

REVISTA



ENTRE CAÑEROS



NÚMERO 28 • MAYO 2026. ISSN 2215-597X

Revista trimestral del Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA).
Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar (LAICA)



PRESENTACIÓN

La agroindustria cañera costarricense enfrenta una realidad cada vez más dinámica, donde factores como la variabilidad climática, la presión de nuevas plagas, la necesidad de incrementar la eficiencia productiva y la sostenibilidad de los sistemas agrícolas exigen respuestas fundamentadas en conocimiento científico y técnico.

En este contexto, la investigación aplicada adquiere un papel fundamental como herramienta para anticipar desafíos, generar soluciones y fortalecer la capacidad de adaptación del sector. Los trabajos que conforman esta edición N° 28 de Entre Cañeros reflejan precisamente ese esfuerzo continuo por comprender mejor los procesos biológicos, genéticos y productivos que influyen en el desempeño de la agroindustria azucarera nacional.

Los artículos presentados aportan avances en áreas estratégicas como el control biológico de plagas, la caracterización de la diversidad genética y la aplicación de metodologías modernas para la selección de variedades, así como estudios que evidencian la estrecha relación entre la sanidad del cultivo y la calidad de la materia prima procesada por la industria.

Confiamos en que estos aportes contribuyan a fortalecer la toma de decisiones y promuevan una visión cada vez más integrada de la producción de caña de azúcar, donde la innovación, la sostenibilidad y la competitividad avancen de la mano.

Ing. José Eduardo Vargas Miranda
Editor
Revista Entre Cañeros

CONTENIDO

02

Presentación

04

Innovación científica para una agroindustria cañera más resiliente, productiva y sostenible

10

Análisis de Diversidad Genética de variedades comerciales de caña de azúcar (*Saccharum spp.*) en la Región Norte de Costa Rica mediante marcadores microsatélites y su aplicabilidad en el proceso de mejora genética

20

Análisis predictivo del porcentaje de materia extraña en cosecha mecanizada basado en la intensidad de infestación de *Diatraea spp.* en Ingenio Cutris

32

Primer reporte de *Myrmecomorba nylanderiae* en individuos de hormiga loca (*Nylanderia fulva*) presentes en Costa Rica.

42

Evaluación multiambiental de familias de caña de azúcar (*Saccharum spp.*) mediante modelos mixtos y valores BLUP

Revista Entre Cañeros
Número 28, 30 de mayo 2026.

Publicación técnica gratuita del Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar
Producida por la Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar.
Avenida 15 y calle 3, Barrio Tournón.
San Francisco, Goicoechea.
10802 San José, Costa Rica.
www.laica.co.cr



**TODA ESA
DULCE ENERGÍA
TRANSFORMALA
EN UN HIT**
MUÉVALO.com
CON AZÚCAR NATURAL



Doña
María
Azúcar

zukra
AZÚCAR CRUDO



Espacio independiente destinado a la publicación de artículos de opinión y discusión sobre temas técnicos relacionados con la producción de caña de azúcar, tanto a nivel nacional como internacional.

INNOVACIÓN CIENTÍFICA PARA UNA AGROINDUSTRIA CAÑERA MÁS RESILIENTE, PRODUCTIVA Y SOSTENIBLE

Alejandro Rodríguez Morales¹

La agroindustria cañera costarricense enfrenta un contexto cada vez más desafiante, caracterizado por presiones productivas, variabilidad climática, aparición de nuevas plagas y la necesidad de mejorar la eficiencia tanto en campo como en fábrica.

En este escenario, la generación de conocimiento científico aplicado se convierte en un pilar fundamental para fortalecer la competitividad del sector.

En esta nueva edición de *Entre Cañeros*, se presentan investigaciones que reflejan avances significativos en áreas clave como el control biológico de plagas, el mejoramiento genético y la calidad de la materia prima. En conjunto, estos aportes permiten avanzar hacia un sistema productivo más eficiente, resiliente y alineado con principios de sostenibilidad.

