



Acta universitaria

ISSN: 0188-6266

ISSN: 2007-9621

Universidad de Guanajuato, Dirección de Investigación y
Posgrado

Ángeles Espino, Alejandro; Pimienta Barrios, Enrique; Padilla García,
José M.; Arellano Rodríguez, Luis J.; Rodríguez Guzmán, Eduardo

Evaluación del vigor híbrido en cruzas de girasol (*Helianthus annuus L.*) con líneas tempranas s 1 de bajo contenido de aceite

Acta universitaria, vol. 31, e2905, 2021

Universidad de Guanajuato, Dirección de Investigación y Posgrado

DOI: <https://doi.org/10.15174/au.2021.2905>

Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=41669727004>

- ▶ Cómo citar el artículo
- ▶ Número completo
- ▶ Más información del artículo
- ▶ Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org
UAEM

Sistema de Información Científica Redalyc
Red de Revistas Científicas de América Latina y el Caribe, España y Portugal
Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso
abierto

Evaluación del vigor híbrido en cruzas de girasol (*Helianthus annuus* L.) con líneas tempranas s₁ de bajo contenido de aceite

Evaluation of hybrid vigor in sunflower (*Helianthus annuus* L.) crosses from s₁ early lines with low oil content

Alejandro Ángeles Espino¹, Enrique Pimienta Barrios¹, José M. Padilla García¹, Luis J. Arellano Rodríguez¹ y Eduardo Rodríguez Guzmán^{1*}

¹Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias. Universidad de Guadalajara. Camino Ramón Padilla Sánchez No 2100, Nextipac, Zapopan, Jalisco México. CP 45100. Tel. 33 37771160 y Fax 33 3771150. Correo electrónico: eduardo.rguzman@academicos.udg.mx aangeles1305@gmail.com enrique.pimienta@academicos.udg.mx jpadilla@cuba.udg.mx javier.arellano@academicos.udg.mx

*Autor de correspondencia

Resumen

El girasol es la cuarta oleaginosa más importante a nivel mundial por su producción. Un objetivo en su mejoramiento genético es identificar y seleccionar líneas superiores para formar híbridos precoces de alto rendimiento y contenido de aceite. En este estudio, para probar si con líneas tempranas S₁ con bajo contenido de aceite es posible lograr progenies de alto contenido con base en efectos de heterosis, se obtuvieron líneas S₁ de la variedad TECMON-2, se seleccionaron las de bajo contenido de aceite y se obtuvieron híbridos que se evaluaron con dos testigos (DO-704 y TECMON-2) en bloques al azar con tres repeticiones. La heterosis registrada de hasta 65% para este carácter en los híbridos experimentales dio como resultado híbridos con diferentes niveles de rendimiento y contenido de aceite (similares y superiores al testigo comercial), tal es el caso del híbrido H-1, el cual permitió estimar una producción final de aceite superior a todos los genotipos empleados en el estudio.

Palabras clave: Heterosis; híbridos simples; depresión endogámica; mejoramiento genético convencional.

Abstract

Sunflower is the fourth largest oilseed in the world due to its production. One objective for its genetic improvement is to identify and select higher lines to form early, high-performance, oil-containing hybrids. In this study, in order to test whether it is possible to achieve high-content progenies through early lines S₁ with low oil content, S₁ lines of the variety TECMON-2 were obtained, the low oil content lines were selected, and hybrids which were evaluated with two witnesses (DO-704 and TECMON-2) in random blocks with three repetitions were obtained. The heterosis recorded for up to 65% for this character in experimental hybrids resulted in hybrids with different levels of yield and oil content (similar and superior to the commercial witness), such as H-1 hybrid, which allowed to estimate a final oil production superior to all genotypes used in the study.

Keywords: Heterosis, simple hybrids, inbred depression, conventional genetic improvement.

Recibido: 18 de mayo de 2020

Aceptado: 26 de noviembre de 2020

Publicado: 03 de febrero de 2021

Como citar: Ángeles Espino, A., Pimienta Barrios, E., Padilla Alvarado, J. M., Arellano Rodríguez, L. J., & Rodríguez Guzmán, E. (2021). Evaluación del vigor híbrido en cruzas de girasol (*Helianthus annuus* L.) con líneas tempranas s₁ de bajo contenido de aceite. *Acta Universitaria* 31, e2905. doi. <http://doi.org/10.15174/au.2021.2905>

Introducción

Para México, el girasol es una planta oleaginosa que reviste varios aspectos importantes. Por principio, Bye et al. (2009) indican que México es el centro de origen más antiguo del girasol (*Helianthus annuus* L.), basado en el análisis de documentos históricos de México y semillas arqueológicas recientemente descubiertas en los estados de Tabasco y Morelos. Su domesticación data de la época precolombina en México, donde se han encontrado semillas fosilizadas que datan de hace 4 mil años, aunque la sistematización de su cultivo se realizó alrededor del año 1000 d. c. Los girasoles cultivados fueron importantes durante la época prehispánica y del virreinato en el centro de México, y desde el siglo XVI los colonizadores llevaron la planta a Europa principalmente para ornato. Sin embargo, no fue sino hacia el siglo XIX que en Rusia se empezó a cultivar esta planta y se comenzaron a realizar los primeros esfuerzos para su transformación en aceite (Cerero, 2008).

Desde el punto de vista económico, el girasol es la cuarta oleaginosa más importante a nivel mundial por su producción anual, seguida de la soya, la canola y el cacahuate (Radanović et al., 2018). A pesar de que la producción de oleaginosas en México se ha incrementado en la última década, aún existe un déficit en la producción de girasol en el país, lo cual obliga a importar esta oleaginosa de países como Argentina (54.69% del total), Estados Unidos (28.09%) y España (4.58%). Sin embargo, México ocupa el séptimo lugar en extracción de aceite y cuenta con aproximadamente 50 plantas para la extracción y refinación de este (Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación [Sagarpal], 2017). La importación de semilla de girasol como insumo comercial a la industria en el quinquenio de 2015 a 2019 significó una erogación promedio anual de 96 129 000 dólares (Banco de México [Banxico], 2020) por la importación de alrededor de 20 millones de toneladas anuales en promedio (Nosis Trade, 2020)

Además del uso para la extracción de aceite, el girasol cultivado presenta diferentes usos como el aprovechamiento de la planta para forraje en verde o ensilado, solo o combinado con maíz. Adicionalmente, por ser atractiva su flor y recibir un sinnúmero de visitas de abejas melíferas, se emplea como cultivo melífero o para ornato; y el grano (o la pasta generada de la extracción del aceite del grano) resulta ser un alimento muy nutritivo para seres humanos, ganado o aves (Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias [INIFAP], 2017; Kantar et al., 2014). En la extracción de aceite cuyo contenido varía de 35% a 42% (Guo et al., 2017), su calidad está conformada por el contenido de ácidos grasos oleico (Omega 9) y linoleico (Omega 6), con influencia directa en el metabolismo del colesterol, aunado al alto contenido de proteína en la pasta residual (25%-35%) (Dagustu, 2018).

