métodos de mejora tradicional con técnicas biotecnológicas como la transgénesis, el uso de marcadores moleculares, el cultivo de embriones *in vitro* combinado con el método SSD para acortar el ciclo generacional, y el fenotipado digital.

Palabras clave: Lenteja, metodologías convencionales, cultivo de embriones *in vitro*, técnicas biotecnológicas, fenotipado digital.

¹ Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IICAR-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Zavalla, Argentina;

² Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA INTA Oliveros, Ruta Nacional 11 km 353, Oliveros, Santa Fe.

³ CIUNR, Consejo de Investigadores de la Universidad Nacional de Rosario, Rosario, Argentina;

Corresponding author:
Cointry, E. L.
ecointry@unr.edu.ar

 ORCID 0000-0001-5906-7291

Cite this article as:

Bermejo C.J., Maglia F., Palacios T., Espósito M.A., Cazzola F., Guindón M.F., Gatti I., Cointry E.L. 2021. APLICACIÓN DE DIFERENTES METODOLOGÍAS EN EL MEJORAMIENTO DE LENTEJA (*Lens culinaris* Medik). BAG. Journal of Basic and Applied Genetics Vol XXXII Issue 2: 33–40.

Received: 10/21/2020

Accepted: 11/04/2020

General Editor: Elsa Camadro

DOI: 10.35407/bag.2021.32.02.04

ISSN online version: 1852-6322

Available online at
www.sag.org.ar/jbag

ORIGEN Y CLASIFICACIÓN

La lenteja es un cultivo muy importante desde el comienzo de la revolución de la agricultura en el Viejo Mundo y uno de los primeros en ser domesticados junto al trigo, la cebada, la arveja y el lino (Zohary, 1976). Se lo considera como uno de los cultivos más antiguos con unos 8000 a 9000 años de antigüedad (McVicar *et al.*, 2005). Los restos más antiguos se han encontrado en las cuevas de Franchthi, Grecia, datados en 11000 AC (Helbaek, 1963). En Tell Mureybit (Siria) fueron hallados restos de semilla pequeña (2-3mm), datados entre 8500-7500 AC (Van Zeist y Bottema, 1971; Zohary, 1972; Hansen y Renfrew, 1978) y en el norte de Israel se descubrió un gran almacenaje de lentejas, estableciéndose como fecha probable el 6800 AC.

El género *Lens* es un miembro de la tribu *Vicieae* la cual incluye, además de la lenteja, a la mayoría de las legumbres de la civilización Mediterránea tales como haba y arveja. El límite genético preciso entre *Lens* y los demás géneros incluidos en *Vicieae* (*Vicia*; *Lathyrus*; *Pisum* y *Vavilovia*) han sido muy debatidos, pero *Lens* se relaciona de manera más estrecha con el género *Vicia* (Kupicha, 1981). En base a caracteres morfológicos, incluyendo el polen y pistilo, caracteres bioquímicos y cruzamientos intra e interespecíficos, se determinó que el género *Lens* está constituido por siete taxones con seis especies (Ferguson *et al.*, 1998; Ferguson, 2000; Fratini *et al.*, 2011).

El taxón cultivado, *Lens culinaris* Medik. subsp. *culinaris* y la subespecie *orientalis* pertenecen al pool génico primario, mientras que *L. odemensis* y *L. tomentosus* fueron asignados al pool génico secundario, aunque, el éxito en los cruzamientos con la especie cultivada pueden requerir rescate de embriones. *L. lamottei*, *L. nigricans* y *L. ervoides* pertenecen al pool génico terciario, pero podrían formar parte del pool génico secundario mediante el rescate de embriones (Fratini *et al.*, 2011).

Lens culinaris subsp. *culinaris* es originaria del cercano oriente y centro de Asia. La domesticación probablemente comenzó con la selección de plantas de especies silvestres que retenían sus semillas en las vainas antes de cosecharlas y luego se continuó seleccionando para tamaño de semilla grande. La lenteja, al ser una especie autógama, podría haber ayudado mayormente a mantener identificadas las líneas en el proceso de domesticación (Sandhu y Singh, 2007).

Barulina (1930) agrupó a la lenteja cultivada en 2 subespecies en base a un conjunto de caracteres cualitativos y cuantitativos relacionados:

-subsp. *macroserma* (Baumg.) Barul., la cual se caracteriza por vainas grandes, generalmente planas, con semillas planas de gran tamaño (>4,5 mm de diámetro) (Fratini y Pérez de la Vega, 2011). Los cotiledones normalmente son de color amarillo y se presenta una escasa o ausencia de pigmentación en

flores o estructuras vegetativas (Muehlbauer *et al.*, 2002). Los sépalos son largos, los folíolos son grandes y ovales. La altura de planta oscila entre los 25 y 75 cm y son generalmente encontradas en la zona Mediterránea, África y Asia menor.



Figura 1. Lenteja tipo Macroserma.

-subsp. *microserma* (Baumg.) Barul. caracterizada por vainas pequeñas a mediana las cuales son convexas.



Figura 1. Lenteja tipo Microserma.

Las semillas son subglobosas pequeñas (<4,5 mm de diámetro) (Fratini y Pérez de la Vega, 2011). Las flores son pequeñas, de colores que pueden variar del blanco al violeta o azul con patrones diversos. Los cotiledones pueden ser naranjas, rojos o amarillos (Muehlbauer *et al.*, 2002). La altura de planta varía entre 15 a 35 cm y se caracterizan por ser más pigmentadas y con folíolos más pequeños. Son encontradas generalmente en el subcontinente Indio y en el Cercano oriente (Muehlbauer *et al.*, 2002). Además, se ha demostrado que estos dos grupos difieren en la pubescencia de hojas, tallos y vainas, en los días a floración y madurez (Sharma, 2011)

y en la resistencia a ciertos patógenos (Fratini y Pérez de la Vega, 2011).

CALIDAD DE SEMILLA

Desde el punto de vista nutricional posee un alto valor proteico (20-30%), alto contenido de carbohidratos (43-70%) y es una fuente rica en fibra dietética, antioxidantes, vitaminas y minerales esenciales en la dieta (Kumar *et al.*, 2018) aunque afectada su composición por factores genéticos y ambientales (Erskine y Sarker, 2004). Wang *et al.* (2008) mostraron variabilidad entre genotipos para el contenido de proteínas (24,3% a 30,2%), mientras que Palacios *et al.* (2020) mostraron valores fluctuantes entre 22 y 34,5%. Presentan un contenido de almidón variable de 35 a 63%, ceniza y fibra dietética soluble (Urbano *et al.*, 2007). Otro factor de la calidad del grano es la presencia de taninos que al oxidarse causa el oscurecimiento de la semilla (Matus *et al.*, 1993) y es un efecto comercial detrimental. Para el procesamiento de semilla (remojo, cocción y descascarado), Ninou *et al.* (2019), mostraron la presencia de variabilidad genética. La calidad de cocción, asociada con la facilidad, tiempo de cocción y costo de preparación de alimentos, es un determinante para el uso de la lenteja como alimento (Joshi *et al.*, 2017).

PRODUCCIÓN MUNDIAL Y NACIONAL

La producción mundial se ubicó en el 2017 en las 7.6 millones de toneladas, con 6.5 millones de hectáreas dedicadas al cultivo. El principal productor mundial es Canadá, seguido por India y en menor escala por EE.UU. y Turquía. En el mercado internacional se colocan anualmente 3 Mt, siendo el principal exportador Canadá seguido por los Estados Unidos y Australia. En la importación destacan India, con un cuarto de la demanda mundial, Turquía y Bangladesh (Ruralnet, 2020).

En Argentina, la principal región productora se ubica al sur de Santa Fe (Departamentos de Caseros, Constitución, Rosario y San Lorenzo) y al norte de Buenos Aires (Partidos de Pergamino, Rojas y Salto). Aquí el cultivo se hace en forma extensiva, de secano y durante el invierno, y luego de la cosecha, se realiza la siembra de soja de segunda. Una segunda zona de producción, aunque de menor envergadura, es la constituida por las provincias del noroeste, principalmente Jujuy y Salta. En estas provincias el cultivo se hace bajo riego y es de superior calidad, debido a una mayor sanidad. Según estimaciones de la Secretaría de Agroindustria, el consumo de lentejas explica el 50% del consumo de legumbres en nuestro país. Se estima que en la campaña 2018/19 se produjeron 18.000 toneladas. Entre los destinos principales de las exportaciones destacan España, Uruguay y Brasil, quienes representan tres

cuartas partes de las exportaciones del país (Ruralnet, 2020).

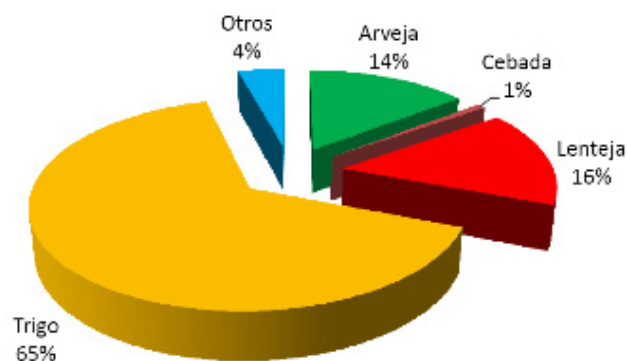


Figura 3. Porcentajes de área de los diferentes cultivos invernales en el sudeste de Santa Fe y nordeste de Buenos Aires, año 2017.

La lenteja presenta un panorama alentador en cuanto a su producción, debido principalmente a sus bajos costos de cultivo y la posibilidad de reemplazar al trigo en la rotación con soja, incorporando nitrógeno al suelo a través la fijación simbiótica y favoreciendo una agricultura más sustentable.

MEJORAMIENTO GENÉTICO

El principal problema para los productores es la falta de cultivares, ya que solo se utiliza una única variedad comercial denominada Silvina originada en la EEA INTA San Pedro. Para solucionar este inconveniente, un programa de mejoramiento se lleva a cabo en la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de Rosario, con el objetivo de obtener nuevos cultivares con mayor rendimiento e idoneidad para los diferentes mercados de exportación.

El primer paso de pre-breeding consistió en introducir desde el ICARDA (*International Center for Agricultural Research in the Dry Areas*) y desde el USDA (*United States Department of Agriculture*) una colección de *germoplasma*, evaluando la variabilidad disponible utilizando características de importancia agronómica. La caracterización se realizó mediante caracteres con alta heredabilidad y la evaluación por medio de caracteres de baja heredabilidad y así determinar la utilización de este *germoplasma*.

Bermejo *et al.* (2012 b) realizaron evaluaciones preliminares que demostraron la presencia de una elevada variabilidad fenotípica entre las variedades de lenteja para diferentes características de importancia agronómica, mostrando a la vez la presencia de materiales experimentales con un gran potencial para ser utilizados como nuevas variedades comerciales

o como progenitores en cruza para la generación de nueva variabilidad. Se comenzaron programas paralelos de mejora para la obtención de nuevas variedades tanto de tipo macrosperma como microsperma.

Para el tipo macrosperma, se efectuó la cruce entre materiales selectos (LC960090 X ILL8072), de la cual derivó una población F_2 que fue implantada en el año 2004. Esta población fue sometida a un proceso de selección masal durante seis ciclos. Posteriormente, al alcanzarse el nivel de homocigosis deseado se procedió a seleccionar plantas individuales en función de la fecha de floración y características del grano y porte de la planta para la multiplicación de semillas y su posterior evaluación en parcelas con repeticiones a campo por caracteres morfo-vegetativos y productivos por tres ciclos consecutivos. De esta última selección surgió la variedad Boyerito FCA que presenta un excelente rendimiento, ciclo precoz y buen tamaño de grano con cotiledones amarillos.



Figura 4. Semillas del cultivar Boyerito FCA. Cultivar de grano marrón claro, de tegumento liso, cotiledones amarillos, diámetro medio de semilla de 6,5 mm. Su ciclo es de 83 días a floración, con flor blanca y un buen potencial de rendimiento.

Para el tipo microsperma, se obtuvo una población F_2 proveniente de la cruce de las líneas experimentales ILL005 x ILL8008 que fue sometida al mismo proceso detallado con anterioridad para la variedad Boyerito FCA. La variedad Tacuarita FCA presenta un excelente rendimiento, ciclo precoz y es la primera en su tipo al poseer granos con cotiledones naranjas.

HERRAMIENTAS AUXILIARES DE LOS PLANES DE MEJORA

Uso de marcadores moleculares

La diferenciación entre líneas experimentales



Figura 5. Semillas del cultivar Tacuarita FCA. Cultivar de grano marrón oscuro, de tegumento moteado, cotiledones rojos. Diámetro promedio de semilla de 4,5 mm. 102 días a floración. Altura de planta de 25-30 cm. Flor blanca y excelente rendimiento, superior al tipo macrosperma.

seleccionadas generalmente se basa en rasgos morfológicos y/o productivos, pero estos rasgos pueden verse afectados por las condiciones ambientales en las que se cultiva (condiciones del suelo, deficiencia de nutrientes, estrés hídrico, temperatura extrema, infestación de plagas, operaciones de manipulación) (Tullu *et al.*, 2008; Roy *et al.*, 2013). Estos hechos hacen que los usos de caracteres ligados a la producción sean inadecuados para identificar diferentes genotipos.

Bermejo *et al.* (2014) evaluaron la variabilidad presente en un conjunto de líneas experimentales obtenidas por selección masal en nuestro programa de mejoramiento utilizando rasgos morfológicos y marcadores SRAP (Sequence Related Amplified Polymorphism) (Li y Quirós, 2001) y SSR (Simple Sequence Repeat) demostrando que el uso de marcadores moleculares en conjunto con rasgos productivos es una mejor manera de lograr una diferenciación completa entre líneas. Por otra parte, encontraron dos fragmentos exclusivos de SRAP en el grupo microsperma, lo que permite la selección temprana de este rasgo y todos los caracteres asociados con él.

Cultivo *in vitro*

Un enfoque alternativo para la mejora de este cultivo es la complementación de los métodos tradicionales de mejora con técnicas biotecnológicas. La transgénesis ha sido difícil y desafiante debido a su naturaleza recalcitrante a la regeneración *in vitro* (Gulati y Mc Hughen, 2003) por lo cual el establecimiento de un sistema de multiplicación *in vitro* eficiente y repetible es uno de los requisitos previos básicos para la transformación (Omran *et al.*, 2008).

Bermejo *et al.* (2012a) desarrollaron un eficiente

protocolo de regeneración *in vitro* de bajo costo, basado en explantes de nudos cotiledonales en posición invertida y sobre medio de cultivo con reguladores vegetales que puede ser utilizado para la transgénesis de esta especie.



Figura 6. Regeneración de plantas de lentejas a partir de nódulos cotiledonales cultivados en orientación invertida (extremo apical en el medio). A y B) Desarrollo del brote del nudo cotiledonal después de 8 días y 20 días de cultivo, respectivamente; C) Enraizamiento *in vitro* de explantes de nudos cotiledonales después de dos meses de cultivo, (D) Enraizamiento *in vitro*-*in vivo* de los brotes cortados, con raíces (r) que sobresalen después de seis días de cultivo en medio IVS. (E) Aclimatación de plantas enraizadas que muestran fenotipo normal con vainas normales (p) después de dos meses en medio IVS.

Transgénesis

Un enfoque alternativo para la mejora de este cultivo es complementar los métodos tradicionales de mejora con técnicas biotecnológicas como la transgénesis.

Bermejo *et al.* (2019) establecieron un protocolo de transformación mediado por *Agrobacterium* sencillo, barato y con una frecuencia de transformación del 7% que es la más elevada obtenida hasta el momento. Este protocolo es compatible con un protocolo de regeneración *in vitro* optimizado a partir de nudos cotiledonales.

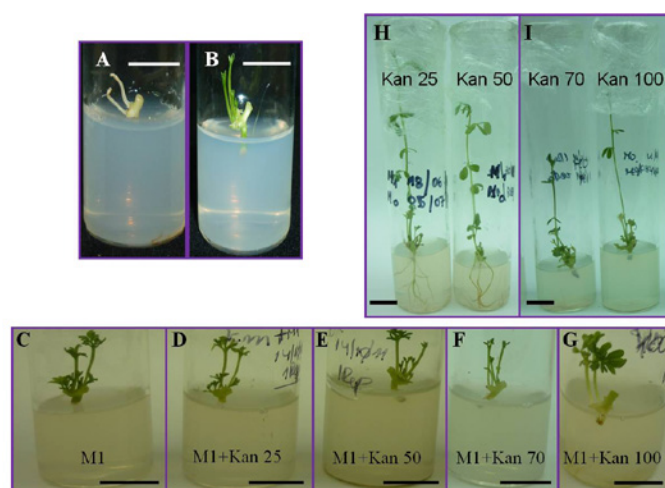


Figura 7. Efecto de la kanamicina (Kan) sobre la regeneración de tallos y raíces en los explantes de nudos cotiledonales. A) Tallos cloróticos regenerados a partir de explantes con 100 mg L⁻¹ de kanamicina a los 7 d de cultivo; B) Tallos verdes regenerados a partir de explantes cultivados en medio sin kanamicina a los 7 d de cultivo; C-G) Número de tallos regenerados por nudo cotiledonal después de 17 d de cultivo; H) Enraizamiento *in vitro* a partir de explantes cultivados en medio con 25 y 50 mg L⁻¹ de kanamicina y luego subcultivados en medio con 25 y 50 mg L⁻¹ de kanamicina respectivamente; I) Pérdida de la capacidad de enraizamiento *in vitro* de explantes cultivados en medio M1 con 70 y 100 mg L⁻¹ de kanamicina y luego subcultivados en medio sin kanamicina. (bar 1 cm).

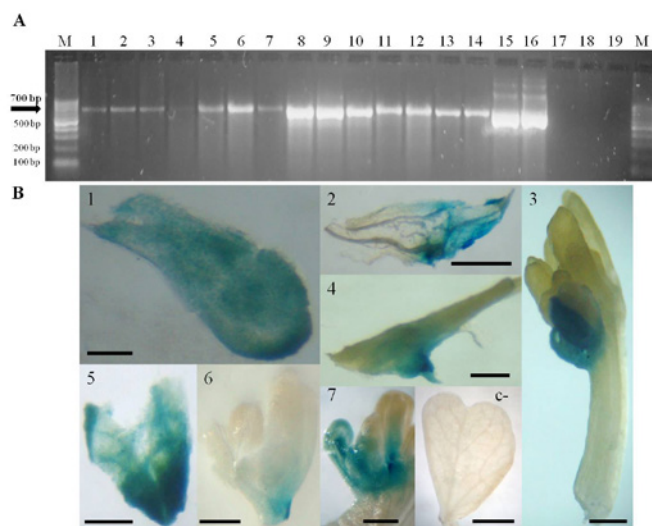


Figura 8. Análisis de plantas transgénicas putativas. A) Análisis por PCR para confirmar la presencia del gen npt-II en los tallos regenerados a partir de 14 explantes transformados a partir de nudos cotiledonales. El fragmento amplificado de 700 pb (marcado con una flecha) se detectó en los 14 transformantes (líneas 1-14). Líneas 15, 16, testigos positivos provenientes de 2 colonias distintas de la cepa GV2260 de *Agrobacterium tumefaciens* transformadas con el plásmido pBI121; líneas 17, 18, plantas no transformadas (testigos negativos); línea 19, testigo negativo de la PCR (agua); M, marcador de peso molecular 100-pb. B) Prueba histoquímica de GUS en lenteja. 1-7, Expresión de GUS en tejidos distintos de hojas de siete explantes de nudos cotiledonales potencialmente transformados demostrados por la aparición de color azul índigo. C) hoja de lenteja proveniente de una planta testigo no transformada.

Fenotipado digital

Al igual que en el cultivo de arveja el fenotipado digital demostró ser una herramienta poderosa para la caracterización de germoplasma junto con la evaluación de campo de rasgos agronómicos. Espósito *et al.* (2020) evaluaron la variabilidad genética de una colección activa mediante características agronómicas y características de semillas (tamaño y color) usando fenotipado digital, que es una metodología no destructiva, automatizada y basada en imágenes que ofrece una estimación de la morfología de la semilla y estima parámetros como color y tamaño para la selección de accesiones para uso comercial o como padres en el programa de mejora.

Aceleración de generaciones

La mejora en lentejas implica un proceso de hibridación seguido de diferentes métodos de selección, requiriéndose 10 años para obtener un nuevo cultivar ya que sólo es posible una generación de campo por año. Hace unos años, la duración del ciclo de generación se ha reducido utilizando una estrategia solo *in vitro* (Mobini *et al.*, 2014) y una estrategia solo *in vivo* (Croser *et al.*, 2014). Sin embargo, no había información para acelerar procesos de mejora en lentejas utilizando un método *in vitro* más *in vivo* combinado con un método SSD. Bermejo *et al.* (2016) desarrollaron un sistema eficiente *in vitro-in vivo* estableciendo el mejor momento para extraer embriones inmaduros y el mejor medio de cultivo para obtener un completo desarrollo de plantas tanto en lentejas de tipo macrosperma como microsperma. Todas las plantas obtenidas fueron morfológicamente normales y fértiles. Usando esta metodología se pueden obtener cuatro generaciones por año.

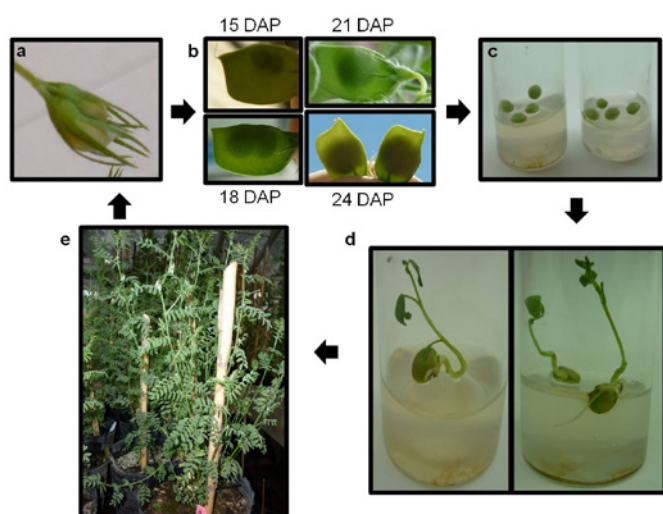


Figura 9. Sistema *in vitro-in vivo*. a) Momento de antesis y fertilización; b) Vainas cosechadas a los 15, 18, 21 y 24 días después polinización (DAP) que contiene semillas inmaduras; c) Cultivo *in vitro* de semillas inmaduras de 18 DAP (cuatro semillas inmaduras por tubo de vidrio); d) Germinación *in vitro* de semillas inmaduras produciendo brotes y raíces; e) Plantas cultivadas en invernadero hasta floración.

Speed Breeding para la multiplicación de colecciones activas en lenteja

Las semillas en las colecciones activas deben mantenerse en cantidad y calidad suficiente con el fin de estar disponibles cada vez que sean necesarias. La multiplicación en campo suele estar condicionada por las condiciones ambientales en cuanto al clima y a la presencia de plagas, por lo que es indispensable contar con un sistema de regeneración que no se vea afectado por condiciones impredecibles. Maglia *et al.* (2020) demostraron la utilidad de esta metodología de aceleración de generaciones para su implementación en los bancos de germoplasma ya que se logran 5-6 generaciones/año.



Figura 10. Plantas de lenteja en cámara de crecimiento y medio hidropónico.

ANÁLISIS QUÍMICOS PARA LA DETERMINACIÓN DE PROTEÍNAS DE SEMILLAS

Palacios *et al.* (2020) evaluaron la concentración y composición proteica de 7 genotipos (3 macro, 4 micro) élite del programa de mejora y su relación con el peso de semillas. Los análisis de correlación indicaron la ausencia de correlación entre contenido proteico y peso de semilla. Realizaron un SDS-PAGE cuyo patrón contuvo bandas correspondientes a vicilinas (53, 48, 43 kDa), convicilina (70 kDa), leguminas (23, 22, 20 kDa), lectina (32 kDa) y dos globulinas, ácida y básica (37 y 25 kDa, respectivamente). A partir de este estudio se identificaron líneas *microspermas* superiores en contenido proteico al testigo comercial Silvina pudiendo ser explotadas en la industria o en programas de mejora de calidad de lenteja.

