



UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN LUIS

FACULTAD DE INGENIERÍA Y CIENCIAS AGROPECUARIAS

**CONDUCCIÓN DE POBLACIONES SEGREGANTES DE
SOJA CON CALIDAD DIFERENCIAL**

ALDANA SOFIA PEREYRA

DIRECTORA

SUSANA BEATRIZ BOLOGNA

INGENIERÍA AGRONÓMICA

VILLA MERCEDES, SAN LUIS

AÑO 2025

RESUMEN

La soja es una especie autógama donde la producción de descendencia se lleva a cabo casi exclusivamente por autofecundaciones y en consecuencia sus poblaciones están constituidas en su mayoría por individuos homocigotas para todos los loci. Para generar variabilidad es necesario recurrir a un programa de cruzamientos dirigidos, para luego iniciar un ciclo de selección conduciendo las poblaciones nuevamente hacia la homocigosis y fijando los caracteres deseados. El presente trabajo se enmarca en un proceso de mejoramiento genético de soja utilizando el método genealógico, con el objetivo de conducir poblaciones segregantes hacia la homocigosis, realizando selección individual entre y dentro de las familias F₃ y F₄. Las poblaciones segregantes se originaron a partir de un cruzamiento biparental entre los progenitores FICA 1513.2 e IA36. Se registraron las variables fenológicas: emergencia y madurez y se estimó el número de días a madurez. Se registró la altura de planta, el color de pubescencia, el color del hilo de la semilla y se determinó el peso de las semillas. Para caracterizar las familias seleccionadas se realizó estadística descriptiva y análisis de conglomerados. La caracterización fenológica de las familias fue la base de la selección por duración del ciclo y permitió acortar el ciclo de las familias seleccionadas. La selección individual practicada entre y dentro de las familias fue efectiva para la variable cuantitativa número de días a madurez y para la variable cualitativa color de hilo. La selección por la variable peso de semillas no fue efectiva debido a que el ambiente no permitió su óptima expresión. La aplicación del método genealógico permitió conducir las familias segregantes hacia la homocigosis expresada en la uniformidad fenotípica de las familias seleccionadas.

AGRADECIMIENTOS

Quiero expresar mi más sincero agradecimiento a la Universidad Nacional de San Luis, por brindarme la formación académica y el espacio para desarrollarme profesional y personalmente a lo largo de estos años.

A mi directora de tesis Susana, por su guía, paciencia y compromiso durante todo este proceso, su acompañamiento fue clave para llevar adelante este trabajo con claridad y confianza. A Lucia, Virginia y Alicia, que estuvieron presentes en cada etapa, gracias por su ayuda y por estar siempre a disposición cuando lo necesitaba.

A toda mi familia. A mi mamá Norma y mi papá Oscar, por estar siempre en las buenas y en las malas, por cada consejo y por creer en mí incluso en los momentos más difíciles, sin su apoyo constante, este logro no habría sido posible. A mi hermano Leandro, gracias por siempre tener una palabra de aliento, por cuidarme incondicionalmente y por alentarme a nunca bajar los brazos. A mi abuela Blanca que por más que estemos lejos estuvo presente a su forma en este proceso, también agradecer a mis tías, Patricia, Claudia, Mabel y Chichi, mis tíos Daniel, Sergio y Raúl y mis primas Marlene y Nadine, porque cada uno de ellos a través de un mensaje o una llamada fueron parte de este proceso.

A mis amigos que me llevo de la facultad, Flor R., Agus S., Magui, Lucas, Maxi, Rocio, Oscar y Flor S., gracias por compartir conmigo no solo desafíos académicos, sino también momentos de alegría, aprendizaje y crecimiento. Gracias por hacer más llevadero este recorrido. También agradecer a mi amiga de la vida Flor Moran, por estar siempre, por tu amistad que se sostiene en el tiempo, que acompaña sin exigir y que abrazan incluso a la distancia.

A mi amor y la persona que alegra todos mis días, Mauricio, gracias por tu paciencia, tu apoyo, tu compañía en cada etapa de este proceso, tu amor incondicional, gracias por alentarme a creer en mí. Sos uno de los pilares mas importantes que me sostuvo en todos estos años.

Por último, quiero dedicar unas palabras muy especiales al bebe que estoy esperando. Desde el momento que supe que estabas dentro mío me llene de fuerza y motivación, este trabajo te lo dedico también a vos y representa el comienzo de una nueva etapa en la que espero poder enseñarte la importancia del esfuerzo, la dedicación y nunca detenerte hasta alcanzar tus sueños.

ÍNDICE GENERAL

	Página
CAPÍTULO I: INTRODUCCIÓN	1
1.1 Introducción.	2
1.2 Objetivos.	3
1.2.1 Objetivo general.	3
1.2.2 Objetivos específicos.	3
1.3 Revisión bibliográfica.	3
1.3.1 Nuevo paradigma en la mejora genética.	3
1.3.2 Mejoramiento genético de la soja en Argentina.	5
1.3.3 La soja: especie autógama.	9
1.3.4 Métodos de mejora en especies autógamias.	12
CAPÍTULO II: MATERIALES Y MÉTODOS	16
2.1 Material vegetal.	17
2.2 Diseño experimental y siembra: Campaña 2022/23. Familias F ₃ .	17
2.3 Diseño experimental y siembra: Campaña 2023/24. Familias F ₄ .	20
2.4 Variables evaluadas y conducción del material segregante por el método genealógico. Campañas 2022/23 y 2023/24.	21
2.5 Análisis estadísticos: Campañas 2022/23 y 2023/24.	25
CAPÍTULO III: RESULTADOS	27
3.1 Campaña 2022/23. Familias F ₃ .	28
3.2 Campaña 2023/24. Familias F ₄ .	29
3.3. Respuesta a la selección familias F ₃ y F ₄ .	31
CAPÍTULO IV: CONCLUSIONES	33
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	35

ÍNDICE DE TABLAS Y FIGURAS

	Página
Figura 1	Morfología de la planta de soja (Vecchi, 2023). 10
Figura 2	Morfología floral (Nemec, 2012). 11
Figura 3	Plano del ensayo. Invernadero Dpto. Ciencias agropecuarias. FICA- UNSL. Campaña 2022/23. 18
Figura 4	Siembra de la F ₃ . Invernadero Dpto. Ciencias agropecuarias. FICA- UNSL. Campaña 2022/23. 19
Figura 5	Siembra de la F ₃ . Invernadero Dpto. Ciencias agropecuarias. FICA- UNSL. Campaña 2022/23. 19
Figura 6	Siembra de las familias F ₄ . Dpto. Ciencias agropecuarias. FICA- UNSL. Campaña 2023/24. 20
Figura 7	Curado e inoculado en el laboratorio de semillas y granos de la UNSL. 21
Figura 8	Determinación del peso de 100 semillas. Laboratorio de semillas y granos de la UNSL. 22
Figura 9	Plántulas en estado VE (emergencia), Villa Mercedes (SL). 23
Figura 10	Registro de estado fenológico R8- Madurez completa. Invernadero Dpto. Ciencias Agropecuarias, FICA UNSL. 23
Figura 11	Medición de AP en estado R8. Invernadero Dpto. Ciencias Agropecuarias, FICA UNSL. 24
Figura 12	Cosecha de familias seleccionadas. Dpto. Ciencias Agropecuarias FICA UNSL. 25
Figura 13	Dendrograma del Análisis de Conglomerado en base a NDM. Rojo: Conglomerado 1, Azul: Conglomerado 2, Amarillo: Conglomerado 3. Familias seleccionadas F ₃ . 28

Figura 14	Clasificación de las plantas seleccionadas por color de pubescencia.	29
Figura 15	Clasificación de las plantas seleccionadas por color de hilo.	30
Figura 16	Dendrograma del Análisis de Conglomerado en base a NDM. Rojo: Conglomerado 1, Azul: Conglomerado 2, Amarillo: Conglomerado 3. Familias seleccionadas F ₄ .	31
Tabla 1	Medidas de posición y de dispersión de las familias seleccionadas F ₃ .	28
Tabla 2	Media y cantidad de familias de cada conglomerado en base a NDM. Familias seleccionadas F ₃ .	29
Tabla 3	Expresión fenotípica de las variables cualitativas. Familias seleccionadas F ₄ .	30
Tabla 4	Medidas de posición y de dispersión de las familias seleccionadas F ₄ .	30
Tabla 5	Media y cantidad de familias de cada conglomerado en base a NDM. Familias seleccionadas F ₄ .	31

Conducción de poblaciones segregantes de soja con calidad diferencial

CAPÍTULO I

INTRODUCCIÓN

1.1. INTRODUCCIÓN

La soja (*Glycine max (L.) Merrill*) es una especie oleaginosa cuyo centro de origen se reporta en el NE de China y constituye una de las fuentes más importantes de proteínas vegetales.