Uno de los hallazgos más relevantes corresponde al primer reporte en Costa Rica del microsporidio *Myrmecomorba nylanderiae*, un patógeno natural de la hormiga loca (*Nylanderia fulva*), plaga que ha generado impactos importantes en el cultivo de caña de azúcar.

Este descubrimiento representa un avance sustantivo en la búsqueda de alternativas de control biológico, al evidenciar la presencia de un agente capaz de regular naturalmente las poblaciones de esta especie invasora (Conejo Barboza *et al.* 2026).

El estudio documenta además la presencia del patógeno en distintas zonas afectadas, lo que



¹ Gerente de Investigación y Extensión Agrícola, Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA), Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar (LAICA). Correo-e: arodriguez@laica.co.cr



sugiere un proceso de dispersión activo. Asimismo, identifica un elemento clave en su dinámica de transmisión, al señalar que los machos alados podrían actuar como vectores durante los vuelos nupciales, ampliando las vías de propagación del patógeno.

En conjunto, estos resultados aportan nuevos elementos para el manejo integrado de la plaga desde un enfoque más ecológico y sostenible (Conejo Barboza *et al.* 2026).

En paralelo, esta edición profundiza en el fortalecimiento del programa de mejoramiento genético de la caña de azúcar, mediante dos investigaciones complementarias. La primera analiza la diversidad genética de variedades comerciales en la Región Norte utilizando marcadores moleculares tipo microsatélites.

Los resultados evidencian una base genética relativamente estrecha, lo cual representa un riesgo en términos de adaptabilidad y vulnerabilidad ante factores bióticos y abióticos (Conejo-Barboza *et al.* 2026).

No obstante, el estudio logra identificar

combinaciones parentales con alto potencial para ampliar dicha base genética, sentando las bases para una diversificación estratégica del germoplasma.

Este enfoque es potenciado por el estudio de evaluación multiambiental mediante modelos mixtos y estimación de BLUP, el cual permite separar con mayor precisión el efecto ambiental del mérito genético. Además, integra variables productivas y de calidad en un índice de



selección más robusto (Vargas Miranda *et al.* 2026).

Como resultado, es posible identificar de manera anticipada cruces con alto potencial, optimizando el proceso de selección y reduciendo el tiempo necesario para desarrollar nuevas variedades, lo que constituye a mejorar la eficiencia del proceso de selección.

La integración de herramientas moleculares y modelos predictivos representa un cambio significativo en la forma en que se conduce el mejoramiento genético en el país. Ya no se trata únicamente de evaluar resultados en campo, sino de anticipar el desempeño de los materiales antes de su liberación comercial.

Este enfoque permite desarrollar variedades más productivas, mejor adaptadas a condiciones específicas y con mayor capacidad de respuesta ante escenarios climáticos cambiantes, contribuyendo directamente a la resiliencia del sistema productivo.

Por otra parte, esta edición aborda un aspecto crítico en la cadena agroindustrial: la calidad de la materia prima que ingresa a fábrica. El estudio

sobre la relación entre la infestación de barrenadores (*Diatraea spp.*) y el porcentaje de materia extraña en la cosecha mecanizada evidencia una conexión directa y altamente significativa entre ambas variables (Conejo Ugalde *et al.* 2026).

A medida que aumenta la intensidad de infestación en campo, se incrementa la proporción de material deteriorado que acompaña a la caña durante la cosecha.

Este hallazgo tiene implicaciones directas sobre la eficiencia industrial, ya que la materia extraña no solo reduce la calidad de la caña, sino que también afecta el rendimiento en la extracción de azúcar y aumenta las pérdidas en el proceso.

Asimismo, se evidencia que el daño causado por el barrenador no se limita al campo, sino que trasciende hacia la fábrica, afectando la rentabilidad global del sistema (Conejo Ugalde *et al.* 2026).

SECCIÓN EDITORIAL

En este sentido, se refuerza la importancia de implementar estrategias de manejo integrado más efectivas para el control de esta plaga. La reducción de los niveles de infestación no solo mejora la productividad agrícola, sino que también incide positivamente en la calidad industrial, evidenciando la necesidad de un enfoque integral que conecte las decisiones agronómicas con sus impactos en la agroindustria.

