

Sistema Integrado De Priorización Y Selección De Progenitores Y Familias Para El Mejoramiento Genético De Variedades De Caña De Azúcar

RESUMEN

La elección de progenitores en programas de mejoramiento de caña de azúcar ha sido una labor extenuante, requiere muchos años de trabajo, validaciones y muchas veces con la carencia de un marco estadístico integrador para todos los aspectos en análisis. Esto supone un riesgo de endogamia y dificulta la creación de nuevas variedades con la suficiente capacidad para adaptarse a las condiciones propias de cada región.

Por ello, se plantea un sistema metodológico integral que unifica trabajo estadístico (modelos mixtos para obtener BLUPs), un SCORE que recoge criterios agronómicos, genéticos e históricos, además un conjunto de reglas basadas en la Selección Óptima Restringida (OCS) adaptada a nuestras condiciones. Se busca trabajar con la información disponible por el programa de variedades en DIECA, desde evaluaciones de familias y variedades, las reglas operativas de utilización de progenitores, el control de la consanguinidad, balance de uso y sometimiento a una validación estadística.

El impacto que se pretende alcanzar es significativo: se busca dar un paso más en la priorización de progenitores, hacerla más objetiva, reproducible, transparente y confiable la elección de cruces. Este enfoque permitirá limitar la endogamia, abrir nuevas líneas de diversidad genética y mejorar la eficiencia en el programa de mejoramiento de la caña DIECA.

ANTECEDENTES

A nivel mundial, los programas de mejoramiento en caña de azúcar han desarrollado estrategias muy sólidas para la selección de progenitores y familias, destacando el papel de los ensayos multiambiente, los modelos mixtos REML/BLUP y los criterios de diversidad genética.

Brasil (RIDESA, CTC): Es el programa de referencia a nivel mundial, con un fuerte uso de REML/BLUP para obtener los valores genéticos de familias y progenitores. Ha desarrollado novedosos enfoques como BLUPIS/BLUPISM, que consiguen un máximo aprovechamiento de la variabilidad entre y dentro de familias, y la aplicación de índices multivariados que combinan rendimiento y calidad industrial, entre otros. Este enfoque le ha permitido aumentar la precisión y la eficiencia de la selección, haciendo de Brasil un modelo de innovación a nivel internacional (Barbosa, 2014; Barbosa et al, 2005; Castro et al., 2016; Cursi et al., 2020).

India (ICAR-SBI): Combinan la realización de los tradicionales estudios dialélicos (GCA/SCA) con la introducción progresiva de modelos mixtos y selección genómica. Recientemente han empleado modelos de coeficientes aleatorios (RCM) para estudiar el efecto de la variación interanual en las familias (Hemaprabha et al., 2020; Vigneshwari et al., 2023; Sandhu et al., 2022; Singh et al., 2024).

Australia (SRA): Es pionera en centrar un programa de mejoramiento en la selección familiar multiambiente. Esta manera de trabajar les ha permitido ser más eficientes en comparación con la selección individual, permite anticipar G×E y abaratar los costos de

evaluación en campo. Apoyándose en BLUP/BLUPIS, la selección familiar se establece como una estrategia clave para mantener el progreso genético (Jackson, 1995; Jackson, 1998; Stringer, 2010).

Sudáfrica (SASRI): Suelen mantener un enfoque de calidad industrial (Pol, pureza, fibra). Implementan REML/BLUP y análisis de repetibilidad. Definen criterios de uso regional que guían la selección de progenitores según la agroecología. La estabilidad y adaptabilidad son criterios centrales que aseguran la vigencia de la calidad industrial en nuevas variedades (Zhou et al., 2012; Mbuma et al., 2020; SASRI, 2015).

Estados Unidos (USDA-ARS, Universidades): implementa un programa que combina la selección familiar y la selección clonal en etapas tempranas. Realizan pruebas de progenie y análisis con modelos mixtos en diseños aumentados para descartar rápidamente las familias menos convenientes, haciendo un uso eficiente de los recursos. Destacan especialmente las variedades de doble propósito (azúcar y energía), en las que a partir de rendimiento se están sumando criterios de adaptación a cosecha mecánica, defoliación, fibra y estabilidad (Tai, 2003; Zhao et al., 2020; Todd et al., 2022).

En resumen, los programas líderes del mundo coinciden en la importancia de la evaluación familiar con soporte estadístico robusto como paso clave para seleccionar progenitores. Este conocimiento ofrece un marco de referencia sólido para modernizar y fortalecer el programa de DIECA en Costa Rica.