De acuerdo a su biología reproductiva se la clasifica como una especie autógama, donde la producción de descendencia se lleva a cabo casi exclusivamente por autofecundaciones, y en consecuencia sus poblaciones están constituidas en su mayoría por individuos homocigotas para todos los loci.

La pequeña proporción de heterocigosis que se detecta en las poblaciones de plantas autógamas, puede deberse, entre otras causas, a fecundación cruzada accidental o con tasa baja pero constante de alogamia (coeficiente de alogamia $t < 0,04$ o sea menos de un 4-5 % de fecundación cruzada), o a la ventaja selectiva del heterocigoto para ciertos loci. Aun cuando en estas especies se presentan diversos grados de polinización cruzada, ésta en la mayor parte de las especies es tan pequeña que puede considerarse despreciable desde el punto de vista del mejoramiento genético.

El problema principal que se presenta al momento de plantear un método de mejoramiento, es la correlación entre el fenotipo y genotipo, que en caracteres de interés agronómico generalmente es baja, o sea su heredabilidad es mediana a baja. De ahí la necesidad de plantear métodos de selección que posibiliten la obtención del genotipo buscado con la mayor precisión posible.

Debido a la escasa variabilidad que expresan las autógamas, es que en la clasificación de los métodos de mejora se hace la diferencia entre métodos sin cruzamientos y métodos con cruzamientos. Pero en cualquier caso el objetivo es obtener la mejor línea pura posible, cuyo uso será como producto final una variedad/línea pura o intermedio como parental de híbridos o componentes de mezclas o multilíneas.

Actualmente los métodos de mejora para las especies autógamas consideran la hibridación como herramienta fundamental para la creación de variabilidad y plantean la concreción de tres instancias: introducción de la variabilidad, selección e hibridación, y como consecuencia de ésta última la aplicación de un sistema de

crianza para conducir nuevamente el material segregante hacia la homocigosis típica de éstas especies.

Entre los sistemas de crianza más utilizados se encuentra el Método Genealógico, muy frecuentemente usado por los mejoradores modernos. Se llama así por el registro que se guarda de los progenitores, o sea, las anotaciones de la genealogía de cada una de las descendencias. La selección se realiza en base al vigor y rendimiento y otras características agronómicas de los individuos o de las descendencias (familias). En la F_2 la selección se limita a individuos. En la F_3 y generaciones siguientes, hasta que se llegue prácticamente a la homocigosis, la selección se efectúa dentro de la familia y entre éstas. Después se hace la selección entre las familias hasta que se hayan reducido las descendencias a un número que haga posible su evaluación mediante ensayos estadísticos.

1.2. OBJETIVOS

1.2.1 Objetivo general

Aplicar el Método Genealógico para conducir poblaciones segregantes de soja hacia la homocigosis.

1.2.2 Objetivos específicos

1. Caracterizar fenológicamente las poblaciones F_3 y F_4 .
2. Caracterizar las poblaciones en base a caracteres requeridos para consumo humano.
3. Realizar selección individual entre y dentro de familias.

1.3. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

1.3.1 Nuevo paradigma en la mejora genética

El avance de la genética ha pasado de la “segregación independiente de los genes” y el “dogma central” de la biología molecular, a la transgénesis y la ruptura de barreras intergenéricas, lo que ha permitido una comprensión más profunda de cómo los genes afectan la expresión fenotípica. La genética moderna ahora se

enfoca en el análisis de secuencias génicas completas, genomas y mapas genéticos para entender cómo el conjunto de genes impacta en las características observables de los organismos y se nutre de ciencias emergentes que aportan las herramientas específicas.

Así, la bioinformática, que aplica tecnología informática al análisis de información biológica, juega un papel clave en este nuevo paradigma. A través de la combinación de disciplinas como matemáticas, biología molecular, estadística y computación, se pueden analizar y simular sistemas biológicos complejos.

En cuanto a las ciencias genómicas, su objetivo es estudiar el funcionamiento, la evolución y el origen de los genomas, y gracias a avances en técnicas de secuenciación de ADN, se pueden realizar análisis completos de los genomas de diversas especies. La proteómica, por otro lado, estudia las proteínas producidas por los genes, mientras que la transcriptómica analiza los ARN mensajeros para entender la expresión génica en un momento dado. Estas disciplinas están profundamente interconectadas y se valen de herramientas bioinformáticas para estudiar la dinámica molecular de los organismos.

Por otro lado, éste nuevo paradigma, está atravesado por el cambio climático, que está provocando un aumento tanto en la frecuencia como en la intensidad de fenómenos extremos, lo que repercute de manera negativa en la seguridad alimentaria y en la salud de los ecosistemas a nivel mundial. Frente a esta realidad, se está direccionando el financiamiento hacia iniciativas que promuevan la adaptación y mitigación del cambio climático, así como hacia políticas orientadas a la conservación ambiental. Además, se están fortaleciendo las inversiones en investigación e innovación tecnológica como herramientas clave para hacer frente al cambio climático.

En éste contexto, el mejoramiento genético vegetal se perfila como una estrategia clave para afrontar los retos actuales relacionados con el cambio climático y la seguridad alimentaria. La obtención de cultivares más productivos y eficientes es esencial para avanzar hacia una agricultura sostenible. La sinergia entre los métodos tradicionales de mejoramiento y las tecnologías modernas como la biotecnología, la ecofisiología, la bioinformática, el fenotipado y genotipado de alta escala, junto con la conservación de recursos genéticos, permite desarrollar

variedades vegetales con mejor rendimiento, calidad superior y mayor resistencia a condiciones adversas, tanto de origen biótico como abiótico. Se espera que éstos avances impulsen una producción de alimentos más resiliente, al mismo tiempo que contribuyan a la conservación del ambiente y la reducción del impacto del cambio climático (Basigalup y Odorizzi, 2021).

1.3.2 Mejoramiento genético de la soja en Argentina

Según Rossi (2012), la historia del mejoramiento genético de la soja en el país es un proceso clave que explica en gran parte el crecimiento y consolidación del cultivo como pilar de la economía agroindustrial argentina. Este proceso se inicia formalmente en la década de 1960, con la empresa OFPEC como pionera en los primeros programas de mejoramiento. A lo largo de las décadas siguientes, tanto el sector público especialmente el INTA como el privado, jugaron un rol fundamental en el desarrollo de nuevas variedades adaptadas a las condiciones regionales. Desde los años 80 y 90, la participación privada creció significativamente, desarrollando el 99% de las semillas adquiridas por productores a mediados de los 2000. Además, el mejoramiento genético fue el motor principal del aumento de los rendimientos: entre 1984 y 2015 el 78% del incremento productivo en soja se atribuye a este factor, según estudios del INTA y PROSOJA. Otro hito relevante fue la incorporación de biotecnología, como las variedades tolerantes a glifosato en los años 90 y la soja HB4 en 2015, resistente a la sequía, desarrollada en Argentina. Rossi (2012) subraya que estos avances han sido posibles gracias a la colaboración entre ciencia, tecnología y producción, convirtiendo a Argentina en uno de los mayores productores y exportadores de soja del mundo.

