

Germoplasma de soja con resistencia múltiple: un salto estratégico que consolida al Programa de mejoramiento genético de soja de la EEAOC

› Carla Rocha*, Gabriela García*, Agustín Padilla*, Nahuel Ruíz de Huidobro**, José Sánchez**, Mariano Pardo*

Introducción

El desarrollo de una nueva variedad de soja es un proceso que requiere años de trabajo. Detrás de cada cultivar que llega al productor existe una sucesión de cruzamientos, ciclos de selección y evaluaciones destinadas a reunir, en un mismo genotipo, aquellas características que determinan su éxito en el campo. Entre ellas se destacan la adaptación al ambiente, el potencial de rendimiento y la capacidad de enfrentar las principales limitantes sanitarias del cultivo.

En el Noroeste Argentino (NOA), donde el cultivo de soja representa uno de los pilares de la producción agrícola, la presión ejercida por distintos patógenos fúngicos constituyen un desafío permanente para el mejoramiento genético. Entre las enfermedades de mayor impacto para la región se encuentran el cancro del tallo, causado por *Diaporthe aspalathi*; la mancha ojo de rana, producida por *Cercospora sojina*; y el síndrome de la muerte súbita, asociado principalmente a *Fusarium tucumaniae*. Todas pueden provocar pérdidas de rendimiento cuando las condiciones favorecen su desarrollo. Por ello, la incorporación de resistencia genética es una estrategia esencial para lograr materiales con mayor estabilidad y menor vulnerabilidad frente a estos problemas sanitarios.

Frente a este escenario, desde el laboratorio de Biotecnología en conjunto con el Programa de Mejoramiento Genético de Soja (PMGS) de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) se llevó a cabo una estrategia destinada a incorporar genes de resistencia frente a estas tres enfermedades, dentro de germoplasma adaptado al NOA con mayor estabilidad sanitaria y productiva.

Desarrollo de germoplasma con resistencia múltiple

La incorporación de resistencia frente a una enfermedad representa un avance importante dentro de un programa de mejoramiento. Sin embargo, el verdadero desafío consiste en reunir diferentes genes de resistencia en un mismo genotipo, sin perder aquellas características agronómicas que determinan su valor productivo.

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

E-mail: crocha@eeaoc.org.ar

Nos apoyan ▼



Esto implica conservar la adaptación al ambiente, el comportamiento agronómico y el potencial de rendimiento mientras se incorporan nuevas fuentes de resistencia.

Para ello se desarrolló una estrategia de mejoramiento que combinó cruzamientos y retrocruzamientos dirigidos con selección asistida por marcadores moleculares (SAM) (Figura 1). Esta herramienta molecular permitió identificar tempranamente las plantas portadoras de las regiones genómicas asociadas con la resistencia a las tres enfermedades aumentando la eficiencia del proceso de selección y reduciendo el tiempo necesario para reunir estas resistencias dentro de un mismo fondo genético.

Como resultado de este proceso se obtuvieron diferentes líneas avanzadas con resistencia a las tres enfermedades: R25-13, R30-6, R30-9 y R30-11. Destacándose la línea R25-13 que conservó tolerancia a glifosato.