BIBLIOGRAFÍA

- Barulina E. (1930) The lentils of the USSR and other countries. Bull. Appl. Bot. Plant Breed. 40: 1-319.
- Bermejo C., Espósito A., Cravero V., Cointy E.L. (2012 a) *In vitro* plant regeneration from cotyledonary nodes of recombinant inbred lines of lentil. Sci. Hortic. 134: 13-19.
- Bermejo C., López Anido F.S., Cointy E.L. (2012 b) Descripción de líneas recombinantes de lenteja (RIL) mediante caracteres morfológicos. Horticultura Argentina 31: 74.
- Bermejo C., Gatti I., Caballero N., Cravero V., Martin E., Cointy E. (2014) Study of diversity in a set of lentil RILs using morphological and molecular markers. Aust. J. Crop Sci. 8: 689-696.
- Bermejo C., Gatti I., Cointy E.L. (2016) *In vitro* embryo culture to shorten the breeding cycle in lentil (*Lens culinaris* Medik). Plant Cell Tiss. Organ Cult. 127: 585-590.
- Bermejo C., Rodríguez G., Gatti I., Cointy E.L. (2019) An efficient *Agrobacterium*-mediated genetic transformation system in lentil (*Lens culinaris* Medik). Agrociencia 53(5):741-755
- Croser J., Ribalta F., Navarro M.P., Munday C., Karen N., Edwards K., Castello M. (2014) Accelerated single seed descent (aSSD)—a novel breeding technique to speed attainment of homozygosity. In: ISAT 2015 2nd International Symposium on Agricultural Technology, Thailand, pp. 1-4.
- Erskine W., Sarker A. (2004) Lentil/Breeding. In: Wrigley C., Corke H., Walker C. (Eds.) Encyclopedia of Grain Science, Elsevier, pp. 142-150.
- Espósito M.A., Gatti I., Bermejo C.J., Cointy, E.L. (2020) Evaluation of a lentil collection (*Lens culinaris* Medik) using morphological traits and digital phenotyping. Rev. FCA UNCuyo 52(1):1-13.
- Ferguson M.E., Robertson L.D., Ford Lloyd B.V., Newbury H.J., Maxted N. (1998) Contrasting genetic variation amongst lentil landraces from different geographic origins. Euphytica 102: 265-273.
- Ferguson M. (2000) Lens spp: Conserved resources, priorities and future prospects. In: Knight R. (Ed.) Linking research and marketing opportunities for pulses in the 21st century. Kluwer Acad. Publ, The Netherlands, pp. 613-620.
- Fratini R., Ruiz M.L. (2011) Wide crossing in lentil through embryo rescue. Methods Mol. Biol. 710: 131-139.
- Fratini R., Pérez de la Vega M. (2011) Genetics of economic traits in lentil: seed traits and adaptation to climatic variations. Grain Legum. 57: 18-20.
- Gulati A., Mc Hughen A. (2003) *In vitro* regeneration and genetic transformation of lentil. In: Jaiwal P.K., Singh R.P. (Eds.) Applied Genetics of Leguminosae Biotechnology. Kluwer Academic Publishing, The Netherlands, pp. 133-147.
- Hansen J., Renfrew J.M. (1978) Paleolithic-Neolithic seed remains at Franchthi cave, Greece. Nature 71: 349-352.
- Helbeck H. (1963) Late Cypriot vegetable diet in Apliki. Act. nstit. Athen. Reg. Sueciae. Ser. 4: VIII: 171-186.
- Joshi M., Timilsena Y., Adhikari B. (2017) Global production, processing and utilization of lentil: A review. JIA 16(12):2898-2913.
- Kumar S., Choudhary A.K., Rana K.S., Sarker A., Singh M. (2018) Bio-fortification potential of global wild annual lentil core collection. PLoS ONE 13 (1): e0191122. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0191122>.
- Kupicha F.K. (1981) *Viciaeae*. In: Polhill R.M., Raven P.H. (Eds.) Advances in Legume Systematics, part 1, pp. 377-381. Royal Botanic Gardens, Kew.
- Li G., Quirós C. (2001) Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: Its application to mapping and gene tagging in Brassica. Theor. Appl. Genet. 103: 455-461.
- Maglia F., Bermejo C., Palacios T., Cointy E. (2020) Speed Breeding para la multiplicación de colecciones activas en lenteja (*Lens culinaris* Medik). BAG Vol XXXI Suppl. (1): 123-145.
- Matus A., Slinkard A.E., Vandenberg A. (1993) The potential of zero tannin lentil. p. 279-282. In: Janick J., Simon J.E. (Eds.) New crops. Wiley, New York.
- McVicar R., Pearse P., Brenzil C., Hartley S., Panchuk K., Mooleki P. (2005) Lentil in Saskatchewan. Saskatchewan Agriculture and Food. A. Vandenberg, S. Banniza, University of Saskatchewan, Saskatchewan.
- Mobini S.H., Lulsdorf M., Warkentin T.D., Vandenberg A. (2014) Plant growth regulators improve *in vitro* flowering and rapid generation advancement in lentil and faba bean. In Vitro Cell Dev Biol Plant 51 (1): 71-79. doi:10.1007/s11627-014-9647-8.
- Muehlbauer F.J., Summerfield R.J., Kaiser W.J., Clement S.L., Boerboom C.M., Welsh Maddux M.M., Short R.W. (2002) Principles and Practice of Lentil Production. USDA-Agricultural Research Service, Pullman, WA. <http://www.ars.usda.gov/is/np/lentils/lentils.htm> (Accessed 17 August 2015).
- Ninou E., Papathanasiou F., Vlachostergios D.N., Mylonas I., Kargiotidou A., Pankou C., Papadopoulos I., Sinapidou E., Tokatlidis I. (2019) Intense Breeding within Lentil Landraces for High-Yielding Pure Lines Sustained the Seed Quality Characteristics. Agriculture 9: 175-188.
- Omran V.G., Bagheri A., Moshtaghi N. (2008) Direct *in vitro* regeneration of lentil (*Lens culinaris* Medik.). Pak. J. Biol. Sci. 11 (18): 2237-2242.
- Palacios L.T., Guindón F., Maglia F., Cointy E.L., Bermejo C. (2020) Perfil proteico en diferentes genotipos *macrospermas* y *microspermas* de lenteja (*Lens culinaris* Medik). BAG Vol XXXI Suppl. (1): 123-145.
- Roy S., Islam M.A., Sarker A., Malek

M.A., Rafii M.Y., Ismail M.R. (2013) Determination of genetic diversity in lentil germplasm based on quantitative traits. Australian J. Crop Sci. 7 (1): 14-21.

Ruralnet (2020) <https://ruralnet.com.ar/panorama-del-mercado-nacional-e-internacional-de-legumbres/>.

Sandhu J.S., Singh S. (2007) History and origin. In: Yadav S.S., McNeil D., Stevenson P.C. (Eds.) Lentil: An Ancient Crop for Modern Times. Springer, Berlin.

Sharma B. (2011) Genes for traits of economic importance in lentil. Grain legumes 57: 15-17.

Tullu A., Tar'an B., Warkentin T., Vandenberg A. (2008) Construction of an intraspecific linkage map and QTL analysis for earliness and plant height in lentil. Crop science 48: 2254-2264.

Urbano G., Porres J.M., Frías J., Vidal Valverde C. (2007) Chapter 5 Nutritional value. In: Lentil: An Ancient Crop for Modern Times. Yadav S.S., McNeil D., Stevenson P.C. (Eds.) Springer, Berlin, pp. 47-93, Vol. 3.

Van Zeist W., Bottema S. (1971) Plant husbandry in early neolithic Nea Nikomedeia, Greece. *Acta Bot. Neerl.* 20: 521-538.

Wang N., Hatcher D.W., Gawalko E.J. (2008) Effect of variety and processing on nutrients and certain anti-nutrients in field peas (*Pisum sativum*) Food Chemistry 111 (1): 132-138.

Zohary D. (1972) The wild progenitor and place of origin of the cultivated lentil. *Econ. Bot.* 26: 326-332.

Zohary D. (1976) Lentil. In: Simmonds N.W. (Ed.) Evolution of crop Plants. Longman, London, UK, pp. 163-164.

—

FRUIT QUALITY IMPROVEMENT THROUGH THE INCORPORATION OF WILD SPECIES GENES IN THE TOMATO (*Solanum lycopersicum* L.)

MEJORAMIENTO DE LA CALIDAD DEL FRUTO POR LA INCORPORACIÓN DE GENES DE ESPECIES SILVESTRES EN EL TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.)

Pereira da Costa J.H.^{1,2}, Cambiaso V.¹, Picardi L.A.^{1,3}, Pratta G.R.^{1,2}, Rodríguez G.R.^{1,2}

¹ Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. Campo Experimental Villarino, (S2125ZAA) Zavalla, Santa Fe, Argentina.

² Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Campo Experimental Villarino, (S2125ZAA) Zavalla, Santa Fe, Argentina.

³ Consejo de Investigaciones de la Universidad Nacional de Rosario (CIUNR). Universidad Nacional de Rosario. Maipú 1065, (S2000CGK) Rosario, Santa Fe, Argentina.

Corresponding author:
Gustavo R. Rodríguez.
grodrig@unr.edu.ar

 ORCID 0000-0002-4171-4099

ABSTRACT

The genetic improvement of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) has achieved an increase for yield and other agronomic traits in a short period of time. As a consequence, genetic diversity has been notably reduced. Wild germplasm has been mostly used as a source of resistance genes for diseases and pests. Our group started in the 1990's a breeding program in tomato for improving fruit quality, with special emphasis on increasing fruit shelf life and broadening the genetic variability with the incorporation of wild genes. We have developed different populations from the interspecific cross between the Argentine cultivar Caimanta of *S. lycopersicum* and the accession LA0722 of *S. pimpinellifolium* L. Through crosses between these selected parents and the subsequent generational selection advance, we attempted to elucidate the genetic bases that underlie tomato fruit quality. To do that, we use state-of-the-art technology available in the field of genetics and breeding programs, including genomic, post-genomic and bioinformatic data. At the same time, we have developed four new cultivars with improved fruit quality traits compared to commercial hybrids. To conserve and study the tomato diversity, we have developed a germplasm collection that currently contains 162 tomato genotypes from different species and origins. In addition, we have started a direct transfer of our cultivars to urban and peri-urban community orchards to facilitate them the access to genotypes that were developed in Argentine public institutions.

Key words: *Solanum pimpinellifolium*, fruit shelf life, molecular markers, germplasm bank, agroecological orchards

RESUMEN

En el mejoramiento del tomate (*Solanum lycopersicum* L.) se ha logrado un incremento significativo para el rendimiento y otras características productivas en un período corto de tiempo. Como consecuencia se redujo notablemente la diversidad genética. Si bien el germoplasma silvestre se ha utilizado principalmente como fuente de genes de resistencia para enfermedades y plagas, nuestro grupo inició en la década de 1990, un programa de mejoramiento genético en tomate para mejorar la calidad del fruto con especial énfasis en incrementar la vida poscosecha y también ampliar la variabilidad genética con la incorporación de estos genes al gran cultivo. Hemos desarrollado diferentes poblaciones a partir del cruzamiento interespecífico entre el cultivar argentino Caimanta de *S. lycopersicum* y la accesión LA0722 de *S. pimpinellifolium* L. Mediante la generación de cruzamientos entre estos padres selectos y el posterior avance generacional de la selección se ha tratado de dilucidar las bases genéticas que definen la calidad del fruto. Para ello se integraron al programa de mejoramiento información obtenida de datos genómicos, posgenómicos y bioinformáticos. Al mismo tiempo hemos desarrollado cuatro nuevos cultivares con características de calidad de fruto superiores al ser comparados con híbridos comerciales. Para conservar y estudiar la diversidad del cultivo también estamos desarrollando una colección de germoplasma que en la actualidad cuenta con 162 genotipos de tomate de diferentes especies y orígenes. Además, se ha iniciado la transferencia directa de plantines a huertas urbanas y periurbanas para favorecer el acceso a semillas de estos cultivares desarrollados en instituciones públicas.

Palabras clave: *Solanum pimpinellifolium*, vida poscosecha de los frutos, marcadores moleculares, banco de germoplasma, huertas agroecológicas

Cite this article as:

Pereira da Costa J.H., Cambiaso V., Picardi L.A., Pratta G.R., Rodríguez G.R. 2021. FRUIT QUALITY IMPROVEMENT THROUGH THE INCORPORATION OF WILD SPECIES GENES IN THE TOMATO (*Solanum lycopersicum* L.). BAG. Journal of Basic and Applied Genetics Vol XXXII Issue 2: 41–50.

Received: 07/16/2021

Revised version received: 08/26/2021

Accepted: 09/01/2021

General Editor: Elsa Camadro

DOI: 10.35407/bag.2021.32.02.05

ISSN online version: 1852-6233

SOBRE EL CULTIVO DEL TOMATE

Origen y domesticación

El tomate cultivado (*Solanum lycopersicum* L.) pertenece a la familia de las solanáceas que incluye a más de 3.000 especies, muchas con importancia económica como la papa, berenjena, petunia, tabaco y pimiento, entre otras. Es originario de América y las 12 especies silvestres relacionadas se encuentran distribuidas desde el centro de Ecuador, pasando por Perú hasta el norte de Chile como así también en las Islas Galápagos (Spooner *et al.*, 2005). Estas especies crecen en una gran variedad de hábitats desde el nivel del mar a lo largo de la costa del Pacífico a más de 3.300 metros en los valles del lado occidental de los Andes, desde climas áridos a climas lluviosos. La gran diversidad encontrada en las especies silvestres se expresa tanto en características morfológicas, como fisiológicas y sexuales, y las convierte en recursos genéticos muy valiosos. La primera fase de domesticación habría ocurrido en manos de los primeros agricultores en Ecuador o el norte de Perú y luego selecciones adicionales habrían tenido lugar en México a partir de poblaciones pre-domesticadas y nuevamente en Sudamérica luego de una reintroducción (Razifard *et al.*, 2020; Blanca *et al.*, 2021). Desde Centroamérica, el tomate fue llevado a Europa por los españoles y luego se extendió por todo el mundo. Se considera que *S. pimpinellifolium* L. sería el antecesor silvestre más cercano del tomate cultivado y que *S. lycopersicum* var. *cerasiforme* es un intermediario evolutivo entre *S. pimpinellifolium* y el cultivado. Desde una perspectiva evolutiva, la domesticación y la selección artificial a manos del hombre indujo importantes cambios fisiológicos y redujo notablemente su diversidad genética. Las consecuencias más importantes de este proceso han sido la modificación del sistema reproductivo, el incremento del tamaño del fruto y la reducción de la base genética (Warnock, 1991).

Historia del mejoramiento del cultivo

Los primeros registros que describen los intentos de seleccionar los mejores tipos varietales fueron realizados en Europa en la segunda mitad del siglo XIX. Durante los primeros treinta años del siglo XX, se fundaron varias empresas de mejoramiento y producción de semillas de tomate que se establecieron por todo el mundo. El mejoramiento de las variedades adaptadas a la cosecha mecánica se inició en 1943, pero la liberación al mercado recién ocurrió en la década de 1960 (Rasmussen, 1968). Esta especialización del mercado ha llevado a la diferenciación de las variedades de tomate que hoy se producen (Sim *et al.*, 2009). En la década de 1940 se liberaron al mercado los cultivares híbridos de tomate que garantizaban uniformidad de plantas y frutos, resistencia y altos rendimientos. Estudios recientes

han demostrado la recuperación de la riqueza alélica a partir de la década de 1960 con la introgresión de genes para resistencia a enfermedades e insectos desde *S. peruvianum* L., *S. pennellii* Correll, *S. chilense* Dunal Reiche y *S. habrochaites* Knaap & Spooner. En la década de 1980 también se incorporaron genes alternativos para tamaño de fruto, color y sabor (Sim *et al.*, 2012; Schouten *et al.*, 2019).

En Argentina, recién en 1946 se comenzó un plan de mejora en tomate y según Gallardo (2012), es muy probable que las selecciones obtenidas de tomate platense (Cattáneo *et al.*, 2020) y las realizadas en la EEA Tucumán, hayan sido las primeras resultantes de la aplicación de un método científico. En la actualidad, el país posee un perfil netamente importador de semillas de tomate. En tomate se comercializan dos tipos de estructuras genéticas: híbridos F_1 o líneas puras o variedades. El desarrollo de nuevos genotipos ha quedado relegado a las universidades y las estructuras de I+D públicas, tal es así que de los 351 genotipos registrados en los últimos 10 años ante el Instituto Nacional de Semillas (INASE), sólo hubo 12 variedades desarrolladas en nuestro país. De estas, diez son variedades o cultivares mejorados cuyo objetivo de producción es la industria y la Institución que tiene los derechos de obtentor es el INTA y las dos restantes son cultivares mejorados para destinar la producción al consumo en fresco cuyo derecho de obtentor pertenece a la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de Rosario. Las semillas importadas satisfacen los requerimientos buscados por los productores locales pero, además del alto costo, son cultivares que fueron desarrollados para otros ambientes y condiciones de cultivo y, sobre todo, carecen de la calidad demandada por los consumidores.

Producción mundial y nacional de tomate

La producción mundial de tomates frescos ha sido liderada desde 1960 por China en Asia, por Italia y España en Europa y por los Estados Unidos, México y Brasil en el continente americano. La misma ha aumentado sostenidamente desde mediados de los años 1990 hasta superar en 2019 los 180 millones de toneladas a nivel mundial y los 6,5 millones de toneladas en Sudamérica. En nuestro país la producción se ha mantenido estable desde 1996 a la fecha en valores cercanos a 1,1 millones de toneladas anuales, cosechadas en unas 17 mil ha productivas (FAO STAT, 2021). Aproximadamente el 60-70% de la producción nacional se destina a consumo en fresco mientras que el 30-40% restante, a la elaboración de productos industrializados. Esta actividad está concentrada principalmente en la región de Cuyo y algunos años resulta deficitaria requiriendo generalmente de la importación de productos desde Chile e Italia. En cambio, el mercado interno nacional se mantiene provisto de tomates para consumo en fresco

durante todo el año a pesar de la estacionalidad del cultivo. Esto se logra gracias a la amplia distribución de las zonas productivas que van desde Salta y Jujuy, al Sur de la provincia de Buenos Aires y a las diferentes estrategias de manejo aplicadas (Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca, 2020).

El Cinturón Hortícola de Rosario (CHR) se destaca no sólo por su nivel de producción, sino también por la comercialización, ya que concentra y abastece a más de 2 millones de habitantes. Por convicción comunitaria o imposición legislativa, la zona productiva lindante o integrada a la ciudad de Rosario, así como también a otras ciudades del país en las que existen producciones hortícolas se han convertido recientemente a la agroecología. Este sistema de producción amerita la generación de nuevos conocimientos y desarrollos tecnológicos.

PROGRAMA DE MEJORAMIENTO PARA CALIDAD DE FRUTO EN LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO

Este programa se inició en la década de 1990 para mejorar la calidad del fruto en tomate, con especial énfasis en incrementar la vida poscosecha y ampliar la variabilidad genética con la incorporación de genes silvestres al gran cultivo. La vida poscosecha (Vp), definida como los días que transcurren desde la cosecha del fruto cuando se visualiza el cambio de color en superficie hasta que el mismo es comercialmente inaceptable por presentar síntomas de deterioro tales como arrugamiento o exceso de ablandamiento, es un carácter de fundamental importancia cuando el fruto de tomate se destina al consumo en fresco. Las estrategias de mejoramiento para extender este carácter se basan en la utilización de parentales que portan mutaciones que alteran la madurez. Mutantes tales como el *nor* (*non ripening*), *rin* (*ripening inhibitor*) y *cnr* (*colorless non-ripening*) exhiben efectos pleiotrópicos indeseables sobre el color, la textura y la jugosidad del fruto incluso en condición heterocigota (Vrebalov *et al.*, 2002; Manning *et al.*, 2006; Wang *et al.*, 2019). Otra estrategia que retrasa la maduración del fruto es el uso de la ingeniería genética que ha buscado modificar las proteínas de la pared celular (Brummell y Harpster, 2001; Meli *et al.*, 2010; Uluisik *et al.*, 2016; Yang *et al.*, 2017) o incluso editar genéticamente estos genes mutantes por la metodología CRISPR/Cas9 (Yu *et al.*, 2017). Aunque estas estrategias han tenido éxito científico, carecen de la aceptación del consumidor y no son aceptadas por leyes existentes en diferentes países (Ishii y Araki, 2016; Schmidt *et al.*, 2020).

Hemos demostrado que los frutos de las formas silvestres de *S. pimpinellifolium* y *S. lycopersicum* var. *cerasiforme* tienen mayor vida poscosecha que los

cultivares comerciales de tomate (aunque menor que los genotipos homocigotos para los mutantes de madurez del fruto tales como los ya mencionados *nor* y *rin*). Además, presentan para este carácter una acción génica de tipo aditivo lo que permite una respuesta a la selección (Zorzoli *et al.*, 1998; Pratta *et al.*, 2000; Rodríguez *et al.*, 2006a; Rodríguez *et al.*, 2010; Pereira da Costa *et al.*, 2013; Cambiaso *et al.*, 2019a). En este contexto se han desarrollado diferentes poblaciones a partir del cruzamiento interespecífico entre el cultivar argentino Caimanta de *S. lycopersicum* y la accesión LA0722 de *S. pimpinellifolium*: poblaciones F₂, líneas endocriadas recombinantes (RIL, *Recombinant Inbred Lines*), Híbridos de Segundo Ciclo (HSC) y líneas casi isogénicas (NIL, *Near Isogenic Lines*) (Rodríguez *et al.*, 2006b; Cabodevila *et al.*, 2017; Di Giacomo *et al.*, 2020).

Con la generación de cruzamientos entre estos padres y el avance de la selección generacional se han realizado distintas experiencias para dilucidar las bases genéticas involucradas en los caracteres que definen la calidad del fruto contando con la generación y utilización de datos genómicos, posgenómicos y bioinformáticos.

MÉTODOS DE MEJORAMIENTO UTILIZADOS

Obtención de Líneas Endocriadas Recombinantes (RIL) por el método genealógico.

La población base fue la F₂ del cruzamiento interespecífico entre el cultivar Caimanta de *S. lycopersicum* y la línea LA0722 de *S. pimpinellifolium*. El cultivar fue provisto por la Estación Experimental Agropecuaria de INTA Cerrillos, Salta, Argentina y la línea silvestre por el TGRC (*Tomato Genetic Resources Center, Department of Vegetable Crops, University of California, Davis, USA*). Para el proceso se utilizó el método genealógico (Hallauer, 1981). Al final de dicho proceso, se obtuvieron 18 líneas recombinantes (RIL) (autofecundadas F_{2:6}) generadas a través de los distintos ciclos por selección antagónica - divergente de la vida poscosecha (Vp) y el peso (P) de los frutos (Zorzoli *et al.*, 2000). El criterio de selección se basó en obtener genotipos con las combinaciones de ambos caracteres: 1) larga Vp y alto P, 2) corta Vp y bajo P, 3) larga Vp y bajo P, y 4) corta Vp y alto P. Así se obtuvieron estos 18 cultivares o RIL discrepantes para el peso, la vida poscosecha y otros atributos que hacen a la calidad de los frutos (Rodríguez *et al.*, 2006 a, b) (Figura 1). Estos cultivares fueron caracterizados por RMN-¹H demostrando que *S. pimpinellifolium* amplió la variabilidad para la composición química de los frutos y para algunos metabolitos relacionados con el sabor y componentes nutricionales (López *et al.*, 2015). Estas RIL son líneas homocigotas que tienen en su constitución

genética fragmentos recombinados al azar del genoma de ambos progenitores a lo largo de los 12 pares de cromosomas. Estos 18 nuevos cultivares presentan mejores características de calidad de fruto que el progenitor cultivado del cual derivan y su tamaño y peso se ajustan al de los llamados tomates tipo *cherry*.