El INTA comenzó su labor de mejoramiento genético de soja en el año 1978, teniendo como sede principal la EEA Marcos Juárez. Las tareas de mejoramiento genético están, fundamentalmente centralizadas en dicha EEA, sede del programa soja. Este estableció a partir de 1987, un convenio de vinculación tecnológica con Federación Agraria Argentina y Agricultores Federados Argentinos con el objetivo de obtener cultivares adaptados a la región Pampeana Norte y la multiplicación y difusión de los mismos a través de esas cooperativas.

El programa contaba con objetivos a corto plazo como, resistencia a herbicidas, mayor rendimiento y adaptabilidad, resistencia a enfermedades y nematodos, mejoramiento de la calidad industrial y nutritiva del grano, como así también objetivos a largo plazo como, incrementar el banco activo de germoplasma, mejorar poblaciones por selección recurrente, aumentar la variabilidad genética y utilizar marcadores moleculares para realizar selección asistida de los caracteres de interés.

A partir del año 2000, se consolida un escenario productivo donde el cultivo de soja por su eficiencia, rentabilidad y bajo costo relativo, llevó al límite la expansión de las fronteras agrícolas, produciendo commodities, que si bien, generan importantes ingresos por la exportación de granos, éstos son de baja calidad y los subproductos industriales (harinas y aceite) presentan escasa transformación, sin diferenciación y de relativo bajo valor en el mercado.

Esta problemática generó la necesidad de desarrollar nuevas tecnologías que contribuyan a la producción de granos de soja con calidades diferenciales para mercados específicos.

Atendiendo a dicha problemática, el INTA rediseña su programa de mejoramiento y plantea el objetivo de contribuir a un modelo de producción de soja, basado en el agregado de valor biológico, a través del desarrollo de cultivares especiales con características requeridas para el consumo humano y animal (pollos y cerdos).

Dicho programa prevé una primera etapa para la generación de variabilidad y la conducción de poblaciones segregantes, con un potencial de producción de 8 a 10 mil nuevas líneas experimentales. Una segunda etapa de evaluación de líneas avanzadas de 1º, 2º y 3º año, finalizando con las etapas de diferenciación, inscripción y multiplicación.

Los objetivos del programa actual de mejora del INTA plantean la concreción de la siguiente meta: Genética INTA: 40q/40%/200g/HT, es decir 40 quintales de rendimiento, 40 % de contenido de proteína, 200 gramos de peso de los 1000 granos y color de hilo transparente.

Para alcanzar dicha meta, en los distintos ciclos de selección se aplican los siguientes criterios de selección:

Tamaño del grano: el mayor tamaño del grano contribuye a una menor proporción de tegumento en relación a los cotiledones y al volumen y peso total de la semilla, lo que se traduce en una mayor concentración de proteína y de otros componentes de las harinas.

Color de hilo: se selecciona por color de hilo claro/transparente, ya que la tonalidad oscura se diluye en las harinas proteicas, afectando su calidad visual y repercutiendo en el precio del producto.

Contenido de proteína: su importancia radica en la contribución al valor nutritivo tanto del grano como de las harinas, sin embargo, ha sido escasamente considerado como criterio de selección en los programas de mejoramiento genético dado principalmente a que el mercado de granos commodity no bonifica por calidad.

Enzimas lipoxigenasas: la palatabilidad del grano y subproductos industriales está comprometida en parte por la actividad de las lipoxigenasas que generan sabor amargo y astringente, debido a compuestos químicos liberados por acción de las mismas.

Factores anti nutricionales: la calidad de la harina dada por su contenido proteico, presenta dificultades al ser utilizada como alimento en monogástricos, debido a la presencia de factores anti nutricionales, entre los que se destaca el factor Kunitz que inhibe la tripsina y produce una disminución de la digestión y absorción, induce hipersecreción de enzimas pancreáticas y provoca hipertrofia e hiperplasia pancreática. El genoma de soja contiene al menos diez genes diferentes para el factor Kunitz, los cuales son expresados diferencialmente durante el ciclo de la planta.

Oligosacáridos solubles: la soja contiene casi 10% de hidratos de carbono solubles con aproximadamente 5% de rafinosa y 4% de estaquiosa. Los seres humanos y otros animales no poseen alfa galactosidasa en su aparato digestivo para digerir la rafinosa y estaquiosa por lo tanto estos azúcares fermentan en la flora intestinal y producen gases y flatulencias llegando al extremo de producir la muerte (Soldini 2022).

Como resultado de dicho programa el INTA desarrolló germoplasma no transgénico con calidad diferencial que posee un piso del 40 % de proteína,

obteniendo e inscribiendo en el Registro Nacional de Cultivares las variedades denominadas: INTA ALIM4C, INTA ALIM4M, INTA ALIM4L, INTA ALIM5C, entre otras.

En el año 2000, en sintonía con el perfil del programa nacional de soja, la Universidad Nacional de San Luis celebra un convenio de vinculación tecnológica con el INTA, denominado “Adecuación biológica del grano de soja para uso en la agroindustria con adaptación a ambientes semiáridos de la República Argentina”. Como resultado del trabajo conjunto en el año 2021 se inscribe INTA FICA 5C k/lx (Bologna *et al.* 2014 y 2021), que es una variedad no transgénica con atributos de calidad para el consumo humano y animal.

Con respecto a la ganancia genética obtenida como resultado de los programas de mejoramiento en Argentina, Santos *et al.* (2006) estimaron para el período 1982 al 2000 un progreso genético de $14.3 \pm 4.3 \text{ kg ha}^{-1} \text{ año}^{-1}$. Otro trabajo de Santos (2019), para el período 1985 al 2014, determinó una tasa de ganancia genética promedio de 19,2 kilos por hectárea por año, especificando que el 78 % de los aumentos de rendimiento nacionales para dicho período se debieron al mejoramiento genético, dato que supera al promedio histórico mundial que es del 50 %, y el 22 % restante al manejo agronómico y a la interacción genotipo ambiente.

Un estudio más reciente de Murgio *et al.* (2024), analizó la base de datos de la Red Nacional de Evaluación de Cultivares de Soja (RECSO), en el período que abarca desde 1994 hasta 2020, y reportó que la tasa de ganancia para el grupo de madurez III largo fue de 42 y 28.8 $\text{kg ha}^{-1} \text{ año}^{-1}$ en la región núcleo y en el oeste de la isohieta de 850 mm, respectivamente; y para el grupo IV largo, las ganancias fueron de 37.1 y 22.3 $\text{kg ha}^{-1} \text{ año}^{-1}$ en las mismas regiones.

En referencia a los avances en la ganancia genética en los atributos de calidad, el mejoramiento genético tuvo un impacto limitado en los contenidos de proteína y aceite. En germoplasma de madurez temprana (GM 3 a 5) la ganancia genética fue muy reducida, en cambio se observó un incremento en el rendimiento de aceite en el GM 4 y una disminución de proteína en el GM 5; en cuanto a los de ciclo más largo (GM 6 a 8) el mejoramiento genético provocó un incremento más notorio en el contenido de aceite y una reducción más acentuada en el de proteína,

siendo particularmente significativa la disminución de proteína en los GM 6 y 8 (Santos y Gallardo, 2019).

1.3.3 La soja: especie autógama

Las especies autógamas son aquellas en las cuales la polinización ocurre dentro de la misma flor o entre flores de la misma planta, es decir, no necesitan un agente externo como el viento o los insectos para la polinización ya que se fecunda a sí misma.

La pequeña proporción de heterocigosis que se detecta en las poblaciones de plantas autógamas, puede deberse, entre otras causas, a fecundación cruzada accidental o con tasa baja pero constante de alogamia (coeficiente de alogamia $t < 0,04$ o sea menos de un 4-5 % de fecundación cruzada), o a la ventaja selectiva del heterocigoto para ciertos loci (Cubero, 2003).

Por otro lado, el término línea pura, hace referencia a una población o variedad de plantas que, a través de la reproducción en condiciones de autogamia, se ha mantenido consistente durante varias generaciones en término de sus características genéticas. En las líneas puras, los individuos son genéticamente homogéneos, lo que significa que sus descendientes tienden a ser muy similares entre sí.