El mejoramiento genético del girasol se ha dirigido a incrementar el rendimiento y el contenido de aceite. Por ejemplo, Haro et al. (2007) reportaron que en las variedades cultivadas el contenido promedio de aceite es de 35.7% y de 28% en la población silvestre; por otro lado, en líneas mutantes, Cvejić et al. (2016) reportan de 50% a 54%. Las especies silvestres han sido empleadas, mediante cruzamientos con variedades cultivadas, como fuente significativa para la incorporación de genes de rusticidad (adaptación a condiciones adversas [abióticos], a insectos plaga y fitopatógenos, por ejemplo, resistencia a la palomilla del girasol *Homeosoma electellum* [Robles, 1986], principal plaga en girasol) para posteriormente, mediante retrocruzadas (BC) hacia cultivado, recuperar los caracteres favorables involucrados con los componentes del rendimiento, tales como rendimiento de aquenio, contenido y calidad de aceite (Seiler et al., 2017).

Uno de los objetivos en un programa de mejoramiento genético de girasol es la identificación y selección de líneas superiores de alta aptitud combinatoria general para la formación de buenos híbridos o sintéticos de alto rendimiento, con madurez temprana y con importantes rasgos agronómicos, como altura

de planta, cambios en la arquitectura (un solo tallo) o ciclo de vegetación (precocidad) (Ghaffari *et al.*, 2011; Riaz *et al.*, 2019; Tabrizi *et al.*, 2009; Vear, 2016).

El proceso de autofecundación y formación de líneas avanzadas (S₅ o S₆) se emplea comúnmente en especies alógamas para dar origen a híbridos con mayor homogeneidad de caracteres agronómicos y productivos y eliminación de caracteres no deseados, requiriendo ocho generaciones de autofecundación para alcanzar un nivel de homocigosis superior al 99% en un solo locus (Meksem & Kahl, 2005).

Sin embargo, la natural protandria de las flores en el capítulo, además de la presencia de varios grados de autoincompatibilidad que hacen del girasol una planta alógama obligada, limitan la obtención de líneas con alto grado de endogamia por factores genéticos, sobre todo a partir de poblaciones silvestres (Gandhi *et al.*, 2005). Asimismo, se incrementa de manera significativa la probabilidad de encuentro de genes incompatibles, lo que reduce la obtención de semilla viable en el capítulo. Esto último propicia que los híbridos se obtengan de cruzas simples utilizando líneas tempranas (S₂ o S₃) (Astiz *et al.*, 2011; Robles, 1986).

Una metodología alternativa viable para probar en girasol es la selección temprana de la progenie S₁, que en maíz se considera el método más rápido de mejoramiento intrapoblacional (Moll & Smith, 1981) y es utilizado ampliamente, dado que el método capitaliza genes con efectos aditivos y también elimina alelos recessivos deletéreos. La evaluación temprana de líneas además permite identificar progenitores potenciales de alto rendimiento, descartando líneas de bajo potencial, ya que es costoso llevarlas hasta generaciones avanzadas de endogamia. Al respecto, para la formación de híbridos competitivos a nivel comercial, Aguiar *et al.* (2003) señalan la necesidad de identificar líneas progenitoras sobresalientes en etapas tempranas. Lozano *et al.* (2010) subrayan que los esfuerzos prosiguen para la obtención de líneas prometedoras.

De acuerdo con lo anterior, se estableció como objetivo de la presente investigación probar si con líneas tempranas S₁ con bajo contenido de aceite en girasol (*Helianthus annuus* L.) es posible lograr progenies de alto contenido con base en efectos de heterosis.

Materiales y métodos

Material biológico

Se utilizó la variedad TECMON-2 procedente de un material segregante BC3 de la crusa de girasol desarrollada a partir de la crusa de girasol cultivado por silvestre (ambos *Helianthus annuus* L.). Se emplearon tres ciclos de retrocruza, técnica derivada de la crusa de prueba empleada por Gregorio Mendel (Allard, 1967; Cubero, 2013; Falconer, 1970; Sánchez-Monge *et al.*, 1955), y tres ciclos de selección masal modificada (Cubero, 2013; Robles, 1986), considerando como criterio de selección, principalmente, la resistencia a palomilla (*Homoeosoma electellum* Hulst.), conferida por una capa de fitomelanina (semilla negra) procedente del germoplasma silvestre. Y como arquetipo de planta se consideraron plantas erectas, precoces y de poca altura (1.9 m), un solo capítulo por planta de tamaño grande (841 semillas por capítulo) y contenido de aceite (35.55%) (Fick & Miller, 1997; Hernández & Orioli 1994; Iqrasan *et al.*, 2017; Robles, 2002; Terzić *et al.*, 2020). El germoplasma se cultivó en el Campo Agrícola Experimental del Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias de la Universidad de Guadalajara. La investigación se llevó a cabo en tres ciclos de cultivo, que incluyeron la formación de líneas S₁, formación de híbridos y evaluación (ensayo de rendimiento), los cuales se describen a continuación.

Formación de líneas S₁

Se sembraron 30 surcos de 10 m de longitud espaciados a 0.92 m con una distancia entre plantas de 0.25 m, obteniendo una población establecida de 1230 plantas, la cual sufrió daño por granizada, quedando sin daño 40% de la población original (492 plantas). Posteriormente, y previo a la dehiscencia de las anteras, se seleccionaron para autofecundar plantas sanas (sin síntomas de enfermedades), precoces y de porte medio; se cubrieron sus receptáculos florales o capítulos con bolsas de manta para evitar que los insectos polinizadores polinicen las flores y, durante el periodo de antesis, se frotaron para distribuir el polen dentro del capítulo y de esta manera autofecundar cada capítulo. Conforme se seleccionaron los capítulos y se autofecundaron, se identificaron con una etiqueta con la fecha en que se cubrieron y se les asignó un número consecutivo y el número de autofecundación se registró en el libro de campo. Los capítulos se cosecharon individualmente colocando la etiqueta en el interior de la bolsa, se desgranaron y se tomó una muestra de 10 g para determinar el contenido de aceite (Mannina & Segre, 2002). Se obtuvieron 40 autofecundaciones y se seleccionaron 23 de ellas como líneas para la formación de los híbridos, para lo cual debieron incluir características agronómicas favorables como: tamaño de capítulo grande, precocidad, porte medio, sanidad alta (Iqrasan et al., 2017), de semilla negra (resistente a la palomilla del girasol) y bajo contenido de aceite (Robles, 2002).

Formación de híbridos

Las 23 líneas S₁ seleccionadas por su bajo contenido de aceite se sembraron en 23 surcos de 10 m de longitud, separados a 0.92 m y una distancia entre plantas de 0.25 m. Las plantas seleccionadas como progenitor hembra para la formación de los híbridos se cubrieron con bolsas de manta para evitar la contaminación de polen extraño y se emascularon retirando las anteras en las primeras horas de la mañana para evitar la dehiscencia. Los capítulos en los progenitores macho se cubrieron con bolsas de papel y el polen se colectó sacudiéndolos una vez que el mismo fue liberado de las flores (considerando que la flor del girasol presenta protandria, es decir, que primero libera el polen y posteriormente aparece el estigma). Se retiró la bolsa de manta de las plantas hembra, y se depositó el polen de los progenitores macho (cruza planta a planta). Se cubrieron nuevamente para evitar la contaminación con polen extraño. Se identificaron los progenitores de cada cruce colocando una etiqueta en el progenitor femenino y así se registró en el libro de campo. Se enumeraron los híbridos "H" de 1 a 7; a partir de 14 líneas de las 23 obtenidas, siete se emplearon como hembra y siete como macho, en los cuales se logró obtener suficiente semilla para evaluación (en el resto no se obtuvo semilla suficiente) (tabla 1). Finalmente, se cosecharon individualmente, se desgranaron y se mezclaron los cruzamientos de los mismos progenitores, y se tomó la semilla necesaria para establecer el ensayo de rendimiento.

