



Revista Industrial  
y Agrícola de  
Tucumán

ISSN 0370-5404

En línea  
1851-3018

Tomo 103 (1):  
27-29; 2026



ESTACION EXPERIMENTAL  
AGROINDUSTRIAL  
OBISPO COLOMBRES  
Tucumán | Argentina

Av. William Cross 3150  
T4101XAC - Las Talitas.  
Tucumán, Argentina.

Trabajo ya publicado

**Trabajo  
presentado en  
el XXXII ISSCT  
Centennial  
Congress, 24 al 28  
de agosto de 2025,  
Cali, Colombia,  
traducido al  
castellano.**

Fecha de  
recepción:  
16/09/2025

Fecha de  
aceptación:  
17/09/2025

# Análisis retrospectivo de progenitores en el programa de mejoramiento genético de caña de azúcar de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres de 1998 a 2020

Carolina Díaz Romero\*, M. Fernanda Figueroa\*, Jorge V. Díaz\*, Diego D. Henríquez\*,  
Diego D. Costilla\*, A. Cecilia Ghio\*, Josefina Racedo\*\* y Santiago Ostengo\*

\* Programa de Mejoramiento Genético de Caña de Azúcar, Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Las Talitas, Tucumán, R. Argentina, T4101XAC. \*\* Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), EEAOC - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CCT NOA Sur. Las Talitas T4101XAC, Tucumán, Argentina. Email: cdiazromero@eeaoc.org.ar

## RESUMEN

El Programa de Mejoramiento Genético de Caña de Azúcar de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (PMGCA-EEAOC) en Tucumán, Argentina, selecciona cada año los progenitores que se utilizarán en los cruzamientos biparentales. El presente estudio tuvo como objetivo analizar los progenitores elegidos entre 1998 y 2020 (23 campañas) en el PMGCA-EEAOC, en función de su nivel de exploración y del número de individuos seleccionados de su progenie en las etapas tempranas de selección. Se calcularon índices propuestos por Santchurn et al. (2023), asociados al número de familias e individuos explorados en base a medias históricas, y a las tasas de selección en las etapas iniciales del esquema de selección del PMGCA-EEAOC. En total, se caracterizaron 316 progenitores, de los cuales el 72% tuvo suficiente progenie para evaluar su desempeño. De estos progenitores, el 53,9% generó individuos que fueron seleccionados en la Etapa 2 del PMGCA-EEAOC (etapa temprana de selección no replicada), con una tasa de selección superior a la de la población. Los progenitores analizados fueron utilizados en 1460 cruzamientos biparentales, generando 70.135 individuos que alcanzaron la Etapa 2. De estas familias, solo el 40% fue suficientemente explorado en relación con las medias históricas. Entre las familias que fueron ampliamente exploradas, el 42,2% presentó una tasa de selección mayor que la tasa de selección poblacional. Este análisis retrospectivo de 23 campañas generó información para investigar asociaciones entre los valores fenotípicos y genéticos, derivados de estudios genómicos, de los progenitores del PMGCA-EEAOC y su capacidad de producir progenie con altos valores selectivos.

**Palabras clave:** cruzamientos, progenies, índice de selección, tasa de selección.

## ABSTRACT

**Retrospective analysis of progenitors in the sugarcane breeding program of Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres from 1998 to 2020**

Each year the Sugarcane Breeding Program of Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (SCBP-EEAOC) in Tucumán, Argentina, selects the progenitors to be used in biparental crossings. The present study aimed to analyze the parents chosen between 1998 and 2020 (23 seasons) in the SCBP-EEAOC based on their level of exploration and the number of selected individuals of their progeny in early selection stages. Indices proposed by Santchurn et al. (2023) were calculated, associated with the number of families and individuals explored based on historical means, and the selection rates at the early stages of the SCBP-EEAOC selection scheme. A total of 316 progenitors were characterized, of which 72% had enough progeny to assess their performance. Of these progenitors, 53.9% generated individuals that were selected in

Stage 2 of the SCBP-EEAOC (early unreplicated selection stage) with a selection rate higher than the selection rate of the overall population. The analyzed progenitors were used in 1460 biparental crossings, generating 70,135 individuals that reached Stage 2. Of these families, only 40% were sufficiently explored based on historical means. Among the families that were widely explored, 42.2% had a higher selection rate than that of the population. This retrospective analysis of 23 seasons generated information to investigate associations between phenotypic and genetic values, derived from genomic studies, of the SCBP-EEAOC progenitors, and their capability of producing progeny with high selective values.