Esta población de *RIL* junto a sus progenitores fueron caracterizados por marcadores de ADN tales como *AFLP* (*Amplified Fragment Length*), *SRAP* (*Sequence Related Amplified Polymorphism*), microsatélites o *SSR* (*Simple Sequence Repeats*), *InDel* (inserción/ deleción), *SNP* (*Single Nucleotide Polymorphism*) y marcadores funcionales para la forma y el peso de los frutos (Pratta *et al.*, 2011; Mahuad *et al.*, 2013; Cambiaso *et al.*, 2019a; Cabodevila *et al.*, 2021). También fueron caracterizados por marcadores proteicos (Gallo *et al.*, 2010). Todos estos estudios han permitido identificar polimorfismos de ADN y proteínas asociados a los cambios fenotípicos para la calidad de los frutos.

Obtención de Líneas casi Isogénicas (*NIL*) por retrocruzas

Inicialmente, se evaluó la BC_1 obtenida de cruzar la F_1 (Caimanta x LA0722) por el progenitor Caimanta. Todos los caracteres evaluados (Vp, P, forma, acidez, contenido en sólidos solubles, entre otros) mostraron una amplia variación, confirmando la diversidad genética entre los progenitores y la segregación posterior (Pereira da Costa *et al.*, 2013). A partir de estos resultados se comenzó un proceso de detección, validación e introgresión, en el contexto genético del cultivar Caimanta, de *QTL* (*Quantitative Trait Loci*) asociados a caracteres de calidad de fruto de tomate aportados por regiones genómicas de la accesión LA0722 de *S. pimpinellifolium*. Se continuó con el proceso de introgresión obteniendo las generaciones BC_3 y BC_4 , seleccionando en cada generación aquellas plantas en las que al menos un marcador *SSR* estuviera segregando. Actualmente se dispone de 22 *NIL* (*Near Isogenic Lines*), cada una de las cuales difiere con el progenitor Caimanta en un segmento cromosómico señalado por 22 marcadores *SSR* distintos (Figura 1). Las diferencias observables entre las *NIL* y el cultivar Caimanta (Di Giacomo *et al.*, 2020) se deben exclusivamente a la región introgresada desde la especie donante o silvestre.

Cruzamientos dialélicos para el estudio de la variabilidad genética, el efecto recíproco y la heterosis en caracteres de fruto.

Cinco de las *RIL* seleccionadas por sus valores contrastantes fueron evaluadas en un diseño de cruzamiento dialélico (Híbridos de Segundo Ciclo, HSC) para el P, la Vp, el contenido en sólidos solubles y la acidez titulable, entre otros. La existencia de alta

variabilidad entre las *RIL* y la aparición de distintos tipos de efectos génicos en los HSC, que incluyó el fenómeno de heterosis, demostró que la variación fenotípica observada responde en gran medida a componentes genéticos (Marchionni Basté *et al.*, 2010). Estudios recientes que incluyeron cruzamientos entre tres de nuestras *RIL* y dos cultivares de origen estadounidense siguiendo un dialélico completo demostraron que la calidad y el contenido de metabolitos en los frutos de híbridos de tomate son afectados por la dirección del cruzamiento y la presencia de heterosis (Fortuny *et al.*, 2021).

En poblaciones segregantes derivadas de HSC se detectó variabilidad fenotípica y genética para varios caracteres de calidad de fruto demostrando que es posible continuar seleccionando genotipos para obtener nuevos cultivares con características fenotípicas superiores (Cabodevila *et al.*, 2021).

Conservación y divulgación del germoplasma de Tomate (*CodiGo TomATe*).

La biodiversidad presente en las especies silvestres de tomate está aún subexplotada en los programas de mejoramiento del cultivo especialmente para enriquecer las bases genéticas con alelos nuevos que mejoren la productividad, calidad de los frutos y la adaptación del cultivo a distintas condiciones ambientales. Estudios recientes han detectado que en las especies silvestres de tomate existen 10 millones más de polimorfismos de una única base (*SNP*) comparado con la diversidad presente en la especie cultivada, es decir que la diversidad en el germoplasma silvestre es 20 veces superior (Aflitos *et al.*, 2014). Para conservar y estudiar esta diversidad nuestro grupo está creando una colección de germoplasma que en la actualidad cuenta con 162 genotipos de tomate de diferentes especies y orígenes y con variabilidad para características de fruto. Entre estas tenemos 92 genotipos cultivados de *S. lycopersicum* y 70 especies silvestres (7 *S. arcanum* Peralta, 3 *S. chilense*, 5 *S. corneliomulleri* Macbr, 4 *S. galapagense* Darwin & peralta, 25 *S. habrochaites*, 2 *S. pennelli*, 5 *S. peruvianum*, 2 *S. chmielewskii* Rick, Kesicki, Fobes & Holle, 1 *S. neorickii* Rick, Kesicki, Fobes & Holle, 3 *S. huaylense* Peralta y 13 *S. pimpinellifolium*). Se multiplican, se cultivan y se recolectan datos fenotípicos e imágenes con los que se desarrolla el catálogo de variedades del Banco de Germoplasma de la Cátedra de Genética FCA-UNR. Las actividades de divulgación del grupo se ilustran en la Figura 2. Además, esta información junto a otras actividades académicas, de divulgación y experimentales se difunden a través de la página web www.codigotomate.com.ar.

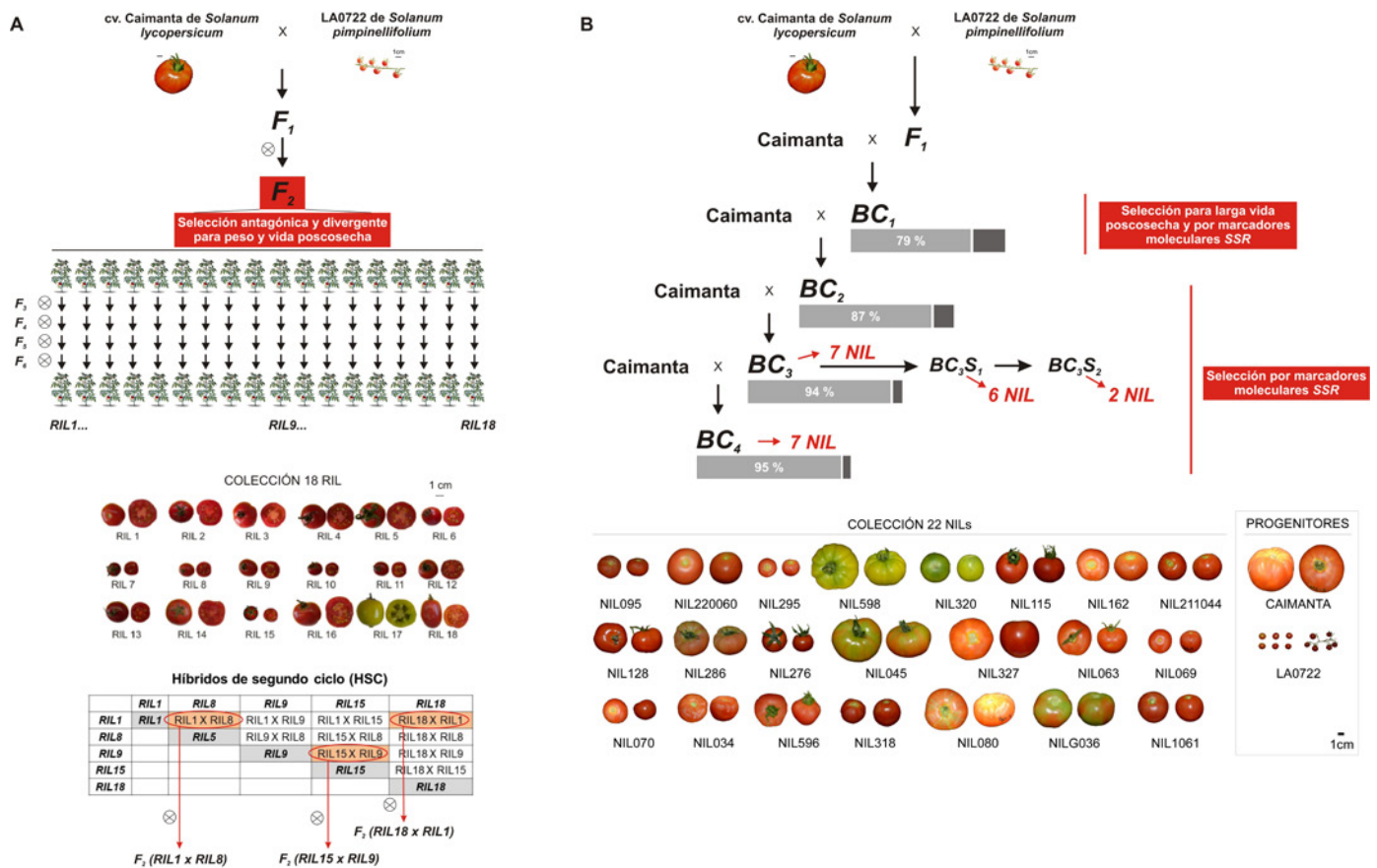


Figura 1. Esquemas de las metodologías de mejoramiento utilizadas en el Programa de mejoramiento para calidad de fruto de la Universidad Nacional de Rosario. A) Obtención de RIL (líneas endocriadas recombinantes) por el método genealógico aplicando selección antagonista-divergente para el peso y la vida poscosecha de los frutos. B) Obtención de NIL (líneas casi isogénicas) por el método de las retrocruzas aplicando selección para larga vida poscosecha y por marcadores moleculares del tipo SSR.



Figura 2. Actividades para la conservación y divulgación del germoplasma de tomate. A) Frutos de especies silvestres y cultivadas de tomate presentes en el catálogo de variedades del Banco de Germoplasma de la Cátedra de Genética FCA-UNR. La línea blanca horizontal representa la escala de 1 cm. B) Entrega y trasplante de plantines durante jornada de extensión en huertas agroecológicas del periurbano de Rosario. C) Presentación del proyecto CodiGo TomATe en jornadas académicas.

CULTIVARES DESARROLLADOS

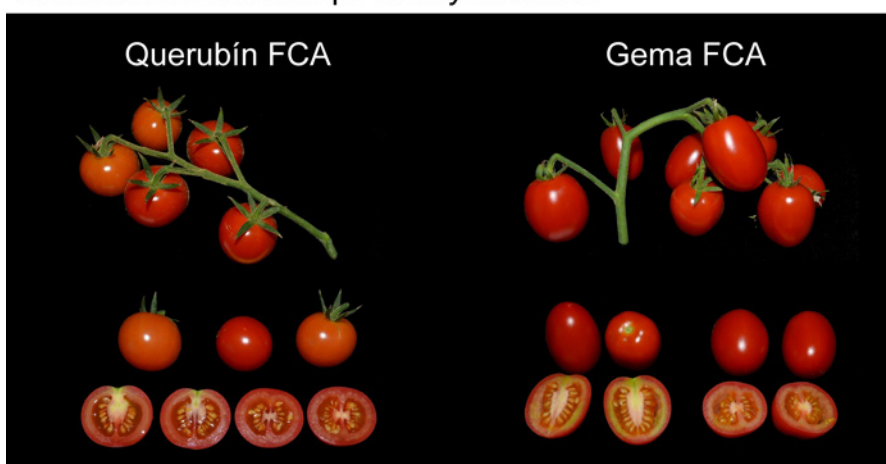
Cultivares inscriptos de tomate tipo cherry.

De las 18 RIL, dos líneas resultaron las más promisorias por sus características organolépticas, por lo que se han inscripto en el Registro Nacional de Propiedad de Cultivares (RNPC) del INASE. Ellas son: GEMA FCA y Querubín FCA (expedientes N° 79929/12 y N° 79928/12 publicados en el Boletín Oficial de la República Argentina Año CXX Número 32.449). En la Figura 3 se muestran frutos representativos de ambas líneas. Gema FCA y Querubín FCA presentan mayor vida poscosecha y contenido en azúcares en los frutos que el híbrido comercial Zatará (Florensa Argentina) de amplia difusión en nuestro país y utilizado en este ensayo como testigo. Gema FCA, además, produce frutos más ácidos (Tabla 1).

Cultivares experimentales de tomate tipo redondo.

De las 22 líneas casi Isogénicas (NIL) de tomate, dos líneas resultaron las más promisorias por lo que se encuentran en evaluación para ser inscriptas en el RNPC del INASE. Ellas son: Matusalén FCA y Dulcinea FCA. En la Figura 3 se muestran frutos representativos de ambas líneas: Matusalén FCA y Dulcinea FCA producen frutos grandes, pero más chicos que el híbrido comercial Houdini utilizado como testigo (Florensa Argentina). Matusalén FCA presenta mayor vida poscosecha y Dulcinea FCA mayor contenido de azúcares en los frutos. Además, ambas poseen mayor contenido en azúcares y un color más anaranjado que el testigo (Tabla 2).

Cultivares de tomate tipo *cherry* o cereza



Cultivares de tomate tipo redondo

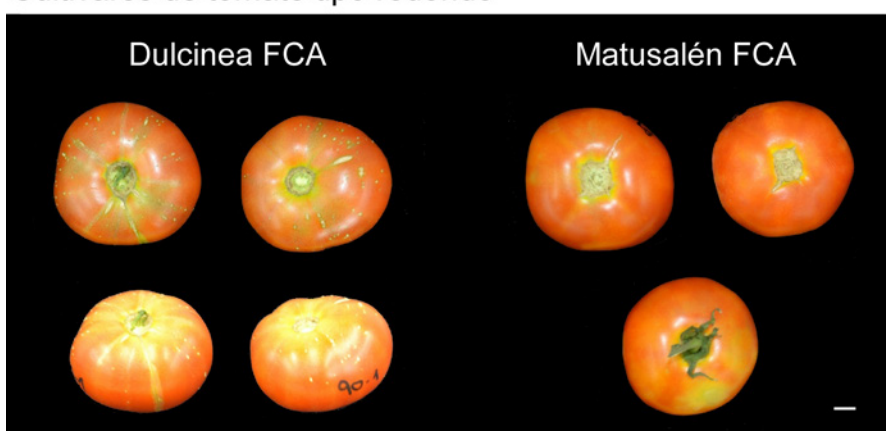


Figura 3. Frutos representativos de los cultivares tipo *cherry* Gema FCA y Querubín FCA y tipo *redondo* Dulcinea FCA y Matusalén FCA obtenidos en el Programa de Mejoramiento para calidad de fruto de tomate de la Universidad Nacional de Rosario. La línea horizontal representa la escala de 1 cm.

Tabla 1. Valores medios \pm error estándar para caracteres de calidad de fruto en los cultivares tipo *cherry* Querubín FCA y Gema FCA obtenidos en el Programa de Mejoramiento Genético FCA/IICAR-CONICET/UNR y el testigo Zatará.

Carácter ^a	Cultivar		
	Querubín FCA	Gema FCA	F ₁ Zatará
P	15,74 \pm 9,51 a ^b	17,31 \pm 8,51 a	13,51 \pm 8,51 a
Vp	18,59 \pm 1,96 a	17,08 \pm 1,76 a	11,06 \pm 1,76 b
a/b	0,44 \pm 0,05 a	0,44 \pm 0,05 a	0,43 \pm 0,05 a
Firmeza	70,36 \pm 3,39 a	71,57 \pm 3,03 a	64,96 \pm 3,03 a
SS	7,03 \pm 0,17 a	6,99 \pm 0,13 a	6,27 \pm 0,09 b
At	6,77 \pm 0,36 a	4,57 \pm 0,15 b	6,67 \pm 0,36 a

^aP: peso (en g), Vp: vida poscosecha (en días), a/b: índice de color, SS: contenido en sólidos solubles (en °Brix), At: acidez titulable.

^bDiferencias significativas al 5% se indican con letras diferentes.

Tabla 2. Valores medios \pm error estándar para caracteres de calidad de fruto en los cultivares tipo *redondo* Matusalén FCA y Dulcinea FCA obtenidas por el Programa de Mejoramiento Genético FCA/IICAR-CONICET/UNR y el testigo Houdini.

Carácter ^a	Cultivar		
	Matusalén FCA	Dulcinea FCA	F ₁ Houdini
P	52,33 \pm 15,02 b ^b	75,06 \pm 15,53 ab	116,02 \pm 10,06 a
Vp	16,44 \pm 2,42 a	10,09 \pm 0,95 b	9,58 \pm 1,40 b
a/b	0,28, \pm 0,01 c	0,61 \pm 0,15 b	1,04 \pm 0,02 a
Firmeza	66,92 \pm 1,36 a	52,77 \pm 3,11 b	46,17 \pm 2,49 b
SS	5,07 \pm 0,12 a	5,49 \pm 0,61 a	4,15 \pm 0,25 b
pH	4,98 \pm 0,10 a	4,41 \pm 0,08 b	4,64 \pm 0,12 b

^aP: peso (en g), Vp: vida poscosecha (en días), a/b: índice de color, SS: contenido en sólidos solubles (en °Brix), At: acidez titulable.

^bDiferencias significativas al 5% se indican con letras diferentes.

INCORPORACIÓN DE NUEVAS TECNOLOGÍAS AL PROGRAMA DE MEJORA

Las innovaciones tecnológicas en el área de la genética y el mejoramiento tales como los secuenciadores de última generación de genomas y transcriptomas completos, la edición génica, la adquisición de datos fenotípicos a gran escala (fenómica), entre otros, generan en la actualidad un crecimiento exponencial del volumen de los datos que necesitan nuevas metodologías para su análisis impactando en los programas de mejora.

El análisis integral de estos datos no sólo permite ampliar los conocimientos básicos de los determinantes genéticos que hacen a la calidad del fruto de tomate, sino que directamente pueden ser la base para el desarrollo de nuevos cultivares con características mejoradas y adaptados a los sistemas productivos de nuestro país.

Hemos recientemente secuenciado el genoma completo del cv. argentino Caimanta y la entrada LA0722 de *S. pimpinellifolium*, los que fueron alineados al genoma de referencia de tomate cv. Heinz 1706 (The Tomato Genome Consortium, 2012). En base a las listas de polimorfismos se desarrollaron marcadores moleculares

para construir mapas de ligamiento genético y detección de QTL en diferentes poblaciones del programa (Cambiaso *et al.*, 2019 a,b; Cabodevila *et al.*, 2021). En cuanto a estudios a nivel transcriptómico, se analizaron los transcritos expresados en diferentes estados de madurez en los genotipos Caimanta y LA0722 por la técnica de cDNA-AFLP (Pereira da Costa *et al.*, 2018) y por la técnica de RNA-seq (Cacchiarelli *et al.*, 2021). A nivel proteómico hemos caracterizado genotipos uniformes y poblaciones segregantes por polipéptidos resueltos en 1-DE y 2-DE, para la detección de QTL para calidad de fruto y la identificación de un polipéptido asociado con cambios en el pH que mostró homología con una ATPasa cloroplastídica en los pericarpios de frutos (Rodríguez *et al.*, 2008; Gallo *et al.*, 2010, 2011; Pereira da Costa *et al.*, 2014, 2017). En cuanto a fenómica, se ha avanzado en el uso del análisis a tres modos (Análisis Factorial Múltiple y Análisis Procrustes Generalizado) para caracterizar generaciones segregantes de híbridos de segundo ciclo y estimar en ellas una heredabilidad multivariada para caracteres de interés agronómico (Del Medico *et al.*, 2019, 2020). Estas aproximaciones ómicas permiten identificar genes o familias génicas con roles fundamentales en la determinación de características organolépticas del fruto de tomate, conocer su nivel de expresión ante cambios ambientales o de contextos genéticos y retroalimentan el programa de mejoramiento para obtener genotipos superiores que satisfagan las demandas de productores y consumidores.

TRANSFERENCIA DE DESARROLLOS TECNOLÓGICOS AL MEDIO SOCIO-PRODUCTIVO

La horticultura urbana y periurbana es una actividad que aporta múltiples ventajas territoriales ya que se asocia al mercado de cercanía, ideal para alimentos perecederos como lo es el tomate, genera puestos de trabajo, y los productores se convierten en potenciales custodios de los recursos naturales que utilizan contribuyendo además a preservar los espacios verdes frente al avance de la urbanización (Mitidieri y Corbino, 2012). Las huertas urbanas y periurbanas están demandando nuevas metodologías de producción; entre estas, nuevos cultivares, especialmente de polinización abierta y adaptados a sistemas de producción agroecológicos. Por esta razón, hemos iniciado un proyecto que busca una transferencia directa de tecnología de semilla de tomate hacia el medio socio-productivo y de conocimientos a partir de actividades de extensión y vinculación con los huerteros urbanos y periurbanos de ciudades importantes de nuestro país (Figura 2). De esta manera se contribuye a la soberanía alimentaria favoreciendo el acceso a semillas de cultivares de tomates desarrollados

en instituciones públicas y permitiendo a los productores multiplicar las semillas para su propio uso. Los genotipos que se transfieren han sido mejorados para características organolépticas, resistencia a plagas y enfermedades y algunos de ellos tienen características nutricionales diferenciales en cuanto al tipo de azúcares, ácidos orgánicos y aminoácidos. Estas características nutricionales diferenciales, evaluadas en condiciones experimentales, se confirmarán mediante ensayos en sistemas reales de producción agroecológica.

BIBLIOGRAFÍA

- Aflitos S., Schijlen E., de Jong H., de Ridder D., Smit S., Finkers R., Wang J., Zhang G., Li N., Mao L., Bakker F., Dirks R., Breit T., Gravendeel B., Huits H., Struss D., Swanson-Wagner R., van Leeuwen H., van Ham R.C.H.J., Peters S. (2014) Exploring genetic variation in the tomato (*Solanum* section *Lycopersicon*) clade by whole-genome sequencing. *Plant J.* 80: 136–148.
- Blanca J., Sanchez-Matarredona D., Ziarsolo P., Montero-Pau J., van der Knaap E., Díez M.J., Cañizares J. (2021) Haplotype analyses reveal novel insights into tomato history and domestication to show long-distance migrations and latitudinal adaptations. *BioRxiv.* 1–41.
- Brummell D.A. and Harpster M.H. (2001) Cell wall metabolism in fruit softening and quality and its manipulation in transgenic plants. *Plant Mol. Biol.* 47(1–2): 311–339.
- Cabodevila V.G., Cambiaso V., Rodríguez G.R., Picardi L.A., Pratta G.R., Capel C., Lozano R., Capel J. (2021) A segregating population from a tomato second cycle hybrid allows the identification of novel QTL for fruit quality traits. *Euphytica.* 217:6.
- Cabodevila V.G., Picardi L.A., Pratta G.R. (2017) A multivariate approach to explore the genetic variability in the F2 segregating population of a tomato second cycle hybrid. *BAG. J. Basic Appl. Genet.* 28:7–18.
- Cacchiarelli P., Arce D.P., Tapia, E., Pratta G.R. (2021) Structural and functional analysis of two sHSP subfamilies in tomato ripening. *Plant Gene.* 27:100297.
- Cambiaso V., Gimenez M.D., Pereira da Costa J.H., Vazquez D.V., Picardi L.A., Pratta G.R., Rodríguez G.R. (2019a) Selected genome regions for fruit weight and shelf life in tomato RILs discernible by markers based on genomic sequence information. *Breed. Sci.* 69(3): 447–454.
- Cambiaso V., Pratta G.R., Pereira da Costa J.H., Zorzoli R., Francis D.M., Rodríguez G.R. (2019b) Whole genome re-sequencing analysis of two tomato genotypes for polymorphism insight in cloned genes and a genetic map construction. *Sci. Hortic.* 247: 58–66.