Por consiguiente, en un programa de mejora de especies autógamas, se puedan conducir las siguientes poblaciones:

- Población homogénea homocigota (una línea pura, progenitores P_1 y P_2): todos los individuos tienen el mismo genotipo homocigoto, derivados de un solo antecesor, sin mutaciones o con ellas eliminadas.
- Población heterogénea homocigota (conjunto de líneas puras): los individuos provienen de cruzamientos de plantas heterocigotas o de diferentes poblaciones homocigotas. Aquí también puede haber mutaciones, pero la autofecundación no es absoluta.
- Población homogénea heterocigota (F_1): resultado de cruzamientos entre plantas con diferentes genotipos, generando una población heterocigota homogénea.

- Población heterogénea homocigota/heterocigota (F_2): población con una mezcla de genotipos homocigotos y heterocigotos, resultados de cruzamientos entre individuos de la F_1 .

Con respecto a su morfología, la soja es una planta anual que presenta características particulares en cuanto a su crecimiento y desarrollo. Su altura puede variar entre 90 y 120 cm, en cuanto a las hojas, las primeras son simples y opuestas, mientras que las demás son alternas y trifoliadas. También se puede observar pubescencia de las partes aéreas, que es de color marrón o gris.

En cuanto al crecimiento, puede clasificarse en dos tipos según su hábito de floración y desarrollo: determinada e indeterminada. La diferencia clave entre estos dos tipos radica en cómo se desarrolla el tallo: las plantas determinadas tienen un racimo terminal que da origen a un grupo de flores y vainas, lo que significa que su crecimiento es limitado y se termina cuando el racimo florece, y las plantas indeterminadas, por otro lado, siguen creciendo incluso después de la formación de flores en el racimo terminal. Esto les permite continuar desarrollando más flores y vainas a lo largo de su crecimiento (Bodrero *et al.*, 1997).

Tiene una raíz pivotante con abundantes ramificaciones laterales y un tallo principal también ramificado (Figura 1).

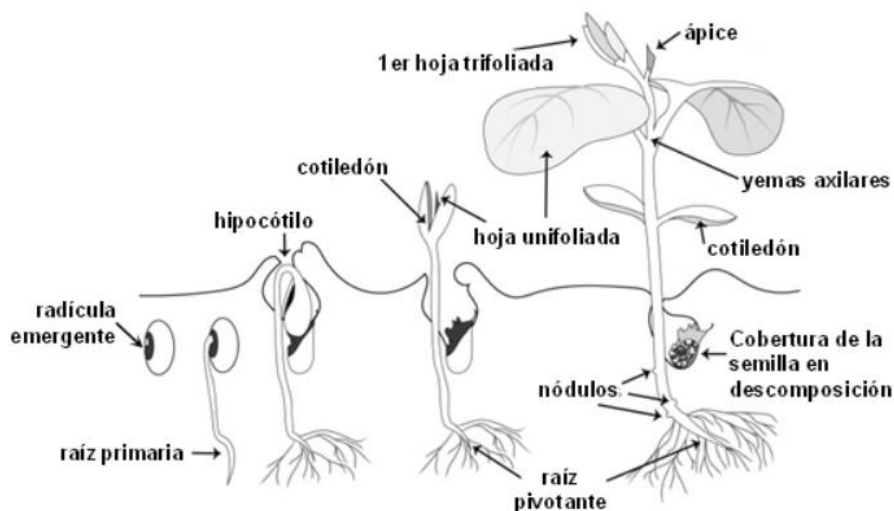


Figura 1: Morfología de la planta de soja (Vecchi, 2023)

Las flores se presentan en una inflorescencia llamada racimo, y suelen aparecer en las axilas de las hojas. El número de flores que aparece en cada axila puede variar, dependiendo de la variedad y de la ubicación de la flor en la planta.

Es una flor completa con 4 ciclos funcionales (Figura 2) y está compuesta por:

- Cáliz: compuesto por 5 sépalos, generalmente soldados entre sí y cubiertos de una pubescencia.
- Corola: formada por 5 pétalos de color lila o blanco, del cual el pétalo más grande es el estandarte, luego se encuentran dos pétalos más pequeños llamadas alas y dos pétalos unidos entre si formando la quilla.
- Androceo: es la parte masculina de la flor, formada por diez estambres. Nueve de ellos unidos por sus filamentos, formando un tubo, mientras que uno está libre.
- Gineceo: es la parte femenina de la flor. Consiste en un solo carpelo (unicarpelar), pero tiene múltiples óvulos (pluriovulado). El estilo de la flor tiene pubescencia y su parte superior está curvada, terminando en un estigma capitado (Bodrero *et al.*, 1997).



Figura 2: Morfología floral (Nemec, 2012).

En cuanto a su biología reproductiva, la floración de la soja es un proceso que puede durar entre tres y seis semanas. Las flores se abren temprano en la mañana, y la polinización generalmente ocurre justo antes o después de la apertura

de la flor. Aunque se produce algo de polinización cruzada, la soja es autógama, es decir, el polen fecunda el ovario de la misma flor. Un 75% de las flores pueden caer sin formar vainas, lo cual es una preocupación para los científicos debido a que la causa no está completamente entendida. Las condiciones climáticas influyen en la cantidad de flores que caen, siendo más frecuente en períodos cálidos y secos.

Las características de floración que presentan las variedades determinadas, son diferentes de las que presentan las variedades indeterminadas. En una planta indeterminada, la floración comienza a manifestarse en el cuarto o quinto nudo, y desde allí avanza hacia arriba. Antes de que aparezca la última flor en la zona superior, aparecen vainas en la zona basal. Una variedad determinada, comienza a florecer en el octavo o décimo nudo, a partir de este punto, la floración comienza a avanzar hacia la zona superior e inferior de la planta (Bodrero *et.al.*, 1997).

La fenología de la soja comprende estados vegetativos: VE (Emergencia) corresponde a la emergencia de los cotiledones, VC (Cotiledonar) cotiledones desplegados, V1 (Primer nudo) hojas unifoliadas totalmente expandidas, V2 (Segundo nudo) primer hoja trifoliada totalmente expandida, Vn (cantidad de nudos) número de nudos sobre el tallo principal con hojas totalmente expandidas; también cuenta con estados reproductivos: R1 (Inicio de floración) una flor abierta en cualquier nudo del tallo principal, R2 (Plenitud de floración) una flor abierta en uno de los dos nudos superiores, R3 (Inicio de formación de vainas) una vaina de 5 mm de largo en uno de los 4 nudos superiores, R4 (Plenitud de formación de vainas) una vaina de 2 cm en uno de los 4 nudos superiores, R5 (Inicio de llenado de granos) una vaina con una semilla de 3 mm de largo en uno de los 4 nudos superiores, R6 (Plenitud del llenado de granos) una vaina que contiene una semilla que ocupa toda la cavidad de la misma en uno de los 4 nudos superiores, R7 (Inicio de madurez) una vaina normal ha alcanzado su color de madurez en cualquier nudo del tallo principal, R8 (Madurez completa) el 95% de las vainas de la planta han alcanzado el color de madurez (Fehr and Cavinnes, 1971).

1.3.4 Métodos de mejora en especies autógamas

El objetivo del mejoramiento genético es conseguir las mejores combinaciones de genes mediante selección, hibridación, mutación y transgénesis,

entre otras técnicas. Para que esto sea posible, se debe observar y analizar los caracteres de interés, es decir, los fenotipos, sin embargo, éstos no se transmiten completamente a la descendencia, sólo se heredan los genes a través de los gametos. Por lo cual, la mejora genética debe descubrir los individuos poseedores de los mejores genotipos basándose en sus fenotipos.

Uno de los principales inconvenientes es la débil relación entre el fenotipo y el genotipo, especialmente en caracteres de interés agronómico como son los caracteres cuantitativos, cuya heredabilidad suele ser baja o moderada. Esta baja heredabilidad dificulta la identificación precisa de los individuos que realmente portan los genes de interés. Por esta razón, es esencial diseñar estrategias de selección que permitan aumentar la precisión en la identificación del genotipo deseado, optimizando así los resultados del programa de mejoramiento (Cubero, 2003).