Tabla 1. Contenido de aceite (%) en Líneas S₁ progenitoras, híbridos y testigos de girasol (*Helianthus annuus* L.) y comparación de medias entre genotipos.

Genotipos	Progenitores					Híbridos y Testigos
	Línea S ₁	Femenino	Línea S ₁	Masculino	Promedio	
H-1	1	23.2	2	24.0	23.6	39 a
H-2	5	26.2	15	23.3	24.8	31 c
H-3	21	24.0	6	25.0	24.5	28 c
H-4	12	23.1	18	22.2	22.7	36 b
H-5	3	22.4	7	24.6	23.5	30 c
H-6	17	22.8	13	26.2	24.5	28 c
H-7	9	22.9	20	25.4	24.2	35 b
				DO-704		36 b
				TCM-2		30 c

*Tratamientos con la misma letra no difieren estadísticamente; Tukey ($p \leq 5\%$).

Fuente: Elaboración propia.

Evaluación de híbridos

Se diseñó un experimento simple en bloques al azar con nueve tratamientos y tres repeticiones. Se incluyeron como testigos la variedad TECMON-2 (TCM2) de polinización libre y el híbrido comercial DO-704 XL (DO-704) de la compañía Dahlgreen. La evaluación se llevó a cabo en 27 parcelas (unidad experimental) de tres surcos de 3 m de longitud espaciados a 0.92 m y una distancia entre plantas de 0.25 m. Se hicieron las labores culturales; no se fertilizó ni se aplicaron plaguicidas. Se cosechó a los 120 días cortando manualmente los capítulos de cada parcela, colocándolos en un costal e identificando cada híbrido. La semilla se secó, se desgranó y se obtuvo el peso por parcela y se hizo la conversión a t ha⁻¹.

Análisis estadístico

Los resultados se procesaron por análisis de varianza y los promedios se compararon mediante prueba de Tukey ($p \geq 5\%$), además se estimaron los valores de correlación de Pearson entre las variables evaluadas; los datos se procesaron en el paquete estadístico Minitab 18.

Para el contenido de aceite se estimó la heterosis respecto al promedio de los padres (HPP%) (González et al., 2016), de acuerdo con la siguiente expresión (Falconer, 1970; Falconer & Mackay, 1996; Hallauer et al., 2010):

$$(HPP\%) = \frac{F_1 - \frac{(Padre 1 + Padre 2)}{2}}{\frac{(Padre 1 + Padre 2)}{2}} \times 100 \quad (1)$$

donde F₁ corresponde a cada híbrido evaluado; Padre 1 es la línea S₁ empleada como progenitor femenino en cada híbrido; Padre 2 es la línea S₁ empleada como progenitor masculino en cada híbrido.

En el caso donde se comparó el comportamiento de los híbridos experimentales con los testigos, se determinó la heterosis relativa (% HRT), de acuerdo con la siguiente expresión (Reyes, 1978):

$$(\%) \text{ HRT} = \left(\frac{F1 - \text{Testigo}}{\text{Testigo}} \right) \times 100 \quad (2)$$

donde F1 corresponde a cada variedad evaluada y Testigo corresponde a TECMON 2 y DO-704 XL.

Variables evaluadas en el ensayo de rendimiento a los híbridos

Considerando los criterios empleados para definir el arquetipo de planta deseado (Fick & Miller, 1997; Hernández & Orioli 1994; Iqrasan et al., 2017; Robles, 2002; Terzić et al., 2020), se evaluaron las siguientes variables por tratamiento en cada una de las repeticiones:

Días a antesis. - Cuando el 50% de las plantas de la parcela se encontraban al 50% de floración.

Altura o porte de planta (m). - Se tomó una muestra de tres plantas midiendo del suelo a la base del capítulo y se obtuvo el promedio.

Diámetro de capítulo (cm). - Se midieron tres capítulos al término del periodo de antesis.

Rendimiento de aquenio. - Se pesó el aquenio de la parcela con un 13% de humedad, obteniendo los kilogramos (kg), y se hizo la conversión a t ha⁻¹. La determinación de humedad de aquenio se realizó de acuerdo con las reglas de la International Seed Testing Association (ISTA, 2016) mediante un determinador Steinlite NTEP Moisture Tester SL95, en el Banco de Germoplasma del Centro Universitario.

Contenido de aceite (%). - Se obtuvo por el método de resonancia magnética nuclear (Mannina & Segre, 2002). Se llevó a cabo en el laboratorio de oleaginosas del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP). Las muestras se colocaron en una estufa a 60 °C durante 24 horas y se dejaron enfriar durante 12 horas en un desecador. Posteriormente, se calibró el aparato utilizando un testigo de aceite de girasol para ajustar la lectura del tablero digital. Se midió un volumen de semilla de 30 cm³ por muestra, se pesó en una balanza analítica, se vertió en un tubo de ensaye y se introdujo al aparato; después de 8 segundos, se tomó la lectura. El porcentaje de aceite se obtuvo con la relación:

$$\% \text{ aceite} = \frac{\text{Peso aceite testigo} \times \text{lectura de la muestra}}{\text{Lectura del aceite testigo} \times \text{peso de la muestra}} \times 100 \quad (3)$$

Resultados y discusión

Días a antesis

El comportamiento de los genotipos evaluados presentó una diferencia significativa de acuerdo con el análisis de varianza ($p \leq 1\%$). Se constituyeron tres grupos en cuanto a ciclo vegetativo: el grupo 1 integrado por el testigo TECMON-2, el cual presentó la mayor precocidad (62 días) y estadísticamente diferente al resto de los genotipos (Tukey, $p \leq 5\%$); el grupo intermedio formado por los híbridos H-7, H-3 y H-6 junto con el testigo DO-704, con 68 y 69 días respectivamente; y los híbridos tardíos H-1, H-2, H-4 y H-5 con 70 y 72 días (tabla 2).

Tabla 2. Comparación de medias para rendimiento y caracteres agronómicos entre siete híbridos experimentales de girasol (*Helianthus annuus* L.) y dos testigos.

Genotipo	Altura de planta (m)	Diámetro de capítulo (cm)	Días a Antesis	Rendimiento (t/ha)
H-1	1.5 a*	23 a	72 c	2.2 ab
H-2	1.7 b	23 a	70 bc	2.2 ab
H-3	1.6 ab	25 a	69 b	2.2 ab
H-4	1.6 ab	24 a	71 c	2.2 ab
H-5	1.8 b	22 a	70 bc	2.5 a
H-6	2.0 c	23 a	69 b	1.9 b
H-7	1.9 bc	22 a	68 b	1.5 c
DO-704	1.5 a	23 a	69 b	2.3 a
TCM-2	1.5 a	22 a	62 a	1.4 c

*Tratamientos con la misma letra no difieren estadísticamente; Tukey ($p \leq 5\%$).

Fuente: Elaboración propia.

