

# Utilización de marcadores moleculares en distintas etapas del Programa de Mejoramiento Genético de la Soja de la EEAOC

► Esteban Mariano Pardo\*, Carla Maria Lourdes Rocha\*, Gabriela García\*, Nahuel Ruíz Huidobro\*\*, José Sánchez\*\*

## Introducción

**E**l mejoramiento genético vegetal tiene como finalidad identificar y combinar las mejores características presentes en distintas plantas, para generar nuevas variedades que se adapten mejor al ambiente objetivo, rindan más y sean resistentes a enfermedades. En el caso de la soja, este trabajo es fundamental para acompañar los desafíos que enfrentan los productores del NOA y de otras regiones del país.

A lo largo de los años, el Programa de Mejoramiento de Soja (PMGS) de la EEAOC ha incorporado distintas herramientas científicas que permiten optimizar este proceso. Una de estas son los marcadores moleculares (MM), que permiten implementar técnicas para acelerar los tiempos de selección y aumentar la precisión en la elección de las plantas que avanzan en el proceso de desarrollo de variedades; esta técnica es conocida como Selección Asistida por Marcadores Moleculares (Lin *et al.*, 2022).

En términos sencillos, los MM son secuencias del ADN que funcionan como “señales” genéticas. Gracias al uso de marcadores moleculares, el equipo de la Sección Biotecnología de la EEAOC puede colaborar activamente en distintas etapas del PMGS, aportando datos concretos sobre la genética de las plantas, lo que permite tomar decisiones más informadas y eficientes. En este artículo explicaremos cómo y en qué momentos se aplican estas tecnologías dentro del esquema general de trabajo, destacando especialmente los avances logrados en la resistencia a enfermedades mediante el apilamiento de genes.

## ¿Qué son los marcadores moleculares y por qué son útiles?

**L**os MM son herramientas desarrolladas gracias al avance de la biología molecular. Se trata de secuencias de ADN que actúan como señales o “etiquetas genéticas”. Existen múltiples usos de los MM, entre ellos identificar secuencias específicas, estimar la diversidad genética o rastrear la herencia de genes lo que facilita el mejoramiento genético. Una aplicación muy práctica y esencial en un programa de mejoramiento genético es la de detectar de forma rápida y precisa la presencia de ciertos genes dentro del genoma de una planta, sin necesidad de esperar a que ese carácter se manifieste en el campo (Nadeem *et al.*, 2018).

\*Sección Biotecnología, \*\* Sección Granos, ITANOA (EEAOC-CONICET).

E-mail: [marianopardo@eeaoc.org.ar](mailto:marianopardo@eeaoc.org.ar)

## ➤ Agradecemos a las siguientes empresas por su apoyo constante



A diferencia de lo que ocurre con las evaluaciones tradicionales, donde hay que sembrar, esperar el crecimiento de las plantas y observar su comportamiento frente a enfermedades, sequía u otros factores, los marcadores moleculares permiten obtener esa información en etapas tempranas del desarrollo de la planta. Esto significa ahorro de tiempo, recursos y mayor precisión.

Por ejemplo, si estamos buscando plantas que contengan un gen de resistencia a una enfermedad, los marcadores nos permiten identificar rápidamente qué plantas lo tienen y cuáles no, a partir de una simple muestra de tejido vegetal (como una hoja). Esta información genética se obtiene mediante técnicas de laboratorio, sin necesidad de exponer las plantas a la enfermedad.

Además, los marcadores moleculares no están influenciados por el ambiente —como sí lo están muchas características visibles—, por lo tanto brindan información confiable incluso cuando las condiciones del campo no son óptimas para hacer una evaluación fenotípica (es decir, a simple vista o por comportamiento observable).

### **En resumen, los marcadores moleculares permiten**

- Confirmar cruzamientos exitosos (es decir, que una fecundación artificial se haya formado correctamente)
- Identificar genes específicos, como los que otorgan resistencia a enfermedades
- Reducir el número de plantas a evaluar en el campo
- Acelerar el desarrollo de nuevas variedades adaptadas a la región

En el Programa de Mejoramiento de Soja de la EEAOC, el uso de esta tecnología representa un cambio sustancial en cómo se toman decisiones en cada etapa del proceso de selección. En los siguientes apartados explicaremos en qué momentos se aplica concretamente esta herramienta y cómo ha contribuido a generar materiales de alto valor para el productor.