JUSTIFICACIÓN

Limitaciones de los métodos actuales en Costa Rica

A diferencia de los programas internacionales, el programa de mejora genética coordinado por DIECA-LAICA debe enfrentar limitaciones estructurales que le imponen un ritmo más lento y menos precisión a la hora de seleccionar progenitores y familias. Una de estas limitaciones es la fragmentación metodológica y la falta de un marco estadístico común que integre todo el andamiaje de información y conocimiento, haciendo que el proceso dependa en buena medida de la experiencia y de la intuición del investigador. A ello hay que sumar la limitación que supone contar con una superficie experimental que no es suficiente para poder captar toda la diversidad agroecológica del país y la falta de personal propio para poder ejecutar los ensayos, lo cual obliga a depender de la colaboración de los ingenios azucareros, con la imprevisibilidad que ello conlleva.

Adicionalmente, la restricción económica dificulta y retrasa la consolidación y ampliación de ensayos, así como la incorporación de nuevas tecnologías de fenotipado y herramientas moleculares. Como consecuencia, se ha priorizado un número reducido de cruzamientos, limitando la exploración genética. Sin embargo, el programa ha demostrado ser capaz de obtener variedades comerciales con éxito, lo que indica la solidez de la base genética y la experiencia acumulada. La implantación de un sistema metodológico integrado tiene como objetivo precisamente ese refuerzo, aportando herramientas actuales, de manera objetiva, reproducible y con mayor eficacia, así la innovación varietal seguirá siendo un tema de respuesta a los retos de la sostenibilidad, la competitividad y el cambio climático.

Oportunidad estratégica para DIECA: modernizar procesos con respaldo científico

El ejemplo a nivel internacional muestra que los programas más eficientes se basan en metodologías sólidas y estandarizadas, que combinan evaluaciones multiambiental de

familias, modelos mixtos y criterios de selección clara para progenitores. En este camino, DIECA, con más de dos décadas de experiencia desde que puso en marcha su programa de hibridación en el 2000 y con múltiples variedades ya incorporadas a la agroindustria nacional, dispone de una oportunidad estratégica para dar un oportuno salto metodológico. Esa oportunidad reside en aprovechar y ordenar la información que está dispersa por los lotes de evaluación de familias y variedades en un flujo de trabajo estandarizado basado en REML/BLUP y un SCORE integrador, pasando de simples registros a disponer de evidencias científicas consolidadas. Esta modernización no requiere de mayores inversiones, es una reorganización de datos, el modo en que son tratados los ensayos, mejora en los análisis, aplicación de reglas de diversidad y balance lo que permite tomar decisiones más objetivas, reproducibles y eficientes. En un contexto global cada vez más enfocado en el cambio climático, escasez de mano de obra y demanda de sostenibilidad, fortalecer el programa con respaldo científico y consolidar a DIECA no solo como desarrollador de variedades para Costa Rica sino también como referente regional de selección adaptadas a la realidad regional.

OBJETIVOS

Objetivo general

Diseñar un sistema metodológico integrado para la priorización de progenitores y familias en caña de azúcar, que combine criterios agronómicos, genéticos e históricos mediante el uso de modelos estadísticos modernos y reglas operativas adaptadas, con el fin de fortalecer la eficiencia y la diversidad genética del programa de mejoramiento de DIECA.

Objetivos específicos

1. Estimar valores genéticos de progenitores y familias mediante la aplicación de modelos mixtos (REML/BLUP y variantes), incorporando información multiambiental y covariables de edad.
2. Integrar productividad relativa y estabilidad de la descendencia en un índice compuesto (SCORE integrador) que permita comparar progenitores y familias de manera objetiva.
3. Desarrollar reglas operativas de decisión adaptadas al contexto del programa, con base en la lógica de la Selección Óptima Restringida (OCS).
4. Generar un flujo de trabajo reproducible que organice, valide y estandarice la información existente, garantizando la transparencia en la toma de decisiones.

DESCRIPCIÓN DEL SISTEMA PROPUESTO

Principios y fundamentos

El sistema propuesto se sustenta en cuatro principios rectores: la **selección balanceada**, que evita la concentración del uso en pocos progenitores y reduce riesgos de consanguinidad; la **diversidad genética**, que promueve cruzamientos con suficiente variabilidad para enfrentar plagas, enfermedades y condiciones agroecológicas cambiantes; la **transparencia en los criterios**, con reglas claras y reproducibles que permitan validar las decisiones entre investigadores e ingenios; y la **estandarización**

metodológica, mediante un flujo de trabajo único y comparable entre años, regiones y generaciones de cruzamientos.