La heterosis relativa compara la respuesta de los híbridos experimentales con respecto a cada uno de los testigos (figura 1a). En lo que respecta a los días a floración, los valores positivos indican que los híbridos experimentales presentaron un ciclo de vida más largo que la variedad TECMON-2, desde 9.68% hasta 16.13% respecto al híbrido DO-704, por ser esta más tardía, las expresiones de heterosis relativas fueron menores, incluso negativa, desde -1.45% hasta 4.35%.

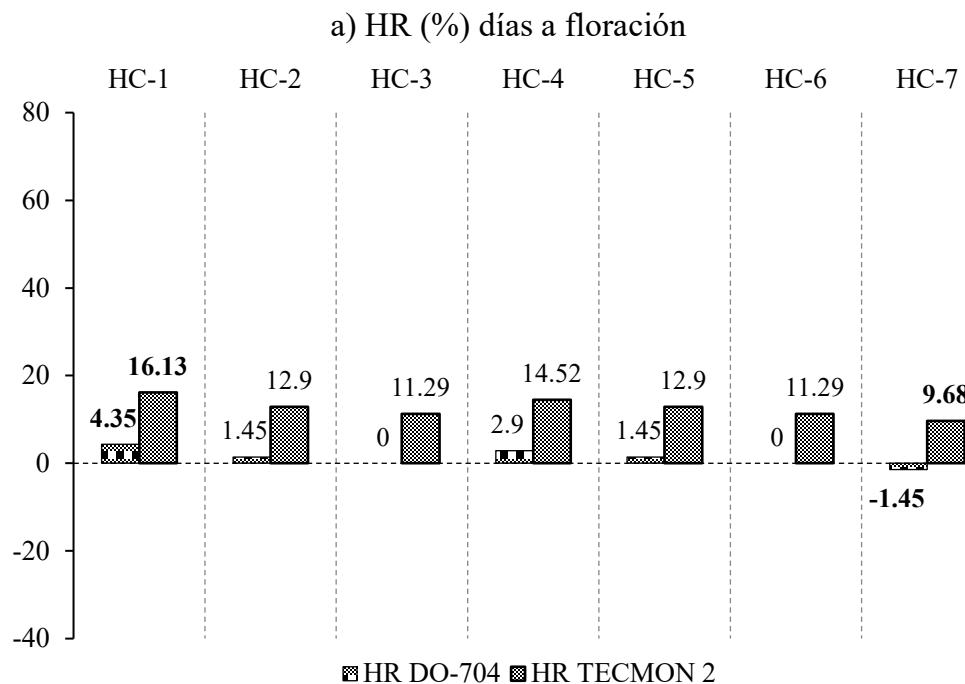


Figura 1. a) Heterosis relativa (HR) de siete híbridos en referencia a dos testigos para días a antesis.
Fuente: Elaboración propia.

Altura de planta

El porte tuvo un comportamiento estadísticamente significativo entre los genotipos evaluados, como se presenta en la tabla 2. Se diferenciaron tres grupos de acuerdo con la prueba de Tukey ($p \leq 5\%$), el primero con un porte bajo igual que los dos testigos y que oscila entre 1.5 m y 1.6 m, el segundo con una altura que varía de 1.7 m a 1.8 m y el tercero con un porte mayor a 1.9 m. Se obtuvieron híbridos de porte similar a los testigos comerciales, lo que los hace deseables para proponerlos a los productores (tabla 2).

Diámetro de capítulo

Esta variable no presentó diferencia significativa al 5% de probabilidad entre los genotipos evaluados, sin diferencia con respecto a la variedad testigo TECMON-2 (22 cm) de la que se derivaron, ni con el testigo comercial DO-704 (23 cm), lo que permite considerar que los híbridos experimentales evaluados compiten en tamaño de capítulo con los genotipos comerciales; sin embargo, los híbridos H-4 (24 cm) y H-3 (25 cm) presentaron mayor diámetro de capítulo, respecto a los testigos (tabla 2). Rani et al. (2017) señalan que es un carácter cualitativo de alta heredabilidad que por selección presenta un bajo avance genético.

Rendimiento de aquenio

El análisis de varianza presentó una diferencia significativa al 1% de probabilidad entre los genotipos evaluados. De acuerdo con la prueba de Tukey $\leq 5\%$, se formaron tres grupos: al de mayor rendimiento pertenecen los híbridos H-1, H-2, H-3, H-4 con un rendimiento de 2.2 t ha^{-1} y el híbrido H-5 con 2.5 t ha^{-1} y que estadísticamente no difieren con el testigo DO-704; al grupo de rendimiento intermedio pertenecen el híbrido H-6 con un rendimiento de 1.9 t ha^{-1} , el cual difiere estadísticamente del testigo DO-704 con menor rendimiento y superando en 19% a TECMON-2; y el tercer grupo se compone del híbrido H-7 y el testigo TECMON-2 de menor rendimiento con 1.4 t ha^{-1} y 1.5 t ha^{-1} , respectivamente (tabla 2). Resulta interesante considerar que el rendimiento promedio reportado por el Sistema de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP, 2020) es de 1.28 t ha , y el máximo reportado (en 2019) en el último quinquenio fue de 1.77 t ha , y aun ajustando el rendimiento experimental a un rendimiento comercial serían deseables algunos de los híbridos experimentales del grupo de mayor rendimiento.

Todos los híbridos expresaron una heterosis relativa positiva respecto de TECMON-2, variedad de donde se derivaron. Además, existe variación entre híbridos y, a pesar de provenir de líneas endogámicas del mismo parental, presentan diferencias que van desde 7.14% hasta 78.57%, con un grupo de híbridos con una HR para rendimiento similar (H-1 a H-4 con 57.14%). Para este mismo carácter, respecto del híbrido comercial DO-704, la heterosis relativa fue incluso negativa, desde -34.78% hasta 8.70%, este último fue el único valor positivo expresado por el híbrido H-5, que estadísticamente fue igual al testigo híbrido en la comparación de medias para este carácter (tabla 2, figura 1b).

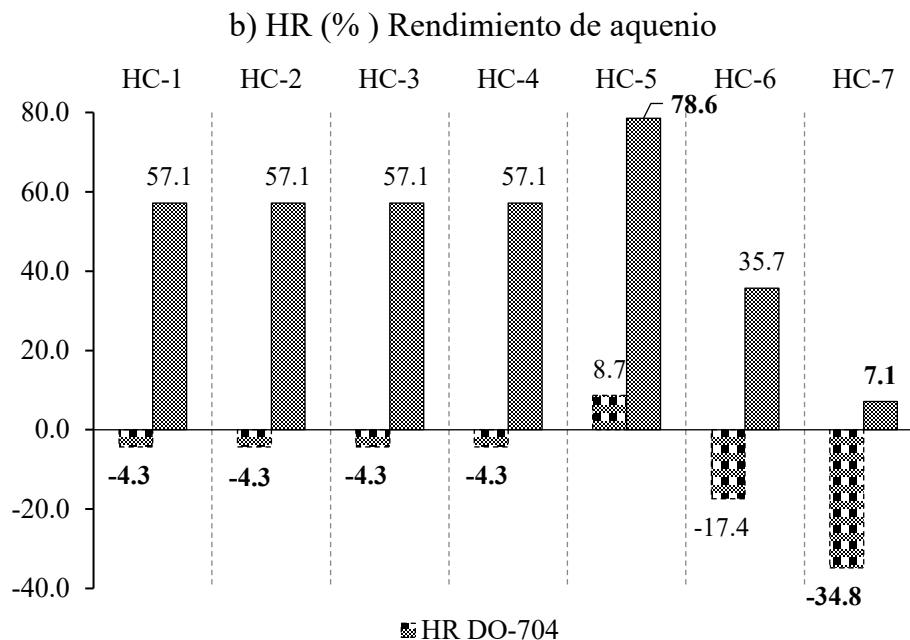


Figura 1. b) rendimiento de aquenio y contenido de aceite.
Fuente: Elaboración propia.