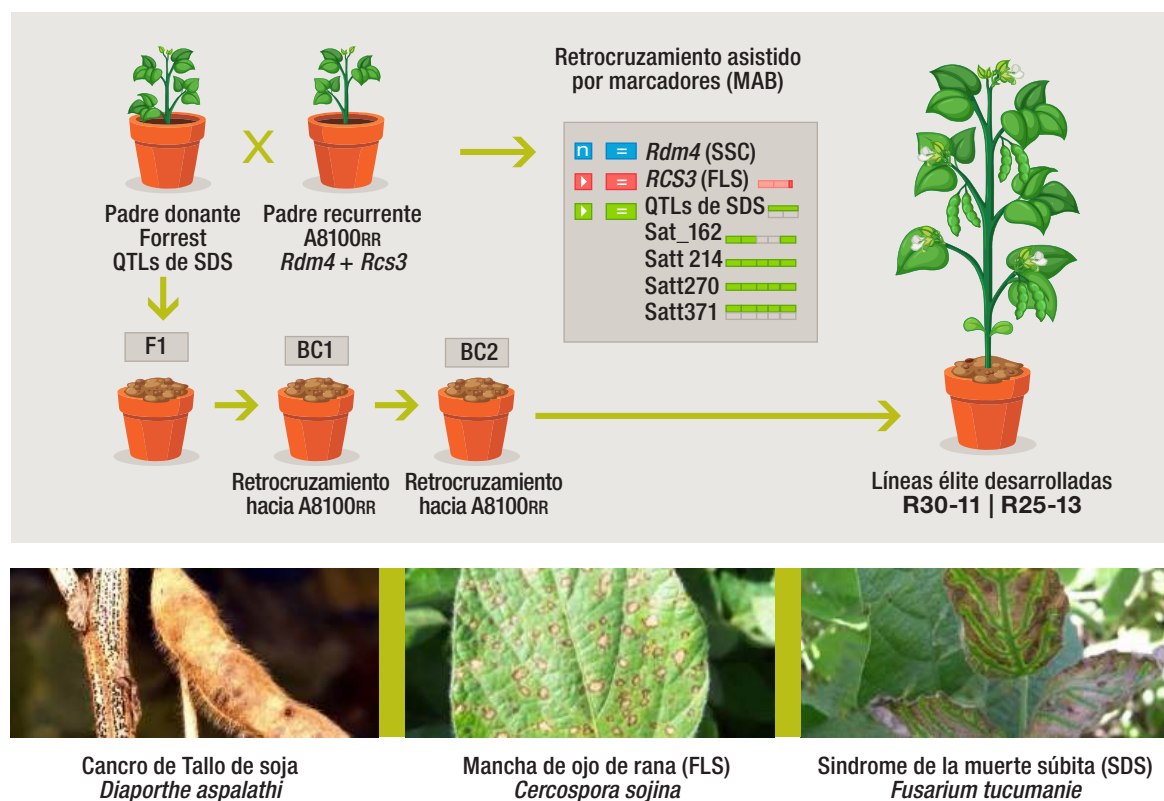


Figura 1. Esquema del proceso de mejoramiento genético desarrollado para obtener genotipos de soja adaptados al NOA con resistencia simultánea. La estrategia integró cruzamientos, retrocruzamientos y selección asistida por marcadores moleculares para generar líneas avanzadas.

Validación sanitaria de las líneas avanzadas

La presencia de genes o regiones genómicas asociadas con resistencia constituye solo una parte del proceso de mejoramiento. El siguiente paso consiste en comprobar que esas resistencias se expresen efectivamente cuando las plantas son enfrentadas a los patógenos. Por ello, las líneas obtenidas fueron sometidas a un amplio proceso de validación mediante inoculaciones artificiales con los agentes causales de las tres enfermedades objetivo.

En las evaluaciones bajo condiciones controladas frente al cancro del tallo, las líneas mostraron un comportamiento claramente superior al del genotipo susceptible utilizado como referencia. Las líneas registraron bajos niveles de Índice de Severidad de la Enfermedad (DSI) y un porcentaje de plantas muertas (%PM) significativamente inferior al observado en el testigo susceptible. El control susceptible (RA702), presentó los valores más elevados de DSI (0,78) y porcentaje de PM de 70 % tras la inoculación. Por el contrario, las líneas piramidadas R30-11, R30-6 y R30-9, junto con la variedad Hutcheson (*Rdm4*) utilizada como control resistente, formaron un grupo estadísticamente homogéneo con los valores de DSI más bajos. Entre ellas, la R30-11 mostró la mayor resistencia, con el menor valor de DSI (0.3) y 0 % de PM. Las líneas R30-6 y R30-9 también mostraron una fuerte resistencia, con bajos niveles de DSI de 0.4, 0.7 y valores del 5 % y 0 % de DP respectivamente. La línea R25-13 presentó valores moderados de resistencia, con un DSI de 0.25 y 35 % de PM (Figura 2).