Otra particularidad de éstas especies, es que debido a su sistema de reproducción, las poblaciones se consideran prácticamente homocigotas. No obstante, existe escasa variabilidad, que proviene de las mutaciones espontáneas que aparecen en las poblaciones en muy pequeña proporción, y también de cruzamientos o hibridaciones naturales producidas en forma fortuita, también en pequeñas proporciones, ya sea por insectos o por el viento.

Debido a la escasa variabilidad que expresan las autógamias, es que en la clasificación de los métodos de mejora se hace la diferencia entre métodos sin cruzamientos y métodos con cruzamientos. Pero en cualquier caso el objetivo es obtener la mejor línea pura posible, cuyo uso será como producto final una variedad/línea pura, o intermedio como parental de híbridos o componentes de mezclas o multilíneas.

En consecuencia, los métodos de mejora consideran la hibridación como herramienta fundamental para la creación de variabilidad y plantean la concreción de tres instancias: introducción de la variabilidad, selección e hibridación.

Los individuos resultantes de los cruzamientos son heterocigotos, lo que significa que no se puede obtener directamente una línea pura. Para obtener homocigotos, es necesario realizar autofecundaciones durante varias generaciones. Con el tiempo, esto dará lugar a una población compuesta por individuos

homocigotos, y el número de generaciones necesarias depende de la cantidad de genes involucrados (Bologna *et al.*, 2015).

Como última instancia se deberá aplicar un sistema de crianza para conducir el material segregante nuevamente hacia la homocigosis.

Los sistemas de crianza más utilizados se detallan a continuación:

El método masal, en el cual las descendencias se cultivan en conjunto, sin preocuparse de llevar el control de la genealogía de cada individuo. Si se efectúa selección artificial durante el periodo en que se lleva a cabo la multiplicación masal, esta selección se basa en el “comportamiento individual” de las plantas (y no en pruebas de las descendencias de los individuos seleccionados). El periodo de multiplicación masal se termina en la generación F_6 a F_8 , seleccionando individualmente las plantas con mejores características entre toda la población.

El método de retrocruzamiento es especialmente apto para incorporar determinados genes a una variedad deficiente en una o unas pocas características. En este método se hacen retrocruzamientos recurrentes con el progenitor de mejores características agronómicas, pero deficiente en alguna o unas pocas, mientras que paralelamente se hacen selecciones por los caracteres que se quieren transferir del progenitor donante.

El método de descendencia de semilla única se utiliza principalmente para mejorar poblaciones segregantes que se pueden conducir en ambientes artificiales o trabajar contra estación, con el objetivo de conducir más de una generación por año. Se utiliza para obtener rápidamente poblaciones antes de llegar a la evaluación individual de las líneas. El método plantea cosechar poca semilla de cada planta (por cuestiones de espacio) y repetir dicha operación por varias generaciones sin hacer ninguna selección, solo eliminar individuos con caracteres indeseables, llegando a la homocigosis deseada sin haber evaluado el material, tarea que se realizará al final con las líneas puras desarrolladas.

El método genealógico es el sistema de crianza más completo y el más utilizado en las especies autógamas. Se caracteriza por llevar un control riguroso de la genealogía de cada planta seleccionada desde la generación F_2 en adelante. A partir de esa generación, se realiza una selección combinada tanto entre familias como dentro de ellas, eligiendo los mejores individuos en cada ciclo generacional

(F₃, F₄, etc.). Este método es especialmente adecuado para caracteres de baja a mediana heredabilidad, ya que permite trabajar de forma progresiva a lo largo de varias generaciones, fijando lentamente los caracteres deseados. En la generación F₂ no se realiza selección positiva debido a la gran influencia del ambiente sobre las características observadas; en su lugar, se hace una selección negativa, eliminando plantas enfermas o anómalas. Las semillas de cada planta F₂ se siembran en la siguiente campaña como una familia F₃, en un marco espacioso que facilite la observación individual. Luego se seleccionan las mejores familias y, dentro de ellas, las mejores plantas, registrando cuidadosamente la genealogía. Este procedimiento se repite durante varias generaciones, evitando un número excesivo de líneas para que el proceso siga siendo manejable. Aunque la homocigosis total puede alcanzarse tras 10 a 12 generaciones, en la práctica se suele trabajar hasta la generación F₆ a F₈, momento en el cual las líneas presentan una homogeneidad fenotípica suficiente, y ya se ha alcanzado un grado aceptable de uniformidad (Cubero, 2003).

En la práctica los mejoradores utilizan combinaciones de los sistemas de crianza, adecuándolos a la especie, objetivos, infraestructura y recursos disponibles.

CAPÍTULO II

MATERIALES Y MÉTODOS

2.1. Material vegetal

El material vegetal se originó en la campaña 2020/21, en la EEA-INTA Marcos Juárez, a partir de un cruzamiento biparental entre los progenitores FICA 1513.2 e IA36, con el objetivo de generar variabilidad para caracteres de calidad diferencial, como son: no OGM (organismo genéticamente modificado), contenido de proteína, tamaño de grano, color de hilo claro, reducida actividad de las enzimas lipoxigenasas y de los factores antinutricionales.

FICA 1513.2 es una línea avanzada desarrollada en el marco de un convenio de vinculación tecnológica entre el INTA (Programa Nacional de Mejoramiento Genético de Soja) y la UNSL (Proyecto PROICO 140618: Manejo ecofisiológico de los cultivos de maíz y soja en San Luis, con énfasis en el mejoramiento de la calidad industrial del grano). Es un genotipo convencional no OGM con calidad diferencial, con ausencia de factor antinutricional Kunitz y reducida actividad de las tres enzimas lipoxigenasas.

IA36 es un genotipo introducido de Estados Unidos, convencional, no OGM, con atributos requeridos para la alimentación humana como: color de hilo claro, alto contenido de proteína y tamaño grande de granos.

En el invierno del año 2021, en el invernáculo de la EEA INTA Marcos Juárez, se avanzó la generación F_1 y se cosechó al final del año la población F_2 .

En la campaña 2021/22 en el campo experimental del Departamento de Ciencias Agropecuarias de la FICA-UNSL, se condujo la población segregante F_2 . En la campaña 2022/23, a través de la aplicación de selección individual, se abrieron familias y se cosechó la F_3 . En la campaña 2023/24 se continuó con la conducción de las poblaciones segregantes por el sistema de crianza Genealógico, se abrieron familias y se cosechó la F_4 .

El presente trabajo final se basó en la aplicación del Método Genealógico en las poblaciones F_3 y F_4 .

2.2. Diseño experimental y siembra: Campaña 2022/23. Familias F_3 .

La siembra de la población F_3 se realizó a mano en Villa Mercedes (San Luis), en el Departamento de Ciencias Agropecuarias de la FICA- UNSL, el día 17

de noviembre del 2022, en invernadero con protección antigranizo y sobre rastrojo de verdeos de invierno. Se sembraron 216 familias de soja en surcos de 2 metros, distanciados a 0,52 m (Figuras 3, 4 y 5).