Esquema de clasificación de cruzamientos DIECA

La clasificación de los cruzamientos no es fija, sino que depende de la región agroecológica en la que se encuentren, del pedigrí de los progenitores y del objetivo específico. De este modo, un mismo cruce puede tener categorías diferentes según el lugar en el que se valore. Por ejemplo, el cruzamiento B 77-95 × LAICA 12-340, puede considerarse un cruzamiento de fundación para la Zona Norte, al estar involucrados en él materiales adaptados y con un largo recorrido de éxito en esta región. Si lo llevamos a otra área, como Pérez Zeledón, se consideraría un cruce exploratorio, ya que no conocemos su comportamiento en ese punto.

Tipo de cruzamiento	También conocido como	Características principales	Objetivo estratégico
Exploratorio	Fundación genética / ampliación	Se cruzan parentales poco evaluados, exóticos o contrastantes. Generan alta diversidad genética.	Ampliar base genética, buscar nuevas adaptaciones o genes.
Cruzamiento regional de fundación	–	Cruces entre materiales introducidos y adaptados con potencial comprobado en una región específica.	Generar familias base adaptadas regionalmente, mantener diversidad.
Explotatorio	Elite × Elite	Se cruzan variedades locales adaptadas y seleccionadas por alto rendimiento, sanidad u otros atributos clave.	Consolidar características superiores, aumentar rendimiento.
Validación	Repetición estratégica	Se repite un cruce que ha mostrado resultados prometedores en ciclos anteriores.	Confirmar combinaciones exitosas y ampliar su uso.
Específico / dirigido	Cruzamiento temático	Se seleccionan padres por características puntuales (ej. resistencia, floración, calidad industrial, etc.).	Introducir o fijar rasgos específicos en la progenie.
Cruzamiento de seguimiento	Línea derivada / avanzada	Utiliza como parentales materiales hijos o nietos de variedades sobresalientes para avanzar en ciclos de selección.	Profundizar adaptación y mejora sobre base genética ya seleccionada.

Con esta lógica, todos los cruzamientos son dirigidos y evaluados, pero se categorizan de acuerdo con el rol que cumplen en cada región. Además, cada cruzamiento genera

información que retroalimenta el sistema, fortaleciendo el proceso de priorización para ciclos futuros.

Este esquema no solo facilita la clasificación operativa de los cruzamientos, sino que también ayuda a establecer metas diferenciadas de evaluación y selección para cada categoría.

Componentes del sistema

El sistema integrado de priorización se organiza en tres niveles complementarios: **datos de entrada**, que incluyen información de familias (biometría y Brix en vivero primario), variedades (rendimiento agrícola e industrial, sanidad y adaptabilidad), progenitores (historial de uso y desempeño) y, a futuro, pedigrí o marcadores moleculares (SSR, SNPs) para estimar coancestría; **análisis estadísticos**, basados en modelos mixtos REML/BLUP para estimar efectos genéticos y G×E, índices multivariados (SCORE) que integran productividad, calidad, estabilidad y confiabilidad, y medidas de diversidad genética; y finalmente **reglas operativas**, que incluyen un filtro de consanguinidad, el balance de uso de progenitores, la aplicación de una OCS adaptada que asigna cupos regionales optimizando ganancia genética y diversidad, y la generación de un ranking final de cruzamientos por región, validado con criterios técnicos y operativos como floración, sincronía y disponibilidad en la estación de cruzamiento.

METODOLOGÍA DE IMPLEMENTACIÓN

La propuesta se operacionaliza en un flujo cíclico de diez pasos que integra datos históricos y resultados recientes para retroalimentar cada ciclo de cruzamientos. El sistema parte de entradas organizadas (familias, variedades, progenitores y eventualmente pedigrí/marcadores), pasa por un proceso de depuración (ETL) y un análisis descriptivo inicial, y luego ajusta modelos mixtos REML/BLUP para estimar valores genéticos globales y regionales, SCA, estabilidad y confiabilidad.