En conjunto, los trabajos presentados en esta edición convergen en un mismo objetivo: fortalecer la sostenibilidad y competitividad del sector cañero a través de la ciencia y la innovación.

La identificación de un patógeno natural asociado a la hormiga loca evidencia el potencial de los agentes biológicos para contribuir a la regulación de plagas invasoras.

Asimismo, el análisis de la diversidad genética de variedades comerciales y la aplicación de modelos mixtos permiten estimar con mayor precisión el mérito genético e identificar cruces promisorios dentro del programa de mejoramiento.

Finalmente, el estudio sobre la relación entre la infestación de barrenadores y la presencia de materia extraña demuestra que el manejo fitosanitario en campo tiene efectos directos

sobre la eficiencia industrial y la calidad de la materia prima.

De esta manera, cada aporte contribuye a la construcción de un sistema productivo más eficiente, resiliente y sostenible.

Estos avances permiten proyectar, en el corto y mediano plazo, una agroindustria cañera con mayor capacidad de adaptación, menores costos asociados a pérdidas productivas e industriales, y una reducción en la dependencia de insumos externos.

Asimismo, refuerzan la importancia de la investigación aplicada como motor de desarrollo, brindando soluciones concretas a los desafíos actuales del sector.

Finalmente, esta edición reafirma el compromiso de DIECA-LAICA con la generación y divulgación de conocimiento científico orientado a la toma de decisiones.

Los resultados aquí presentados no solo enriquecen el acervo técnico del sector, sino que también ofrecen herramientas prácticas para enfrentar los retos presentes y futuros de la agroindustria cañera costarricense.





ANÁLISIS DE DIVERSIDAD GENÉTICA DE VARIEDADES COMERCIALES DE CAÑA DE AZÚCAR (*Saccharum spp.*) EN LA REGIÓN NORTE DE COSTA RICA MEDIANTE MARCADORES MICROSATÉLITES Y SU APLICABILIDAD EN EL PROCESO DE MEJORA GENÉTICA

Ana María Conejo Barboza¹, Juan Pablo Carvajal Quesada², Jose Eduardo Vargas Miranda², Ricardo Vega Alfaro²

RESUMEN

La diversidad genética es un factor clave en los programas de mejoramiento de caña de azúcar, ya que permite seleccionar materiales con características de adaptabilidad, productividad y resiliencia frente a factores bióticos y abióticos negativos. En este estudio se evaluó la diversidad genética de variedades comerciales y clones en evaluación presentes en la Región Norte de Costa Rica mediante el uso de marcadores microsatélites (CV29, CV37 y CV38). Los resultados indicaron una alta similitud genética entre las variedades analizadas, evidenciando una base genética reducida.

El análisis de predicción de diversidad en progenies permitió identificar cruces potenciales como PR 80-2038 × LAICA 16-49 y LAICA 04-809 × LAICA 16-49, los cuales podrían contribuir a ampliar la variabilidad genética en futuros programas de hibridación. Estos hallazgos subrayan la necesidad de introducir germoplasma diverso para fortalecer la resiliencia del cultivo en la región.

INTRODUCCIÓN

La caña de azúcar moderna (*Saccharum spp.*) es un cultivo genéticamente complejo, derivado principalmente de cruzamientos interespecíficos entre *S. officinarum*, especie domesticada y productora de sacarosa, y *S. spontaneum*,

especie silvestre que aporta rusticidad y tolerancia a condiciones adversas.

Las variedades actuales son altamente poliploides (~12x) y aneuploides, con alrededor de 120 cromosomas, heredando entre el 70 y 80% de *S. officinarum*, 10 a 20% de *S. spontaneum* y cerca del 10% de recombinaciones entre ambas especies (CENGICAÑA 2012; Moore *et al.* 2014). A pesar de su origen híbrido, la base genética de la caña cultivada es estrecha, tal como lo evidencia OGTR 2011 que al analizar 40 variedades comerciales encontró una similitud genética promedio del 61%, lo que a su vez evidencia la necesidad de incorporar nuevos progenitores.