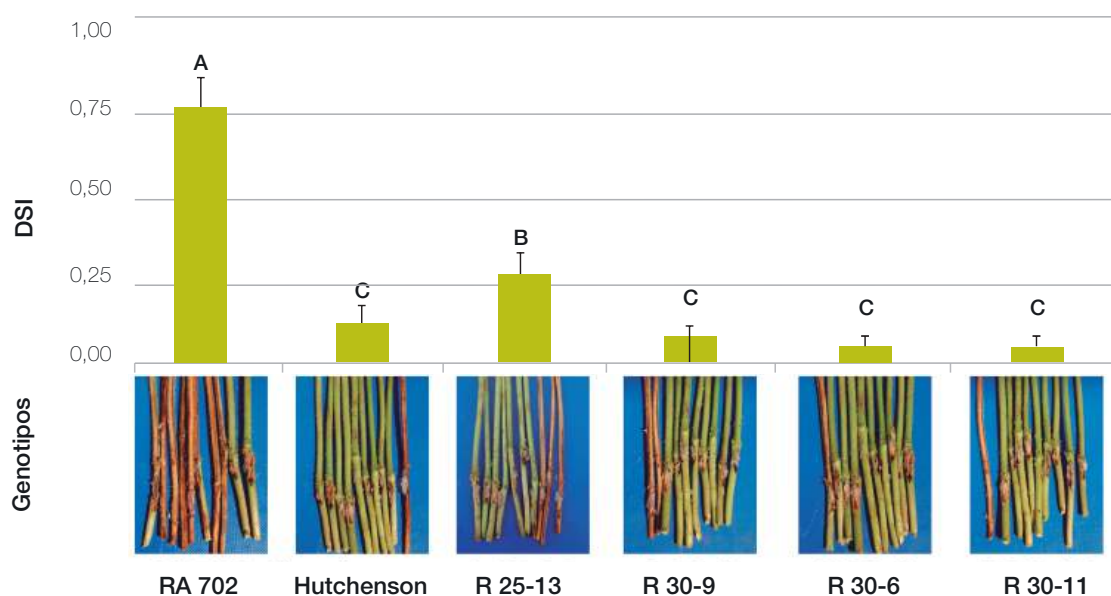


Figura 2. Validación sanitaria de las líneas desarrolladas frente a cancro del tallo. A los 49 días después de la inoculación, las líneas con los genes piramidados se evaluaron mediante el DSI. Las letras diferentes indican diferencias significativas según la prueba LSD de Fisher, $p < 0,05$.

Una respuesta similar se observó frente a la mancha ojo de rana. Las líneas con genes apilados R30-9, R30-11 y R30-6 mostraron el menor valor de DSI (0.2) siendo similar a la de la variedad resistente A8000RR. Por el contrario, el genotipo moderadamente resistente (MR). Estos resultados sugieren que las líneas mostraron altos niveles de resistencia a *C. soja*, lo que demuestra su funcionalidad en las condiciones evaluadas (Figura 3).

