

ANÁLISIS DE COMPONENTES FABRILES Y BIOENERGÉTICOS EN FAMILIAS DEL PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE LA CAÑA DE AZÚCAR DE INTA

García J. M.^{1*}; Erazzú L. E.²; Acevedo A.³

¹Estación Experimental Agropecuaria Famaillá, INTA. Ruta Provincial 301 Km. 32, (4132), Famaillá, Tucumán, Argentina, ²Centro Regional Tucumán-Santiago del Estero, INTA. Balcarce 51, (4000), San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina. ³Instituto de Suelos, Centro de Investigación de Recursos Naturales, INTA. Las Cabañas y los reseros s/n, (1772), Buenos Aires, Argentina. *garcia.josemaria@inta.gob.ar

Palabras clave: Biomasa; fibra; Modelos Lineales Mixtos.

Introducción

La caña de azúcar (*Saccharum* spp.) es el cultivo industrial más extensamente cultivado en Argentina, destinado principalmente a las industrias del azúcar y el bioetanol. En los últimos años, se ha observado un creciente interés en mejorar genéticamente la caña de azúcar, con el propósito de desarrollar nuevos híbridos capaces de ofrecer elevado rendimiento de fibra y biomasa lignocelulósica, que puedan ser utilizados para diversos usos bioenergéticos y para la producción de biomateriales (Sandhu et al., 2016). Sin embargo, el desarrollo de cultivares energéticos aún enfrenta una serie de desafíos para el mejoramiento genético. Tradicionalmente, la mejora genética de la caña de azúcar se ha centrado en maximizar el rendimiento de azúcar, lo que ha dejado de lado la evaluación de atributos bioenergéticos clave, como el contenido de fibra, la biomasa derivada del residuo agrícola de la cosecha (RAC) y la biomasa total por individuo. Además, el contenido de fibra en el tallo, aunque evaluado en etapas intermedias o avanzadas del proceso de mejoramiento, suele considerarse indeseable debido a su asociación histórica con una menor calidad para la producción de azúcar (Cursi et al., 2022). Esto ha llevado a un conocimiento limitado sobre la dinámica de estos caracteres en las poblaciones de caña de azúcar y su relación con los atributos tradicionales evaluados. Un entendimiento más profundo de estos aspectos podría orientar la selección hacia el desarrollo de híbridos multipropósito, capaces de ofrecer tanto azúcar como contenidos más elevados de fibra biomasa total.

En la investigación reciente sobre mejoramiento genético de plantas, se ha observado una marcada tendencia hacia la adopción de modelos lineales mixtos (MLM) para el análisis de datos fenotípicos (Bernardo, 2020). Estos modelos han demostrado ser valiosos en la estimación de componentes de varianza, parámetros genéticos y correlaciones, así como en la predicción de valores genéticos mediante el uso de BLUPs (Best Linear Unbiased Prediction) para los efectos aleatorios de los genotipos (Ostengo et al., 2013; Hoarau et al., 2021). El objetivo de este trabajo fue evaluar el potencial fabril y bioenergético de familias de caña de azúcar del Programa de Mejoramiento Genético de Caña de Azúcar (PMGCA) de INTA, empleando como enfoque metodológico MLM y BLUPs.

Materiales y métodos

Se evaluaron dos familias de caña de azúcar de hermanos completos denominadas C1 (NA724 x LCP 85-384, n= 91) y C2 (HOCP 92-665 x NA 56-30, n= 77), incluyendo los parentales, y los testigos LCP 85-384 y L 91-281. Las mismas provienen de un lote de plantines pertenecientes al PMGCA de INTA, los cuales no fueron sometidos a selección con el objetivo de conservar la variabilidad genética de las familias. Los materiales se plantaron en un diseño en bloques completos al azar, compuesto por dos bloques con una repetición por bloque. El ensayo se llevó a cabo en la Estación Experimental Agrícola Famaillá de INTA

(27°03'S, 65°25'N, 363 m.s.n.m.) en parcelas de 3 m x 1,6 m, y evaluaron en tres años consecutivos, correspondientes a las edades de cultivo de caña planta, soca 1 y soca 2.