### **¿En qué momentos del programa se utilizan los marcadores moleculares?**

Dentro del Programa de Mejoramiento de Soja de la EEAOC, los MM se integran estratégicamente en distintas etapas del proceso (Figura 1). Su uso permite tomar decisiones más eficientes, seleccionar con mayor precisión y acelerar los tiempos de obtención de nuevas variedades. A continuación, describimos los principales momentos en que esta herramienta resulta clave:

#### **1. Confirmación de fecundación artificial (etapa F1)**

Después de realizar los cruzamientos entre parentales, es necesario confirmar que efectivamente se haya formado un híbrido, es decir, que la planta resultante tenga información genética de ambos progenitores. Para ello, se analizan muestras de las plantas F1 mediante marcadores moleculares.

**Estos análisis permiten**

- Confirmar si la planta es realmente un híbrido (y no una autofecundación del parental).
- Asegurar que solo las plantas híbridas verdaderas avancen a la siguiente etapa.
- Evitar errores y pérdida de tiempo en evaluaciones posteriores.

Este control es fundamental para garantizar la calidad del proceso de mejoramiento desde el inicio.

**2. Identificación de genes de interés (etapas F2 a F5)**

En las etapas avanzadas de segregación, donde se evalúan las progenies de generaciones posteriores, los marcadores moleculares se utilizan para detectar la presencia de genes específicos, como aquellos que otorgan resistencia a enfermedades o tolerancia a la sequía.

En esta fase, el equipo de Biotecnología analiza cada línea mediante un conjunto de marcadores previamente validados, lo que permite:

- Identificar rápidamente qué plantas contienen los genes deseados
- Seleccionar solo las líneas con combinaciones favorables, para seguir avanzándolas

Además, en estas etapas se pueden identificar líneas de interés para apilar (piramidar) varios genes de resistencia en una misma planta, lo que otorga una defensa más robusta frente a múltiples enfermedades.

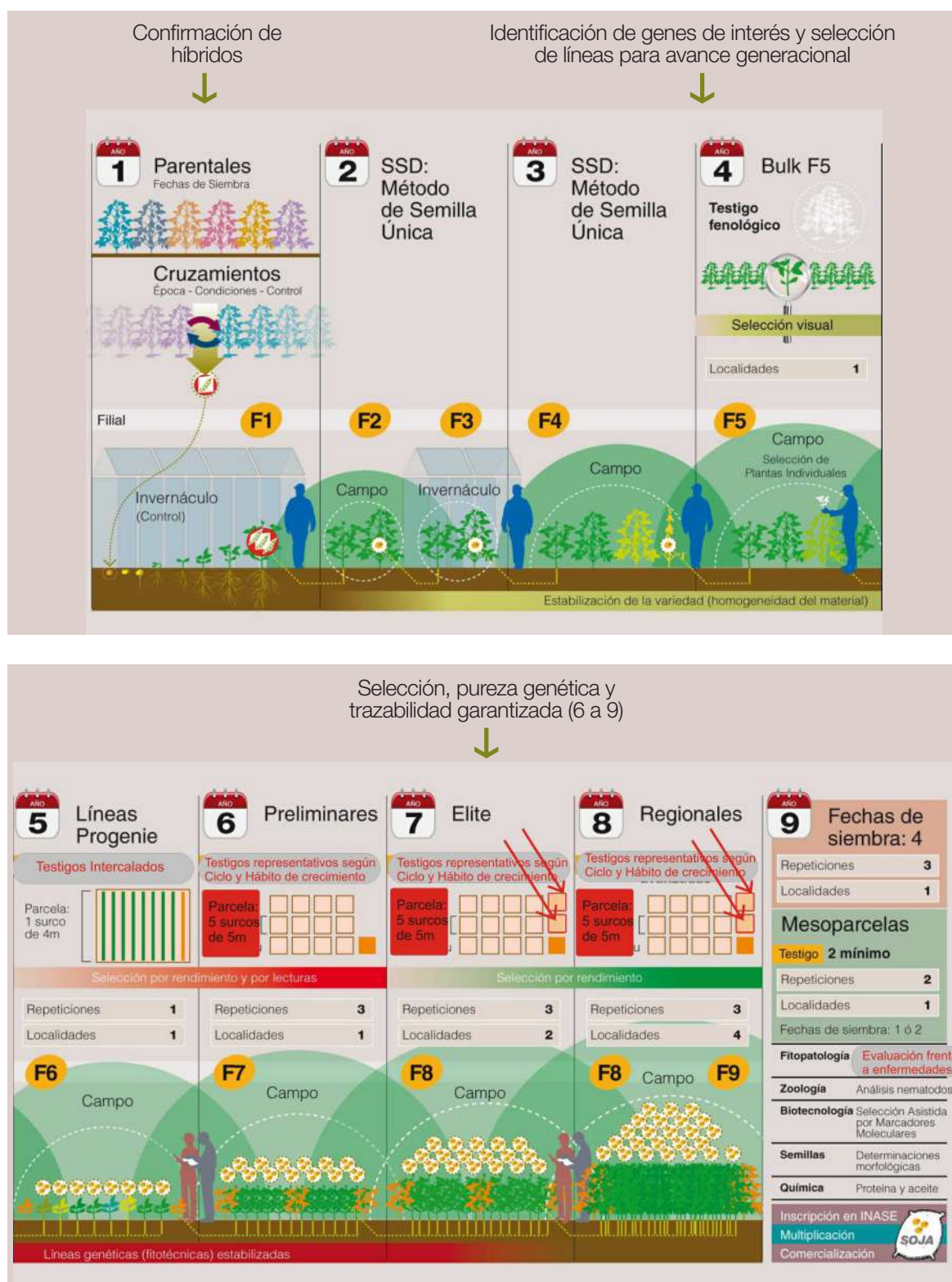
Este proceso de apilamiento de genes ha sido una de las estrategias más valiosas desarrolladas en los últimos años, ya que permite combinar resistencias a diferentes enfermedades en un mismo cultivar, generando materiales más estables y duraderos para el productor.