**Key words:** crossings, progenies, selection index, selection rate.

## INTRODUCCIÓN

Anualmente, el Programa de Mejoramiento Genético de Caña de Azúcar de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (PMGCA-EEAOC) en Tucumán, Argentina, realiza un promedio de 450 cruzamientos biparentales para generar poblaciones genéticamente diversas. Estos nuevos genotipos son evaluados y seleccionados a través de cinco etapas sucesivas que abarcan un período de 12 años, con el objetivo final de obtener variedades comerciales de alto rendimiento (Ostengo *et al.*, 2021). La selección de los progenitores involucrados en los cruzamientos constituye un aspecto clave, ya que sus características fenotípicas y genéticas, junto con su capacidad de transmitir las a la descendencia, determinan la calidad de las poblaciones resultantes y, en consecuencia, el éxito en el desarrollo de nuevas variedades.

Santchurn *et al.* (2023) propusieron el uso de índices para categorizar progenitores y cruzamientos en función de las tasas de selección de las progenies a lo largo de las diferentes etapas del proceso de selección. Este enfoque permite identificar progenitores y cruzamientos con alta calidad genética que generarán un mayor número de genotipos con probabilidad de ser elegidos para avanzar a la siguiente fase del proceso de mejoramiento.

Una herramienta útil para la selección de progenitores es la integración de información molecular mediante el cálculo de sus valores genéticos estimados (GEBV, siglas en inglés de Genetic Breeding Values) a partir de datos genómicos. El uso de progenitores con altos GEBV para los caracteres de interés incrementará el valor genético de las progenies (Racedo *et al.*, 2023).

El objetivo de este trabajo fue realizar un análisis retrospectivo de los progenitores utilizados entre 1998 y 2020 (23 campañas) en el PMGCA-EEAOC, en función de su nivel de exploración y del número de individuos seleccionados de su progenie en las etapas tempranas de selección.

## MATERIALES Y MÉTODOS

Los índices propuestos por Santchurn *et al.* (2023) se utilizaron para categorizar progenitores y cruzamientos biparentales, abarcando 23 series implantadas entre 1998 y 2020. La evaluación de genotipos se reali-

zó en la primera etapa clonal (Etapa 2) del esquema del PMGCA-EEAOC, que consiste en parcelas no replicadas de un surco de 3 m, plantado en campos experimentales ubicados en Cevil Pozo (departamento Cruz Alta) y Santa Ana (departamento Río Chico), en Tucumán, Argentina.

La categorización se basó en dos criterios principales: el número de individuos evaluados por progenitor o cruzamiento, y las tasas de selección obtenidas en esta etapa del programa.

Los cruzamientos y sus progenitores correspondientes fueron clasificados de acuerdo con el número de clones plantados por cruzamiento y progenitor, según los criterios especificados en la Tabla 1; a esta clasificación se la designó como Grado de Progenie (GP). Las categorías fueron definidas a partir de registros históricos de clones por cruzamiento plantados en la Etapa 2.

Tabla 1. Grado de Progenie (GP).

Grado de Progenie		Clones por cruza
1	Bajo	< 10
2	Regular	10 - 29
3	Medio	30 - 49
4	Bueno	50 - 69
5	Muy bueno	> 70

Los Índices de Selección (IS) fueron calculados para cada progenitor (femenino y masculino) y para cada cruzamiento, considerando la relación entre la tasa de selección (TS) de cada uno y la tasa de selección de la población en cada año. En base al IS se categorizaron los progenitores y los cruzamientos de acuerdo a la Tabla 2.

Tabla 2. Categorías de Progenitores y cruzamientos basados en el Índice de Selección (IS).

IS = TS Progenitor o Cruzamiento / TS Población	Categoría de Progenitor o Cruza (CP-CC)	
0 - 0,99	1	Regular
1 - 1,49	2	Media
1,5 - 1,99	3	Buena
2 - 2,49	4	Muy buena
≥ 2,5	5	Excelente

## RESULTADOS

El análisis de los progenitores utilizados en las 23 campañas estudiadas permitió caracterizar a 316 individuos parentales.