Se evaluaron los siguientes componentes de rendimiento fabril y bioenergético: altura, diámetro, peso por tallo (PPT) y peso del residuo agrícola de cosecha (PRAC), número de tallos (NUTA), brix, pol, pureza, sacarosa (Acreche et al., 2015) y fibra (Tanimoto, 1964). Seguidamente, a partir de los componentes de rendimiento se estimaron las siguientes variables de rendimiento expresadas en t/ha de caña (TC), RAC (TR), sacarosa (TS), fibra (TF) y biomasa (TB).

Se ajustó el siguiente modelo mixto para cada familia: $T_{ijk} = \mu + C_i + G_j + GC_{ij} + B_k + \varepsilon_{ijk}$ donde, μ es la media general; T_{ijk} es la media del genotipo j , en el año-edad i , en el bloque k ; C_i es el efecto fijo del año i ; G_j es el efecto aleatorio del genotipo j ; GC_{ij} es el efecto aleatorio de la interacción entre el genotipo j y el año i ; B_k es el efecto aleatorio del bloque k ; y ε_{ijk} es la variación residual. Se originó un ranking de genotipos para cada familia a partir de los mejores predictores lineales insesgados (BLUPs) obtenidos para los efectos genotípicos, el ranking incluyó a los parentales de cada familia y a los testigos comerciales. Se emplearon los BLUPs en un análisis de componentes principales (PCA) para evaluar la relación entre componentes y variables de rendimiento.

Resultados

En términos generales, en las dos familias se observó que los mismos genotipos se destacaron en las primeras posiciones del ranking de genotipos a partir de BLUPs en la mayoría de las variables de rendimiento (Tablas 1 y 2). Resulta importante señalar el posicionamiento de los testigos comerciales, ubicándose LCP384 entre el 2° y 8° puesto, y L281 entre el 7° y 15° puesto para las variables TC, TR, TS y TB (Tablas 1 y 2). Con respecto a la variable TF, los testigos se ubicaron en posiciones más bajas (entre los puestos 15° y 20°) en comparación al resto de las variables, dejando un mayor número de genotipos posibles de seleccionar para esta variable de rendimiento con respecto a las demás.

Entre las dos familias, se encontraron siete genotipos (7, 85, 19, 64, 96, 115 y 135) cuyos BLUPs para TB superaron los del testigo de mayor valor (Tablas 1 y 2). Un análisis más detallado de estos genotipos reveló que sus niveles de sacarosa se ubicaron en el rango de 9,4% a 10,8%. Sin embargo, se observaron diferencias en los contenidos de fibra entre los genotipos de alto TB de las dos familias, con valores entre 11,5% y 12,6% para la familia C1, y entre 12,6 %y 16,0% para la familia C2, indicando el mayor potencial de la familia C2 para la selección de genotipos que combinen altos niveles de fibra y biomasa. En esta última familia, se identificó al genotipo 96 con una combinación de contenidos elevados para ambos componentes de rendimiento (Sacarosa= 10,8% y fibra= 16,0%).

El análisis de PCA mostró que los dos primeros componentes explicaron >64,0% de la variabilidad total en las dos familias (Figura 1). Esto permitió identificar los siguientes grupos de componentes y variables de rendimiento: "Grupo 1", conformado por brix, pol, pureza y fibra; "Grupo 2" conformado por PRAC, PPT y diámetro, y "Grupo 3" constituido por todas las variables de rendimiento y altura. Los componentes NUTA y sacarosa se ubicaron en el Grupo 1 o 3 según la familia.