**3. Evaluación de pureza genética y perfil para inscripción (etapas F6 a F9)**

En las etapas finales del proceso, donde las líneas avanzadas se preparan para ser inscritas como nuevas variedades comerciales, se utilizan nuevamente los marcadores moleculares para:

- Evaluar la pureza genética de las líneas (es decir, que no haya mezcla de plantas con diferente constitución genética dentro de la variedad generada)
- Confirmar que las características buscadas se mantienen de manera estable
- Obtener el perfil molecular (por ejemplo, mediante chip de 6K SNPs) que acompañará la inscripción de la variedad en el INASE

Estas tareas aseguran que el producto final cumpla con los estándares de calidad genética requeridos para su comercialización y uso en programas futuros. En conjunto, estos aportes permiten integrar la información genética al proceso de mejoramiento, logrando materiales más precisos, con características deseables y adaptados a las condiciones de la región.



**Figura 1.** Momentos clave de intervención de la Biotecnología dentro del Programa de Mejoramiento de Soja de la EEAOC.

### Un ejemplo concreto: apilamiento de genes de resistencia a enfermedades

Uno de los aportes más significativos del equipo de Biotecnología al PMGS de la EEAOC ha sido la implementación de estrategias de apilamiento de genes de resistencia mediante el uso de marcadores moleculares tipo microsatélites (SSR). Esta estrategia permitió combinar en una misma planta varios genes que confieren resistencia a distintas enfermedades, generando líneas con resistencia múltiple y mejor adaptadas a las condiciones sanitarias del NOA (Rocha *et al.*, 2022).

El trabajo comenzó con la identificación, dentro del Banco de Germoplasma de la EEAOC, de genotipos portadores de genes de resistencia a tres enfermedades de gran importancia regional:

- Síndrome de la Muerte Súbita (SMS)
- Cancro del Tallo de la Soja (CTS)
- Mancha de Ojo de Rana (MOR)

Para cada una de estas enfermedades, se seleccionaron MM fuertemente ligados a genes o QTLs de resistencia, lo que permitió detectar en qué genotipos estaban presentes y utilizarlos como parentales.

A partir de allí se diseñaron cruzamientos específicos entre genotipos portadores de diferentes genes de resistencia. Luego, en cada generación posterior, se utilizaron los marcadores moleculares para seleccionar únicamente aquellas plantas que:

- Conservaban los genes de resistencia deseados
- Presentaban el mayor porcentaje posible del fondo genético del cultivar recurrente (es decir, el de interés agronómico para la región)

Este enfoque, conocido como retrocruzamiento asistido por marcadores, permitió acortar los tiempos del proceso y aumentar la eficiencia en la recuperación de líneas experimentales útiles para el programa.

Como resultado, se obtuvieron líneas experimentales con resistencia apilada a SMS, CTS y MOR, y con características agronómicas similares al cultivar recurrente. Estas líneas fueron multiplicadas y están siendo evaluadas para su uso futuro en nuevas variedades comerciales y como progenitores para seguir incorporando resistencia en el programa.

Este caso demuestra cómo la integración de herramientas biotecnológicas, como los marcadores moleculares, permite abordar de manera concreta y eficiente problemas sanitarios complejos, ofreciendo soluciones prácticas para los productores y fortaleciendo el sistema de mejoramiento.

### Beneficios concretos y proyecciones futuras

La incorporación de herramientas de biotecnología como los MM ha transformado significativamente el esquema de trabajo del PMGS de la EEAOC. Esta tecnología permite optimizar



recursos, acortar los tiempos de selección y tomar decisiones basadas en datos genéticos objetivos.