FAMILIAS F3 - 2022/23																		
216	215	214	213	212	211	210	209	208	PASILLO	207	206	205	204	203	202	201	200	199
181	182	183	184	185	186	187	188	189	PASILLO	190	191	192	193	194	195	196	197	198
180	179	178	177	176	175	174	173	172	PASILLO	171	170	169	168	167	166	165	164	163
145	146	147	148	149	150	151	152	153	PASILLO	154	155	156	157	158	159	160	161	162
144	143	142	141	140	139	138	137	136	PASILLO	135	134	133	132	131	130	129	128	127
109	110	111	112	113	114	115	116	117	PASILLO	118	119	120	121	122	123	124	125	126
108	107	106	105	104	103	102	101	100	PASILLO	99	98	97	96	95	94	93	92	91
73	74	75	76	77	78	79	80	81	PASILLO	82	83	84	85	86	87	88	89	90
72	71	70	69	68	67	66	65	64	PASILLO	63	62	61	60	59	58	57	56	55
37	38	39	40	41	42	43	44	45	PASILLO	46	47	48	49	50	51	52	53	54
36	35	34	33	32	31	30	29	28	PASILLO	27	26	25	24	23	22	21	20	19
1	2	3	4	5	6	7	8	9	PASILLO	10	11	12	13	14	15	16	17	18
PUERTA																		

Figura 3: Plano del ensayo. Invernadero Dpto. Ciencias Agropecuarias FICA-UNSL. Campaña 22/23



Figura 4: Siembra de la F₃. Invernadero Dpto. Ciencias Agropecuarias FICA-UNSL. Campaña 22/23.



Figura 5: Siembra de la F₃. Invernadero Dpto. Ciencias Agropecuarias FICA-UNSL. Campaña 22/23.

2.3. Diseño experimental y siembra: Campaña 2023/24. Familias F₄.

La siembra de la población F₄ se realizó a mano en Villa Mercedes (San Luis), en el departamento de Ciencias Agropecuarias de la FICA-UNSL, el día 22 de noviembre del 2023, en invernadero con protección antigranizo y sobre rastrojo de verdeos de invierno (Figura 6). Se sembraron 211 familias de soja en 11 bloques con 18 parcelas cada uno, más un bloque de 13 parcelas. Cada parcela se diseñó de 1 surco de 2 metros distanciados a 0,52 m.



Figura 6: Siembra manual de la F₄. Invernadero Dpto. Ciencias Agropecuarias FICA- UNSL. Campaña 23/24.

En ambas campañas, previamente a la siembra, las semillas fueron tratadas con Cruiser Pack, un insecticida y fungicida compuesto por Tiametoxan, Fludioxinil, Metalaxil y Tiabendazol e inoculada con *Bradyrhizobium japonicum* (Figura 7).



Figura 7: Curado e inoculación en el Laboratorio de Semillas y Granos de la UNSL.

2.4. Variables evaluadas y conducción del material segregante por el Método Genealógico. Campañas 2022/23 y 2023/24.

Se registraron las siguientes variables:

Estados fenológicos VE (Emergencia) y R8 (Madurez) según la escala de Fehr and Cavinnes (1971).

VE Emergencia: es cuando se produce la emergencia de plántula (se observa el hipocótilo en forma de arco, arrastrando al pequeño epicótilo y a los cotiledones), además los cotiledones están sobre la superficie del suelo (Figura 9).

R8 Maduración completa: el 95% de las vainas de la planta han alcanzado el color de la madurez (Figura 10).

NDM: número de días a madurez o ciclo, estimado con el número de días que transcurren entre VE y R8.

APR8: altura de planta en cm en R8, desde la base del suelo hasta el último nudo con hoja desplegada (Figura 11).

PS: peso de 100 semillas, se determinó en el Laboratorio de semillas y granos de la UNSL, de acuerdo a las Reglas ISTA (International Safe Transit Association. 2025) (Figura 8).



Figura 8: Determinación del peso de 100 semillas. Laboratorio de semillas y granos de la UNSL.

CH: color de hilo, clasificándolo en claro y oscuro.



Figura 9: Plántulas en estado VE (emergencia), Villa Mercedes (SL).



Figura 10: Registro de estado fenológico R8- Madurez completa. Invernadero Dpto. Ciencias Agropecuarias, FICA UNSL.



Figura 11: Medición de AP en estado R8. Invernadero Dpto. Ciencias Agropecuarias, FICA UNSL.

Las poblaciones segregantes se condujeron de acuerdo al sistema de crianza del Método Genealógico, realizando selección individual entre y dentro de familias.

En la F_3 se realizó selección individual entre las familias en el estado fenológico R8 por criterio agronómico: sanidad, altura de planta, número de vainas por plantas y llenado de vainas, cosechándose como resultado familias F_4 (Figura 12). También se realizó selección dentro de las familias que expresaron variabilidad para color de pubescencia. Cada familia seleccionada se cosechó individualmente y luego en el Laboratorio de semillas y granos de la UNSL se trillaron a mano.



Figura 12: Cosecha de familias seleccionadas. Dpto. Ciencias Agropecuarias FICA UNSL.

En la F₄ se realizó a campo selección individual entre familias por criterio agronómico. Luego se realizó selección dentro de las familias que expresaron variabilidad para la variable color de pubescencia.

Posteriormente en el laboratorio se realizó selección por la variable cualitativa color de hilo en incoloro (I), claro (C) y oscuro (O), y por la variable cuantitativa peso de semillas.

2.5. Análisis estadísticos: Campañas 2022/23 y 2023/24.

Para analizar preliminarmente las familias seleccionadas en base a los caracteres evaluados se realizó estadística descriptiva.

Para caracterizar fenológicamente las familias seleccionadas agrupando genotipos con la máxima homogeneidad entre ellos y la mayor diferencia entre grupos, se realizó Análisis de Conglomerados.

La información aportada por los análisis estadísticos constituyó la base sobre la que se realizó la selección para abrir familias F₅ y continuar con el Método Genealógico.

Previamente se realizó entrenamiento en el software InfoGen para la evaluación estadística de los datos.

CAPÍTULO III

RESULTADOS

3.1. Campaña 2022/23. Familias F₃

Aplicando el sistema de crianza Genealógico, a través de la selección entre familias por criterio agronómico y de la selección dentro de familias por color de pubescencia, se identificaron y cosecharon 197 familias (semilla F₄).

La variable cualitativa color de pubescencia se utilizó para realizar selección dentro de las familias que presentaron segregación para dicha variable, y como resultado se abrieron familias con color de pubescencia gris y marrón.

Se exploró la variabilidad expresada en las familias seleccionadas a través de las medidas resumen, de posición como la media y de dispersión como la desviación estándar (Tabla 1).

Tabla 1. Medidas de posición y de dispersión de las familias seleccionadas F₃.

Variable	Media	Desviación estándar	Valores máximos y mínimos
NDM	132	9,77	122 -153
APR8	81,5	20,6	32 – 123

Tanto la variable NDM como APR8 expresaron variabilidad fenotípica y la selección por dichos caracteres fue efectiva.

Se caracterizaron las familias seleccionadas en base a la variable NDM a través de un Análisis de Conglomerados, cuyos resultados se visualizaron en el Dendrograma de la Figura 13.

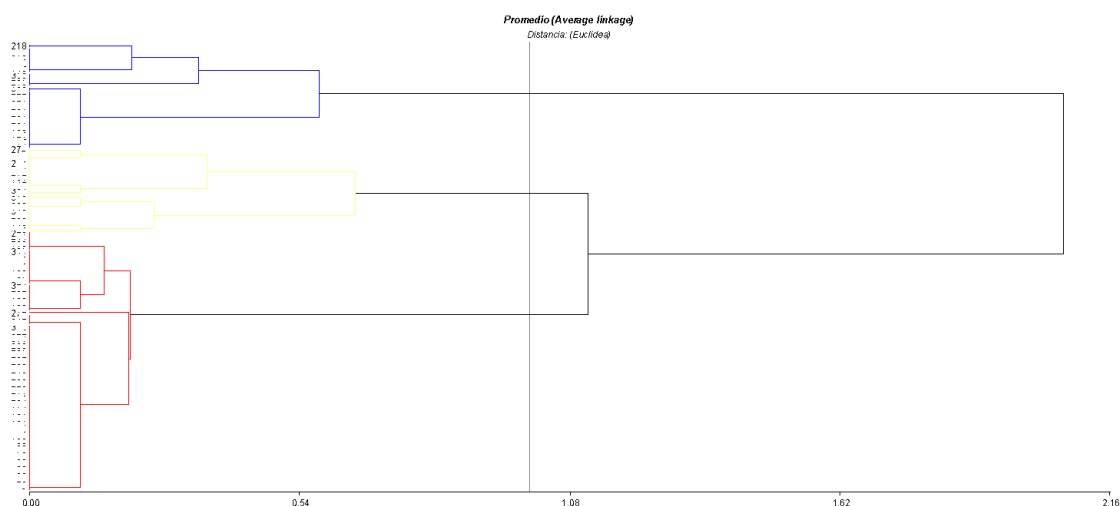


Figura 13: Dendrograma del Análisis de Conglomerado en base a NDM. Rojo: Conglomerado 1, Azul: Conglomerado 2, Amarillo: Conglomerado 3. Familias seleccionadas F₃.