Contenido de aceite

Los resultados del análisis de varianza mostraron diferencia significativa al 1% de probabilidad entre los genotipos evaluados. El híbrido H-1 presentó el mayor contenido con 39%, estadísticamente diferente al resto de los tratamientos de acuerdo con la prueba de Tukey ($p \leq 5\%$), seguido de los híbridos H-4 y H-7 con 36% y 35%, respectivamente, y estadísticamente iguales al híbrido comercial DO-704 (tabla 1). El tercer grupo, que no difiere estadísticamente del testigo TECMON-2 (30%), corresponde a los de menor contenido y lo conforman los híbridos H-2, H-3, H-5 Y H-6 con el valor más bajo, de 28% a 31% (tabla 1).

La heterosis relativa en contenido de aceite de los híbridos experimentales respecto de TECMON-2 registró valores desde -6.67% hasta 30%, expresando variación en este carácter; algunos con menores contenidos que la variedad y otros con valores superiores. De forma similar, se observa que, respecto del híbrido DO-704, se obtuvieron valores negativos y positivos, desde -22.22% hasta 8.33% (figura 1c), y que solo el híbrido experimental H-1 registró un valor estadísticamente superior a este testigo (tabla 1) con 3% más de aceite.

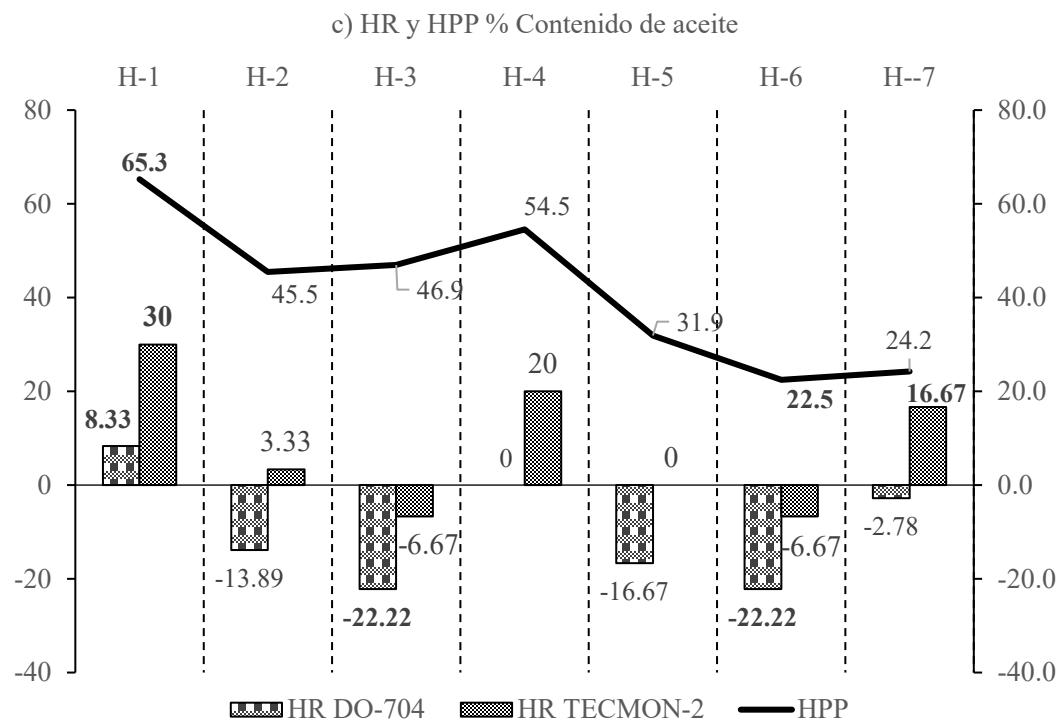


Figura 1. c) Heterosis con relación al promedio de los padres (HPP) en contenido de aceite.
Fuente: Elaboración propia.

Depresión endogámica y heterosis en el contenido de aceite

Los contenidos de aceite que oscilaron de 22.2% a 26.2% en las líneas S₁ derivadas de la variedad TECMON-2 (30%), así como el promedio de los progenitores de 22.65% a 24.75% (tabla 1), manifestaron depresión endogámica que va de 17.5% a 24.5%, respecto de TECMON-2 (figura 2a). En contraparte, el comportamiento de los híbridos experimentales fue superior al promedio de sus líneas progenitoras, con valores de heterosis o vigor híbrido que oscilan de 22.4% a 31.9% en tres de los híbridos (H-5, H-6 y H-7), con contenidos de aceite similares a TECMON-2. Cuatro de los híbridos experimentales presentaron un valor de heterosis de 45% a 65%, con contenido de aceite entre 35% y 39%, superando a TECMON-2 con 16% a 30% más aceite (figura 2b). Los resultados anteriores superan los contenidos reportados por Haro *et al.* (2007), quienes obtuvieron un promedio de 35.7% y similar contenido de aceite entre H-1 y el mejor de sus genotipos (cruza de cultivado por silvestre) con 38.96% de aceite. Por su parte, Cvejić *et al.* (2016) reportaron líneas mutantes de 50% a 54%, muy por encima de lo reportado en el presente estudio.