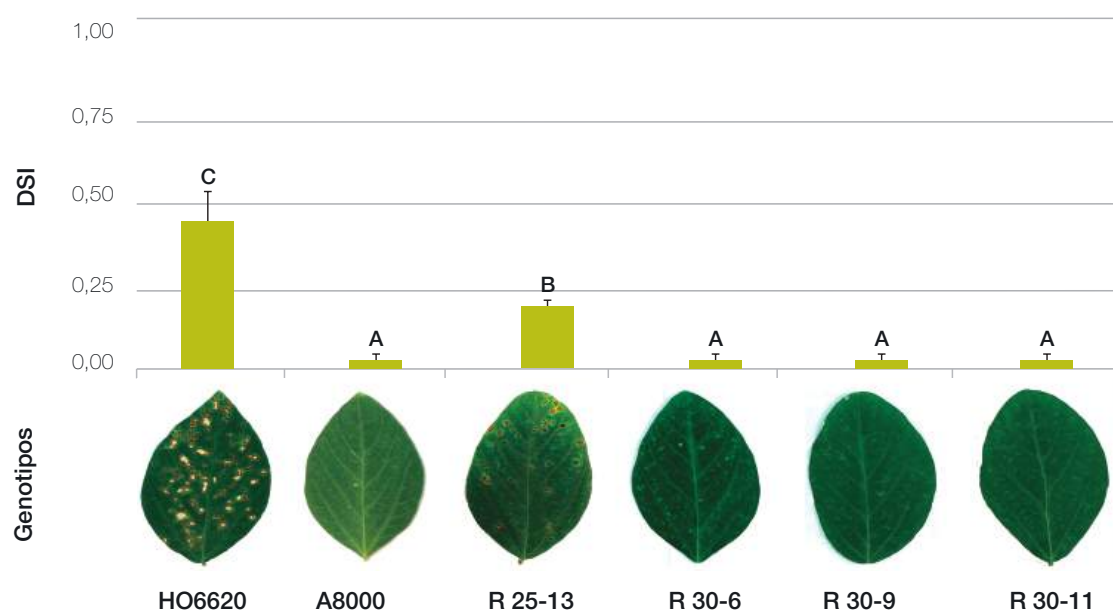


Figura 3. Validación sanitaria de las líneas desarrolladas frente a mancha ojo de rana. A los 30 días tras la inoculación, se evaluó el DSI de las líneas piramidadas. Las letras diferentes indican diferencias significativas según la prueba LSD de Fisher, $p < 0,05$.

En la evaluación frente al síndrome de la muerte súbita se analizaron tres variables: el peso seco de las raíces (comparando plantas inoculadas y no inoculadas) y el DSI radicular y foliar (Figura 4). La línea R30-11 no mostró diferencias en peso de las raíces tras la inoculación con el patógeno (3,17 frente a 3,62 g en el control sin inocular) y presentó un DSI radicular y foliar bajo (0,30 y 0,25, respectivamente), lo que indica un desarrollo leve de los síntomas. La línea R25-13 presentó una reducción de peso tras la infección de 4 a 1,03 g. A pesar de ello, mantuvo un DSI radicular bajo (0,36) y el DSI foliar más bajo entre las líneas piramidales (0,12), lo que sugiere un buen control de los síntomas, pero una alta sensibilidad en términos de pérdida de biomasa. La línea R30-6 mostró una reducción de la biomasa radicular bajo infección (de 4,30 a 1,23 g), acompañada de un DSI radicular relativamente alto (0,56) y un DSI foliar moderado (0,36). De manera similar, la línea R30-9 mostró una notable disminución del peso radicular (de 4,22 a 1,35 g) y presentó el DSI radicular más alto (0,57), aunque el DSI foliar se mantuvo bajo (0,30), comparable al de las demás líneas piramidales. En general, la línea R30-11 presentó el mejor perfil de resistencia integrado tras la inoculación, al combinar una menor gravedad de la enfermedad con una pérdida mínima de biomasa (Figura 4). Esta variabilidad observada puede explicarse debido a la naturaleza poligénica de la resistencia a esta enfermedad.

En conjunto, las inoculaciones demostraron que las resistencias incorporadas durante el proceso de mejoramiento permanecieron funcionales frente a los principales patógenos evaluados, validando el nuevo germoplasma obtenido.