Se identificaron las familias pertenecientes a cada conglomerado y se estimó la media del NDM y la cantidad de familias para cada grupo. Se identificaron 46 familias de ciclo largo (Conglomerado 2), 37 familias de ciclo intermedio (Conglomerado 3) y 114 familias de ciclo corto (Conglomerado 1) (Tabla 2).

Tabla 2. Media y cantidad de familias de cada conglomerado en base a NDM. Familias seleccionadas F₃.

Conglomerado	Media NDM	Cantidad de familias
1	124,5	114
2	147,4	46
3	135,4	37

3.2. Campaña 2023/24. Familias F₄

Continuando con la marcha del método Genealógico, se realizó selección entre y dentro de las familias. A campo se utilizó el criterio de selección por valor agronómico y por color de pubescencia, y en base a la variable cualitativa se abrieron 40 familias que expresaron segregación para color de pubescencia: 49% gris y 51% marrón (Tabla 3 y Figura 14).

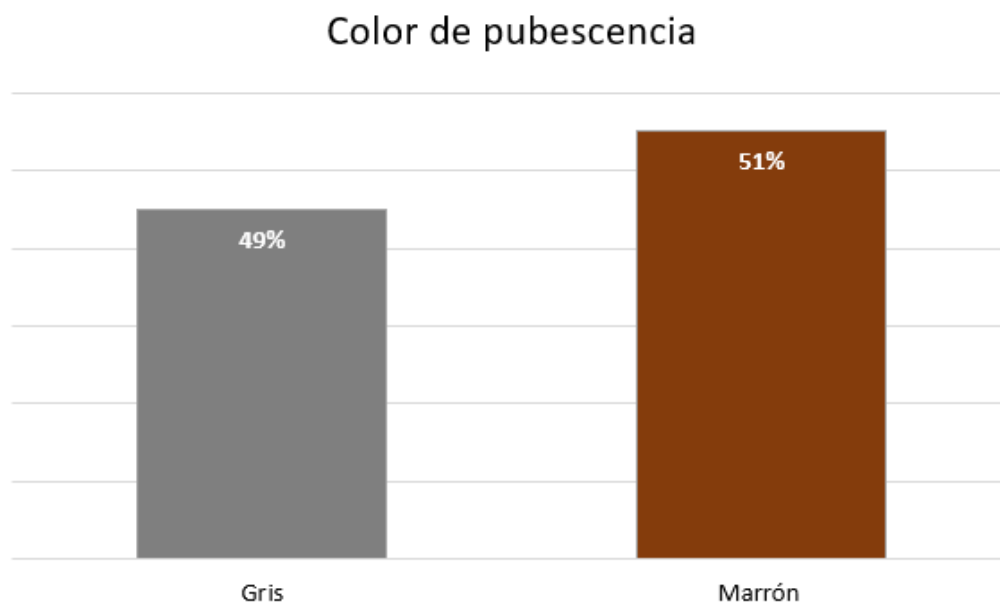


Figura 14: Clasificación de las plantas seleccionadas por color de pubescencia.

Se seleccionaron y cosecharon 142 familias (semilla F₅) y en laboratorio se las clasificó por color de hilo, registrándose 8% de familias con hilo incoloro, 48% con hilo claro y 44% con hilo oscuro (Tabla 3 y Figura 15).

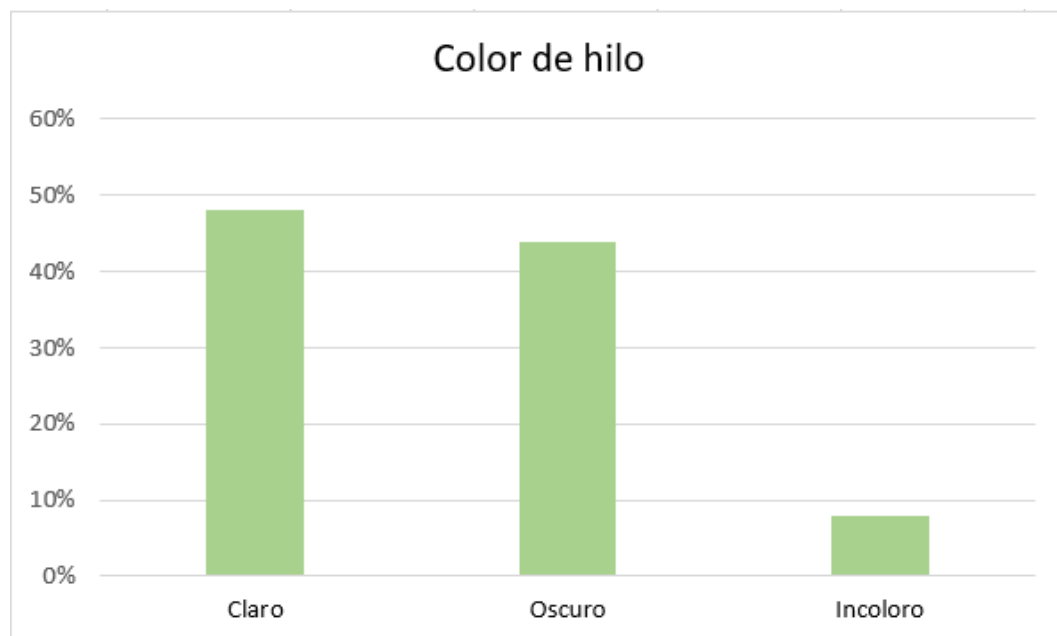


Figura 15: Clasificación de las plantas seleccionadas por color de hilo.

Tabla 3. Expresión fenotípica de las variables cualitativas. Familias seleccionadas F₄.

Color de pubescencia	Color de hilo
Gris: 49%	Incoloro: 8%
Marrón: 51%	Claro: 48%
	Oscuro: 44%

Se exploró la variabilidad existente en las familias seleccionadas a través de las medidas resumen para las variables cuantitativas (Tabla 4).

Tabla 4. Medidas de posición y de dispersión de las familias seleccionadas F₄.

Variable	Media	Desviación estándar	Valores máximos y mínimos
NDM	111,89	2,87	120 – 102
PS	14,38	2,01	20,3 -10,92
AP	72,98	12,14	104,5 – 40

Como es de esperar la variable NDM expresó poca variabilidad (DE: 2,87), debido a que en las generaciones de selección practicadas anteriormente, el objetivo fue acortar el ciclo fenológico de las familias, seleccionando a favor de menor cantidad de días a madurez.

La variable PS expresó un valor de media relativamente bajo (14,38 gramos,) debido a que durante el llenado de granos se manifestaron temperaturas por encima de los 35°C, afectando el peso y la calidad de la semilla.

Se caracterizaron las familias seleccionadas en base a la variable NDM a través de un Análisis de Conglomerados, cuyos resultados se visualizaron en el Dendrograma de la Figura 16.