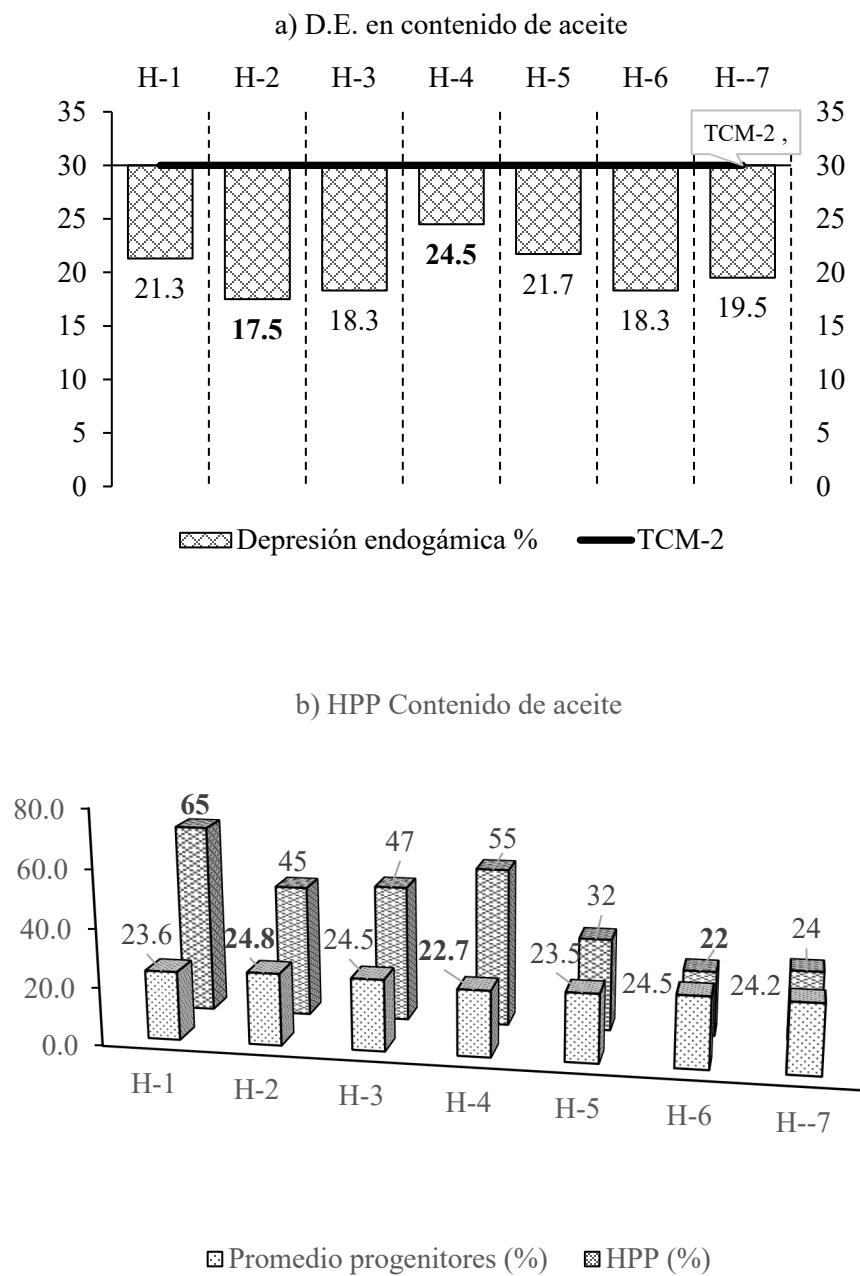


Figura 2. a) Niveles de depresión endogámica* (DE) con respecto a Tecmon-2; b) porciento de heterosis respecto al promedio de los progenitores (HPP), en contenido de aceite de siete híbridos experimentales de girasol (*Helianthus annuus* L.).

*Depresión endogámica: Diferencia del contenido de aceite promedio de los progenitores de cada híbrido, respecto al contenido de aceite en TECMON 2 (30%).

Fuente: Elaboración propia.

Correlaciones

Días a antesis y rendimiento (tabla 3) fueron las únicas variables que presentaron un valor de correlación significativo ($r = 0.76$), lo que indica que los híbridos tienden a un mayor rendimiento de aquenio cuando su ciclo vegetativo previo a antesis se prolonga, lo cual se deduce a través de la variable días a floración, pues considera el tiempo transcurrido desde la siembra hasta la antesis. Los híbridos de mayor precocidad

(68-69 días a antesis) tuvieron de manera general menor rendimiento que los híbridos tardíos (70 a 72 días); sin embargo, no hay gran diferencia en días entre el híbrido más precoz y el más tardío (cuatro días). Además, el híbrido con mayor rendimiento fue H-5, con 2.5 t ha⁻¹, estadísticamente similar al testigo comercial. La diferencia de cuatro días resultó en 700 kilos más de aquenios o 46% más de rendimiento.

Tabla 3. Valores de correlación y su significancia entre las variables evaluadas.

	Altura de planta	Diámetro de Capítulo	Días a antesis	Rendimiento	% Aceite
% Aceite	-0.42 ns	-0.09 ns	0.41 ns	0.12 ns	-----
Rendimiento	-0.17 ns	0.40 ns	0.76**	-----	
Días a antesis	0.11 ns	0.39 ns	-----		
Diámetro capítulo	0.26 ns	-----			
Altura de planta	-----				

*Diferencia significativa ($p \leq 5\%$); ns = diferencia no significativa ($p \geq 5\%$)

Fuente: Elaboración propia.

De Juan, de Santa & Botella (1992) señalan que una mayor duración del ciclo vegetativo previo a la antesis, expresado en grados días de desarrollo, repercute en una mayor producción de aquenios y, por tanto, de aceite. Para Escalante (1999), la duración y actividad de la fuente de fotosintatos en esta etapa determina el rendimiento. Habib *et al.* (2007) señalan que, si la antesis comienza antes, habrá suficiente tiempo disponible para el proceso de formación de granos, donde el 58% del incremento en rendimiento está influenciado por los días a antesis (duración del ciclo vegetativo que depende del genotipo), y el 42% se debe a factores abióticos tales como fertilidad del suelo y disponibilidad de nutrientes, agua, etc.

Ambos híbridos que sobresalieron de esta investigación fueron tardíos en días a floración (antesis). El híbrido H-5 que destacó como el de mayor rendimiento (2.5 t ha⁻¹), pero de menor contenido de aceite (30%), implicaría la producción de 750 kg de aceite; y el híbrido H-1 con un rendimiento de 2.2 t ha⁻¹ y 39% de aceite produciría 858 kg de aceite; mientras que el mejor Testigo comercial DO-704 produciría 828 kg de aceite.

Desde el punto de vista genético, se reporta que el contenido de aceite en los aquenios de girasol es un rasgo cuantitativo (poligénico) controlado por el genotipo de la planta (control esporofítico), con predominio de efectos genéticos aditivos y heredabilidad de media a alta (Fernández-Martínez *et al.*, 2009; Rauf *et al.*, 2020).

Hallauer *et al.* (2010) señalan que "a pesar de que la elección del germoplasma base sigue siendo la prioridad, todavía tenemos el reto de integrar herramientas moleculares eficaces para seleccionar rasgos cuantitativos que sean difíciles o caros de medir con baja heredabilidad". En este sentido, el utilizar marcadores moleculares en girasol está contribuyendo a implementar selección asistida por marcadores moleculares (MAS, por sus siglas en Inglés) para tales rasgos. Por ejemplo, Loci de características cuantitativas (QTL, por sus siglas en Inglés) asociado a diferentes componentes que determinan el contenido de aceite (porcentaje de grano en el aquenio y porcentaje de aceite en el grano) se han identificado y validado (Fernández-Martínez *et al.*, 2009).

Tang *et al.* (2006) identifican un efecto pleiotrópico del loci sobre el contenido de aceite que permitió establecer una combinación de selección asistida por marcador y fenotípico (basado en el locus hyp) para alto contenido de aceite durante el proceso de retrocruzamiento. Los marcadores codominantes son más útiles para el retrocruzamiento asistido por marcadores porque la selección entre la progenie de

retrocruzamiento implica la selección de progenie heterocigota. Si se utiliza un marcador dominante para la selección, seguirá siendo informativo en las generaciones posteriores retrocruzadas si el alelo dominante (que confiere presencia de banda) está relacionado con el alelo parental del donante.

Asimismo, los datos de secuencia genómica disponibles para el girasol podrán explotarse para desarrollar nuevos polimorfismo de un sólo nucleótido (o SNP por sus siglas en inglés) marcadores basados en genes de interés para minar la diversidad alélica relacionada con rasgos económicamente importantes, especialmente rasgos bien estudiados en otros organismos, como el contenido de aceite de semilla.