- Cattáneo A.R., McCarthy A.N., Feingold S.E. (2020) Evidence of genetic diversity within *Solanum Lycopersicum* L. 'Platense' landrace and identification of various subpopulations. *Genet. Resour. Crop Ev.* 67(8): 2057–2069.
- Del Medico A.P., Cabodevila V.G., Vitelleschi M.S., Pratta G.R. (2019) Multivariate estimate of heritability for quality traits in tomatoes by the multiple factor analysis. *Pesqui. Agropecu. Bras.* 54: e00064.
- Del Medico A.P., Cabodevila V.G., Vitelleschi M.S., Pratta G.R. (2020) Characterization of tomato generations according to a three-way data analysis. *Bragantia.* 79(1): 8–18.
- Di Giacomo M., Luciani M.D., Cambiaso V., Zorzoli R., Rodríguez G.R., Pereira da Costa J.H. (2020) Tomato near isogenic lines to unravel the genetic diversity of *S. pimpinellifolium* LA0722 for fruit quality and shelf life breeding. *Euphytica.* 216(8): 126.
- FAO STAT (2021) <http://www.fao.org/home/es/> (accessed June 2021).
- Fortuny A.P., Bueno R.A., Pereira da Costa J.H., Zanol M.I., Rodríguez G.R. (2021) Tomato fruit quality traits and metabolite content are affected by reciprocal crosses and heterosis. *J. Exp. Bot.* <https://doi.org/10.1093/jxb/erab222>.
- Gallardo G.S. (2012) Desarrollo institucional y política científica: el caso de la producción nacional de semilla hortícola. Tesis para optar al grado académico de Magister en la Maestría en Gestión de la Ciencia, Tecnología e Innovación de la Universidad Nacional de General Sarmiento, Buenos Aires, Argentina.
- Gallo M., Picardi L.A., Rodríguez G.R., Pratta G.R., Zorzoli R. (2010) Proteómica de la madurez del tomate: Identificación de dos estados de madurez del fruto por perfiles proteicos totales del pericarpio en RILs de tomate. *Rev. FCA UNCuyo.* 42(2): 119–133.
- Gallo M., Zorzoli R., Rodríguez G.R., Pratta G.R. (2011) Ligamiento genético entre variables asociadas a calidad del fruto de tomate y polipéptidos expresados en dos estados de madurez. *Rev. FCA UNCuyo.* 43(2):145–156.
- Hallauer, A.R. (1981) Selection and breeding methods. In: K.J. Frey (Ed.). *Plant breeding II.* Iowa State Univ. Press, Ames, pp. 3–55.
- Ishii T., Araki M. (2016) Consumer acceptance of food crops developed by genome editing. *Plant Cell Rep.* 35(7): 1507–1518.
- López M.G., Zanol M.I., Pratta G.R., Stegmayer G., Boggio S.B., Conte M., Bermúdez L., Coluccio Leskow C., Rodríguez G.R., Picardi L.A., Zorzoli R., Fernie A.R., Milone D., Asís R., Valle E.M., Carrari F. (2015) Metabolic analyses of interspecific tomato recombinant inbred lines for fruit quality improvement. *Metabolomics.* 11: 1416–1431.
- Mahuad S.L., Pratta G.R., Rodríguez G.R., Zorzoli R., Picardi L.A. (2013) Preservation of *Solanum pimpinellifolium* genomic fragments in recombinant genotypes improved the fruit quality of tomato. *J. Genet.* 92(2): 195–203.
- Manning K., Tör M., Poole M., Hong Y., Thompson A.J., King G.J., Giovannoni J.J., Seymour G.B. (2006) A naturally occurring epigenetic mutation in a gene encoding an SBP-box transcription factor inhibits tomato fruit ripening. *Nat. Genet.* 38(8): 948–952.
- Marchionni Basté E., Liberatti D.R., Mahuad S.L., Rodríguez G.R., Pratta G.R., Zorzoli R., Picardi L.A. (2010) Diallel analysis for fruit traits among tomato recombinant inbred lines derived from an interspecific cross *Solanum lycopersicum* x *S. pimpinellifolium*. *J. Appl. Hortic.* 12(1): 21–25.
- Meli V.S., Ghosh S., Prabha T.N., Chakraborty N., Chakraborty S., Datta A. (2010) Enhancement of fruit shelf life by suppressing N-glycan processing enzymes. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 107(6): 2413–2418.
- Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca (2020) La Producción de Tomate en Argentina. <https://www.argentina.gov.ar/sites/default/files/produccion-tomate-argentina-diciembre-2020.pdf> (accessed June 2021).
- Mitidieri M.S., Corbino G.B. (2012) Manual de horticultura periurbana. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, San Pedro, Buenos Aires, Argentina.
- Pereira da Costa J.H., Rodríguez G.R., Picardi L.A., Zorzoli R., Pratta G.R. (2018) Genome-wide expression analysis at three fruit ripening stages for tomato genotypes differing in fruit shelf life. *Sci. Hortic.* 229: 125–131.
- Pereira da Costa J.H., Rodríguez G.R., Pratta G.R., Picardi L.A., Zorzoli R. (2013) QTL detection for fruit shelf life and quality traits across segregating populations of tomato. *Sci. Hortic.* 156: 47–53.
- Pereira da Costa J.H., Rodríguez G.R., Pratta G.R., Picardi L.A., Zorzoli R. (2014) Pericarp polypeptides and SRAP markers associated with fruit quality traits in an interspecific tomato backcross. *Genet. Mol. Res.* 13(2): 2539–2547.
- Pereira da Costa J.H., Vega T.A., Pratta G.R., Picardi L.A., Zorzoli R., Rodríguez G.R. (2017) A 54-kDa polypeptide identified by 2D-PAGE and bulked segregant analysis underlies differences for pH values in tomato fruit. *Acta Physiol. Plant.* 39: 78.
- Pratta G., Zorzoli R., Picardi L.A. (2000) Interacciones genéticas entre germoplasma silvestre y cultivado de *Lycopersicon* spp. con efectos sobre la calidad del fruto de tomate. *Plant Genet. Resour. Newsl.* 124: 7–12.
- Pratta G.R., Rodríguez G.R., Zorzoli R., Valle E.M., Picardi L.A. (2011) Phenotypic and molecular characterization of selected tomato recombinant inbred lines derived from the cross *Solanum lycopersicum* x *S. pimpinellifolium*. *J. Genet.* 90(2): 229–237.
- Rasmussen W.D. (1968) Advances in American Agriculture: The Mechanical Tomato Harvester as a Case Study. *Technol. Cult.* 9(4): 531–543.
- Razifard H., Ramos A., Della Valle A.L., Bodary C., Goetz E., Manser E.J., Li X.,

- Zhang L., Visa S., Tieman D., van der Knaap E., Caicedo A.L. (2020) Genomic evidence for complex domestication history of the cultivated tomato in Latin America. *Mol. Biol. Evol.* 37(4): 1118–1132.
- Rodríguez G.R., Pratta G.R., Liberatti D.R., Zorzoli R., Picardi L.A. (2010) Inheritance of shelf life and other quality traits of tomato fruit estimated from F1's, F2's and backcross generations derived from standard cultivar, nor homozygote and wild cherry tomato. *Euphytica*. 176(1): 137–147.
- Rodríguez G.R., Pratta G.R., Zorzoli R., Picardi L.A. (2006a) Evaluación de caracteres de planta y frutos en líneas recombinantes autofecundadas de tomate obtenidos por cruzamiento entre *Lycopersicon esculentum* y *L. pimpinellifolium*. *Cienc. Investig. Agrar.* 33(2): 133–141.
- Rodríguez G.R., Pratta G.R., Zorzoli R., Picardi L.A. (2006b) Recombinant lines obtained from an interspecific cross between *lycopersicon* species selected by fruit weight and fruit shelf life. *J. Am. Soc. Hortic. Sci.* 131(5): 651–656.
- Rodríguez G.R., Sequin L., Pratta G.R., Zorzoli R., Picardi L.A. (2008) Protein profiling in F1 and F2 generations of two tomato genotypes differing in ripening time. *Biol. Plant.* 52(3): 548–552.
- Schmidt S.M., Belisle M., Frommer W.B. (2020) The evolving landscape around genome editing in agriculture. *EMBO Reports*. 21(6): 19–22.
- Schouten H.J., Tikunov Y., Verkerke W., Finkers R., Bovy A., Bai Y., Visser R.G.F. (2019) Breeding Has Increased the Diversity of Cultivated Tomato in The Netherlands. *Front. Plant Sci.* 10: 1–12.
- Sim S.C., Robbins M.D., Chilcott C., Zhu T., Francis D.M. (2009) Oligonucleotide array discovery of polymorphisms in cultivated tomato (*Solanum lycopersicum* L.) reveals patterns of SNP variation associated with breeding. *BMC Genomics*. 10: 466.
- Sim S.C., van Deynze A., Stoffel K., Douches D.S., Zarka D., Ganai M.W., Chetelat R.T., Hutton S.F., Scott J.W., Gardner R.G., Panthee D.R., Mutschler M., Myers J.R., Francis D.M. (2012) High-density SNP genotyping of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) reveals patterns of genetic variation due to breeding. *PloS One*. 7(9): e45520.
- Spooner D.M., Peralta I.E., Knapp S. (2005) Comparison of AFLPs with other markers for phylogenetic inference in wild tomatoes [*Solanum* L. section *Lycopersicon* (Mill.) Wettst.]. *Taxon*. 54(1): 43–61.
- The Tomato Genome Consortium. (2012). The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. *Nature*. 485(7400): 635–641.
- Ullisik S., Chapman N.H., Smith R., Poole M., Adams G., Gillis R.B., Besong T.M.D., Sheldon J., Stieglmeier S., Perez L., Samsulrizal N., Wang D., Fisk I.D., Yang N., Baxter C., Rickett D., Fray R., Blanco-Ulate B., Powell A.L.T., Seymour G.B. (2016) Genetic improvement of tomato by targeted control of fruit softening. *Nat. Biotechnol.* 1(9): 1–11.
- Vrebalov J. (2002) A MADS-Box Gene Necessary for Fruit Ripening at the Tomato Ripening-Inhibitor (Rin) Locus. *Science*. 296(5566): 343–346.
- Wang D., Samsulrizal N., Yan C., Allcock N.S., Craigon J., Blanco-Ulate B., Ortega-Salazar I., Marcus S.E., Bagheri H.M., Perez-Fons L., Fraser P.D., Foster T., Fray R.G., Knox J.P., Seymour G.B. (2019) Characterisation of CRISPR mutants targeting genes modulating pectin degradation in ripening tomato. *Plant Physiol.* 179: 544–557.
- Warnock S.J. (1991) Natural Habitats of *Lycopersicon* Species. *HortScience*. 26(5): 466–471.
- Yang Y., Zhu G., Li R., Yan S., Fu D., Zhu B., Tian H., Luo Y., Zhu H. (2017) The RNA editing factor SLORRM4 is required for normal fruit ripening in tomato1. *Plant Physiol.* 175(4): 1690–1702.
- Yu Q.H., Wang B., Li N., Tang Y., Yang S., Yang T., Xu J., Guo C., Yan P., Wang Q., Asmutola P. (2017) CRISPR/Cas9-induced Targeted Mutagenesis and Gene Replacement to Generate Long-shelf Life Tomato Lines. *Sci. Rep.* 7(1): 1–9.
- Zorzoli R., Pratta G.R., Picardi L.A. (1998) Efecto de los mutantes nor y rin y de genes silvestres sobre características del fruto en *Lycopersicon*. *Mendeliana*. 13: 12–19.
- Zorzoli R., Pratta G.R., Picardi L.A. (2000) Variabilidad para la vida postcosecha y el peso de los frutos en tomate para familias F3 de un híbrido interespecífico. *Pesqui. Agropecu. Bras.* 35: 2423–2427.

MAGRARIO: A NEW GENOTYPE TO PRODUCE QUALITY SHEEP MEAT

MAGRARIO: UN NUEVO GENOTIPO PARA PRODUCIR CARNE OVINA DE CALIDAD

L.A. Picardi¹

¹ Cátedra de Genética, CIUNR-IICAR (UNR-CONICET), Facultad Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Campo Villarino, Zavalla (S2125) Pcia. De Santa Fe

Corresponding author:
Liliana Picardi
lpicardi@unr.edu.ar

 ORCID 0000-0003-3500-6261

Cite this article as:

L.A. Picardi. 2021. MAGRARIO: A NEW GENOTYPE TO PRODUCE QUALITY SHEEP MEAT. BAG. Journal of Basic and Applied Genetics Vol XXXII Issue 2: 51-58.

Received: 05/02/2021

Accepted: 05/20/2021

General Editor: Elsa Camadro

DOI: 10.35407/bag.2021.32.02.06

ISSN online version: 1852-6322

ABSTRACT

Generally there is poor tradition to produce and to commercialize heavy lean lamb carcasses. To achieve a better product for the ovine meat market Ideal (Polwarth) breed ewes were backcrossed to Texel breed rams (breed recognized to reduce carcass fat). Ideal breed (I) is one of the most ordinary breeds in Argentina. However, when their lambs are reared in feed-lot conditions, a high fat content is found in their lamb carcasses. After three generations of backcrosses followed by a breeding program for increase male lamb weaning weight and female fertility a new genotype was obtained for the local ovine meat production systems. This new genotype registered as Magrario (M) was obtained at Villarino Field Station of UNR (Zavalla, Santa Fe, 33° S, 61° W). It was verified that M produced more lean meat than I breed under feed lot conditions. M rams were introduced in flocks of Hampshire Down (HD) breed to evaluate lamb crosses with lean meat. Genotype M was compared under feed lot conditions with HD lambs during two months in the post weaning. Also crosses (MxHD), (MxI) and (IxHD) were evaluated in the same conditions. At the end of the experiment ultrasonic methods were used to evaluate fat depot on *Longissimus dorsi*. The (MxHD) showed a reduction of 20 % respecting to HD. These results suggested that M genotype could be a useful paternal genotype to reduce fat depots when the aim is to produce lamb crosses under feed lot conditions in a short period of time.

Key words: ovine, lean meat, feed lot, crossing.

RESUMEN

En la producción de carne ovina en Argentina existe escasa tradición para la comercialización de reses de corderos pesados con bajo tenor de grasa. Un nuevo genotipo cuya marca registrada es Magrario (M) fue obtenido en el Campo Villarino de la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de Rosario (33° S, 61° O) por cruces absorbentes de una raza tradicional en la zona, Ideal (I) (Polwarth), hacia la raza Texel (raza reconocida por producir reses magras). A partir de la población base de la tercera retrocruza se seleccionó a los machos por el Aumento Medio Diario relativo hasta los tres meses de edad y a las hembras por la fertilidad de sus madres. Se verificaron diferencias significativas en la composición de la res en lo referente a depósitos grasos de este nuevo genotipo respecto a la población fundadora I tanto en confinamiento posdestete durante dos meses como en condiciones de cría a campo. También se compararon en confinamiento corderos M con los de la raza Hampshire Down (HD) siendo los depósitos grasos significativamente superiores en esta última raza. También se analizaron cruzamientos de M con HD e I verificando un efecto semi-dominante del nuevo genotipo para reducir tenor de grasa en las cruces. La reducción de grasa subcutánea en el *Longissimus Dorsi* de (MxHD) se redujo un 20 %. Esta experiencia demostró que Magrario puede ser utilizado como progenitor en cruzamientos si se desea producir corderos con menores depósitos grasos en condiciones de suplementación posdestete.

Palabras clave: ovinos, carne magra, confinamiento, cruzamientos.

Available online at
www.sag.org.ar/jbag

ORIGEN DE LOS OVINOS

Los ovinos pertenecen a la familia *Bovidae*, subfamilia *Caprinae* y al género *Ovis*, siendo los ovinos salvajes el muflón (*Ovis musimon*), el urial (*Ovis vignei*) y el argali (*Ovis ammon*) los ancestros de los ovinos domésticos. Existen actualmente dos poblaciones de muflones salvajes: el muflón asiático (*Ovis orientalis*) y el muflón europeo (*Ovis musimon*) que frecuentemente en cautiverio pueden reproducirse entre ellos e incluso pueden dar crías fértiles con ovinos domésticos (Bunch y Foote, 1977) (Figura 1). Para algunos autores (Zarazaga *et al.*, 1978) la taxonomía de los miembros del género *Ovis* estaba sujeta a controversias. Sin embargo hay trabajos más recientes (Chessa *et al.*, 2009) que con nuevas metodologías aportan al conocimiento de la posible genealogía de *Ovis*. Todas las razas de ovinos domésticos tienen un cariotipo de $2n=54$, idéntico al del muflón europeo (*Ovis musimon*), el muflón asiático (*Ovis orientalis*) y al de los ovinos norteamericanos Bighorn (*Ovis canadiensis*) y Dall (*Ovis dalli*). Junto con la cabra, el ovino ha sido la especie que fue utilizada por el hombre en forma temprana en su camino a la producción de alimentos y abrigo. Sus parientes salvajes tenían algunas características que las hacían especialmente adecuadas para la domesticación, tal como su relativamente poca agresividad, un tamaño manejable, una pronta madurez sexual, su carácter gregario y su alta tasa de reproducción. Si bien hay evidencias por rastros arqueológicos que la domesticación de ovinos en la Mesopotamia fue alrededor de 9000 años A.C., es recién en 3000 A.C. que se encontraron evidencias en tablas de arcilla de representaciones artísticas y escritos sobre los ovinos. En tiempos de los babilonios y los asirios el ovino tenía lana y una cola larga grasa, lo que permite suponer que así almacenaban energía para sobrevivir en zonas áridas. También hay registros con majadas de cientos de ovinos para carne con fenotipos totalmente distintos, lo que evidenciaría la importancia de esta especie para la economía de esta sociedad.

Se considera que los primeros ovinos que llegaron a suelo rioplatense fueron traídos por Nuflo de Chaves, que en 1549 los llevó desde Lima (Perú) a Asunción (Paraguay) (Giberti, 1981). Para los conquistadores los vacunos y los ovinos eran necesarios para la provisión de carne y otros productos, siendo los ovinos los más fáciles de desplazar y es así que en el Litoral y en el NOA los ovinos se difundieron antes que los vacunos. A esto se puede sumar una mayor adaptación a las condiciones ambientales, con menores exigencias de pastoreo, mansedumbre y la asistencia de los pobladores indígenas para su atención y esquila. Estos ovinos recién llegados al nuevo mundo serían ovejas de razas sirias, pirenaica y berberisca, ya que la corona de España tenía prohibido la exportación de las finas ovejas Merino (Wernicke, 1933). De hecho las ovejas criollas que se encuentran en el norte

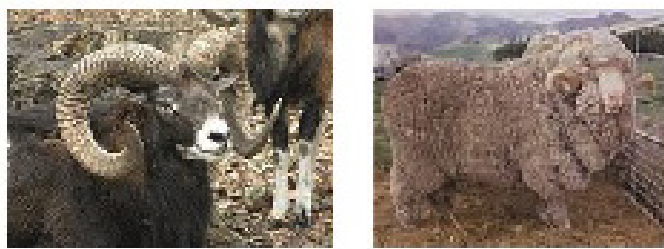


Figura 1. Muflón europeo (izq.) y Merino actual (der.)

de nuestro país tienen un mayor parecido fenotípico con la raza Churra española que con la Merino (AACM, 2000).

LA HISTORIA DEL OVINO EN NUESTRO PAÍS

Se ha registrado que para 1810 nuestro país tenía alrededor de tres millones de ovinos de baja calidad que denominaban como raza Criolla, con cuerpo pequeño, lana de diferentes colores, escasa, corta y enrulada. En 1813, a instancias del cónsul de Estados Unidos, llegó el primer plantel compuesto por 100 ovejas Merino con sus respectivos carneros, dando origen a la primera cabaña argentina de ovinos, ubicada en el actual partido de Morón (Pcia. Buenos Aires). En 1824, durante el gobierno de Rivadavia, fueron introducidos 100 Merinos más de España y 30 animales de la raza Southdown de Inglaterra con destino a la futura cabaña “Los Galpones” en las vecindades de San Vicente. A fines de 1826 Rivadavia importa otro lote de 150 Merinos finos que son comprados por los mismos dueños de “Los Galpones”, cabaña que para 1830 gozaba de enorme prestigio por los resultados de sus ventas, circunstancia que generó un auténtico interés por el Merino o “merinomanía”. Como el Merino español no podía salir de la península, se importaban ejemplares de Sajonia, descendientes de los “Negretes” españoles. A través de sucesivas importaciones, entre 1836 y 1838, ingresan al país un total de 7850 animales. Se destacaron por entonces como criadores de ovejas, los irlandeses, ingleses y escoceses, expertos en este tipo de actividad por haberla ejercido en su país natal. Muchos de esos extranjeros compraron campos a precios irrisorios a Unitarios que perseguidos por Rosas, los vendían antes de que éste los embargase. Estas persecuciones políticas hicieron perder la afición por el lanar, sin embargo ante la caída de Rosas y la posterior normalización de las corrientes comerciales se retomó el proceso de desarrollo lanar que se había iniciado con anterioridad. Por los años 1850-55, dado los logros económicos obtenidos con los ovinos por estancieros del norte de la provincia de Buenos Aires, acompañado por el interés de la industria europea para manufacturar tejidos que requerían lana larga, se produjo un mayor interés por la cría de ovinos.

Es así que durante los siguientes cuarenta años la lana ocupó el primer lugar entre las exportaciones argentinas y el tercer lugar en el mundo como país productor-exportador de lanas. Posteriormente, cambios operados en la estructura agraria de la provincia de Buenos Aires, condujeron a la declinación de la cría del lanar y a su desplazamiento hacia zonas extra-pampeanas como la Patagonia, que para 1888 tenía apenas 300.000 lanares. Actualmente en la Argentina según SENASA (2000) se estiman alrededor de 14.000.000 de cabezas. La mayor proporción se encuentra en la Patagonia donde las bases genóticas han sido las razas Corriedale y Merino, si bien con el tiempo se han sumado otras razas terminales, cruza o biotipos que han emergido de estas razas. Estas poblaciones se han adaptado a condiciones de crías extensivas en el medio ambiental patagónico. Las Asociaciones de Criadores de Merino y Corriedale, entre otras, han colaborado en el programa de Cordero Patagónico que es altamente reconocido en el país y el exterior. Asimismo las Asociaciones de Criadores Ovinos participan con el INTA en programas de gran impacto para el país como son el PROVINO y PROLANA.

Después de la Patagonia le siguen en importancia para la producción ovina la región pampeana, el litoral y por último la región del NOA. Los sistemas productivos varían de norte a sur, con objetivos de subsistencia, lanero, carníero, lechero o mixtos. Por lo tanto según el objetivo productivo y la región se utilizan distintas razas y por eso en esta especie existen múltiples razas y ecotipos adaptados a los más variados ambientes. Se puede calificar a las razas actuales en genotipos apropiados para la producción de carne y/o producción de lana. Las razas que han sido seleccionadas para calidad de lana son descendientes de la raza Merino. Hay otras razas que tienen doble propósito, lana y carne y que fueron introducidas al país en distintas épocas tal como la citada Corriedale, las Lincoln, Romney Marsh y la raza Hampshire Down, que es netamente productora de carne y tiene presencia en la región pampeana y el litoral (Calvo, 1982). Otra raza reconocida en nuestro país por su calidad de lana es la Polwarth. Su origen se remonta a 1880 en Australia (Victoria, condado de Polwarth) por el cruzamiento de la Merino con la raza Lincoln para mejorar largo de mecha y mantener la finura siendo su proporción según las razas progenitoras: $\frac{3}{4}$ Merino y $\frac{1}{4}$ Lincoln. Esta raza, que fue introducida en Uruguay alrededor de 1938, adquiere el nombre de raza Ideal por sus criadores dada su excelente calidad de lana y rusticidad. Posteriormente se introdujo en nuestro país, principalmente en establecimientos laneros del Litoral y la Pampa Húmeda (Figura 2).

En los últimos años se ha introducido en el país la raza Texel, reconocida como raza esencialmente productora de carne de calidad. Esta raza proviene de un grupo de ovejas de cola corta que tiene una marcada distancia



Figura 2. Raza Ideal (Polwarth)

genética de la Merino (Gines, 2007) y se originó en la isla Texel situada en el noroeste de Holanda. Al final del siglo XIX un reducido núcleo de esta raza fue cruzada con las razas inglesas Lincoln y Leicester con el fin de obtener un tipo de animal de bajo tenor de grasa en la carcasa. Actualmente se la reconoce por esta cualidad y se ha difundido en Europa como raza terminal para producir carcasas de carne magra (Leymaster y Jenkins, 1993; Visscher, 2000). Al continente americano llegó con su introducción en Uruguay hace más de 40 años y desde ahí llega a nuestro país introduciéndose como raza productora de carne en la Pampa Húmeda y el alto valle del Río Negro (Figura 3).