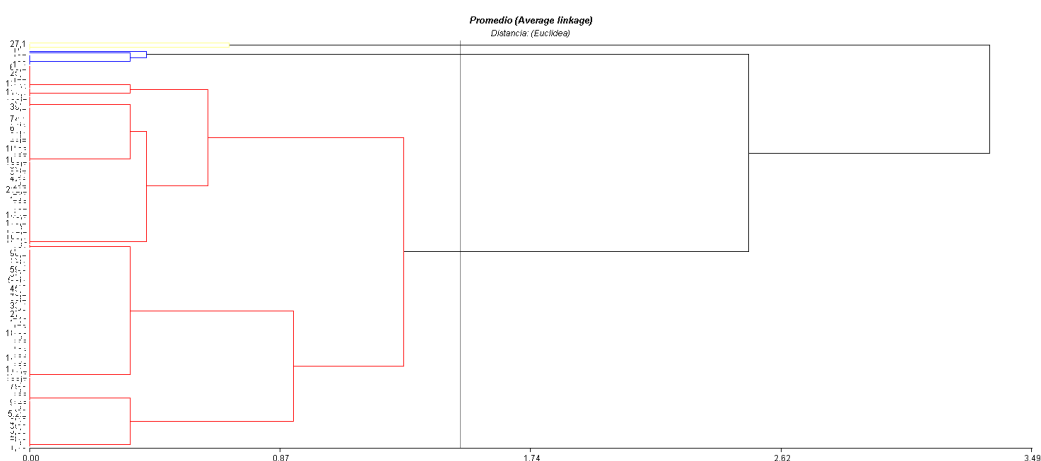


Figura 16: Dendrograma del Análisis de Conglomerado en base a NDM. Rojo: Conglomerado 1, Azul: Conglomerado 2, Amarillo: Conglomerado 3. Familias seleccionadas F₄.

Se identificaron las familias pertenecientes a cada conglomerado y se estimó la media del NDM y la cantidad de familias para cada grupo. Se identificaron 7 familias de ciclo largo (Conglomerado 2), 181 familias de ciclo intermedio (Conglomerado 1) y 4 familias de ciclo corto (Conglomerado 3) (Tabla 5).

Tabla 5. Media y cantidad de familias de cada conglomerado en base a NDM. Familias seleccionadas F₄.

Conglomerado	Media NDM	Cantidad de familias
1	108,5	181
2	119	7
3	102,5	4

3.3. Respuesta a la selección familias F₃ y F₄

Para la variable NDM, se observó una disminución de la media de la F3 (132 días) con respecto de la media de la F4 (112 días), obteniendo una respuesta a la selección de una reducción del ciclo de madurez de 20 días, logrando así el objetivo

de acortar el ciclo de las familias seleccionadas. Por otro lado, como consecuencia de los efectos de la selección, se detectó una reducción de los valores de desviación estándar (DE) (F3: 9,77 y F4: 2,87), lo que claramente expresa una reducción de la variabilidad para NDM, que se visualiza en los coeficientes de variación: CV: 0.074 para la F3 y CV: 0,025 para la F4.

Con respecto a la selección por la variable AP, se obtuvo una respuesta de 8,5 cm de reducción de la media de dicha variable (F3: 81,5 cm y F4: 73 cm), y como consecuencia del ciclo de selección se redujo la variabilidad (DE F3: 20,6 y DE F4: 12,14), cuyos CV para la F3 y F4 expresaron los siguientes valores 0,25 y 0,16 respectivamente.

En cuanto a la variable cualitativa color de hilo, la selección dirigida fue efectiva, ya que la segregación para dicha variable expresó CH claro e incoloro para la mayoría de las familias (48% hilo claro y 8% incoloro), y se descartaron las familias de CH oscuro.

La variable cualitativa color de pubescencia de la planta, se utilizó para purificar la genealogía de las familias, eliminando las plantas fuera de tipo.

CAPÍTULO IV

CONCLUSIONES

CONCLUSIONES

La aplicación del método genealógico permitió conducir las familias segregantes hacia la homocigosis expresada en la uniformidad fenotípica de las familias seleccionadas.

La caracterización fenológica de las familias fue la base de la selección por duración del ciclo y permitió acortar el ciclo de las familias seleccionadas.

La selección individual practicada entre y dentro de las familias fue efectiva para la variable cuantitativa número de días a madurez y para la variable cualitativa color de hilo.

La selección por la variable peso de semillas no fue efectiva debido a que el ambiente no permitió su óptima expresión.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Basigalup D. y Odorizzi A. (2021). Primer Simposio Internacional de Mejoramiento Genético Vegetal. Septiembre 2021. Córdoba.

Bodrero, M., Morandi, E., Martignone, R., Baigorri, H., Andrade, F., Meira, S., Guevara, E. (1997). El cultivo de Soja en Argentina. Cap. 2 – Ecofisiología del cultivo. INTA C.R. Córdoba.

Bologna S., Rojas E y Lucero V. (2015). Mejoramiento genético de especies Autógamas. Tema 9. Recopilación bibliográfica. Asignatura Mejoramiento Genético Vegetal. FICA-UNSL. pp 28. <https://classroom.google.com/u/1/c/MTQyNTQ4MTkwNTEz>.

Bologna, S. B., Rojas. E., Soldini, D. O., Gilli, J. R, Sequin, L., Martínez Álvarez, D. L. (2014). Desarrollo de germoplasma de soja con ausencia de lipoxigenasas y de factores antinutricionales. Journal of Basic and Applied Genetics JBAG. Vol. XXV (1) 2014. p. 9-20.

Bologna, S., Soldini, D., Rojas, E., Gilli, J., Lucero, V., Carrió, A., Sartori, L., Vicentin, I. (2021). New cultivar of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) with nutritional quality. 1er Simposio Internacional de Mejoramiento Genético Vegetal. Septiembre 2021. Córdoba (Argentina).

Cubero, J. I. (2003). Introducción a la mejora genética vegetal. 2º edición. Ediciones Mundi-Prensa, España. p. 209-226.

Fehr, W.R.C., C. E.; Burmood, D. T. and Pennington, J. S. (1971). Stage of development descriptions for soybeans. Crop Science 11:929-931.

InfoGen [Software de computadora]. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata. <http://www.info-gen.com.ar/>

International Seed Testing Association. (2025). International Rules for Seed Testing. ISTA. Extraído de: <https://www.seedtest.org/en/publications/international-rules-seed-testing.html>

Murgio M., Vissani C., Conde M. B. (2024). GANANCIA GENÉTICA DEL RENDIMIENTO EN BASE A LA RED NACIONAL DE EVALUACIÓN DE CULTIVARES DE SOJA (RECSO) 1994-2020. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Manfredi. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Marcos Juárez.

Nemec J. (2012). Flor soja. Extraído de: <https://www.fotorevista.com.ar/SFotos/?select=1210091207273>

Rossi, R. (2012). Historia del Mejoramiento Genético de la Soja en la Argentina. En: El Cultivo de Soja en la Argentina (Cap.2. Págs. p.33-50). Editores: Baigorri, H. Y Salado Navarro, L.; Vicente Lopéz, Argentina: Agroeditorial.

Santos D. J. (2019). Red de ganancia genética de PROSOJA: cambios de rendimiento atribuibles al mejoramiento en Argentina entre 1985 y 2014. En: Actas de Mercosoja 2019, 4 y 5 de Setiembre, Rosario, Argentina.

Santos D. J. y Gallardo M. A. (2019). Red de ganancia genética de PROSOJA: cambios en proteína y aceite en grano atribuibles al mejoramiento en Argentina entre 1985 Y 2014. PROSOJA. INTA-EEA Paraná.

Santos, DJ, B. Ferrari, D. Fresoli, P. Beret, R. Benavidez, R. Vicentini, M. Della Magdalena, M. Mondino, G. Salas, S. Lustig, M. Antongiovani, M. Devani, M. Lizondo, L. Erazzu, L. Salines, H. Baigorri, C. Nari, R. Rossi, J. Dolinkue, R. Wright, L. Curti, O. Sanmartin, A. J. de la Vega. (2006). Ganancia Genética en Soja en Argentina entre 1980 y 2000. En: Actas de Mercosoja 2006, 26 al 30 de Junio de 2006, Rosario, Argentina pp 196 a 200.

Soldini, D. O. (2022). “Descomoditización” de la producción de soja. INTA EEA Marcos Juárez. <https://inta.gob.ar> - 7 pp.

Vecchi S. (2023). Fenología en el cultivo. Extraído de: <https://www.pioneer.com/ar/articulos/Fenologia-en-el-Cultivo-de-Soja.html>