La selección genómica se ha considerado una forma útil de aumentar la eficiencia reproductiva de líneas parentales no caracterizadas y como alternativa a la aptitud combinatoria general y selección de poblaciones para rasgos económicos, como el contenido de aceite. La base de datos del genoma del girasol (<https://sunflowergenome.org/>) y el genoma XRQ (<https://www.heliagene.org/HanXRQ-SUNRISE/>) están disponibles en INRA Sunflower recursos bioinformáticos (<https://www.heliagene.org/>) y puede usarse para comparar regiones genómicas de girasol (Rauf *et al.*, 2020).

Conclusiones

Es posible obtener heterosis hasta de 65% en cruzas simples de girasol (*Helianthus annuus* L.) con líneas tempranas S₁ de bajo contenido de aceite derivadas a partir de una variedad segregante de cultivado por silvestre (TECMON-2) con un contenido de aceite de 30%.

Como componente del rendimiento, el diámetro de capítulo no presentó un efecto significativo sobre el mismo, ni tampoco influyó sobre el contenido de aceite.

Resultó de utilidad el empleo de líneas S₁ con bajo contenido de aceite, dado que la heterosis registrada para este carácter en los híbridos experimentales dio como resultado híbridos con diferentes niveles de rendimiento y contenido de aceite, similares y superiores al testigo comercial, como el híbrido H-1 que permitió estimar una producción final de aceite superior a todos los genotipos empleados en el estudio.

Parte de la variación en el comportamiento mostrado entre híbridos se debió a que las líneas tempranas S₁ aún presentan heterogeneidad debido a su bajo nivel de homocigosidad.

Agradecimientos

Al Dr. Raúl Robles Sánchez de la División de Ciencias Agropecuarias y Marítimas del Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey, Campus Monterrey, por haber proporcionado la semilla (TECMON-2) para la realización del experimento.

A la Dra. Susana Azpiroz Rivero del Laboratorio Central de Oleaginosas del INIFAP por el apoyo en los análisis de contenido de aceite.

Referencias

- Aguiar, A. M., Carlini-Garcia, L. A., da Silva, A., Santos, M., Franco, A., & Lopes, C. (2003). Combining ability of inbred lines of maize and stability of their respective single-crosses. *Scientia Agricola*, 60(1), 83-89. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162003000100013>
- Allard, R. W. (1967). *Principios de la mejora genética de plantas*. Barcelona: Omega.
- Astiz, V., Iriarte, L. A., Flemmer, A., & Hernández, L. F. (2011). Self-compatibility in modern hybrids of sunflower (*Helianthus annuus* L.) fruit set in open and self-pollinated (bag isolated) plants grown in two different locations. *Helia*, 34(54), 129-138. doi: <https://doi.org/10.2298/hel1154129a>
- Banco de México (Banxico). (2020). *Sistema de Información Económica. Importaciones de semillas y frutos de oleaginosas en México. Semillas de girasol*. <https://www.banxico.org.mx/SielInternet/consultarDirectorioInternetAction.do?sector=1&accion=consultarCuadro&idCuadro=CE49&locale=es>
- Bye, R., Linares, E., & Lentz, D. L. (2009). México: Centro de origen de la domesticación del girasol. *TIP Revista Especializada en Ciencias Químico-Biológicas*, 12(1), 5-12. <https://www.medigraphic.com/cgi-bin/new/resumenI.cgi?IDARTICULO=25195>
- Cerero, N. (31 de agosto de 2008). *Girasol, situación actual, mundial y nacional*. Comité Nacional del Sistema-Producto de Oleaginosas. http://www.oleaginosas.org/art_237.shtml
- Cvejić, S., Jocić, S., Dimitrijević, A., Imerovski, I., Miladinović, D., Jocković, M., & Miklić, V. (2016). An EMS mutation altering oil quality in sunflower inbred line. In *Proceedings of the 19th international sunflower conference* (pp. 422-430). ISA, Edirne. https://www.researchgate.net/profile/Sinisa_Jocic/publication/303941581_An_EMS_mutation_altering_oil_quality_in_sunflower_inbred_line/links/585c49d708ae6eb8719c6924/An-EMS-mutation-altering-oil-quality-in-sunflower-inbred-line.pdf
- Cubero, J. I. (2013). *Introducción a la mejora genética vegetal*. Madrid, España: Mundi-Prensa.
- Dagustu, N. (2018). In vitro tissue culture studies in sunflower (*Helianthus spp.*). *Journal of Crop Breeding and Genetics*, 4(1), 13-21. <http://www.ekinjournal.com/images/bisab/seventh/2.pdf>
- De Juan, J. A., de Santa, F. J. M., & Botella, O. (1992). *Dinámica del crecimiento y desarrollo del girasol oleaginoso (*Helianthus annuus* L.): Primeras observaciones sobre ocho variedades cultivadas de girasol rastrojero en el regadio de Albacete* (Vol. 2). España: Ediciones de la Universidad de Castilla-La Mancha.
- Escalante, J. A. (1999). Área foliar, senescencia y rendimiento del girasol de humedad residual en función del nitrógeno. *Terra Latinoamericana*, 17(2), 149-157. <https://www.redalyc.org/pdf/573/57317208.pdf>
- Falconer, D. S. (1970). *Introducción a la Genética Cuantitativa* (trad.). México: Ed. CECSA.
- Falconer, D. S., & Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to Quantitative Genetics* (4a Ed.). England: Longman.
- Fick, G. N., & Miller, J. F. (1997). Sunflower breeding. *Sunflower Technology and Production*, 35, 395-439. doi: <https://doi.org/10.2134/agronmonogr35.c8>
- Fernández-Martínez, J. M., Pérez-Vich, B., & Velasco, L. (2009). Sunflower. En Vollmann J, Rajcan I, (Eds.), *Oil crops* (pp. 155-232). New York, NY: Springer.
- Ghaffari, M., Farrokhi, I., & Mirzapour, M. (2011). Combining ability and gene action for agronomic traits and oil content in sunflower (*Helianthus annuus* L.) using F₁ hybrids. *Crop Breeding Journal* 1(1), 73-84. <https://www.sid.ir/en/journal/ViewPaper.aspx?ID=191692>
- Gandhi, S. D., Heesacker, A. F., Freeman, C. A., Argyris, J., Bradford, K., & Knapp, S. J. (2005). The self-incompatibility locus (S) and quantitative trait loci for self-pollination and seed dormancy in sunflower. *Theoretical and Applied Genetics*, 111(4), 619-629. doi: <https://doi.org/10.1007/s00122-005-1934-7>
- González, J., López, J. A., Estrada, B., Delgado, R., Pecina, J. A., Varela, E. S., & Rocandio, M. (2016). Parámetros genéticos y heterosis en líneas derivadas de poblaciones nativas de maíz tropical de Tamaulipas. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 7(2), 387-399. doi: <https://doi.org/10.29312/remexca.v7i2.352>
- Guo, S., Ge, Y., & Na, K. (2017). A review of phytochemistry, metabolite changes, and medicinal uses of the common sunflower seed and sprouts (*Helianthus annuus* L.). *Chemistry Central Journal*, 11(95). doi: <https://doi.org/10.1186/s13065-017-0328-7>