¹ Unidad Biotecnológica, Biología Molecular, Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA), Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar (LAICA). Correo-e: aconejo@laica.co.cr

² Programa de variedades, Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA), Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar (LAICA). Correo-e: pcarvajal@laica.co.cr

SECCIÓN ARTÍCULOS CIENTÍFICOS

El mejoramiento genético de la caña de azúcar en Costa Rica es relativamente reciente. A partir de 1998, el Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA-LAICA) inició los primeros cruzamientos en el país, utilizando materiales de origen brasileño, barbadense y estadounidense como base del programa de variedades.

Este esfuerzo dio origen a la serie LAICA, que actualmente constituye un componente esencial en el desarrollo del cultivo de caña de azúcar en el país. Tras más de dos décadas de mejoramiento genético convencional, el programa ha logrado desarrollar y posicionar variedades con alto potencial agrícola e industrial, adaptadas a las diferentes condiciones agroecológicas del país (Chaves 2018a; Durán y Oviedo 2015).

La Región Norte de Costa Rica ha constituido una zona de gran importancia para la producción nacional de caña de azúcar, caracterizada por una amplia variabilidad agroecológica donde predominan suelos ácidos de baja fertilidad y por una marcada variabilidad altitudinal con un régimen de lluvias elevado (2.500-3.200 mm anuales) que se mantiene durante gran parte del año.

Estas condiciones, combinadas con temperaturas medias cercanas a 26,6 °C, influyen significativamente en el crecimiento, la maduración y la concentración de sacarosa en la caña, haciendo necesaria la selección de variedades adaptadas a ambientes húmedos y de respuesta estable bajo dichas condiciones (Chaves 2018b; Chaves 2019).

La región ha presentado una cantidad reducida de variedades de caña de azúcar de siembra comercial, presentándose un cambio constante, donde han prevalecido materiales originarios de Barbados, Australia y de Brasil como principales centros de origen, y más recientemente variedades sigla LAICA que han venido a tomar la mayor cantidad de área comercial.

En este contexto, el desarrollo y aplicación de técnicas de biología molecular se han convertido en una herramienta esencial para conocer la variabilidad genética y caracterizar molecularmente variedades de caña de azúcar. Los marcadores moleculares son ampliamente utilizados para evaluar la diversidad genética y apoyar la toma de decisiones en los programas de mejoramiento (Riasco *et al.* 2003).

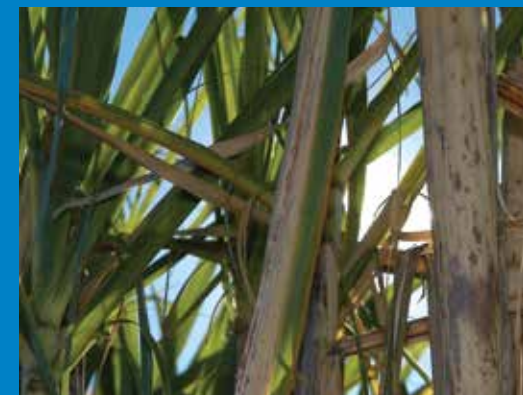
En particular, el uso de marcadores microsatélites (SSR), debido a su facilidad de operación, alta repetibilidad y polimorfismos, se utilizan con frecuencia en el análisis de la diversidad genética del germoplasma de caña de azúcar (Wang *et al.* 2020) y se han consolidado como un método confiable y preciso para estimar las distancias genéticas entre genotipos y orientar la selección de progenitores en cruzamientos estratégicos, favoreciendo la ampliación de la base genética del cultivo.

El presente estudio tuvo como objetivo caracterizar la diversidad genética de variedades comerciales de la Región Norte, identificando oportunidades para ampliar la base genética del programa de mejoramiento varietal de DIECA-LAICA.