Figura 3. Raza Texel

OBTENCIÓN DEL NUEVO GENOTIPO MAGRARIO

En nuestro país la producción de carne ovina se basa esencialmente en la oferta del cordero “lechal” o sea al destete. Respecto a la producción de carne ovina existe escasa tradición en la comercialización de corderos pesados con bajo tenor de grasa en la res (Bianchi *et al.*, 2005). Las poblaciones ovinas en el sur de la Pcia. de Santa Fe constituyen generalmente un mosaico racial, y cuando los corderos se suplementan para producir corderos pesados las reses suelen depositar un nivel de grasa no aceptado por el consumidor. Este consumidor, influenciado por el actual sistema social, está dedicado actualmente a procurarse alimentos magros para su dieta, hecho que incluso se observa en la Comunidad Europea (Bermués *et al.*, 2012; Higgs, 2000; Fogarty, 2009).

La producción de corderos pesados con escasos depósitos grasos resultaría una alternativa para los pequeños productores ovinos si cuentan con genotipos adecuados que no depositen grasa en la res, aún en condiciones de confinamiento. Un cambio de objetivo productivo, como es la producción de un cordero pesado (de 40 kg a 45 kg) implica contar con un tipo de animal que no deposite grasa ya que como se señaló esta condición no es aceptada en los consumidores (Higgs, 2000; Hopkins *et al.*, 2008; Bianchi *et al.*, 2005).

Bajo el objetivo de ofrecer a los productores de la Pcia. de Santa Fe un nuevo enfoque para producir carne de calidad, se inició 1986 en el Campo Experimental Villarino de la Fac. Cs. Agrarias de la UNR en Zavalla (33° S, 61° O) un programa de retrocruzas de la raza Ideal hacia la raza Texel.

Se inició un programa de retrocruzas con una majada 100 madres Ideal (I) hacia la Texel (T) con tres machos de la Estancia María Luisa (Cnel. Vidal, Pcia. de Bs. As.). Otras 100 madres Ideal fueron cruzadas con otros tres machos originados en la Estancia Tres Lanzas (Pcia. Río Negro) con el fin de contar con distintos aportes genéticos de la raza Texel. Después de tres retrocruzas (BC3) en una población base de 329 animales se inició un programa de selección donde los machos al destete (3 meses de edad) se seleccionaron por el AMDr (Aumento Medio Diario relativo) desde el nacimiento al destete como una medida de eficiencia de conversión de alimento ($AMDr = \text{cociente entre AMD y el peso medio (Pm)}$) en el período estudiado: $(Pm = (P_{\text{inicial}} + P_{\text{final}})/2)$ (Fitzhugh y Taylor, 1971; Esteva y Picardi, 1989). Las hembras se seleccionaban por la fertilidad de sus madres que fue evaluada a través de un índice (Picardi y Rabasa, 1984; Toso y Picardi, 1995). La endocría se limitó manteniendo un alto número efectivo (Ne) (Falconer y Mackay, 1996). Después de varios ciclos de este programa este nuevo genotipo obtuvo la marca registrada de Magrario (M) (Picardi, 1999).

EXPERIMENTOS EN CONFINAMIENTO POSDESTETE

Para verificar diferencias en la calidad de las reses de este nuevo genotipo con las de la raza progenitora Ideal en producir corderos pesados se llevó a cabo un experimento con Magrario e Ideal en confinamiento posdestete (n=68 animales de ambos sexos) y a campo posdestete (n=99 animales de ambos sexos). Se aplicó la metodología de la EEAP *Standard Methods of Sheep Carcass* (Fisher y De Boer, 1994) para evaluar 22 caracteres en las reses después de dos meses en estas condiciones de cría (Toso *et al.*, 1995; Acebal *et al.*, 1997; Acebal *et al.*, 2000). Se encontraron diferencias significativas en el Peso Final después de los dos meses en confinamiento entre M e I ($M = 40,2 \pm 0,8$ vs. $I = 36,7 \pm 0,9$; $p < 0,01$). Entre las características de la res que mostraban las diferencias entre estos genotipos se destacaron el peso de la res en frío ($M = 18,7 \pm 0,6$ vs. $I = 15,7 \pm 0,7$; $p < 0,01$) y el peso de carne magra total ($M = 5,5 \pm 0,2$ vs. $I = 4,2 \pm 0,1$; $p < 0,001$). Fue interesante comprobar que no hubo diferencias significativas entre las corderas M e I en ninguno de los ambientes, lo cual podría deberse al dimorfismo logrado por efecto de la selección de la fertilidad femenina en M, ya que no se consideró la ganancia de peso para este sexo (Toso y Picardi, 1995; Picardi *et al.*, 2006). Bradford (2002) ya había señalado que los mejoradores debían ser cuidadosos al querer modificar el tamaño en las hembras pues esto puede afectar la aptitud reproductiva. También se ha señalado que a veces las diferencias en las reses entre sexos pueden deberse al incremento de depósitos grasos en las hembras al seleccionar por tamaño. La evaluación de las reses siguiendo el protocolo de la EEAP y un Análisis Multivariado de Componentes Principales posterior dentro de cada ambiente, permitieron definir que los corderos Magrario e Ideal constituyen distintos grupos independientemente de las condiciones ambientales en las cuales son criados (Picardi *et al.*, 2010). Asimismo se verificó que este nuevo genotipo ovino tiene lana blanca con una finura promedio de 26 micras según los análisis del laboratorio de fibras de INTA Bariloche.

Si bien esta experiencia ofreció importantes datos sobre la composición de la res de los Magrario, este tipo de evaluación conlleva al sacrificio de los animales y por lo tanto no es de utilidad para la clasificación de futuros reproductores. En consecuencia se aplicó en la majada las técnicas de ultrasonido para evaluar los depósitos grasos en el *Longissimus dorsi* ya que es considerado un buen predictor del tenor de grasa en las reses (Kvame y Vangen, 2007; Lambe *et al.*, 2009). Esta metodología fue usada también en otro experimento en el Campo Experimental Villarino con el fin de comparar ahora los corderos Magrario con una raza productora de carne. Entre las razas que se encuentran en nuestra zona, la Hampshire Down (HD) es la más reconocida para

producir carne (Mueller, 2005). Si bien no tiene lana de calidad, sus corderos se han establecido como los de mayor frecuencia para ofrecer al consumidor carne ovina.

Para evaluar depósitos grasos en la res se utilizó la técnica de ultrasonido con la cual se esquila el área elegida y se ubica el punto de medición para utilizar el equipo de ultrasonido por palpación de la 13^{er} costilla, que fue establecido a la altura de la vértebra dorsal correspondiente, 4 cm hacia lateral de la apófisis espinosa y 4 cm hacia la craneal de la misma. La metodología de ultrasonido permitió obtener sobre el *L. dorsi* las siguientes mediciones: área (AL, cm²); grasa subcutánea (GS, cm); grasa periférica (GP, cm); y veteado (V, infiltración grasa intramuscular) (Figura 4). Después de dos meses en confinamiento posdestete no se obtuvieron diferencias significativas en el Peso Final (PF, kg); PF (M)=39,3±0,6 y PF (HD)=41,5±1,0 ni en AL (cm²): AL (M)=20,7±1,3 y AL (HD)=18,0±1,8. Sin embargo, las diferencias fueron altamente significativas ($p<0,001$) para GS (cm): GS (M)=0,48±0,02 vs. GS (HD)=1,27±0,08 y para GP (cm): GP (M)=0,31±0,02 vs. GP (HD)=0,53±0,03. Para V, característica visual de importancia económica, también hubo diferencias altamente significativas: V (M)=0,31 y V (HD)=5,2 (Relling *et al.*, 2010) (Figura 5).

Con estas experiencias en la majada Magrario se pudo comprobar la eficacia de las incorporaciones de los genes Texel para producir un nuevo genotipo ovino productor de carne magra. Sin embargo para los productores ovinos no es posible la incorporación de este genotipo en sus explotaciones en forma total. Por lo tanto la incorporación de machos Magrario en cruzamientos con sus majadas podría ser una forma rápida de cambiar el tipo de cordero a producir. Para ello era necesario evaluar si las cruza con Magrario presentaban características de este genotipo en las F1. Con este objetivo se condujo una ensayo de cruzamientos de hembras I con machos M (IxM, n=23) y HD (IxHD, n=22) y hembras M con machos HD (MxHD, n=21). Se evaluaron corderos y corderas de estas cruza en dos meses de confinamiento posdestete (siendo los testigos los genotipos M y HD) en las siguientes variables: peso inicial y final y el cálculo individual de la eficiencia de conversión de alimentos con el AMDr. (Picardi *et al.*, 2017). Al finalizar este período se utilizó la técnica de ultrasonido para evaluar los depósitos grasos en el *L. dorsi* (Hopkins *et al.*, 2008) y se obtuvieron las siguientes variables: Espesor de Grasa Subcutánea (GS, cm); Grasa Perimuscular (GP, cm); Dimensión *Longissimus* Ancho (DLA, cm); y Dimensión *Longissimus* Profundidad (DLP, cm).

Con respecto a las variables de biomasa para M y HD los valores del peso al finalizar el período fueron similares al igual que los valores de AMDr. En los valores obtenidos sobre el *L. dorsi* se encontraron nuevamente diferencias altamente significativas entre M y HD para GS y GP evidenciando que, si bien ambos genotipos alcanzan el

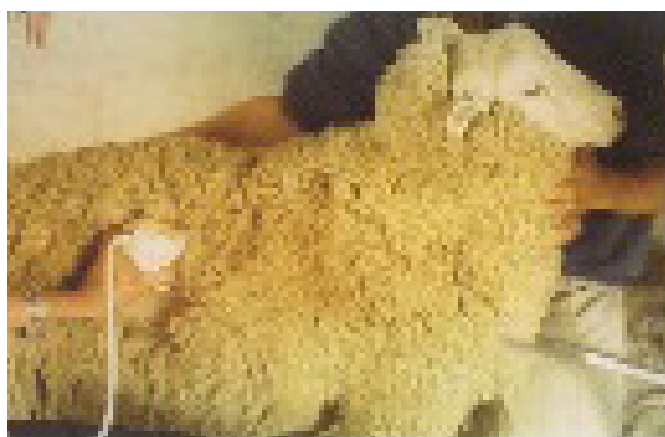


Figura 4. Magrario con 6 meses de edad con evaluación del *L. dorsi* por ultrasonido



Figura 5. Magrario al finalizar el confinamiento posdestete de dos meses

mismo peso, HD lo hace aumentando su tenor de grasa. Es de destacar que todos los genotipos fueron igualmente eficientes bajo estas condiciones ambientales tal como se refleja en la estimación de eficiencia a través del AMDr. Si bien el peso final que alcanzan los corderos M resultó similar a los HD, indicando que estos corderos tendrían igual biomasa, las diferencias estarían en los tenores de grasa detectados por la metodología del ultrasonido. Según estas observaciones los corderos M resultarían más eficientes para convertir el alimento en proteína más que en grasa (Relling *et al.*, 2010).

Cuando se analizó el grado de heterosis para PF y las evaluaciones de la grasa en *L. dorsi*, caracteres que definirían las ventajas productivas de las cruza aquí evaluadas, se observó en los corderos machos una reducción del 10,5% para PF respecto al progenitor HD y de 19,7% para GS, mientras que para GP la reducción fue del 17% con respecto a los corderos HD. Pero si se realizaba la comparación de la cruza MxHD, respecto a

corderos del genotipo progenitor M, en el PF hubo una disminución de 11,9% mientras que para GS en MxHD hubo un aumento de 27% y en GP del 10% (Figuras 6 y 7).

Lo más destacado de este experimento fue que si bien las cruzas no presentan un aumento significativo en la biomasa, y por ende en los kilos a producir, la utilización de machos M permitiría obtener corderos cruza con menores depósitos grasos que la otra raza HD si se tiene como objetivo obtener corderos pesados magros en confinamiento en corto plazo. Si bien no hubo grados significativos de heterosis para el peso y la eficiencia, se debe considerar que la heterosis para ganancia diaria puede incrementar en la medida que aumenta la edad del animal según Bianchi *et al.* (2005).

Otro análisis que permitió ubicar a las cruzas con respecto a los genotipos M y HD en su rendimiento se obtuvo con un análisis de conglomerados. Este análisis multivariado, con todos los caracteres evaluados, permitió determinar la ubicación de las cruzas respecto de los progenitores M y HD en distintos agrupamientos. En estos dendrogramas pudo observarse que el genotipo M, tanto en corderos machos como hembras, se diferencia de los restantes genotipos siendo mayor la distancia observada con corderos machos HD. La conformación de los grupos que este análisis permitió obtener demostró que los genotipos cruza se ubican cercanos a M, especialmente las cruza donde M es progenitor (Figura 8). La correlación cofenética fue de 0,85 para machos y 0,80 para hembras; si bien para este sexo el genotipo más distante de M fue la cruce IxHD y la más cercana MxHD. La visualización de esta conformación grupal justificaría el supuesto de que el genotipo Magrario actuaría con una acción génica semidominante en combinación con los otros genotipos raciales en este estudio.



Figura 6. Corderos F_1 (MxHD) y Magrario después de dos meses de confinamiento posdestete



Figura 7. Madre y cordero Magrario (izq.) – Madre Ideal con cordero (IxM) (der.)

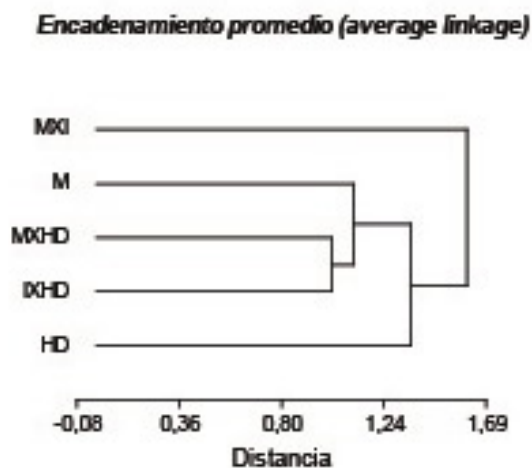


Figura 8. Análisis de conglomerados considerando todas las variables para corderos machos de los genotipos Magrario (M), Hampshire Down (HD), la F_1 (MxI), F_1 (MxHD) y F_1 (IxHD).

CONCLUSIONES

Este proyecto de investigación en genética ovina fue realizado en el Consejo de Investigaciones de la UNR y ha permitido la obtención de un nuevo genotipo ovino productor de carne de calidad, pero también tuvo impacto en la zona por la difusión de un nuevo modelo productivo para los pequeños productores. El Campo Experimental Villarino fue un módulo productivo para la obtención de corderos pesados promovidos por la Ley Provincial Ovina Santafesina N° 12483 (adherida a la Ley Nacional N° 25422). Bajo este programa de extensión se desarrolló un protocolo para producir cortes en las reses con el protocolo neozelandés y su posterior envasado al vacío lo que le da valor agregado a la producción de carne ovina pudiendo establecer de esta forma una

cadena de valor para distintos actores de la producción. Es así, que al presentar en un Foro para Latinoamérica estos resultados se destacó que “Planteada en términos de diversificación productiva, la carne ovina es una alternativa tanto para productores pequeños que conservan o planifican reflotar sus chacras mixtas. El aumento de productividad de las majadas asociado a innovaciones de producto y proceso permitirían generar una oferta continua, adecuada a los requerimientos del mercado. Implicaría una modernización de las tradiciones productivas ovinas al incorporar tecnología y organización y una mejora competitiva para la sostenibilidad de los sistemas agropecuarios” (Picardi *et al.*, 2016).

BIBLIOGRAFÍA

- AACM (2000) Asociación Argentina de criadores de Merino: La raza Merino en la Argentina. Artes Gráficas Corin Luna, Buenos Aires.
- Acebal M.A., Maiztegui L.B., Amelong J., Picardi L.A. (1997) Evaluación de características de la carcasa en corderos cruza de la raza Ideal con la Texel en confinamiento y a campo. Archivos Latinoamericanos de Producción Animal 5 (1): 552-554.
- Acebal M.A., Maiztegui L., Amelong J., Picardi L.A. (2000) Evaluación de características de la canal en corderos con $\frac{3}{4}$ de genotipo de la raza Texel. Archivos Latinoamericanos de Producción Animal 8 (2): 55-58.
- Bernués A., Ripoll G., Begoña P. (2012) Consumer segmentation based on convenience orientation and attitudes towards quality attributes of lamb meat. Food Quality and Preference 26: 211-220.
- Bianchi G., Garibotto G., Bentancur O., Feed O., Franco J., Peculio A., Sañudo C. (2005) Características productivas y calidad de carne en corderos pesados Corriedale y Hampshire Down x Corriedale. Rev. Arg. Prod. Animal 25: 75-91.
- Bradford, E. (2002) Breeding and selection - In Sheep Production Handbook- American Sheep Industry Association, Fort Collins, USA
- Bunch T.D., Foote W.C. (1977) Evolution of the 2n=54 karyotype of Domestic sheep (*Ovis aries*). Ann. Génét. Sél. anim. 9 (4): 509-515.
- Calvo C. (1982) Ovinos. Orientación Gráfica Editora S.R.L. Buenos Aires, Argentina.
- Chessa F., Pereira F., Arnaud A., Amorim F., Goyache I., Mainland R.R., Kao J.M., Pemberton D., Beraldi M., Stear A., Alberti M., Pittau L., Iannuzzi M.H., Banabazi R., Kazwala Y.P., Zhang J.J., Arranz B.A., Ali Z., Wang M., Uzun M., Dione I., Olsaker L.E., Holm U., Saarma S., Ahmad N., Marzanov E., Eythorsdottir M.J., Holland P., Ajmone Marsan M.W., Bruford J., Kantanen T.E., Spencer T.E., Palmarini M. (2009) Revealing the history of sheep domestication using retrovirus integrations. Science 324 (5926): 532-536. doi:10.1126/science.1170587.
- Esteva J., Picardi L.A. (1989) Eficiencia postdestete en corderos de la raza ideal y sus cruza y retrocruza con la raza Texel. Rer. Arg. Prod. Animal 9 (6): 457-462.
- Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C. (1996) Introduction to Quantitative Genetics. -4th Edition. Longman Group Ltd.
- Fisher A.V., de Boer H. (1994) The EEAP Standard Methods of sheep carcass assessment, carcass measurements and dissection procedures. Livestock Production Science 38: 149-159.
- Fitzhugh H.A., Taylor S.T.C.S. (1971) Genetics analysis of degree of maturity. J. Anim. Sci. 33: 717-725.
- Fogarty N.M. (2009) Meat sheep breeding – Where we are at and future challenges. Proc. Assoc. Ad. Anim. Breed Genet. 18: 414-421.
- Giberti H.C. (1981) Historia económica de la ganadería en la Argentina. Ed. Solar, Argentina.
- Ginés S. de GEA (2007) El ganado lanar en la Argentina. Ed. NRC, 2da Ed., Argentina.
- Higgs J.D. (2000) The change nature of red meat. Trends Food Sci. Technol. 11: 85-95.
- Hopkins D.L., Ponnampalam E.N., Warner R.D. (2008) Predicting the composition of lamb carcasses using alternative fat and muscle depth measures. Meat Science 78: 400-45.
- Kvame T., Vangen O. (2007) Selection for lean weight based on ultrasound and CT in a meat line of sheep. Livestock Science Vol. 106 (2-3): 232-242.
- Lambe N.R., Navajas E.A., Fisher A.V., Simm G., Roehe R., Bünger L. (2009) Prediction of lamb meat eating quality in two divergent breeds using various live animal and carcass measurements. Meat Science Vol. 83 (3): 366-375.
- Leymaster K.A., Jenkins T.G. (1993) Comparison of Texel-sired and Suffolk-sired crossbred lambs for survival, growth and compositional traits. J. Anim. Sci. 71: 859-86.
- Mueller J. (2005) Síntesis de las razas ovinas y su uso en la Argentina. Memorias del VII Curso de Actualización en Producción Ovina, EEA Bariloche, INTA, Argentina.
- Picardi L.A. (1999) Marca Registrada MAGRARIO- Acta N° 2222.703(51) Clase 29. Registro de Propiedad, Instituto Nacional de Propiedad Industrial (Secretaría de Industria y Comercio República Argentina).
- Picardi L.A., Acebal M., Maiztegui L. (2006) A new ovine genotype to improve lamb meat quality. 8th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brasil.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo contó con la colaboración en la Universidad Nacional de Rosario de las Cátedras de Anatomía y Fisiología Animal y de Nutrición Animal de la Facultad de Ciencias Agrarias, y de la Cátedra de Producción de Porcinos y Pequeños Rumiantes de la Facultad de Ciencias Veterinarias.

Picardi L.A., Keilty H., Maiztegui L.B., Amelong J., Acebal M.A., Piga E. (2017) Evaluación del nuevo genotipo Magrario como progenitor en cruzamientos con otras razas ovinas. *Rev. Arg. Prod. Animal* Vol. 37: 33-39.

Picardi L.A., Maiztegui L., Acebal M. (2010) Verifying carcass traits in a backcross programme with Texel Breed. *Livestock Science* 127: 267-271.

Picardi L.A., Principi L., Keilty H. (2016) Carne de calidad como instrumento de gestión tecnológica para un desarrollo sostenible en el Sur de la Pcia. de Santa Fe, República Argentina. II Foro Regional de Innovación para el desarrollo sostenible, Santiago, Chile.

Picardi L.A., Rabasa S.L. (1984) Efecto de la selección divergente de peso sobre los parámetros de la curva de crecimiento y la eficiencia de conversión en ratones. *Mendeliana VI* (2): 43-47.

Relling A.E., Gaeta N., Pellejero L., Keilty H., Picardi L. (2010) Deposición de grasa en dos genotipos ovinos durante el posdestete. *Rev. Arg. Prod. Animal* Vol. 30 (1): 433-434.

Toso A., Acebal M., Calvo F., Picardi L.A. (1995) Crecimiento posdestete en confinamiento y a campo de corderos de la raza Ideal y su retrocruza hacia Texel. *Rev. Arg. Prod. Animal* 5 (3/4): 936-939.

Toso A., Picardi L.A. (1995) Relación entre la tasa de madurez y la fertilidad en ovinos. *Actas 1^{era} Jornada de Genética Argentino Chilena, XXVI Congreso Argentino de Genética. Bariloche, Argentina; p. 90.*

Visscher A.H. (2000) The influence of the Texel breed on European sheep production. *Book of Abstracts EAAP (6), 51st Annual Meeting of EEAP, Wageningen. The Netherlands.*

Wernicke E. (1933) El paso del ganado lanar desde el antiguo al nuevo mundo. *Anales de la Sociedad Rural Argentina* N° 7.

Zarazaga I., Arruga V., Vallejos M. (1978) *Livestock Cytogenetics. I. Ovis aries.* *An. Aula Dei.* 14 (1/2): 128-140.

CROSSING STRATEGY FOR BREEDING CAMPERO CHICKENS. AN INTA-UNIVERSITY COLLABORATIVE PROJECT



ESTRATEGIA DE CRUZAMIENTOS PARA EL MEJORAMIENTO DE POLLOS CAMPEROS. UN PROYECTO COLABORATIVO INTA-UNIVERSIDAD

Canet, Z.E.^{1,2}, Dottavio, A.M.¹, Romera, B.M.^{1,3}, Librería, J.E.^{1,2}, Advínculo, S.A.¹, Martínez, A.¹, Di Masso, R.J.¹

¹ Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario. Ovidio Lagos y Ruta 33. 2170 Casilda, Santa Fe, Argentina.

² Estación Experimental Agropecuaria "Ing. Agr. Walter Kugler", Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Pergamino, Buenos Aires, Argentina

³ Becario PERHID. CIN

Corresponding author:
Zulma Edith Canet
canet.zulma@inta.gob.ar

 ORCID 0000-0002-4993-3173

ABSTRACT

Campero chicken is a bird destined to production systems alternative to the industrial one. Campero INTA is a two-way cross between synthetic populations generated by INTA in Pergamino. These populations have remained closed and with a low effective size with the consequent detrimental effect associated with inbreeding depression. To have a dual-purpose population with adequate meat and egg production levels and rusticity to be used in semi-intensive systems that preserve animal welfare, a survey program of the available genetic resource was implemented and a crossbreeding plan to produce a terminal three-way hybrid was designed. The sequence included the evaluation of five maternal synthetic populations (A, E, DE, ES and CE), the selection of two of them (ES and A), their characterization in two-way reciprocal crosses [(ESxA) and (AxES)], the choice of the alternative (ESxA) as female parent and its crossing by roosters of the improved paternal line AH' to obtain the Campero Casilda chicken as the final product. The evaluation of their growth pattern, body conformation, conversion ratio and productive characters at slaughter indicate that both males and females satisfied the requirements as birds destined for meat production established in the respective protocol. The evaluation of productive characters at sexual maturity, dynamic pattern of egg weight gain and laying curves allowed to qualify the females as layers.