Tabla 1. Ranking de predictores lineales insesgados (BLUPs) del efecto genotipo de los 20 individuos superiores de la familia C1, incluyendo parentales y testigos comerciales, para las variables de rendimiento.

Ranking	TC		TR		TS		TF		TB	
	Genotipo	BLUPs	Genotipo	BLUPs	Genotipo	BLUPs	Genotipo	BLUPs	Genotipo	BLUPs
1°	19	36,2	7	4,6	54	3,9	36	5,0	7	11,6
2°	85	34,6	17	3,4	LCP384	3,7	85	4,5	85	10,7
3°	7	33,6	64	3,4	19	3,5	21	4,1	19	10,5
4°	54	32,7	90	3,3	64	3,5	54	3,8	64	10,3
5°	66	32,1	LCP384	3,3	62	3,3	7	3,8	LCP384	10,2
6°	64	28,2	85	3,2	32	3,0	19	3,6	54	9,9
7°	21	28,0	L281	2,9	52	3,0	9	3,4	36	9,6
8°	LCP384	27,3	19	2,8	7	2,9	72	3,2	21	8,3
9°	51	24,2	62	2,6	85	2,7	64	3,2	62	8,3
10°	36	24,2	72	2,3	51	2,4	66	3,1	9	7,1
11°	70	23,4	21	2,3	70	2,3	4	2,8	17	7,1
12°	32	23,4	36	2,2	66	2,3	26	2,8	51	7,1
13°	62	21,5	9	2,0	25	2,1	90	2,7	66	6,8
14°	L281	18,9	54	2,0	36	2,1	51	2,6	L281	6,7
15°	9	18,9	26	1,8	L281	2,1	61	2,4	26	6,7
16°	52	18,9	66	1,7	17	2,0	58	2,1	72	6,6
17°	39	18,7	31	1,6	72	1,6	73	2,1	90	6,4
18°	26	15,9	32	1,6	9	1,6	L281	2,1	32	6,4
19°	25	15,8	70	1,6	21	1,6	62	2,1	52	5,6
20°	88	15,8	33	1,5	58	1,5	LCP384	1,9	33	4,9

TC= toneladas de caña por hectárea, TR= toneladas de RAC por hectárea, TS= toneladas de sacarosa por hectárea, TF= toneladas de fibra por hectárea, TB= toneladas de biomasa por hectárea.

Tabla 2. Ranking de predictores lineales inesgados (BLUPs) del efecto genotipo de los 20 individuos superiores de la familia C2, incluyendo parentales y testigos comerciales, para las variables de rendimiento.

Ranking	TC		TR		TS		TF		TB	
	Genotipo	BLUPs	Genotipo	BLUPs	Genotipo	BLUPs	Genotipo	BLUPs	Genotipo	BLUPs
1°	115	41,3	96	6,3	135	4,2	96	6,5	96	15,1
2°	135	36,5	135	5,0	LCP384	3,8	115	5,8	115	14,4
3°	LCP384	28,3	115	4,7	115	3,5	135	4,8	135	13,7
4°	96	27,9	162	4,6	161	3,0	103	4,4	LCP384	10,7
5°	161	26,2	161	3,9	96	2,8	161	3,3	161	10,3
6°	137	26,1	LCP384	3,8	L281	2,4	162	3,1	162	9,9
7°	139	25,4	117	3,6	137	2,4	128	3,0	117	8,3
8°	157	20,7	137	3,5	157	2,4	117	3,0	137	8,2
9°	162	20,6	132	3,0	112	2,3	167	2,9	157	8,0
10°	167	20,4	L281	2,9	162	2,1	157	2,9	103	7,8
11°	L281	19,8	103	2,7	136	2,0	123	2,6	167	7,1
12°	117	17,7	123	2,5	139	1,9	166	2,4	L281	7,1
13°	136	16,2	128	2,3	167	1,9	137	2,4	128	6,6
14°	166	16,0	157	2,3	143	1,8	160	2,1	123	6,1
15°	143	15,7	167	2,3	117	1,8	L281	2,0	139	5,6
16°	128	15,4	134	2,1	134	1,6	LCP384	1,8	132	5,2
17°	123	14,7	133	1,9	126	1,5	132	1,6	166	5,1
18°	112	14,1	139	1,9	128	1,5	HOCP665	1,6	134	4,9
19°	103	12,4	116	1,8	141	1,3	126	1,5	160	4,4
20°	132	11,4	120	1,6	140	1,3	145	1,4	HOCP665	4,3