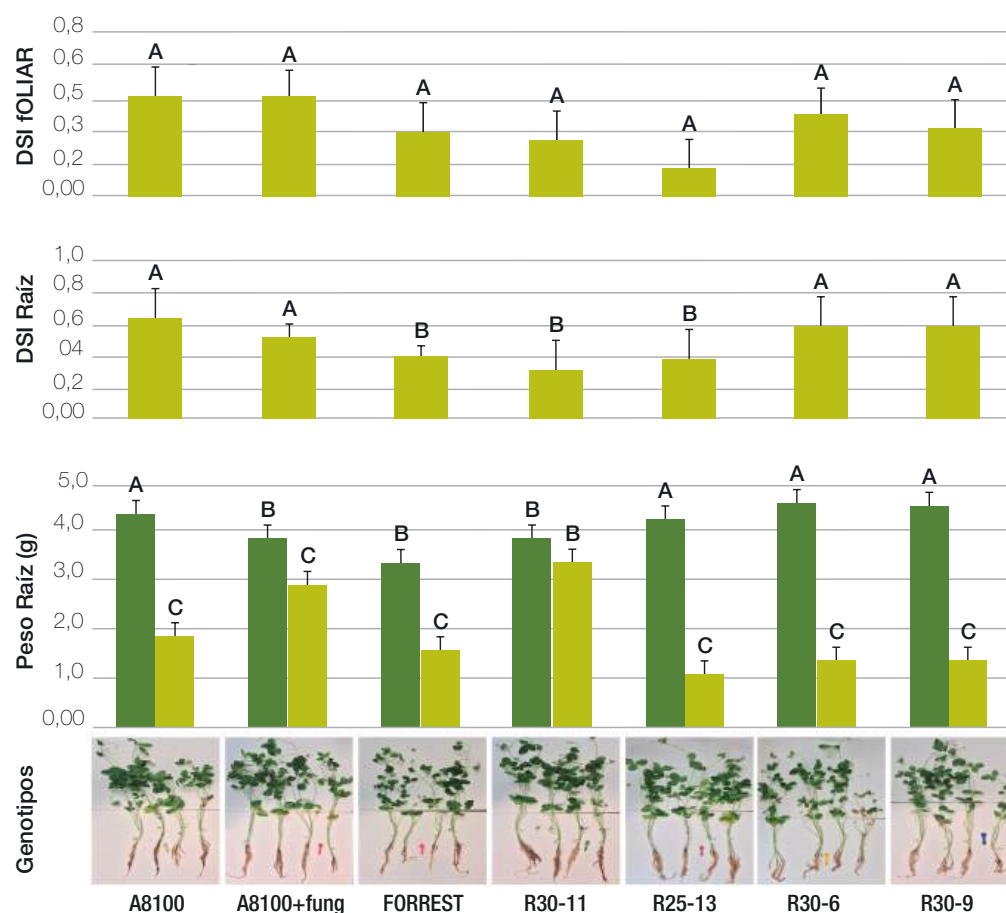


Figura 4. Evaluación fenotípica de líneas piramidadas sometidas a inoculación artificial con *Fusarium tucumanae* a los 30 días de la siembra. Se evaluaron el DSI foliar, el DSI radicular y el peso seco de las raíces entre las plantas inoculadas (barras de color verde claro) y las no inoculadas (barras de color verde oscuro) para determinar la resistencia de las líneas. Las letras diferentes indican diferencias significativas según la prueba DGC, $p < 0,05$.

Evaluación agronómica de las líneas avanzadas

En un programa de mejoramiento genético para que una línea experimental pueda convertirse en un recurso útil para el mejoramiento o avanzar hacia una futura variedad, debe demostrar además un desempeño agronómico competitivo bajo las condiciones de producción para las cuales fue desarrollada.

Con este propósito, la línea R25-13 (RR) fue evaluada durante las campañas 2023/24 y 2024/25 en ensayos comparativos de rendimiento realizados en diferentes localidades del Noroeste Argentino que representan distintos entornos agroecológicos: Monte Redondo (26°49'25" S 64°51'01" O), Piedra Blanca (26°37'57" S 64°42'09" O) y Piedra Buena (26°45'21" S 64°39'59" O) en Tucumán, Argentina. Esta línea avanzada fue seleccionada para las evaluaciones agronómicas por combinar la resistencia incorporada con tolerancia a glifosato, una característica indispensable para su manejo dentro de los sistemas productivos actuales.

En ambos ciclos de cultivo se mostró un comportamiento competitivo, durante la campaña 2023/24 presento un rendimiento entre 2.962 y 3.510 kg ha⁻¹ dependiendo de la localidad, con un promedio de 3.217 kg ha⁻¹, próximo al promedio de los cultivos comerciales (3.466 kg ha⁻¹). En la campaña 2024/25, caracterizada por un déficit hídrico durante el período de llenado de granos, los rendimientos variaron entre 2.324 y 3.390 kg ha⁻¹, con un promedio de 2.744 kg ha⁻¹, mientras que los cultivos comerciales alcanzaron un promedio de 3.382 kg ha⁻¹ (Tabla 1). En conjunto, estos resultados muestran que R25-13 mantuvo un desempeño agronómico competitivo en diferentes ambientes de evaluación, confirmando que la incorporación de resistencia frente a las enfermedades no implicó una pérdida de productividad bajo las condiciones evaluadas.

Tabla 1. Comportamiento agronómico de la línea R25-13 en ensayos comparativos de rendimiento realizados durante las campañas 2023/24 y 2024/25. *valores medios del rendimiento y la altura de las plantas en tres repeticiones por ubicación. #Se utilizaron los cultivos comerciales DM 67i70 y CZ 6505 como referencias comerciales locales.