Key words: growth, body conformation, slaughter traits, egg production, dual purpose poultry

RESUMEN

El pollo campero es un ave destinado a sistemas productivos alternativos al industrial. Campero INTA es un cruzamiento simple entre poblaciones sintéticas generadas por INTA en Pergamino. Estas poblaciones se han mantenido cerradas y con bajo tamaño efectivo con el consiguiente efecto detrimental asociado a fenómenos de depresión endogámica. Con el objetivo de disponer de una población doble propósito con adecuados niveles productivos de carne y huevos y de rusticidad para ser utilizada en sistemas semi-intensivos que preservan el bienestar animal, se implementó un programa de relevamiento del recurso genético disponible y se diseñó un plan de cruzamientos dirigido a la producción de un híbrido terminal de tres vías. La secuencia incluyó la evaluación de cinco poblaciones sintéticas maternas (A, E, DE, ES y CE), la selección de dos de ellas (ES y A), su caracterización en cruzamientos simples recíprocos [(ESxA) y (AxES)], la elección de la alternativa (ESxA) como progenitor femenino y su cruzamiento por gallos de la estirpe paterna mejorada AH' para la obtención como producto final del pollo Campero Casilda. La evaluación de su patrón de crecimiento, conformación corporal, relación de conversión y caracteres productivos a la faena indican que tanto los machos como las hembras cumplen, como aves destinadas a la producción de carne, con las exigencias establecidas en el protocolo respectivo. La evaluación de los caracteres productivos a la madurez sexual, el patrón dinámico de aumento de peso del huevo y las curvas de postura califican a las hembras para su utilización como ponedoras.

Palabras clave: crecimiento, conformación corporal, caracteres a la faena, producción de huevos, aves doble propósito.

Cite this article as:

Canet, Z.E., Dottavio, A.M., Romera, B.M., Librería, J.E., Advínculo, S.A., Martínez, A., Di Masso, R.J. 2021. CROSSING STRATEGY FOR BREEDING CAMPERO CHICKENS. AN INTA-UNIVERSITY COLLABORATIVE PROJECT. BAG: Journal of Basic and Applied Genetics Vol XXXII Issue 2: 59-70.

Received: 08/15/2021

Revised version received: 09/18/2021

Accepted: 11/01/2021

General Editor: Elsa Camadro

DOI: 10.35407/bag.2021.32.02.07

ISSN online version: 1852-6233

SISTEMAS ALTERNATIVOS DE PRODUCCIÓN AVÍCOLA

La avicultura en los países desarrollados es actualmente una actividad especializada en la producción de huevos o carne, con diferentes niveles de integración. Este panorama dista mucho tanto del que presentaban esos mismos países en la primera mitad del siglo pasado como del que hoy en día puede constatararse en gran parte del resto del mundo incluyendo Latinoamérica e incluso nuestro país. En estos sistemas, que existen por fuera de la propuesta productiva integrada de la avicultura comercial, aún mantiene una evidente presencia la llamada avicultura de traspatio o familiar, modalidad productiva en la que persisten gallinas criollas utilizadas con doble propósito con hembras destinadas principalmente a la producción de huevos y machos destinados a la producción de carne. La especialización propia de los sistemas intensivos actuales surgió con la posibilidad de sexar a las aves al nacimiento y estuvo asociada, en gran medida, a la incompatibilidad genética entre crecimiento y reproducción (Chambers, 1993; Barbato, 1999). En el caso de la producción de huevos se tradujo en la eliminación de millones de pollitos machos sin un destino productivo claro. En lo que a producción de carne se refiere, si bien representó una modalidad productiva altamente eficiente para acceder a una fuente de proteína animal de alta calidad a precios accesibles, también condujo a graves consecuencias en términos de bienestar animal (European Commission, 2000).

PRODUCCIÓN AVÍCOLA Y BIENESTAR ANIMAL

Los criterios de selección de los reproductores pesados destinados a la producción de pollos parrilleros comerciales han enfatizado, entre otros aspectos, la velocidad de crecimiento. Si bien el mejoramiento genético demostró una evidente efectividad en el logro de sus objetivos, la intensificación del sistema generó una alta dependencia de insumos. Simultáneamente condujo a un quiebre en la armonía entre etología y producción al impedir que las aves manifiesten las pautas de comportamiento propias de la especie y estuvo acompañado de un conjunto de respuestas correlacionadas que comprometen el bienestar animal (Dottavio y Di Masso, 2010). Los efectos indeseables vinculados a dicha intensificación dieron lugar al surgimiento de planteos éticos que se volcaron en el Informe Brambell (Brambell, 1965), un fuerte instrumento de protesta frente a la naturaleza de los sistemas de crianza animal. También llevaron a considerar la posibilidad de que esta interrupción de la homeostasis representara un obstáculo, no solo fisiológico sino también económico, para continuar

modificando el crecimiento de este tipo de aves por selección artificial manteniendo los mismos criterios (Emmerson, 1997). Como respuesta a estos planteos se desarrollaron propuestas específicas en el marco de la denominada producción orgánica, ecológica, y/o de campo (Lampkin, 1997; Crandal *et al.*, 2009). El mejoramiento animal para este tipo de modelo productivo presenta alternativas que van desde integrar directamente los híbridos comerciales convencionales a estos sistemas hasta el diseño de programas independientes destinados a la producción de biotipos especiales como es el caso del pollo campero. La segunda alternativa impone una serie de restricciones vinculadas con el tipo de ave -menor tasa de crecimiento y mayor edad cronológica a la faena- y con su manejo -alojamiento, densidad, tipo de alimentación- que afectan negativamente la ecuación costo-beneficio propia del modelo intensivo, pero que responden a las normativas nacionales de producción orgánica (Mair, 2021; Oliva, 2021).

EL POLLO CAMPERO

A comienzos de la década de 1980 comenzó en la Sección Avicultura de la EEA de INTA en Pergamino, la producción de aves destinadas a un sistema menos intensivo accesible a pequeños productores. En sus inicios, el programa mantuvo el criterio de especialización y dio origen al pollo Campero INTA destinado a la producción de carne (Figura 1) y a dos poblaciones de ponedoras con autosexado al nacimiento mediante genes ligados al sexo, Rubia INTA y Negra INTA. Ambas resultan de cruzamientos simples entre poblaciones propias (estirpes) de razas asimiladas semipesadas y utilizan gallos Rhode Island Red y gallinas Rhode Island White en el primer caso y Plymouth Rock Barrado, en el segundo.



Figura 1. Medición de largo de pechuga en Pollo Campero INTA

El pollo Campero (Bonino y Canet, 1999) fue pensado como alternativa que armonizara aspectos tecnológicos, requerimientos animales y calidad diferenciada del producto final. El Protocolo de producción (Bonino, 1997), basado en los criterios establecidos por el INRA francés (Sauveur, 1997), lo define como un ave de crecimiento lento que alojada en semicautividad, con un plan sanitario mínimo, alimentada en forma natural, sin aditivos químicos, y con una edad de faena más próxima a la de su madurez sexual que el parrillero comercial, permite producir carne firme y de sobresalientes características organolépticas.

En los inicios de su producción, Campero INTA se diseñó como un cruzamiento simple entre una población sintética paterna y una población sintética materna. Dichas poblaciones sintéticas se generaron en INTA Pergamino a partir de cruzamientos controlados entre estirpes propias de razas pesadas y semipesadas asimiladas. Fue así como surgieron cinco poblaciones sintéticas maternas y dos poblaciones sintéticas paternas. La composición genética de dichas poblaciones (Bonino, com. pers.) es: Sintética materna A [75% Cornish Colorado, 25% Rhode Island Red], Sintética materna E [50% Cornish Colorado, 50% Rhode Island Red], Sintética materna CE [50% Ross, 25% Cornish Colorado, 25% Rhode Island Red], Sintética materna DE [50% Hubbard, 25% Cornish Colorado, 25% Rhode Island Red], Sintética materna ES [87,5% Cornish Colorado, 12,5% Rhode Island Red], Sintética paterna AH [50% Hubbard, 50% estirpe Anak (grises)] y Sintética paterna AS (50% Cornish Colorado, 50% Cornish Blanco). El pollo Campero INTA Tradicional es el resultado del cruzamiento entre las poblaciones sintéticas AS y E. Posteriormente, en un proyecto conjunto con la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad de Buenos Aires (FCV-UBA), dirigido por la Dra. María Cristina Miquel, se generó la sintética paterna AH', una versión de la población sintética AH mejorada por velocidad de crecimiento y conversión alimenticia (Melo *et al.*, 2006). En el marco de proyectos conjuntos entre INTA y la FCV-UBA previamente se habían evaluado estrategias para la estimación *in vivo* de cortes valiosos y grasa corporal (Melo *et al.*, 2001; 2003).

PRIMEROS CRUZAMIENTOS EXPERIMENTALES

El grupo de Genética Avícola de la Cátedra de Genética de la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Nacional de Rosario dirigido por la Est. Mat. María Teresa Font, que había llevado a cabo múltiples trabajos en colaboración con el grupo del Dr. Manuel Bonino de INTA Pergamino en temas vinculados con aves de postura (Di Masso *et al.*, 1994; Dottavio *et al.*, 1995; Di Masso *et al.*, 1998; Dottavio *et al.*, 2001a; Dottavio *et al.*, 2001b;

Dottavio *et al.*, 2003; Dottavio *et al.*, 2005), dio inicio en el año 2002, bajo la dirección de la Dra. Ana María Dottavio, a un proyecto de evaluación de genotipos maternos y paternos para el diseño de cruzamientos alternativos al utilizado en el pollo Campero INTA Tradicional. Estos trabajos incluyeron estudios del patrón de crecimiento, el consumo voluntario de alimento, la relación de conversión, la conformación corporal y los caracteres a la faena en cruzamientos que, además de utilizar a algunas de las poblaciones sintéticas antes mencionadas, incluyeron estirpes propias de razas asimiladas como así también hembras de las dos ponedoras autosexantes disponibles en INTA Pergamino. En este contexto se evaluaron cruzamientos con genotipo paterno Cornish Colorado y Cornish Blanco –para aportar velocidad de crecimiento y conformación carnífera al producto final– y diferentes genotipos maternos, como así también otros con genotipo materno Rhode Island Red, Plymouth Rock Barrada, Rubia INTA o Negra INTA –para eficientizar la utilización de los recursos genéticos ya disponibles en el Núcleo– y diferentes genotipos paternos (Librera *et al.*, 2003; Dottavio *et al.*, 2007; 2008; 2009; 2010; Romera *et al.*, 2011; Dottavio *et al.*, 2012). Si bien estos trabajos estuvieron enfocados prioritariamente en la producción de aves para carne (Dottavio, 2017), la evaluación incluyó también la caracterización de las hembras como ponedoras y por su potencialidad carnífera al finalizar el ciclo de postura (Canet *et al.*, 2009; Canet *et al.*, 2012; Canet, 2017).

LA IDEA DE UN AVE DOBLE PROPÓSITO

El núcleo genético de INTA Pergamino provee de reproductores a los centros multiplicadores que producen pollos camperos para el autoconsumo y eventual comercialización de excedentes por parte de familias con condiciones básicas insatisfechas incluidas en el Programa Pro-Huerta (<http://www.desarrollosocial.gob.ar/prohuerta/149>). Dado que los pollitos se entregan sin sexar y que las aves expresan dimorfismo sexual a edad temprana, en ocasiones las hembras no se destinaban a faena junto con los machos contemporáneos, sino que se reservaban para la producción de huevos aun cuando el Programa ofrece también ponedoras con esa finalidad. Este hecho, sumado a la idea de diseño de programas independientes de producción de biotipos especiales para sistemas semi-intensivos ya mencionada y a la propuesta (Bassler, 2005) de que el genotipo ideal para la producción avícola orgánica o ecológica probablemente sea una población doble-propósito en la que, como en los inicios de la avicultura, los machos se destinan a la producción de carne y las hembras a la producción de huevos, condujo a la decisión de generar un ave de estas características destinada a un nicho particular de productores, con énfasis en la preservación del bienestar animal.

EL POLLO CAMPERO CASILDA

El proyecto destinado a generar una población de aves doble propósito se basó en la producción de un cruzamiento experimental de tres vías al que se denominó Campero Casilda (Figura 2). El mismo utiliza como madre un cruzamiento simple entre las poblaciones sintéticas A y ES, y como padre gallos de la población sintética AH'. Este, junto con los híbridos dobles, es uno de los esquemas de cruzamiento utilizado por la industria para la producción del parrillero comercial. En teoría, independientemente del sistema de producción, este diseño de cruzamientos permite utilizar diferentes fuentes de variancia genética presentes en las poblaciones involucradas. Por un lado, la variancia aditiva para caracteres productivos presentes en cada una de las diferentes poblaciones progenitoras, como así también la implicada en el fenómeno de complementariedad entre la población sintética paterna y la hembra F1. Por otro, la variancia no aditiva para caracteres reproductivos en el cruzamiento simple a utilizar como madre, que debe tener una postura acorde a su función como reproductora, como así también para caracteres de crecimiento en la respuesta heterótica esperable en el producto del cruzamiento terminal. La decisión de implementar un cruzamiento de esta naturaleza, diferente al cruzamiento simple habitual, se fundamentó en la modalidad de cría de las poblaciones sintéticas progenitoras. Desde su generación, estas poblaciones se mantuvieron cerradas, con bajo tamaño efectivo, lo que dio lugar al aumento de los niveles de consanguinidad. La depresión endogámica asociada a la base predominantemente no aditiva de los caracteres vinculados con la eficacia biológica adquiere particular trascendencia en este caso por tratarse de aves destinadas a la reproducción que requieren mantener un adecuado desempeño en caracteres tales como madurez sexual, fertilidad, incubabilidad de los huevos, etc. La naturaleza local de las poblaciones sintéticas utilizadas no permitía introducir reproductores de otra procedencia para aumentar su base genética razón por la cual el cruzamiento brindó la oportunidad de revertir el deterioro asociado a la consanguinidad mediante respuestas de naturaleza heterótica.

Para decidir la combinación de poblaciones sintéticas tanto maternas como paternas a utilizar para generar el producto final de tres vías se siguió un esquema en etapas.

La primera de ellas consistió en evaluar las diferentes poblaciones sintéticas maternas. La disponibilidad de mano de obra e infraestructura en el núcleo genético se enfrentaba con la decisión de mantener las cinco poblaciones sintéticas con la consiguiente competencia de espacio y de trabajo o bien, dadas las similitudes de su composición genética inicial, decidir cuáles conservar para generar el cruzamiento simple a utilizar como



Figura 2. Cría de lote mixto de pollos Camperos Casilda de 2 semanas de edad.

madre del producto terminal. La evaluación del patrón de crecimiento y la uniformidad en peso corporal, la forma, el tamaño y el comportamiento dinámico del peso de sus huevos, los caracteres productivos a la madurez sexual, las curvas de postura, los ensayos de incubabilidad, y la condición corporal a la finalización del ciclo, dieron fundamento a la elección de las poblaciones sintéticas ES y A como mejores candidatas para generar la madre del cruzamiento de tres vías (Canet *et al.*, 2018/19). Esta evaluación también incluyó la caracterización del comportamiento dinámico del peso corporal (estimador de la biomasa a sustentar) y la longitud de la caña (estimador de la base de sustentación ósea de los tejidos blandos) de las progenies derivadas de utilizar a cada población sintética como madre en cruzamientos simples con la población sintética paterna AH' y en comparación con Campero INTA. Según el patrón de crecimiento en peso en función de la edad de las progenies, las cinco poblaciones sintéticas se mostraron equivalentes como potenciales progenitores hembra en la producción de pollos camperos alternativos a la versión tradicional de Campero INTA. La inclusión del crecimiento de la caña como estimador del desarrollo esquelético introdujo un elemento distintivo, correspondiendo las progenies con mayor base de sustentación ósea a las poblaciones sintéticas DE y ES, los valores intermedios a las poblaciones sintéticas A y CE, y E los menores valores a la población sintética (Dottavio *et al.*, 2013a).

Como complemento de la caracterización del crecimiento dimensional, Dottavio *et al.* (2014b) estudiaron la relación de conversión de alimento y los caracteres asociados en los que se basa su cálculo, en los mismos cruzamientos entre los 42 y los 70 días de edad. La progenie de la población sintética A presentó el mayor aumento medio diario de peso y el mayor consumo medio diario de alimento y la correspondiente a la población sintética E el menor valor promedio de ambas variables. La relación de conversión osciló entre 2,90 y

3,05 kg de alimento por kg de peso vivo, sin diferencias estadísticamente significativas en la capacidad de los diferentes grupos para transformar el alimento ofrecido en biomasa (Figura 3).



Figura 3. Machos en jaula Campero INTA (oscuro) y Campero Casilda (clara), para control de peso y alimento individual.

Por último, también se evaluó el rendimiento y la proporción de cortes valiosos y grasa a la faena. Todos los grupos presentaron valores promedio, tanto en rendimiento como en desarrollo de la pechuga, compatibles con su explotación comercial, con una proporción de grasa mayor en los cruzamientos experimentales que en Campero INTA. Las diferentes poblaciones sintéticas maternas se consideraron equivalentes en tanto ninguno de los caracteres considerados posibilitó establecer una distinción neta entre ellas (Dottavio *et al.*, 2014a).

En una segunda etapa se decidió que como progenitor paterno del cruzamiento se utilizarían gallos de la población sintética AH' por su condición de población mejorada por caracteres de crecimiento. Al mismo tiempo se planteó como objetivo evaluar las diferencias entre gallinas derivadas de los cruzamientos recíprocos entre las poblaciones sintéticas ES y A ante la eventual

presencia de efectos recíprocos. Se definieron, por lo tanto, dos cruzamientos experimentales de tres vías, ambos con padre AH': Campero Pergamino con madre (A x ES) y Campero Casilda con madre (ES x A), en ambos casos, el primero de los genotipos mencionados corresponde al progenitor paterno. Estos cruzamientos se compararon, con el pollo Campero INTA Tradicional con padre AS y madre E. El trabajo permitió arribar a dos conclusiones. En términos de comparación como genotipos a ser utilizados en sistemas semi-intensivos, la población sintética E y los cruzamientos recíprocos entre las poblaciones sintéticas ES y A mostraron ser equivalentes tanto en su comportamiento a la madurez sexual como en el patrón de modificación del peso del huevo durante el ciclo de postura. Subsidiariamente se desalentó la opción planteada por los destinatarios del Programa Pro-Huerta de reservar las hembras camperas como ponedoras en vez de destinarlas junto con los machos a la producción de carne, en tanto el mismo Programa ofrece ponedoras autosexantes semipesadas rústicas y adaptadas para la producción de traspatio con mejores valores de los indicadores productivos que las hembras camperas pesadas evaluadas (Canet *et al.*, 2014a).

Si bien el objetivo principal radicaba en la evaluación de las hembras (ES x A) y (A x ES), los machos Campero Casilda y Campero Pergamino se evaluaron también por su crecimiento y por su conformación corporal y desempeño a la faena.

Con respecto al crecimiento se observó que a la edad de faena de 12 semanas las aves Campero Casilda tendieron a ser más pesadas que las aves Campero Pergamino (Dottavio *et al.*, 2015).

La evaluación uni y multivariada de la conformación corporal de machos y hembras Campero Casilda y Campero Pergamino versus Campero INTA Tradicional como genotipo de referencia, tanto en términos de un conjunto de medidas lineales registradas antes de la faena como de cuatro índices zoométricos definidos por el grupo de trabajo, puso en evidencia una base genética al menos parcialmente independiente para forma y tamaño corporal. El estudio de componentes principales de la proporción de cortes valiosos y grasa abdominal y del rendimiento a la faena mostró la existencia de fuentes de variación para pechuga y pata-muslo independientes de la grasa corporal. También puso en evidencia dos fuentes de variación para pechuga, una de ellas independiente y la otra negativamente asociada con la proporción de pata-muslo. Si bien el análisis multivariado permitió caracterizar a las aves de uno y otro sexo en base a particularidades de potencial trascendencia selectiva no evidentes a partir de los respectivos análisis univariados, las diferencias entre grupos genéticos dentro de sexo no fueron productivamente trascendentes. A diferencia del antiguo pollo de campo, todos los grupos presentaron buen desarrollo muscular, mantuvieron el dimorfismo

sexual propio de la especie y exhibieron un fenotipo “tipo faisán” característico (Romera, 2012). Este fenotipo, junto con la pigmentación del plumaje diferente del blanco puro, los distingue de los híbridos utilizados en la avicultura industrial. En lo referente a los cortes de valor carnicero, pechuga y pata-muslo, los dos cruzamientos experimentales de tres vías y el grupo de referencia se consideraron similares (Canet *et al.*, 2014b).

La tercera etapa se planteó como objetivo comparar en términos de crecimiento, postura y caracteres del huevo, el desempeño de gallinas derivadas del cruzamiento entre las poblaciones sintéticas ES y A con el de gallinas de la población sintética E por ser esta última la habitualmente utilizada como progenitor materno del pollo Campero INTA. Tal comparación tuvo por finalidad corroborar las potenciales ventajas del cruzamiento en tanto generarlo implica una logística de mayor complejidad. Los valores de los diferentes indicadores propuestos para la evaluación integral de las dos alternativas de reproductoras maternas confirmaron las ventajas derivadas del cruzamiento. En comparación con la población sintética E, las aves (ES x A) presentaron menor edad y mayor peso corporal a la madurez sexual, y mayor uniformidad en peso corporal. También exhibieron una curva de postura más ventajosa en tanto alcanzaron un pico de mayor valor a menor edad junto a un mejor comportamiento productivo durante la etapa de persistencia. El patrón dinámico de aumento de peso del huevo presentó parámetros más ventajosos en relación al comportamiento ideal, los puestos en la segunda etapa del ciclo fueron más uniformes y no se observaron diferencias en la forma ni en la fertilidad y viabilidad global de los mismos (Canet *et al.*, 2018). Estos dos genotipos también han sido objeto de estudio por parte de la EEA Corrientes de INTA y del grupo dirigido por el Dr. Fernando Revidatti en la Cátedra de Producción de Aves de la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Nacional del Nordeste (Sanz *et al.*, 2020). Todos estos estudios estuvieron incluidos tanto en proyectos acreditados en las respectivas universidades involucradas como en diferentes proyectos de investigación de INTA.

EL POLLO CAMPERO CASILDA COMO PRODUCTOR DE CARNE

La evaluación integral de un nuevo genotipo de ave productora de carne de menor velocidad de crecimiento que el pollo parrillero industrial requiere tomar en consideración aspectos vinculados con su patrón de aumento de peso (en tanto el protocolo establece edades mínimas y máximas de faena), su relación de conversión (dado que la modalidad productiva supone un deterioro de la eficiencia alimenticia y el alimento representa el mayor componente del costo de producción), su

conformación corporal (que debe aproximarse al estándar carnicero) y, a la faena, el contenido de grasa y el rendimiento, tanto global como de los cortes de mayor valor, pechuga y pata-muslo. Asimismo, resulta de interés la evaluación de diferentes tipos de interacciones genotipo x ambiente. Por un lado, interacciones genotipo x ambiente climático, por tratarse de aves que cumplen parte del ciclo productivo con acceso a parques abiertos con pleno impacto de las condiciones ambientales. Por otro lado, interacciones genotipo x ambiente nutricional, considerando que reciben un alimento balanceado especialmente formulado con un cambio secuencial en la composición de las raciones que puede presentar inconvenientes tanto de disponibilidad como de manejo por parte de los productores.

En relación con la eficiencia alimenticia y los caracteres asociados que la definen, Dottavio *et al.* (2013b) compararon el desempeño de los cruzamientos experimentales de tres vías Campero Casilda y Campero Pergamino con el cruzamiento simple tradicional Campero INTA y observaron un comportamiento equivalente de los tres. Todos presentaron valores de conversión mayores a los 3 kg de alimento por kg de aumento de peso, muy superiores a los habituales en el modelo productivo intensivo. Esta cuestión debe ser necesariamente contemplada por las propuestas de producción de carne aviar en el marco de sistemas más extensivos que intentan resguardar el bienestar de los animales.