TC= toneladas de caña por hectárea, TR= toneladas de RAC por hectárea, TS= toneladas de sacarosa por hectárea, TF= toneladas de fibra por hectárea, TB= toneladas de biomasa por hectárea.

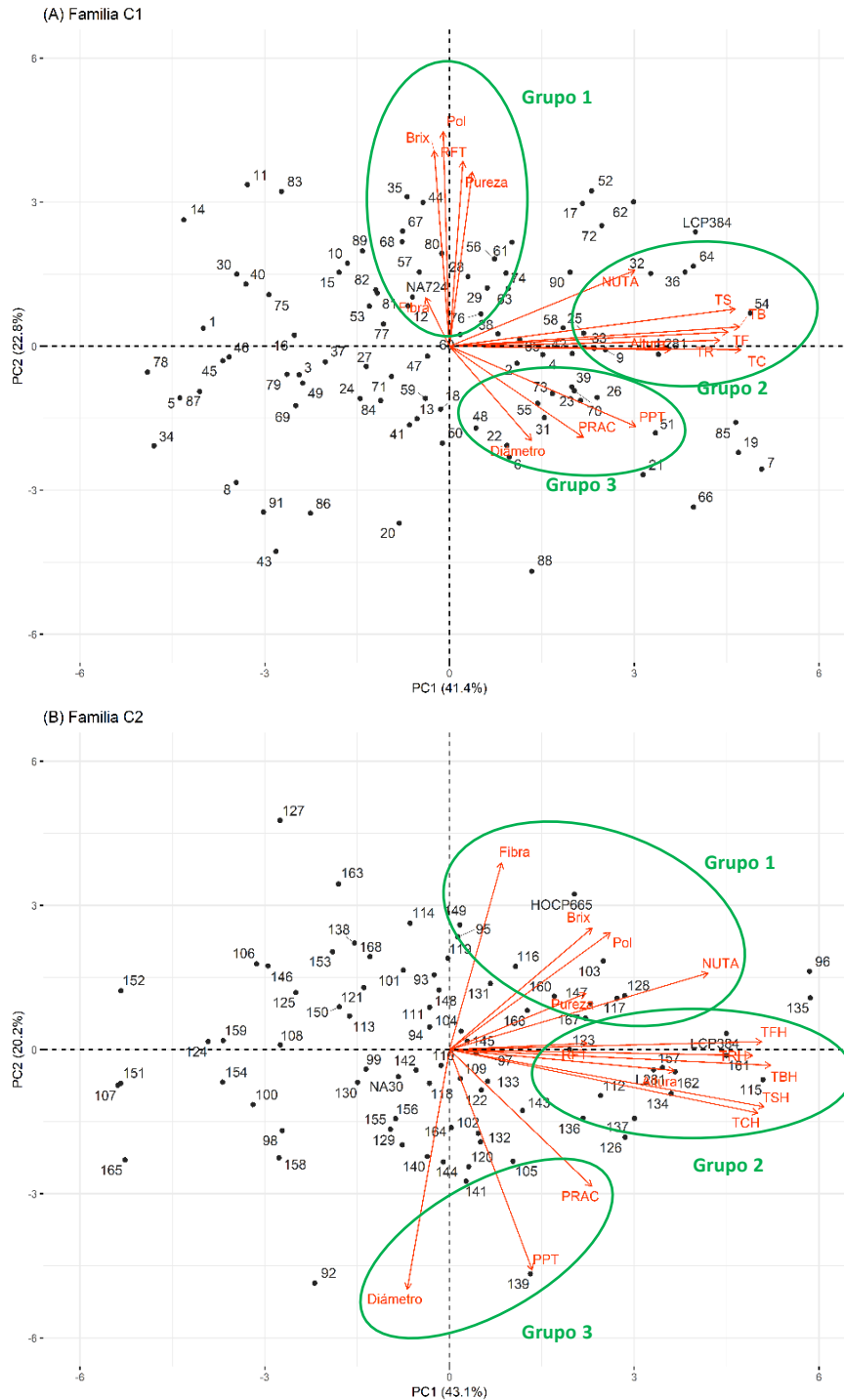


Figura 1. Biplot de componentes principales para BLUPs de componentes y variables de rendimiento para las familias C1 (NA724 x LCP384) (A) y C2 (HOCP665 x NA30) (B). LCP384 y L281 son testigos comerciales de caña de azúcar. PPT= peso por tallo, PRAC= peso del residuo agrícola de cosecha, NUTA= número de tallos, RFT= sacarosa, TC= toneladas de caña por hectárea, TR= toneladas de RAC por hectárea, TS= toneladas de sacarosa por hectárea, TF= toneladas de fibra por hectárea, TB= toneladas de biomasa por hectárea.

Conclusiones

El empleo de modelos mixtos y BLUPs permitió identificar genotipos sobresalientes para variables de rendimiento en familias de caña de azúcar, y estudiar las relaciones genéticas entre variables mediante un análisis multivariado.

El contenido máximo de fibra observado en las familias en comparación con los testigos comerciales sugiere la posibilidad de desarrollar híbridos de caña multipropósito que superen en cinco a seis puntos porcentuales a las variedades comerciales actualmente utilizadas, sin comprometer de forma considerable la producción de azúcar.

La presencia de genotipos de alto rendimiento de biomasa junto con proporciones deseables de fibra y sacarosa en tallo resultarían favorable para el desarrollo de híbridos de caña con fines bioenergéticos en el PMGCA de INTA.