Esta información se complementa con la productividad relativa de la descendencia y el análisis de interacción genotipo × ambiente, los cuales se integran en un SCORE compuesto que pondera rendimiento, calidad, estabilidad y contribución genética. Posteriormente se aplica la OCS adaptada, que incluye filtros de consanguinidad, balance de uso, cupos y diversidad mínima, ajustando además la disponibilidad real de flores ingresada por el fitomejorador. El sistema genera como salida tablas de sugerencias de cruzamientos por región con criterios técnicos y contextuales, así como un plan final de cruzamientos validados. Finalmente, los resultados de campo alimentan de nuevo la base de datos, fortaleciendo la precisión y eficiencia del sistema en cada ciclo.

BENEFICIO ESPERADO

La puesta en marcha del sistema integrado de priorización de progenitores y familias trae consigo una serie de beneficios concretos fáciles de percibir para DIECA a corto y medio plazo, entre los que podemos destacar:

Priorización objetiva y reproducible: las decisiones de cruce dejarán de ser fruto exclusivo de los criterios del fitomejorador para apoyarse en un marco estadístico y reglas operativas claras que aseguran transparencia y repetibilidad.

Aumento de la precisión y confianza en la selección de progenitores: el uso de modelos mixtos (REML/BLUP) y la integración de productividad relativa de la descendencia ofrecen estimaciones del valor genético más acertadas, lo cual implica reducir el nivel de incertidumbre en la toma de decisión.

Menor riesgo de consanguinidad: la utilización de filtros de parentesco y de reglas de equilibrio en el uso de los reproductores limita la coincidencia excesiva entre materiales emparentados, protegemos así la salud genética del programa.

Mayor diversidad genética: al garantizar un nivel mínimo de participación de un número elevado de reproductores y al promover cruzamientos exploratorios por región, sugiere una ampliación de la base genética para el futuro del sector azucarero del país.

Eficiencia en la generación de nuevas variedades: la conjunción de criterios en un único SCORE, junto con la OCS adaptada y la priorización regional, permitirá sacar mayor partido a los recursos disponibles, acelerar el proceso de selección y aumentar las probabilidades de éxito en la obtención de variedades comerciales competitivas.

CONCLUSIONES

La revisión internacional demuestra que los programas líderes de caña de azúcar (Brasil, India, Australia, Sudáfrica y Estados Unidos) han incorporado de manera sistemática la selección de familias y progenitores mediante modelos mixtos y evaluaciones multiambiente, logrando avances significativos en eficiencia y diversidad genética.

En Costa Rica, el programa de DIECA ha logrado generar variedades comerciales competitivas desde el inicio de su fase de hibridación en el año 2000, pero enfrenta limitaciones en cuanto a áreas experimentales, recursos humanos y financieros, así como en la estandarización estadística de sus procesos.

La propuesta de un sistema integrado de priorización de progenitores y familias representa una oportunidad estratégica para DIECA, ya que permitirá organizar y aprovechar de manera más eficiente la información histórica y actual, mejorar la objetividad en la selección y asegurar la diversidad genética a futuro.

El enfoque planteado basado en REML/BLUP, un SCORE integrado y reglas operativas tipo OCS adaptada responde a las condiciones reales del programa y ofrece una vía práctica para aumentar la precisión, reducir la subjetividad y optimizar el uso de los recursos disponibles.

La implementación de este sistema no sustituye la experiencia acumulada de los fitomejoradores ni los logros alcanzados hasta la fecha, sino que los complementa y potencia, brindando un marco reproducible y transparente para la toma de decisiones.

Finalmente, este trabajo constituye un primer paso en la modernización del programa, abriendo la posibilidad de incorporar en el futuro herramientas adicionales como variedades ancla para mejorar la conectividad de ensayos, datos moleculares para estimar consanguinidad con mayor precisión, e incluso predicción genómica como complemento a la selección fenotípica.

REFERENCIAS

Barbosa, M. H. P.; Resende, M. D. V.; Bressiani, J. A.; Silveira, L. C. I.; Silva, F. L.; Peternelli, L. A. 2014. Selection of sugarcane families by using BLUP and multi-diverse analyses for planting in the Brazilian savannah. *Genetics and Molecular Research* 13(1):1619–1626. Disponible en: <https://geneticsmr.com/wp-content/uploads/2024/04/gmr3358.pdf>

Barbosa, M. H. P.; Resende, M. D. V.; Peternelli, L. A.; Bressiani, J. A.; Silveira, L. C. I.; Silva, F. L.; Figueiredo, I. C. R. 2005. Selection of sugarcane families and parents by REML/BLUP. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 5(2):443–450. Disponible en: <https://scispace.com/pdf/selection-of-sugarcane-families-and-parents-by-reml-blup-fdwp3w0dhf.pdf>