Canet *et al.* (2015), trabajando con los mismos tres genotipos, caracterizaron con un criterio multivariado la variación conjunta para peso corporal, proporción de pechuga, proporción de grasa y rendimiento a la faena. Si bien la técnica de componentes principales no permitió identificar agrupamientos significativos coincidentes con los grupos evaluados, posibilitó asociar dos de las componentes con fuentes independientes de variancia para peso corporal asintótico asociadas en forma positiva y negativa con el contenido de grasa corporal estimado a partir de la proporción de grasa abdominal y compatibles con su uso como índices biológicos de selección.

En el caso del Programa Pro-Huerta, los pollos camperos son distribuidos a zonas con muy diferente impacto de las variables medioambientales, particularmente las climáticas que, además, varían ampliamente dentro de las estaciones del año (Figura 4). Tal situación determina que las interacciones genotipo x ambiente cobren particular trascendencia. Dottavio *et al.* (2019a) evaluaron el efecto de la estación de crianza de machos Campero Casilda y Campero INTA sobre las variables productivas habitualmente analizadas como salidas en estos sistemas de producción. La evidencia obtenida indicó una mayor estabilidad de Campero Casilda ante el cambio de estación en términos de eficiencia de uso del alimento. Las aves criadas en



Figura 4. Macho Campero INTA en etapa de terminación, en el acceso al parque.

primavera presentaron mayor proporción de cortes valiosos y menor contenido de grasa que las criadas en otoño. Estas respuestas estuvieron asociadas a un menor peso corporal atribuible a los efectos detrimentales de la temperatura ambiente sobre la tasa de crecimiento.

El esquema tradicional de alimentación del pollo Campero incluye la utilización de tres tipos de alimentos especialmente formulados a tal fin (iniciador, crecimiento y terminador). Esta situación introduce complicaciones en el manejo, particularmente en lo referido a la disponibilidad del alimento “crecimiento” para los pequeños productores. Un esquema basado en sólo dos tipos de alimentos: iniciador y terminador representa una alternativa facilitadora del manejo de estas aves. Esta estrategia fue evaluada por Dottavio *et al.* (2019b). La evidencia indicó que el cambio en el manejo de la alimentación no afectó el crecimiento, la relación de conversión ni los caracteres a la faena. Tampoco se observó interacción genotipo x ambiente nutricional en tanto Campero Casilda y Campero INTA se comportaron de manera equivalente ante el cambio de alimentación.

La caracterización de Campero Casilda incluyó, por último, su comportamiento ante diferentes propuestas de manejo relacionadas con las restricciones impuestas

por el protocolo vigente y la factibilidad de modificarlo. Esta preocupación tomó en consideración que el pollo campero es un ave apta para ser utilizada por productores interesados en diversificar su producción e incursionar en el mercado de productos orgánicos u otras estrategias productivas vinculadas con planteos de tipo agroecológico y para los cuales la ecuación costo-beneficio reviste particular importancia. La primera cuestión consideró la modalidad de crianza. El estudio de su comportamiento en lotes mixtos, habitual en la producción de carne, versus la separación por sexo necesaria para poder restringir a las hembras dada su condición de aves pesadas si se las destinara a postura, mostró diferente comportamiento según el sexo considerado. La estrategia fue ventajosa para los machos, en tanto al crecer solos lo hicieron hacia un mayor peso asintótico y con menor tasa de maduración, lo que implicó mayor eficiencia alimenticia. Este patrón no afectó el peso a la edad de faena ni el rendimiento y se tradujo en mayor proporción de los cortes de valor carnicero y menor proporción de grasa. Las hembras criadas en lotes por separado crecieron hacia un menor peso asintótico, con mayor tasa de maduración, relación desfavorable en términos de eficiencia alimenticia y alcanzaron menor peso a la edad de faena. Si bien presentaron menor contenido de grasa e igual proporción de pata-muslo, manifestaron una leve reducción en la proporción de pechuga y en el rendimiento. La respuesta observada en las hembras es desfavorable en términos de producción de carne, pero resulta beneficiosa si, como se propone, se las destina a producción de huevos. (Antrúe et al., 2018a).

Como segunda cuestión se consideró la edad de faena, que el protocolo establece entre un mínimo de 75 y un máximo de 84 días. Dado el dimorfismo sexual propio de la especie y las potenciales demandas del mercado por aves de mayor o menor peso, se evaluó el efecto de cuatro edades de faena - 70, 77, 84 y 91 días - sobre los caracteres a la faena. Los resultados indicaron que la modificación de la edad de sacrificio permitiría disponer de aves de diferente peso corporal para satisfacer potenciales diferencias en la demanda sin modificar la calidad de la carne y con bajo impacto sobre el rendimiento (Perrotta *et al.*, 2018).

Como tercera cuestión se tomó en consideración que el protocolo vigente limita la densidad de aves permitida por unidad de superficie a un máximo de 10 por m² en la superficie cubierta (galpón) y 2 por m² en la zona de parque, tanto en el caso de aquellas destinadas a faena como para los reproductores. Un criterio menos riguroso posibilitaría llevar a cabo crianzas más numerosas en el mismo espacio físico mejorando los ingresos de un sistema penalizado por la menor eficiencia alimenticia de este tipo de ave. Dentro de los límites ensayados en este trabajo, ni la disminución de la densidad indicada

por el protocolo de producción en busca de mayor bienestar, ni su aumento en busca de mayor rentabilidad, afectaron en forma significativa el crecimiento ni la conformación corporal. Tampoco se vieron afectados la uniformidad en peso corporal, la proporción de cortes valiosos, la grasa abdominal y el rendimiento a la faena. La ausencia de efectos detrimentales del aumento de la densidad sobre caracteres de trascendencia económica brindó fundamentos para proponer modificaciones en el protocolo con miras a flexibilizar las restricciones que impone respecto de esta cuestión, de manera tal de favorecer el retorno económico de los emprendimientos productivos (Antruejo *et al.*, 2018b).

CAMPERO CASILDA COMO AVE DE POSTURA

Dada su condición de aves pesadas originalmente pensadas para la producción de carne, la utilización de las hembras Campero Casilda como ponedoras requiere mantenerlas con asignación restringida de nutrientes. Dicho manejo de la alimentación tiene por finalidad evitar los efectos contraproducentes del alto peso corporal sobre el proceso global de oviposición ampliamente descriptos en las reproductoras destinadas a la producción del pollo parrillero comercial. Como ave doble propósito, Campero Casilda es el eslabón final de un esquema de cruzamientos controlados para la producción de carne y huevos para consumo y no para la producción de huevos incubables. Este planteo requiere mantener en el núcleo genético las poblaciones sintéticas ES, A y AH', producir la hembra híbrida (ES x A) y entregarla a los centros multiplicadores juntamente con gallos de la población sintética paterna para que lleven a cabo el cruce de tres vías. Una alternativa posible para simplificar el plan de cruzamientos sería utilizar a Campero Casilda como población base de una población sintética en cuyo caso tanto machos como hembras cumplirían roles como reproductores. Ya sea que el producto final sean huevos para consumo o huevos para incubar, la oviposición se ve comprometida por el antagonismo genético crecimiento-reproducción. La caracterización de la población de hembras incluyó, hasta el presente, el estudio de su patrón dinámico de crecimiento durante la fase improductiva prepostura y durante el ciclo productivo, el comportamiento de los caracteres productivos a la madurez sexual, las curvas de postura y el patrón dinámico de aumento de peso del huevo. En su condición de ponedoras los caracteres mencionados se compararon con los de gallinas semipesadas Negra INTA y Rhode Island Red utilizadas en sistemas semi-intensivos. Como productoras de huevos incubables se las comparó con los valores informados en las guías de producción de Cobb 500® y Ross 308® dos reproductoras comerciales pesadas.

El patrón de crecimiento previo a la puesta del primer huevo representa, junto con la edad cronológica, la composición corporal y el desarrollo genital, un indicador de trascendencia productiva. Su evaluación puso en evidencia que el modelo de restricción impuesto a las aves Campero Casilda las mantiene en la fase de autoaceleración de su curva de crecimiento sigmoideo con reducción de la tasa exponencial previa al inicio de control en la asignación de nutrientes. Las aves semipesadas, Negra INTA y Rhode Island Red mantenidas *ad libitum*, son más maduras, superan el punto de inflexión e ingresan en la fase de desaceleración de la curva crecimiento antes de romper postura (Romera *et al.*, 2018). La comparación de los patrones dinámicos de crecimiento dimensional de los mismos tres genotipos durante el ciclo completo mostró que Campero Casilda, con alimentación restringida, presentó el mayor peso corporal asintótico y la menor velocidad para alcanzarlo (menor tasa de maduración para peso corporal). En el otro extremo, Rhode Island Red presentó el menor peso corporal asintótico y la mayor tasa de maduración para el carácter, correspondiendo a Negra INTA valores intermedios de ambos estimadores. Estos resultados confirmaron la habitual asociación negativa entre peso asintótico y tasa de maduración para el carácter (Canet *et al.*, 2019).

La caracterización multivariada de la variancia intrapoblacional para seis caracteres productivos evaluados a la madurez sexual (edad y peso corporal a la puesta del primer huevo, peso del primero y de los 10 primeros huevos, número de días requeridos para poner los 10 primeros huevos, como indicador de regularidad en el inicio de la oviposición, y coeficiente de variación del peso de los 10 primeros huevos, como indicador de uniformidad de los mismos) posibilitó identificar a un grupo de aves caracterizadas por iniciar su postura con mayor edad y mayor peso corporal, con un comienzo de la etapa productiva más regular y con huevos uniformes de mayor peso, una conjunción de caracteres deseable para el inicio del ciclo. La trascendencia de esta identificación radica en la utilidad reconocida del análisis de componentes principales como estrategia para generar índices biológicos de selección con miras en utilizar a Campero Casilda como población base para el desarrollo de una raza sintética (Romera *et al.*, 2019).

Con respecto a las curvas de postura, Campero Casilda presentó un comportamiento compatible con la propuesta de su empleo como ponedoras. En tal sentido presentó una tasa de postura del 88% en el pico de producción alcanzado a las 10 semanas de puesta y una tasa de decaimiento lineal durante la fase de persistencia de 0,0117% por semana hasta la finalización del ciclo. En comparación con las ponedoras semipesadas contemporáneas, Campero Casilda mostró mayor precocidad y presentó el pico de postura una semana antes que Negra INTA y tres semanas antes

que Rhode Island Red. Por su parte, la tasa de postura en el pico fue un 8,3% menor a la alcanzada por Negra INTA y un 0,8% mayor que la mostrada por Rhode Island Red. Al considerar como 100% el área bajo la curva correspondiente a la ponedora autosexante Negra INTA, el desempeño relativo de Rhode Island Red fue del 88,8% y el de Campero Casilda del 84,6% (Romera *et al.*, 2020a).

En lo que al patrón dinámico de aumento de peso del huevo se refiere, la discriminación de las aves Campero Casilda por su edad a la madurez sexual puso en evidencia que aquellas menos precoces, presentaron mayor peso corporal y pusieron huevos de mayor tamaño inicial y asintótico, sin diferencias en la tasa de maduración del peso del huevo respecto de las más precoces. Estas últimas, por su parte, iniciaron su postura de manera irregular, requirieron más días para poner los 10 primeros huevos cuyo peso presentó, además, mayor coeficiente de variación. Las aves que comenzaron su postura con huevos más uniformes en peso mantuvieron esa diferencia en toda la curva. Estos resultados permitieron concluir, siempre con miras a generar una población sintética de doble propósito, que la selección temprana de aves que inicien su postura con mayor edad y peso corporal, en forma regular y con huevos más pesados y uniformes, estaría acompañada de un patrón dinámico favorable en el peso del huevo (Romera *et al.*, 2020b).

Evaluadas como reproductoras y en comparación con dos tipos de aves pesadas comerciales utilizadas con esa finalidad –Ross 308® y Cobb 500®– Campero Casilda presentó una serie de ventajas. Las aves del cruzamiento experimental crecieron hacia un peso asintótico significativamente inferior y, contrariamente a lo esperado, presentaron también una menor tasa de maduración para peso corporal que ambos genotipos de referencia. Este comportamiento puso en evidencia particularidades en su patrón dinámico de aumento de peso en ambiente restringido. Con relación al patrón dinámico de aumento de peso del huevo en función de la edad de postura Campero Casilda presentó un patrón de modificación caracterizado por dirigirse hacia un mayor valor asintótico y hacerlo con menor velocidad, con un rango de aumento entre el peso del primer huevo y el peso asintótico del mismo orden y un mayor peso teórico del primer huevo que ambos tipos de reproductoras comerciales. Los resultados pusieron en evidencia cierta independencia en la base genética poligénica que controla la modificación temporal del peso corporal y el peso del huevo, ya observada en trabajos previos (Di Masso *et al.*, 1998; Dottavio *et al.*, 2001b). Ello abre la posibilidad de combinar en una misma gallina patrones dinámicos más favorables de ambas variables de indudable trascendencia productiva en la avicultura de puesta. En términos productivos,

y en comparación con los genotipos comerciales de referencia, el cruzamiento experimental de tres vías Campero Casilda presentó una combinación favorable de los dos patrones dinámicos –peso corporal y peso del huevo– estudiados. Su menor peso corporal representa una ventaja porque, dada la asociación positiva entre peso y consumo, estaría asociado a un menor costo de la alimentación. Paralelamente, pese a la asociación positiva entre peso corporal y peso del huevo, el menor peso de las aves no repercutió negativamente sobre el peso del huevo (Romera y Di Masso, 2019).

Finalmente, en comparación con Ross 308® y Cobb 500® las diferencias en las curvas de postura no fueron tan extremas como las observadas con las ponedoras semipesadas. Campero Casilda fue menos precoz, presentó menor tasa de postura en el pico de la curva y una disminución del desempeño global entre el 3% y el 7%. Como dato adicional cabe destacar que las poblaciones sintéticas que dan origen a Campero Casilda no han sido sometidas a presión selectiva alguna, mientras que las dos poblaciones comerciales son producto de un proceso de mejoramiento genético por parte de las compañías que las producen. En este caso, el menor desempeño de las aves camperas se explicó por su comportamiento en la fase previa a la presentación del pico con menor velocidad de aproximación a un pico de postura de menor valor. En la etapa de persistencia, en cambio, si bien partiendo de un valor inicial menor, Campero Casilda presentó una menor pendiente de declinación de la tasa de postura (Romera *et al.*, 2020a).

Dada su condición de aves doble propósito, la evaluación de las hembras por su condición corporal al final del ciclo agregó a la caracterización como ponedora y como reproductora, su valor carnívor como gallinas de descarte (Canet *et al.*, 2017).

ESTUDIOS VINCULADOS AL COMPLEJO MAYOR DE HISTOCOMPATIBILIDAD

Un último aspecto en la caracterización del pollo campero incluyó estudios moleculares vinculados con el complejo mayor de histocompatibilidad (MHC) llevados a cabo en forma conjunta por las EEA Alto Valle, Anguil y Pergamino de INTA; las Universidades de Río Negro, Buenos Aires, Católica Pontificia Argentina y de Luján y la Universidad de Wisconsin (Iglesias *et al.*, 2019, 2021). Los estudios se fundamentaron en que esta región del genoma presenta genes que codifican para proteínas involucradas en la respuesta inmune con un rol importante en la resistencia a enfermedades y permitieron identificar tres haplotipos propios de la población de aves camperas, dos de los cuales probablemente se originaron a partir de eventos de recombinación del MHC.

CONCLUSIÓN

La información generada en el marco de una caracterización exhaustiva del cruzamiento experimental de tres vías Campero Casilda lo posiciona como una alternativa válida para ser utilizada como ave de doble propósito en sistemas alternativos al modelo productivo intensivo. Además de su potencialidad para la producción de carne y huevos, el desempeño de las hembras como reproductoras pesadas justifica su utilización como punto de partida para la generación de una nueva raza sintética que simplificaría su producción y distribución tanto a los actuales destinatarios del Programa Pro-Huerta como a productores interesados en explotar el nicho de la avicultura orgánica y evitaría la práctica cada vez más resistida de sacrificar los pollitos machos de las poblaciones de aves ponedoras.

AGRADECIMIENTOS

Los autores desean expresar su más profundo agradecimiento a todos los estudiantes de la carrera de Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional de Rosario que, a lo largo de los años, colaboraron con entusiasmo y responsabilidad en la implementación de los aspectos experimentales de este programa y en el cuidado y control de las aves. La caracterización de Campero Casilda como ponedora se llevó a cabo en el marco de una beca PERHID del CIN.

BIBLIOGRAFÍA

- Antruejo A.E., Savoy J.P., Montenegro A., Savoy J.C., Canet Z.E., Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2018a) Separación por sexo y caracteres productivos en un cruzamiento experimental de tres vías de pollo campero. *Analecta Vet.* 38 (2): 10-17.
- Antruejo A.E., Savoy J.P., Perrotta C.H., Canet Z.E., Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2018b) Densidad de alojamiento y caracteres productivos en un cruzamiento experimental de tres vías de pollo campero. *Ciencia Veterinaria*, 20 (2): 67-80.
- Barbato G.F. (1999) Genetic relationships between selection for growth and reproductive effectiveness. *Poult. Sci.*, 78(3): 444-452.
- Bassler A.W. (2005) Organic broilers in floorless pens on pasture. Doctoral Thesis. Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden .
- Bonino M.F. (1997) Pollo Campero. Protocolo para la certificación. INTA. EEA Pergamino.
- Bonino M.F., Canet Z.E. (1999) El pollo y el huevo campero. INTA. EEA Pergamino.
- Brambell F.W.R. (1965) Report of the Technical Committee to Enquire into the Welfare of Animals kept under Intensive Livestock Husbandry Systems. Command Report 2836. London: HMSO. <https://edepot.wur.nl/134379>. Consultado agosto de 2021.
- Canet Z.E. (2017) Genotipos híbridos alternativos para la producción de gallinas ponedoras aptas para sistemas productivos semi-extensivos y multipropósito que preserven el bienestar animal. Tesis Doctoral, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario, Rosario, Argentina.
- Canet Z.E., Fain Binda V., Terzaghi A., Romera B.M., Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2009) Condición corporal a la faena luego de un ciclo único de postura en poblaciones experimentales de ponedoras camperas. *Revista Cubana de Ciencia Avícola*, 33 (1): 75-77.
- Canet Z.E., Romera B.M., Fain Binda V., Terzaghi A., Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2012) Indicadores productivos a la madurez sexual en poblaciones experimentales de ponedoras camperas. *Rev. Arg. Prod. Anim.*, 32 (1): 37-46.
- Canet Z.E., Advínculo S.A., Fernández R., Martines A., Librería J.E., Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2014a) Caracteres productivos a la madurez sexual y peso del huevo en función de la edad de postura en tres grupos genéticos de gallinas camperas. *Compend. Cienc. Vet.*, 4 (1): 7-12.
- Canet Z.E., Advínculo S.A., Sciutto A.C., Librería J.E., Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2014b) Conformación corporal y caracteres a la faena en machos y hembras de dos híbridos experimentales de tres vías de pollos camperos. *Ciencia Veterinaria*, 16 (1): 29-47.
- Canet Z.E., Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2015) Identificación de fuentes de variancia para caracteres productivos en pollos camperos mediante componentes principales. *RTA Revista de Tecnología Agropecuaria*, 10 (29): 25-28.
- Canet Z.E., Advínculo S.A., Librería J.E., Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2017) Condición corporal de gallinas reproductoras camperas al finalizar el primer ciclo de postura. *Revista de Tecnología Agropecuaria*, 10 (33): 47-49.
- Canet Z.E., Advínculo S.A., Martines A., Librería J.E., Romera B.M., Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2018) Evaluación de dos alternativas genéticas de gallinas reproductoras para la producción de pollos camperos. *Rev. Arg. Prod. Anim.* 38 (2): 73-85.
- Canet Z.E., Romera B.M., Librería J.E., Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2018/19) Caracterización productiva de cinco poblaciones sintéticas de gallinas reproductoras camperas. *Veterinaria Cuyana*, 13: 5-17.
- Canet Z.E., Romera B.M., Martines A., Advínculo S.A., Librería J.E., Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2019) Crecimiento dimensional de gallinas camperas pesadas y semipesadas en su primer ciclo de postura. *Actas 42° Congreso Argentino de Producción*

- Animal. Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina, 15 al 18 de octubre de 2019.
- Chambers J.R. (1993) Genetics of growth and meat production in chickens. In: Crawford, R.D. (Ed.) Poultry Breeding and Genetics, Elsevier, Amsterdam, The Netherlands, pp. 599-644.
- Crandal P.G., Seideman S., Ricke S.C., O'Bryan C.A., Fanatico A.S., Rainey R. (2009) Organic poultry. Consumer perceptions, opportunities, and regulatory issues. *J. Appl. Poul. Res.*, 18 (4): 795-802.
- Di Masso R.J., Dottavio A.M., Font M.T. (1994). Heterotic and reciprocal effects on fertility and hatchability in laying hens. *Comunicaciones Biológicas*, 12 (3): 237-243.
- Di Masso R.J., Dottavio A.M., Canet Z.E., Font M.T. (1998) Body weight and egg weight dynamics in layers. *Poult. Sci.* 77 (6): 791-796.
- Dottavio A.M. (2017) Genotipos híbridos alternativos para la producción de aves de carne aptas para sistemas productivos semi-extensivos y multipropósito que preserven el bienestar animal. Tesis Doctoral. Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad Nacional de Rosario, Rosario, Argentina.
- Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2010) Mejoramiento avícola para sistemas productivos semi-intensivos que preservan el bienestar animal. *BAG J. Basic Appl. Genet.* XXI (2) Art. 12.
- Dottavio A.M., Di Masso R.J., Font M.T. (1995) Heterosis y efectos recíprocos en la eficiencia de crecimiento y producción de gallinas ponedoras. *Mendeliana* 11 (1): 17-27.
- Dottavio A.M., Canet Z.E., Álvarez M., Creixell B., Di Masso R.J., Font M.T. (2001a) Productive traits in hybrid hens with Fayoumi maternal genotype. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 9 (2): 57-62.
- Dottavio A.M., Peralta L., Faletti C., Di Masso R.J., Font M.T. (2001b). Peso corporal y peso del huevo en híbridos simples y de tres vías de gallinas ponedoras. *In Vet (Investigación Veterinaria)* 3 (1-2): 75-80.
- Dottavio A.M., Canet Z.E., Faletti C., Peralta L., Font M.T., Di Masso R.J. (2003) Peso corporal y peso del huevo en híbridos experimentales de gallinas ponedoras con diferente genotipo paterno. *Análisis multivariado. BAG J. Basic Appl. Genet.* 15 (1): 29-32.
- Dottavio A.M., Canet Z.E., Faletti C., Álvarez M., Font M.T., Di Masso R.J. (2005) Yolk:albumen ratio in experimental hybrid layers with different paternal genotype. *Arch. Zootec.* 54: 87-95.
- Dottavio A.M., Álvarez M., Canet Z.E., Font M.T., Di Masso R.J. (2007) Patrón de crecimiento de híbridos experimentales para la producción de pollo campero. *Rev. Arg. Prod. Anim.* 27 (2): 75-82.
- Dottavio A.M., Librería J.E., Romera B.M., Font M.T., Di Masso R.J. (2008) Eficiencia de conversión de híbridos experimentales para la producción de pollo campero. *Revista FAVE - Sección Ciencias Veterinarias* 7 (1-2): 7-15.
- Dottavio A.M., Canet Z.E., Álvarez M., Martínez A., Advínculo S., Di Masso R.J. (2009) Proporción de pechuga, muslo y grasa abdominal y rendimiento a la faena en poblaciones experimentales de pollos camperos. *Revista Cubana de Ciencia Avícola* 33 (1): 17-19.
- Dottavio A.M., Amoroto I., Romera B.M., Álvarez M., Canet Z.E., Di Masso R.J. (2010) Conformación corporal en poblaciones de pollos para carne con diferente velocidad de crecimiento. *Revista FAVE-Sección Ciencias Veterinarias* 9 (2): 25-36.
- Dottavio A.M., Álvarez M., Librería J.E., Antruejo A.E., Canet Z.E., Di Masso R.J. (2012) Caracteres a la faena en híbridos experimentales para la producción de pollo campero. *Revista Cubana de Ciencia Avícola* 36 (1): 23-30.
- Dottavio A.M., Álvarez M., Advínculo S.A., Martínez A., Canet Z.E., Di Masso R.J. (2013a) Análisis dimensional del crecimiento en cinco híbridos experimentales de pollos camperos con diferente genotipo materno. *Revista FAVE - Sección Ciencias Veterinarias* 12 (1): 53-70.
- Dottavio A.M., Fernández R., Librería J.E., Martínez A., Advínculo S.A., Antruejo A.E., Canet Z.E., Di Masso R.J. (2013b) Eficiencia alimenticia en machos y hembras de dos híbridos experimentales de tres vías de pollos camperos. *Revista Ciencia Veterinaria*, 15 (1): 25-38.
- Dottavio A.M., Advínculo S.A., Librería J.E., Romera B.M., Canet Z.E., Di Masso R.J. (2014a) Caracterización comparativa a la faena de cinco híbridos experimentales de pollo campero con diferente genotipo materno. *Analecta Vet.* 34 (1-2): 5-10.
- Dottavio A.M., Fernández R., Antruejo A.E., Martínez A., Canet Z.E., Di Masso R.J. (2014b) Relación de conversión y caracteres relacionados en cinco híbridos experimentales de pollos camperos con diferente genotipo materno. *Revista FAVE - Sección Ciencias Veterinarias*, 12 (1-2): 75-84.
- Dottavio A.M., Serrano C., Velázquez J.; Trillo Nunes M., Canet Z.E., Di Masso R.J. (2015) Análisis dimensional del crecimiento en machos y hembras de dos híbridos experimentales de tres vías de pollos camperos. *Revista Cubana de Ciencia Avícola* 39 (2): 18-25.
- Dottavio A.M., Advínculo S.A., Martínez A., Librería J.E., Canet Z.E., Romera B.M., Di Masso R.J. (2019a) Interacción genotipo x estación del año sobre caracteres de producción de carne en pollos camperos. *Comp. Cienc. Vet.* 9 (01): 15-21.
- Dottavio A.M., Fernández R., Romera B.M., Advínculo S.A., Martínez A., Librería J.E., Canet Z.E., Di Masso R.J. (2019b) Evaluación de dos cruzamientos experimentales de tres vías de pollo campero bajo dos manejos de la alimentación. *Veterinaria (Montevideo)* 55 (212): 57-65.
- Emmerson D.A. (1997) Commercial approaches to genetic selection for growth and feed conversion in domestic poultry. *Poult. Sci.* 76: 1121-1125.
- European Commission (2000) The welfare of chickens kept for meat production (Broilers). Report of the Scientific Committee on Animal Health