- Habib, H., Mehdi, S. S., Rashid, A., Zafar, M., & Anjum, M. A. (2007). Heterosis and heterobeltiosis studies for flowering traits, plant height and seed yield in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *International Journal of Agriculture & Biology*, 9(2), 355-358.
http://www.fspublishers.org/published_papers/83998.pdf
- Hallauer, A. R., Carena, M. J., & Miranda, J. B. (2010). *Quantitative genetics in maize breeding* (Vol. 6). New York, NY: Springer Science & Business Media.
- Haro, P. A., Julia, M., & Reyes, M. H. (2007). Determinación materna del contenido de aceite en semillas de girasol. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 30(1), 39-42. <https://www.redalyc.org/pdf/610/61030105.pdf>
- Hernández, L. F., & Orioli, G. A. (1994). El ideotipo del girasol (*Helianthus annuus* L.). *AgriScientia*, 11, 87-98. doi: <https://revistas.unc.edu.ar/index.php/agris/article/view/2445/1391>
- Iqrasan, Qayyum, A., Khan, S. U., Khan, S. A., Mehmood, A., Bibi, Y., Sher, A., Khan, H., & Jenks, M. A. (2017). Sunflower (*Helianthus annuus*) hybrids evaluation for oil quality and yield attributes under spring planting conditions of Haripur, Pakistan. *Planta Daninha*, 35. doi: <https://doi.org/10.1590/s0100-83582017350100003>
- Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) (2017). El Cultivo de Girasol de Temporal y Riego. Gómez-Mercado, R., de la Cruz-Colín, L., Fernández Montes, M.R., Pérez-Camarillo, J.P., y Cruz- Monzalvo A.M. (Comp.) *Agenda Técnica Agrícola Hidalgo* (pp. 48-54) Ciudad de México, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias.
https://vun.inifap.gob.mx/VUN_MEDIA/BibliotecaWeb/_media/_agendas/4131_4828_Agenda_T%c3%a9cnica_Hidalgo_2017.pdf
- International Seed Testing Association (ISTA). (2016). *Reglas internacionales para el análisis de las semillas*. https://vri.umayor.cl/images/ISTA_Rules_2016_Spanish.pdf
- Kantar, M. B., Betts, K., Michno, J., Luby, J. J., Morrell, P. L., Hulke, B. S., Stupar, R. M., & Wyse, D. L. (2014). Evaluating an interspecific *Helianthus annuus* × *Helianthus tuberosus* population for use in a perennial sunflower breeding program. *Field Crops Research*, 155, 254-264. doi: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2013.04.018>
- Lozano, C. J., Reyes-Valdés, M. H., Castillo, F., Rodríguez, J., Martínez, O., & García, A. P. (2010). Localización de QTLs para caracteres relacionados con la domesticación del girasol. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 33(4), 315-321. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0187-73802010000400009
- Mannina, L., & Segre, A. (2002). High resolution nuclear magnetic resonance: From chemical structure to food authenticity. *Grasas y Aceites*, 53(1), 22-33.
<http://grasasyaceites.revistas.csic.es/index.php/grasasyaceites/article/view/287/289>
- Meksem, K., & Kahl, G. (2005). *The handbook of plant genome mapping. Genetic and physical mapping*. Alemania: WILEY-VCH Verlag, Weinheim.
- Moll, R. H., & Smith, O. S. (1981). Genetic variances and selection responses in an advanced generation of a hybrid of widely divergent populations of maize. *Crop Science*, 21(3), 387-391. doi: <https://doi.org/10.2135/cropsci1981.0011183X002100030009x>
- Nosis Trade. (2020). *Semillas de girasol*. <https://trade.nosis.com/es/Comex/Importacion-Exportacion/Mexico/semillas-de-girasol--paja-y-cascabillo-de-cereales-en-bruto-incluso-picados-molidos-prensados-o-en-p/MX/1206>
- Radanović, A., Miladinović, D., Cvejić, S., Jocković, M., & Jocić, S. (2018). Sunflower genetics from ancestors to modern hybrids—A review. *Genes*, 9(11). doi: <https://doi.org/10.3390/genes9110528>
- Rani, R., Sheoran, R. K., & Sharma, B. (2017). Studies on variability, heritability and genetic advance for quantitative traits in sunflower (*Helianthus annuus* L.) genotypes. *Research in Environment and Life Sciences*, 10(6), 491-493.
https://www.researchgate.net/profile/Reena_Saharan/publication/332632541_Studies_on_variability_heritability_and_genetic_advance_for_quantitative_traits_in_sunflower_Helianthus_annuus_L_genotypes/links/5cc174d2a6fdcc1d49ace49b/Studies-on-variability-heritability-and-genetic-advance-for-quantitative-traitson-sunflower-Helianthus-annuus-L-genotypes.pdf
- Rauf, S., Warburton, M., Naeem, A., & Kainat, W. (2020). Validated markers for sunflower (*Helianthus annuus* L.) breeding. *OCL*, 27(47). doi: <https://doi.org/10.1051/ocl/2020042>
- Reyes, C. P. (1978). *Diseño de experimentos agrícolas*. México: Trillas.

Riaz, A., Tahir, M. H. N., Rizwan, M., Fiaz, S., Chachar, S., Razzaq, K., Riaz, B., & Sadia, H. (2019). Developing a selection criterion using correlation and path coefficient analysis in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Helia*, 42(70), 85-99. doi: <https://doi.org/10.1515/helia-2017-0031>

Robles, S. R. (1986). *Genética elemental y fitomejoramiento práctico*. México: Limusa Wiley.

Robles, S. R. (2002). *Producción de oleaginosas y textiles*. México: Limusa Wiley.

Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación [Sagarpa], 2017. Planeación Agrícola Nacional 2017 – 2030.
https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/256431/B_sico-Oleaginosas-parte_una.pdf

Sánchez-Monge, E., Angulo-Busquets, M., Álvarez-Peña, M., & Zubeldia-Lizarduy, A. (1955). *Fitogenética (mejora de plantas)*. (1^a ed). Barcelona (España): Salvat. <http://digital.csic.es/handle/10261/126853>

Seiler, G. J., Qi, L. L., & Marek, L. F. (2017). Utilization of sunflower crop wild relatives for cultivated sunflower improvement. *Crop Science*, 57(3), 1083-1101. doi: <https://doi.org/10.2135/cropsci2016.10.0856>

Sistema de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). (2020). *Producción Agrícola*.
<https://www.gob.mx/siap/acciones-y-programas/produccion-agricola-33119>

Tabrizi, H. Z., Şahin, E., & Haliloglu, K. (2011). Principal components analysis of some F1 sunflower hybrids at germination and early seedling growth stage. *Journal of the Faculty of Agriculture of Ataturk University (Turkey)*, 42(2), 103-109. <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/20123128014>

Tang, S., Leon, A., Bridges, W. C., & Knapp, S. J. (2006). Quantitative trait loci for genetically correlated seed traits are tightly linked to branching and pericarp pigment loci in sunflower. *Crop Science*, 46(2), 721-734. doi: <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.0006-7>

Terzić, S., Zorić, M., & Seiler, G. J. (2020). Qualitative traits in sunflower breeding: UGA-SAM1 phenotyping case study. *Crop Science*, 60(1), 303-319. doi: <https://doi.org/10.1002/csc2.20059>

Vear, F. (2016). Changes in sunflower breeding over the last fifty years. *OCL Oilseeds and Fats Crops and Lipids*, 23(2), 1-8. <https://hal.inrae.fr/hal-02631977/document>