Castro, R. D.; Resende, M. D. V.; Barbosa, M. H. P.; Peternelli, L. A.; Costa, P. M. A.; Moreira, E. F. A. 2016. Selection between and within full sib sugarcane families using the modified BLUPIS method (BLUPISM). *Genetics and Molecular Research* 15(1):gmr.15017334. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.4238/gmr.15017334>

Cursi, D. E.; Cox, M. C.; Anoni, C. de 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. Disponible en: <https://doi.org/10.1002/agj2.20431>

Hemaprabha, G.; Mohanraj, K.; Alarmelu, S.; Bakshi Ram. 2020. Assessment of breeding methods and parental value of Co canes developed during 1918–2017. *Journal of Sugarcane Research* 10(1):24–31. Disponible en: <https://doi.org/10.37580/JSR.2020.1.10.24-31>

Jackson, P. A.; McRae, T. A. 1998. Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. *BSES Limited Technical Report* TR-1998–01. Brisbane, Australia. 26 p. Disponible en: <https://www.researchgate.net/publication/313172965>

Jackson, P. A.; McRae, T. A.; Bull, J. K. 1995. Selection of sugarcane families across variable environments. *Field Crops Research* 43(2–3):109–118. Disponible en: [https://doi.org/10.1016/0378-4290\(95\)00039-S](https://doi.org/10.1016/0378-4290(95)00039-S)

Mbuma, N. W.; Zhou, M. M.; Van der Merwe, R. 2020. Family × environment interaction for sugarcane yield and its components in South Africa. *Crop Science* 60(3):1239–1253. Disponible en: <https://doi.org/10.1002/csc2.20025>

Sandhu, K. S.; Shiv, A.; Kaur, G.; Meena, M. R.; Raja, A. K.; Vengavasi, K.; Mall, A. K.; Kumar, S.; Singh, P. K.; Singh, J.; et al. 2022. Integrated approach in genomic selection to accelerate genetic gain in sugarcane. *Plants* 11(16):2139. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/plants11162139>

Singh, V.; Mishra, S. K.; Bishwas, B.; Singh, K. 2024. Evaluation of early maturing sugarcane (*Saccharum* spp. complex) clones for sugar yield and its contributing traits and stability. *Electronic Journal of Plant Breeding* 15(2):337–346. Disponible en: <https://doi.org/10.37992/2024.1502.055>

South African Sugarcane Research Institute (SASRI). 2015. Variety Development Strategies. Documento técnico. Disponible en: https://sasri.org.za/wp-content/uploads/2023/12/SASRI-Variety-Development-Strategies_M-Zhou.pdf

Stringer, J. K.; Bull, J. K.; Cox, M. C. 2010. Family selection improves the efficiency and effectiveness of selecting original seedlings and parents. *Euphytica* 172(2):261–272. Disponible en: <https://www.researchgate.net/publication/225797102>

Tai, P. Y. P.; Miller, J. D.; Edmé, S. J.; Shine, J. M. 2003. Progeny tests and family selection in sugarcane breeding. *Euphytica* 133(3):291–297. Disponible en: <https://www.ars.usda.gov/research/publications/publication/?seqNo115=144642>

Todd, J. R.; Hale, A. L.; Tew, T. L.; White, W. H.; Dufrene, E. O.; Gravois, K. A. 2022. Identifying elite families and optimum parents in sugarcane breeding using multi-site evaluations and predictive models. *Agronomy* 12(9):1313. Disponible en: <https://www.mdpi.com/2077-0472/12/9/1313>

Vigneshwari, R.; Shanthi, R. M.; Pathy, T. L.; Mohanraj, K. 2022. Evaluation of full sib sugarcane families for cane yield potential through Random Coefficient Model (RCM) analysis. *Journal of Sugarcane Research* 12(1):32–40. Disponible en: <https://doi.org/10.37580/JSR.2022.1.12.32-40>

Zhao, D.; Comstock, J. C.; Glaz, B.; Edmé, S. J.; Gilbert, R. A.; Davidson, R. W. 2012. Vigor rating and Brix for first clonal selection stage of the Canal Point sugarcane cultivar development program. *Journal of Crop Improvement* 26(1):60–75. Disponible en: <https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/15427528.2011.611926>

Zhou, M. M.; Lichakane, M. L.; Joshi, S. V. 2012. Family selection gains for quality traits among South African sugarcane breeding populations. *South African Journal of Plant and Soil* 29(3):143–149. Disponible en: <https://doi.org/10.1080/02571862.2012.743606>