### Determinación del Grado de Progenie de progenitores y cruzamientos

El Grado de Progenie (GP) de cada progenitor y cruzamiento se determinó considerando el número de clones evaluados correspondientes a cada uno en la Etapa 2. La Tabla 3 presenta el número de progenitores y cruzamientos clasificados en cada categoría de GP, de 1 (bajo) a 5 (muy bueno), y detalla el porcentaje que estas cantidades representan en cada categoría con respecto al total. Se consideró que un GP igual o superior a 3, es decir, más de 30 clones evaluados por progenitor o cruzamiento en la etapa mencionada, era apropiado para indicar un nivel aceptable de exploración. De esta manera, el desempeño de 228 progenitores (72% de los progenitores analizados) pudo ser evaluado a través de su progenie. Mientras tanto, 611 cruzamientos (41% del total) tuvieron suficientes clones para explorar su comportamiento.

**Tabla 3.** Número y porcentaje de progenitores y cruzamientos estudiados para cada categoría de GP.

Grado de Progenie	N° de Progenitores	% de Progenitores	N° de Cruzamientos	% de Cruzamientos
1 Bajo	33	10%	811	56%
2 Regular	55	17%	38	3%
3 Medio	32	10%	241	17%
4 Bueno	25	8%	100	7%
5 Muy bueno	171	54%	270	18%
<b>Total</b>	<b>316</b>	<b>100%</b>	<b>1460</b>	<b>100%</b>

### Categorización de progenitores

Los Índices de Selección (IS) fueron calculados para los 228 progenitores con un GP mayor o igual a 3, y luego se les asignó la categoría correspondiente. El número total de progenitores asignados a cada categoría se muestra en la Tabla 4. Las categorías iguales o superiores a 2 corresponden a IS mayores que 1, lo que indica que la tasa de selección (TS) del progenitor o del cruzamiento superó la TS de la población evaluada. El número total de progenitores asignados a estas categorías fue de 123, lo que representa el 53,9% de los progenitores estudiados.

**Tabla 4.** Número de progenitores asignados por Categoría de Progenitores (CP).

Categoría de Progenitor (CP)	N° de Progenitores	%
1 Regular	33	46
2 Media	55	54
3 Buena	32	
4 Muy buena	25	
5 Excelente	171	
<b>Total</b>	<b>316</b>	<b>100</b>

### Categorización de cruzamientos

Se evaluaron 1460 cruzamientos biparentales a lo largo de las 23 campañas, generando un total de 70.135 clones plantados en la Etapa 2. De estos cruzamientos, 611 presentaron un GP de 3 o superior. En la Tabla 5, los cruzamientos se categorizan según su Índice de Selección (IS), mostrando el 42,2% un IS de 2 o más. Esto indica que la Tasa de Selección (TS) del cruzamiento superó la TS promedio de la población analizada. Por lo tanto, se destaca que un porcentaje significativo de los cruzamientos estudiados presentó características deseables, lo que permitió la selección de un alto número de individuos para continuar el proceso de selección en la siguiente etapa.

**Tabla 5.** Número de cruzaas asignadas por Categoría de Cruzamientos (CC).

Categoría de Cruzamiento (CC)	N° de Cruzamientos	%
1 Regular	353	58
2 Media	155	42
3 Buena	55	
4 Muy buena	27	
5 Excelente	21	
<b>Total</b>	<b>611</b>	<b>100</b>

## CONCLUSIONES

La selección de progenitores en un programa de mejoramiento es una etapa altamente compleja que involucra numerosas variables, por lo que se requieren metodologías eficientes para detectar de manera precisa y, si es posible, rápida los que poseen un alto valor genético.

La categorización de progenitores y cruzamientos utilizando niveles de exploración y tasas de selección en etapas tempranas, y luego asociándola con información genética (GEBVs), constituye una herramienta útil. Los valores genéticos asignados a los progenitores, junto con estudios de asociación, permitirán implementar la selección genómica, identificando progenitores destacados para continuar explorándolos, y descartar aquellos con bajo desempeño. De manera similar, facilitará la diferenciación de cruzamientos sobresalientes de aquellos clasificados como de bajo rendimiento.

## BIBLIOGRAFÍA CITADA

- Ostengo, S.; G. Serino; M. F. Perera et al. 2021.** Sugarcane breeding, germplasm development and supporting genetic research in Argentina. Sugar Tech 24: 166-180.
- Racedo, J.; E. A. Rossi; M. Aybar Guchea et al. 2023.** Genomic selection for traits of interest in the EEAOC sugarcane breeding program. Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists 31: 775-781.
- Santchurn, D.; M. G. H. Badaloo and S. Travailleux. 2023.** A method for improving the efficiency of the proven-cross and proven-parent system in Mauritius. Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists 31: 611-620.