- p and Animal Welfare.
-
- https://ec.europa.eu/food/system/files/2020-12/sci-com_scah_out39_en.pdf
- . Consultado julio de 2021.
- Iglesias M.G., Canet Z.E., Cantaro H., Miquel M.C., Melo J.E., Miller M.M., Berres M.E., Fulton, J.E. (2019) MHC-B haplotypes in "Campero-INTA" chicken synthetic line. *Poult. Sci.* 98 (11): 5281–5286.
- Iglesias M.G., Beker M.P., Remolins J.S., Canet Z.E., Librería, J.E., Cantaro H., Maizon, D.O., Fulton, J.E. (2021) MHC-B variation in maternal and paternal synthetic lines of the Argentinian Campero INTA chicken. *Poult. Sci.* 100 (8): 101253.
- Lampkin N. (1997) Organic poultry production. Welsh Institute of Rural Studies. University of Wales Aberystwyth. http://orgprints.org/9975/1/Organic_Poultry_Production.pdf Consultado julio 2021.
- Librería J.E., Di Masso R.J., Canet Z.E., Font M.T., Dottavio A.M. (2003) Crecimiento, consumo de alimento y eficiencia alimenticia en pollos Campero INTA con diferente genotipo materno. *Revista FAVE – Sección Ciencias Veterinarias* 2 (1): 71–78.
- Mair G. (2021) Agronegocio de especialidad: Huevo Orgánico en Argentina, estudio de caso. Trabajo Final Integrador. Especialización en Producción Avícola. Universidad Nacional de Luján, Luján, Argentina.
- Melo J.E., Castillo J.L., Mallo G., Ciacciariello M., Canet Z.E., Miquel M.C. (2001) Evaluación de mediciones físicas de ultrasonido para estimaciones del peso de la pechuga. *Braz. J. Poult. Sci.* 1 (3):1–6.
- Melo J.E., Motter M.M., Morao L.R., Hugue, M., Canet Z.E., Miquel M.C. (2003) Use of in-vivo measurements to estimate breast and abdominal fat content of a free-range broiler strain. *Anim. Sci.* 77 (1):23–31.
- Melo J.E., Romano E., Canet Z., Miquel M.C. (2006) Genetic parameters of growth and feed efficiency in a free-range broiler stock. *Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 13–18 August, CD ROM communication, 336–41.
- Oliva E. (2021) Agronegocio de especialidad: Pollo Orgánico y pastoril en Argentina, estudio de caso. Trabajo Final Integrador. Especialización en Producción Avícola. Universidad Nacional de Luján, Luján, Argentina.
- Perrotta C.H., Antruejo A.E., Álvarez C.H., Canet Z.E., Dottavio, A.M., Di Masso R.J. (2018) Edad de sacrificio y caracteres productivos a la faena en machos de un cruzamiento experimental de tres vías de pollo campero. *Revista Científica FAV-UNRC Ab Intus*, 1 (1): 53–58.
- Romera B.M. (2012) Conformación corporal a la faena en machos y hembras de dos híbridos experimentales de tres vías de pollo campero y en un híbrido comercial. Trabajo Final Integrador. Especialización en Producción Avícola. Universidad Nacional de Luján, Luján, Argentina.
- Romera B.M., Di Masso R.J. (2019) Campero Casilda como gallina ponedora para sistemas semi-intensivos que preservan el bienestar animal. *Caderno de Resumos. AUGM, XXVII Jornadas de Jovens Pesquisadores. São Carlos, Brasil*, 23–25 de octubre 2020. p. 384.
- Romera B.M., Canet Z.E., Antruejo A.E., Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2011) Comportamiento dinámico del peso corporal temprano en pollos de carne con diferente edad al mismo peso objetivo de faena. *Analecta Vet.* 31 (2): 13–18.
- Romera B.M., Martines A., Librería J.E., Canet Z.E., Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2018) Crecimiento dimensional prepostura de gallinas camperas con asignación inicial de nutrientes a discreción y posterior restricción alimenticia. *Revista FAV-UNRC Ab Intus*, 2 (1): 56–63.
- Romera B.M., Canet Z.E., Ledesma M., Librería J.E., Advínculo S.A., Martines A., Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2019) Variancia intrapoblacional para caracteres a la madurez sexual en gallinas del cruzamiento Campero Casilda. *Revista FAVE – Sección Ciencias Veterinarias* 18(1): 30–35.
- Romera B.M., Martines A., Advínculo S.A., Fernández R., Librería J.E., Canet Z.E., Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2020a) Curva de postura de gallinas Campero Casilda de primer ciclo. *Revista FAV-UNRC Ab Intus*, 6 (3), 36–46, 2020.
- Romera B.M., Martines A., Canet Z.E., Dottavio A.M., Di Masso R.J. (2020b) Comportamiento dinámico del peso del huevo en gallinas camperas discriminadas por indicadores productivos a la madurez sexual. *Cienc. Vet.* 22 (2): 71–96.
- Sanz P., Sindik M., Fernández R., Revidatti, F. (2020) Madurez sexual e indicadores asociados en dos genotipos de gallinas bajo diferentes programas de alimentación. *Rev. Vet.* 31 (2): 142–145.
- Sauveur B. (1997) Les critères et facteurs de la qualité des poulets Label Rouge. *INRA Productions Animales* 10: 219–226.

AGRONOMIC ASPECTS OF RELEVANCE IN BASE POPULATIONS FOR PLANT BREEDING




ASPECTOS AGRONÓMICOS DE RELEVANCIA EN POBLACIONES UTILIZADAS COMO BASE PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL

Rimieri, P.¹

¹ Estación Experimental
Agropecuaria Pergamino,
Instituto Nacional de Tecnología
Agropecuaria (INTA), Avenida
Frondizi (Ruta 32) km 4,5, 2700
Pergamino, Argentina.

Corresponding author:
Pedro Rimieri
primieri730@gmail.com

 ORCID 0000-0002-6291-8998

Cite this article as:
Rimieri, P. 2021. AGRONOMIC
ASPECTS OF RELEVANCE IN BASE
POPULATIONS FOR PLANT BREEDING.
BAG. Journal of Basic and Applied
Genetics Vol XXXII Issue 2: 71–74.

ABSTRACT

The objective of this work was to analyze the complexity of the agronomic components and their incidence in the selection criteria for the development of base populations for plant breeding. In that analysis, a discussion was carried out on the interaction of plant breeding with other disciplines and specific selection methods for an each day more sustainable agriculture.

Key words: aspectos agronómicos en mejoramiento genético vegetal, mejoramiento genético de poblaciones, selección en plantas

RESUMEN

El objetivo de este trabajo fue analizar la complejidad de los componentes agronómicos y su incidencia en los criterios de selección de las poblaciones utilizadas como base del mejoramiento genético vegetal. En ese análisis se discutieron la interacción del mejoramiento genético con otras disciplinas y los métodos de selección específicos para una agricultura cada día más sustentable.

Palabras clave: agronomic aspects in plant breeding, population breeding, plant selection

Received: 12/17/2021

Accepted: 12/22/2021

General Editor: Elsa Camadro

DOI: 10.35407/bag.2021.32.02.08

ISSN online version: 1852-6233

INTRODUCCIÓN

La finalidad de publicar un artículo de opinión como este fue, centrados en el mejoramiento genético vegetal, analizar la complejidad tecnológica que involucra a la agronomía, a sus producciones, y a la sustentabilidad de los sistemas agropecuarios. Todo el proceso de mejoramiento genético tiene como objeto elegir, generar y concentrar genes favorables en poblaciones y genotipos, que serán la base de la selección y de la aplicación de métodos y herramientas de la genética, la biología, la biometría y otras disciplinas.

El mejoramiento genético de una especie es un emprendimiento económico que debe ser concebido para obtener progresos genéticos importantes a corto plazo sobre ciertos caracteres, mientras se preparan progresos genéticos más importantes a largo plazo sobre otros caracteres o sobre los mismos, con la mejor utilización posible de los medios disponibles.

En la bibliografía hay un cúmulo de trabajos que relacionan a la genética como disciplina asociada al germoplasma, la selección y el mejoramiento genético en varios aspectos, primordialmente centrados en la diversidad genética y en la variabilidad genética. Sin embargo, pocos autores han considerado la complejidad de las ciencias agronómicas como condicionante del proceso selectivo de germoplasma adaptado o de los criterios de selección e índices de selección aplicados. Hay aspectos biológicos, probabilísticos y económicos que, en una serie de etapas según el sector o producto agrícola que se considere, pueden significar hasta 20 años de desarrollo interdisciplinario y complejo antes de llegar a la etapa comercial. En ese esquema, las poblaciones utilizadas como base para el mejoramiento genético vegetal y la definición del núcleo metodológico y científico de la selección constituyen el eje del presente trabajo. Por eso, el objetivo del trabajo fue analizar la complejidad de los componentes agronómicos y la incidencia de la misma en los criterios de selección de las poblaciones artificiales utilizadas en fitomejoramiento y en sus cultivares derivados.

COMPLEJIDAD DE LA AGRONOMÍA Y SUS RAMAS

La agronomía y sus ramas estudian a diferentes cultivos en ambientes y microambientes diversos. Hay, además, procesos biológicos, químicos, económicos, sociales, ambientales y políticos, entre otros, que contribuyen a la complejidad mencionada. Las técnicas y prácticas de manejo agronómico (que incluyen control de enfermedades y plagas, fertilización y manejo del agua del suelo, control de malezas y monitoreos durante todo el ciclo del cultivo) se deben considerar al encarar

procesos biológicos diversos que, a su vez, están interrelacionados. La combinación de esas prácticas de manejo agronómico, en íntima relación con la selección y el mejoramiento genético, logran mayores rendimientos en los cultivos aplicando desde selección empírica hasta mejoramiento genético con el apoyo de técnicas avanzadas.

Si bien los aumentos de producción futuros deben ser más respetuosos con el ambiente, es el mejoramiento genético la disciplina que más contribuirá con la implementación de esos nuevos enfoques agronómicos, con nuevos y mejores cultivares que generarán los alimentos y parte de la energía verde con la materia orgánica de los efluentes pecuarios y la producción de cultivos energéticos. Nuevos criterios de selección, con caracteres específicos y complementarios, reducirán la huella hídrica y la huella de carbono, ambas asociadas a la sustentabilidad agrícola.

Las tecnologías del mejoramiento genético vegetal, incluida la ingeniería genética, son determinantes del avance de la agronomía a través de cultivos variados, que primariamente deben asegurar la producción de alimentos en la misma superficie terrestre y con mayor eficiencia en el uso del agua. El fitomejoramiento, sin duda, es una herramienta poderosa para lograr armonía entre la agricultura y el ambiente, o entre agricultores, ecologistas y formuladores de políticas para el sector.

POBLACIONES ARTIFICIALES GENERADAS Y SUS CARACTERÍSTICAS

Las poblaciones y genotipos que se generan artificialmente como germoplasma de base estarán condicionados y adaptados a estructuras genéticas y sistemas reproductivos particulares. En algunos grupos de especies, los primeros criterios de selección involucrados serán la domesticación y la adaptación al ambiente y al cultivo. En la mayoría de las especies, la selección se concentrará en mejorar las características de las colecciones de trabajo y su ampliación, ya que se trata de poblaciones o genotipos a los que se aplicarán métodos de selección acorde a sus sistemas reproductivos dominantes, y formarán parte del llamado material élite de la selección y el mejoramiento genético (líneas, poblaciones, genotipos).

Posteriormente, habrá una etapa de evaluaciones agronómicas multilocalidades en ensayos con diseño estadístico particular y en ensayos de laboratorio, hasta llegar a definir el cultivar experimental que pasará a la fase comercial. Como en general se desean mejorar simultáneamente varios caracteres que difieren en variabilidad, heredabilidad, correlación feno/genotípica e importancia económica, la selección

por índices generalmente complementa a los criterios de selección. Esos índices de selección y sus pesos económicos sintetizan la complejidad que conlleva una selección efectiva, que deberá compatibilizarse con la metodología del mejoramiento genético más acorde al sistema productivo donde se insertará el nuevo cultivar. El proceso mencionado es continuo, con distintas etapas simultáneas y una mejora constante de la colección de trabajo formada por poblaciones, líneas o genotipos generados artificialmente.

Para elegir, generar y concentrar genes favorables en poblaciones y genotipos, que serán la base de la selección y de la aplicación de métodos y herramientas de la genética, la biología, la biometría y otras disciplinas, se deberán considerar los sistemas genéticos involucrados, los modos de reproducción, el tamaño de las poblaciones para encontrar los fenotipos acordes al criterio de selección, los métodos de mejoramiento aplicados y las frecuencias génicas. Estos fenómenos y procedimientos son la base de la selección fenotípica y genotípica.

Según los sistemas genéticos y los sistemas reproductivos de las especies a mejorar, hay siete diferentes tipos de genotipos utilizados como base de la selección, a saber: línea pura, línea endocriada, genotipo apomíctico (símil clon), clon (símil genotipo clonado), población, híbrido F_1 y genotipo segregante de la hibridación artificial. Estos tipos de genotipos son la base para generar nuevos cultivares, que darán sustento a cultivos cada vez más productivos, en los ambientes más diversos y con sustentabilidad agrícola.

EL NÚCLEO METODOLÓGICO Y CIENTÍFICO DE LA SELECCIÓN

Los principios del mejoramiento genético se apoyan en los recursos genéticos disponibles, los medios materiales y los recursos humanos. Para utilizar mejor esos recursos genéticos de base para la selección, el seleccionador tiene que predecir el valor genotípico a través de los valores fenotípicos de caracteres complejos, que están determinados por genes no identificados. Esta enunciación nos permite ver el aspecto esencial del mejoramiento genético de plantas, que es el aspecto probabilístico, ya que hay un gran número de genes en juego con la complejidad de caracteres cuantitativos, cuya expresión depende en gran medida del medio. Un genotipo reacciona según el ambiente y el fenotipo es medido en niveles de observación (planta, órgano, tejido, célula) y de análisis (biométrico, bioquímico, molecular). El seleccionador debe manipular su material de base globalmente y eso se sintetiza en la denominada variabilidad genética, que debe estar disponible para selección en poblaciones o genotipos previamente

adaptados. El denominado progreso genético depende en gran medida de esa variabilidad y del método de selección aplicado. La selección indefectiblemente reduce la variabilidad genética, ya que el mejoramiento genético concentra genes o combinaciones de genes favorables. Esa estrategia integrada de la selección resume un panorama sobre las bases biométricas y genéticas para la obtención de cultivares, que supone una dinámica interacción con otras disciplinas biológicas en general y agronómicas en particular.

La combinación de lo científico con lo tecnológico, para mejorar la producción, calidad, sanidad, tolerancia a plagas y estreses abióticos con una estrategia integrada de selección, permite hacer un uso eficiente de la variabilidad genética disponible en el germoplasma o de la generada por métodos de selección específicos según los modos de reproducción o las estructuras genéticas involucradas.

LOS MÉTODOS Y LAS HERRAMIENTAS DEL PROCESO SELECTIVO

La selección de plantas, desde siempre y actualmente con el mejoramiento genético vegetal, representa el avance científico incesante más extraordinario y sustentable para la alimentación humana. Ese proceso se inició con la selección ancestral y empírica en algunas especies hasta el siglo XX y luego prosiguió con el mejoramiento genético y la obtención de nuevos tipos de cultivares, con desarrollo tecnológico e innovación en la mayoría de las especies cultivadas y en especial en torno a 50 de ellas en todo el mundo. La incorporación al mercado de semillas de los cultivares híbridos, y posteriormente las herramientas biotecnológicas y la transgénesis, marcaron etapas trascendentes de la selección de plantas y del avance científico-tecnológico en el área. En cuanto a las poblaciones de base para el mejoramiento genético con métodos y herramientas biológicas, el proceso de obtención incluyó: 1) fases para aumentar la variabilidad genética, fijarla e incorporarla y 2) utilización de técnicas para acelerar el proceso selectivo.

Para aumentar la variabilidad genética, las mutaciones espontáneas y la mutagénesis para generarlas, así como la producción y explotación de los poliploides y de híbridos interespecíficos e intergenéricos, fueron fenómenos y métodos utilizados en mayor o menor medida dependiendo de las especies, sus sistemas reproductivos y sus estructuras genéticas, para generar variación inducida o nuevas especies. También, en muchos casos, estos métodos fueron empleados para resolver problemas agronómicos de especies cultivadas que incluyen portainjertos en fruticultura, nuevas variantes en ornamentales y en cereales que confieren

características diversas como la adaptación al manejo agronómico de los cultivos mediante cambios en el porte, la calidad y coloraciones, así como también en atributos nutraceuticos o de conservación de los productos cosechados. La transferencia de genes por la hibridación interespecífica, la hibridación somática y la transgénesis también aumenta la variabilidad genética, además de resolver problemas agronómicos y contribuir a la sustitución de moléculas sintéticas y a la sustentabilidad del cultivo al que se le aplica alguna de estas tecnologías para mejorar la aptitud agronómica de la especie cultivada.

Para acelerar el proceso selectivo, la haplodiploidización, la multiplicación vegetativa *in vitro* y la genómica son los principales métodos aplicados en los cultivos más importantes. La haplodiploidización se aplica en maíz, arroz, papa, tabaco, colza, espárrago, pimiento, trigo y cebada. Las diversas técnicas de multiplicación vegetativa se aplican en plantas hortícolas y florísticas, principalmente. Relacionado con la genómica, la biología molecular provee diversos medios para abordar y aplicar esta tecnología complementaria de la selección mendeliana y biométrica, que termina en nuevos cultivares adaptados a condiciones ambientales y de producción que son, además, variables en tiempo y espacio.

Desde la generación hasta la difusión de un nuevo cultivar y considerando también el aporte que el mismo hace al sistema agrícola, hay barreras estructurales y económicas a considerar. Para llevar a cabo un programa de fitomejoramiento hasta la etapa comercial, la obtención de un cultivar sigue una serie de fases que, según el sector, puede significar hasta 20 años de desarrollo. Existen estimaciones de que hasta 88% de los aumentos de rendimiento de los principales cultivos se debieron a la mejora genética vegetal. Hay que destacar, además, que la estabilidad de rendimiento en los cultivos, un criterio de selección importante, se logra en el marco de una inestabilidad climática característica de los cultivos agrícolas en el mundo, con la complejidad tecnológica que abarca a la agronomía, a sus producciones y a la sustentabilidad de los sistemas agropecuarios, como se planteó en la introducción. Finalmente, la adopción de variedades de alto rendimiento desempeñó un papel clave en la reducción del hambre durante los últimos 100 años. Con las nuevas tecnologías complementarias, más potentes para seleccionar, se lograrán grandes avances en el futuro, especialmente con el desarrollo de nuevas poblaciones y genotipos. Las bases biométricas y genéticas para la obtención de cultivares son la fuente inagotable de nuevas combinaciones de genes favorables y sus interacciones para el desarrollo de nuevos cultivares para una agricultura cada día más sustentable.

BIBLIOGRAFÍA SUGERIDA

- Barnes A.P., Ferreira J., Revoredo-Giha C.R.G., Hoad S., Hoebe P., Burnett F. (2016) The UK Plant Breeding Sector and Innovation (CT-RES-042). Report for the Intellectual Property Office. https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/552498/Plant-breeders.pdf (consultado 26 de noviembre de 2021)
- Bradshaw J.E. (2017) Plant breeding: past, present and future. *Euphytica*, 213(3): 60.
- Brummer E.C., Barber W.T., Collier S.M., Cox T.S., Johnson R., Murray S.C., Olsen R.T., Pratt R.C., Thro A.M. (2011) Plant breeding for harmony between agriculture and the environment. *Front. Ecol. Environ.* 9(10): 561-568.
- Camadro E.L., Mendiburu A.O. (1988) Utilización de germoplasma en el mejoramiento de la papa. *Rev. Latinoam. Papa*, 1(1): 35-43.
- Camadro E.L., Rimieri P. (2021) Conservación de germoplasma Ex situ revisada a la luz de mecanismos y métodos de genética. *BAG. Journal of Basic and Applied Genetics*, 32(1): 11-24.
- Doré C., Varoquaux F. (2006) Histoire et amélioration de cinquante plantes cultivées. Editions Quae. Paris
- Observatorio Iberoamericano de la Ciencia, la Tecnología y la Sociedad (OCTS-OEI). 2021. El Potencial Del Mejoramiento Vegetal En La Búsqueda De Sustentabilidad y Seguridad Alimentaria. Papeles del Observatorio N° 19, febrero de 2021. <https://observatorioocts.oei.org.ar/wp-content/uploads/2021/02/Papeles-19-Web-VERSION-FINAL.pdf> (consultado 29 de noviembre de 2021)
- Gallais A. (1990) Théorie de la Sélection en amélioration des plantes. Masson. Paris.
- Hallauer A.R. (2007) History, Contribution, and Future of Quantitative Genetics in Plant Breeding: Lessons From Maize. *Crop Sci.* 47: S4- S19. doi: 10.2135/cropsci.2007.04.0002IPBS.
- Rimieri P., Wolff R. (2010) La genética y el estado actual de la obtención y adopción de cultivares forrajeros en Argentina. *BAG. Journal of Basic and Applied Genetics*, 21(2).
- Rimieri P. (2013) La estructura genética de poblaciones de plantas condiciona la interpretación de parámetros y su alcance en caracteres ecofisiológicos. *BAG. Journal of Basic and Applied Genetics*, 24: 5-10. |
- Rimieri P. (2017) La diversidad genética y la variabilidad genética: dos conceptos diferentes asociados al germoplasma y al mejoramiento genético vegetal. *BAG. Journal of Basic and Applied Genetics*, 28(2): 7-13.

BAG

**Journal of Basic
& Applied Genetics**