Apoyo financiero

Este trabajo fue financiado por el INTA (PD-I071 y Programa Nacional de Cultivos Industriales) y CONICET (PICT 2016-1670).

Referencias bibliográficas

- Acreche, M.M.; Sáez, J.V.; Vera J.C. 2015. Physiological bases of genetic gains in sugarcane yield in Argentina. *Field Crops Research*, 175, 80-86.
- Bernardo, R. 2020. Reinventing quantitative genetics for plant breeding: something old, something new, something borrowed, something BLUE. *Heredity*, 125(6), 375-385.
- Cursi, D.E.; Cox, M.C.; Anoni, C.O.; Hoffmann, H.P.; Gazaffi, R.; Garcia, A.A.F. 2020. Comparison of different selection methods in the seedling stage of sugarcane breeding. *Agronomy Journal*, 112(6), 4879-4897.
- Hoarau, J.Y.; Dumont, T., Wei, X.; Jackson, P.; D'hont, A. (2021). Applications of quantitative genetics and statistical analyses in sugarcane breeding. *Sugar Tech*, 24(1), 320-340.
- Ostengo, S.; Cuenya, M.I.; Balzarini, M. (2013). A biplot-based analysis for exploring interactions in sugarcane multi-environment trials with multiple harvests en *Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists* (Vol. 28).
- Sandhu, H.S.; Gilbert, R.A.; Comstock, J.C.; Gordon, V.S.; Korndörfer, P.; Arundale, R.A.; El-Hout, N. (2016). Registration of 'UFCP 82-1655' sugarcane. *Journal of Plant Registrations*, 10, 22-27.
- Tanimoto, T. (1964). The press method of cane analysis. *The Hawaiian Planters' Record*, 57, 133-150.