

# Vigor híbrido hacia grupos heteróticos y selección genómica en Girasol (*Helianthus annuus* L.)

Mazzalay, A.<sup>1</sup> ; Domínguez, M.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Mejoramiento y Recursos Genéticos de Girasol. EEA INTA Manfredi - Centro Regional Córdoba, Ruta 9 Km. 636; [mazzalay.agustin@inta.gob.ar](mailto:mazzalay.agustin@inta.gob.ar)

<sup>2</sup> Mejoramiento Genético de Girasol. EEA INTA Pergamino - Centro Regional Buenos Aires Norte, Ruta 32 Km. 4,5; [dominguez.matias@inta.gob.ar](mailto:dominguez.matias@inta.gob.ar)

Los investigadores Morozov (1934) y Jadodkin (1937), fueron los primeros en reportar los efectos de la heterosis en el rendimiento. Unrau (1944) lo cuantificó, y otros autores también hicieron sus aportes pero todos coincidiendo con que es una de las contribuciones más importantes de la genética a la agricultura. Su implementación en la producción de semillas comenzó a ser una realidad al hallarse la esterilidad génica asociada a un marcador morfológico. Tras la incorporación de la esterilidad citoplasmática por el cruzamiento interespecífico con *H. Petiolaris* y el descubrimiento de los genes de restauración permitió producir a gran escala (Leclercq,1969; Burlov,1974; Voskoboinik,1980). Con la incorporación del pedigree, marcadores moleculares y proteínas de almacenamiento para estudiar la variabilidad génica se profundizó en la precisión y eficiencia para explotar las mejores combinaciones genotípicas.

En los últimos años, la formación de grupos heteróticos como ocurre en otros cultivos permitió aprovechar al máximo la heterosis. Las nuevas técnicas de genotipado masivo disminuyeron el costo del genotipado, que junto a la elaboración de modelos estadísticos apropiados dió lugar a la selección genómica. Esta permite la predicción de valores genotípicos de individuos que no han sido fenotipados como así también la predicción de la aptitud combinatoria, convirtiéndose en una herramienta a considerar en un programa de mejoramiento, ya que es posible trabajar con un mayor número de individuos y reducir los tiempos de selección. Además, la reciente publicación del genoma secuenciado (Badouin, 2017) y la continua generación de datos transcriptómicos, proteómicos y metabolómicos permitirán tener una mejor visión de los mecanismos fisiológicos y moleculares involucrados en caracteres cuantitativos complejos como el rendimiento y la resistencia a estreses bióticos y abióticos (Dimitrijevic, 2018).

Por lo tanto, la concurrencia de conocimientos genéticos, estadísticos y biotecnológicos principalmente, darán lugar hacia la mejora del cultivo de girasol haciendo un uso eficiente de los recursos limitados.