**Desde la perspectiva del productor, los beneficios más importantes son:**

- Mayor velocidad en la generación de nuevas variedades, adaptadas a las condiciones del NOA
- Resistencia combinada a múltiples enfermedades, lo que reduce pérdidas y minimiza el uso de productos químicos
- Mejor estabilidad y rendimiento de los cultivares frente a situaciones de estrés biótico o abiótico

**Desde el punto de vista del PMGS, la selección asistida por marcadores permite:**

- Reducir el número de plantas a evaluar en campo
- Focalizar los esfuerzos en los individuos con mayor potencial
- Acortar el ciclo de desarrollo de una nueva variedad de 8-9 años a plazos significativamente menores
- Conservar y aprovechar de forma más eficiente la variabilidad genética disponible

Además, el equipo de Biotecnología en colaboración con los investigadores y técnicos de la Sección Granos ha comenzado a explorar estrategias complementarias como el "speed breeding" (Watson et al., 2018), una técnica que permite acelerar el ciclo de desarrollo de los cultivos mediante el uso de cámaras de crecimiento con control de temperatura, luz y humedad (Figura 2). Este enfoque innovador nos permitirá acelerar generaciones y reducir las etapas 2 a 5/6 (ver esquema en Figura 1), que normalmente conllevan alrededor de 5 años, a 2 años de duración bajo condiciones controladas, reduciendo aún más los tiempos necesarios para obtener líneas avanzadas con características deseadas.



**Figura 2.** Cámara de cría fotoperiódica y desarrollo de plántulas de soja. A) Vista general de la cámara de crecimiento con iluminación LED y distribución de macetas sembradas. B) Estado de germinación de las semillas en macetas individuales. C y D) Plántulas de soja en estadio fenológico V1 (primer nudo con hojas desarrolladas), observadas en bandejas bajo condiciones controladas.

## Consideraciones finales

---

**L**a combinación de estas herramientas abre nuevas posibilidades para el mejoramiento genético de soja, con una mirada puesta en la sostenibilidad, la eficiencia y la adaptación a los cambios climáticos y sanitarios que enfrenta la agricultura moderna.

## Bibliografía

---

Lin, F.; S. S. Chhapekar; C. C. Vieira; M. P. Da Silva; A. Rojas; D. Lee; N. Liu; E. M. Pardo; Y. C. Lee; Z. Dong; J. B. Pinheiro; L. D. Ploper; J. Rupe; P. Chen; D. Wang & H. T. Nguyen. 2022. Breeding for disease resistance in soybean: A global perspective. *Theoretical and Applied Genetics*, 135(11), 3773-3872. <https://doi.org/10.1007/s00122-022-04101-3>.

Nadeem, M. A.; M. A. Nawaz; M. Q. Shahid; Y. Doğan; G. Comertpay; M. Yıldız; R. Hatipoğlu; F. Ahmad; A. Alsaleh; N. Labhane; H. Özkan; G. Chung & F. S. Baloch. 2018. DNA molecular markers in plant breeding: Current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. *Biotechnology & Biotechnological Equipment* 32 (2): 261-285. <https://doi.org/10.1080/13102818.2017.1400401>.

Rocha, C. M. L.; A. Chiesa; G. García; M. Devani; A. P. Castagnaro; F. Ledesma; J. Sánchez & E. M. Pardo. 2022. Apilamiento de genes de resistencia a tres enfermedades de soja mediante selección asistida por marcadores moleculares. *Publicación especial (67) El cultivo de la soja en el noroeste argentino Campaña 2021/2022. EEAOC*. 139 - 144.

Watson, A.; S. Ghosh; M. J. Williams; W. S. Cuddy; J. Simmonds; M. D. Rey; M. Asyraf Md Hatta; A. Hinchliffe; A. Steed; D. Reynolds; N. M. Adamski; A. Breakspear; A. Korolev; T. Rayner; L. E. Dixon; A. Riaz; W. Martin; M. Ryan; D. Edwards and L. T. Hickey. 2018. Speed breeding is a powerful tool to accelerate crop research and breeding. *Nature Plants*, 4 (1): 23-29. <https://doi.org/10.1038/s41477-017-0083-8>.



## Biotecnología Acelerando el futuro del mejoramiento de soja con marcadores moleculares



“

El mejoramiento de soja suma herramientas de biotecnología. **Los marcadores moleculares** permiten identificar genes de resistencia y pureza genética desde etapas tempranas, reduciendo tiempo y costos. Gracias a esta tecnología, se lograron **líneas con resistencia combinada** a enfermedades clave del NOA como **SDS, cancro del tallo y mancha ojo de rana**. Con el apoyo de técnicas como el speed breeding, hoy es posible **obtener variedades adaptadas y más estables en menos tiempo**.