Campaña	Localidad	Genotipo	Rendimiento (kg/ha)*	Altura de planta (cm)*
2023/24	Monte redondo	R25-13	3.180	80
		DM67i70 IPRO #	3.159	68
	Piedra Blanca	R25-13	3.510	75
		CZ 6505 #	3.933	90
	Piedra Buena	R25-13	2.962	78
		CZ 6505 #	3.307	81
2024/25	Monte redondo	R25-13	2.519	85
		DM 67i67 IPRO #	3.159	68
	Piedra Blanca	R25-13	3.390	60
		DM 67i67 IPRO #	3.680	95
	Piedra Buena	R25-13	2.324	97
		CZ 6505 #	3.307	81

Una nueva plataforma genética para el mejoramiento de soja en el NOA

El principal aporte de este trabajo no radica únicamente en la obtención de nuevas líneas experimentales con una combinación de resistencias dentro de germoplasma adaptado al NOA. Este nuevo material genético amplía la variabilidad disponible para el PMGS de la EEAOC y constituye una herramienta estratégica para el desarrollo de futuras variedades con mayor estabilidad sanitaria (Figura 5).

Las evaluaciones realizadas demostraron que las resistencias combinadas permanecieron funcionales frente a los principales patógenos estudiados y que fue posible conservar un comportamiento agronómico comparable al de cultivos comerciales utilizados en la región. Esta combinación representa uno de los principales logros del trabajo y proporciona una base sólida para continuar incorporando estos caracteres en nuevo germoplasma.

Enfermedades del NOA



Cancro de Tallo de soja
Diaporthe aspalathi



Mancha de ojo de rana (FLS)
Cercospora sojina



Síndrome de la muerte súbita (SDS)
Fusarium tucumanie



Programa de Mejoramiento EEAOC



Combinación de Resistencias

Se combinan genes de Resistencia para 3 enfermedades distintas



Nuevas líneas experimentales

Desarrollo de líneas con la combinación de las resistencias





Figura 5. Estrategia de mejoramiento genético desarrollada por el PMGS de la EEAOC para obtener nuevo germoplasma de soja adaptado al NOA con resistencia múltiple.

Perspectivas

El desarrollo de nuevas variedades es un proceso continuo, en el que cada generación de materiales aporta recursos para la siguiente. La incorporación simultánea de resistencia al cancro del tallo, la mancha ojo de rana y el síndrome de la muerte súbita amplía las posibilidades de generar materiales con mayor estabilidad sanitaria.

Las líneas avanzadas obtenidas pueden ser utilizadas tanto como progenitores dadores de estas resistencias o como materiales receptores para incorporar otros caracteres de interés. Además, la incorporación del sistema de speed breeding, actualmente en proceso de implementación en el programa, contribuirá a acelerar el avance de generaciones y la obtención de nuevas combinaciones genéticas, potenciando el aprovechamiento de este germoplasma en futuros ciclos de selección.

En forma complementaria, este trabajo fue publicado en una revista de alto impacto (Agronomy) (Rocha *et al.*, 2026) y la línea R25-13 ha iniciado el proceso de inscripción en el Registro Nacional de la Propiedad de Cultivares del Instituto Nacional de Semillas (INASE), una etapa que permitirá continuar su evaluación y avanzar en el desarrollo de este nuevo material genético dentro del programa de mejoramiento.

Consideraciones finales

Las investigaciones desarrolladas permitieron generar nuevo germoplasma adaptado al Noroeste Argentino que incorpora resistencia a tres enfermedades de gran relevancia para la producción regional. Los genotipos desarrollados por la EEAOC no solo amplían las herramientas disponibles para el mejoramiento genético de soja, sino que también sienta las bases para el desarrollo de futuras variedades adaptadas a las condiciones productivas del NOA, contribuyendo a una agricultura más estable y resiliente frente a los desafíos sanitarios de la región.

Bibliografía

Rocha, C. M. L., García, M. G., Pardo, E. M., Sánchez, J. R., Castagnaro, A. P., & Chiesa, M. A. (2026). Marker-Assisted Breeding for Pyramiding Multiple Resistance to Soybean Fungal Diseases. *Agronomy*, 16(7), 754. <https://doi.org/10.3390/agronomy16070754>