MATERIALES Y MÉTODOS

Las muestras fueron procesadas en el Laboratorio de Biología Molecular de la Dirección de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA). Se seleccionaron ocho variedades comerciales de caña de azúcar (*Saccharum spp.*) representativas de la Zona Norte de Costa Rica (Cuadro 1), las cuales fueron obtenidas de los bancos de germoplasma de DIECA. Estas variedades fueron elegidas en función de su importancia agronómica y su uso extendido en la región.



El aislamiento del material genético se realizó a partir de tejido foliar joven utilizando el protocolo institucional DIECA-LBM-PRT-006.

La calidad y concentración del ADN extraído fueron evaluadas mediante un espectrofotómetro (NanoDrop One) antes de su uso en los análisis posteriores.

La caracterización molecular se llevó a cabo mediante la amplificación de marcadores microsatélites (SSR), siguiendo la metodología descrita por Maccheroni *et al.* (2007).

Estos marcadores son altamente polimórficos y codominantes, poseen entre 15 y 20 alelos, lo que los hace adecuados para estudios de diversidad genética y relaciones de parentesco en especies poliploides como la caña de azúcar.

Los productos de amplificación fueron separados mediante electroforesis capilar utilizando un analizador genético Applied Biosystems 3500 Genetic Analyzer, lo que permitió una resolución precisa de los fragmentos amplificados.

Los perfiles electroforéticos obtenidos fueron analizados utilizando el software GeneMarker v2.2.0, con el fin de determinar el tamaño de los alelos y generar matrices de datos genotípicos.

El análisis de datos se realizó en el entorno estadístico R (versión 3.6.1). Se calcularon distancias genéticas de Reynolds utilizando los paquetes adegenet y poppr, lo que permitió evaluar la diferenciación genética entre las variedades.

Adicionalmente, se realizó un análisis de coordenadas principales (PCoA) empleando el paquete ade4, con el objetivo de visualizar la

CUADRO 1

Variedades de caña de azúcar comerciales de la Región Norte de Costa Rica con sus respectivos progenitores.

VARIEDAD	PROGENITORES	
	HEMBRA	MACHO
B 77-95	Desconocido	Desconocido
LAICA 01-604	Q 96	SP 70-1143
LAICA 04-809	RD 75-11	B 60-267
LAICA 08-390	B 76-259	MEX 79-431
LAICA 10-207	B 77-95	SP 82-1176
LAICA 12-340	CO 421	TCP 87-3388
LAICA 16-49	LAICA 03-805	Policruce
PR 80-2038	Desconocido	Desconocido

SECCIÓN ARTÍCULOS CIENTÍFICOS

estructura genética de las muestras en un espacio multivariado.

Para explorar los patrones de agrupamiento, se aplicó un análisis de conglomerados jerárquicos mediante el método de Ward, implementado en el paquete factextra. Asimismo, se generó un mapa de predicción de diversidad genética potencial de la descendencia, integrando herramientas de los paquetes adegenet, dplyr y ggplot2, lo que permitió identificar combinaciones parentales con mayor potencial de variabilidad genética.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Singh *et al.* (2020) demostraron que el uso de marcadores SSR y SNP permite identificar líneas genéticamente muy cercanas dentro de bancos de germoplasma, lo cual resulta particularmente relevante en cultivos altamente poliploides y de base genética estrecha como la caña de azúcar.

De manera similar, Oliveira *et al.* (2021) reportaron que los análisis de agrupamiento basados en marcadores moleculares generan grupos genéticos coherentes con el origen parental y el historial de mejoramiento, evidenciando la capacidad de estas herramientas para reflejar relaciones genéticas reales más allá de la información fenotípica. Se utilizaron microsatélites que suelen ser reportados en la literatura como los que mayormente aportan información en el cultivo de caña de azúcar (CENGICAÑA 2021).

En el presente estudio, el análisis de agrupamiento (Figura 1) permitió dividir las ocho variedades evaluadas en cuatro grupos genéticos bien definidos. Los grupos 1 y 2 estuvieron conformados, cada uno, por una única variedad (LAICA 04-809 y LAICA 12-340, respectivamente), lo que sugiere una marcada divergencia genética en relación con el resto del material evaluado.

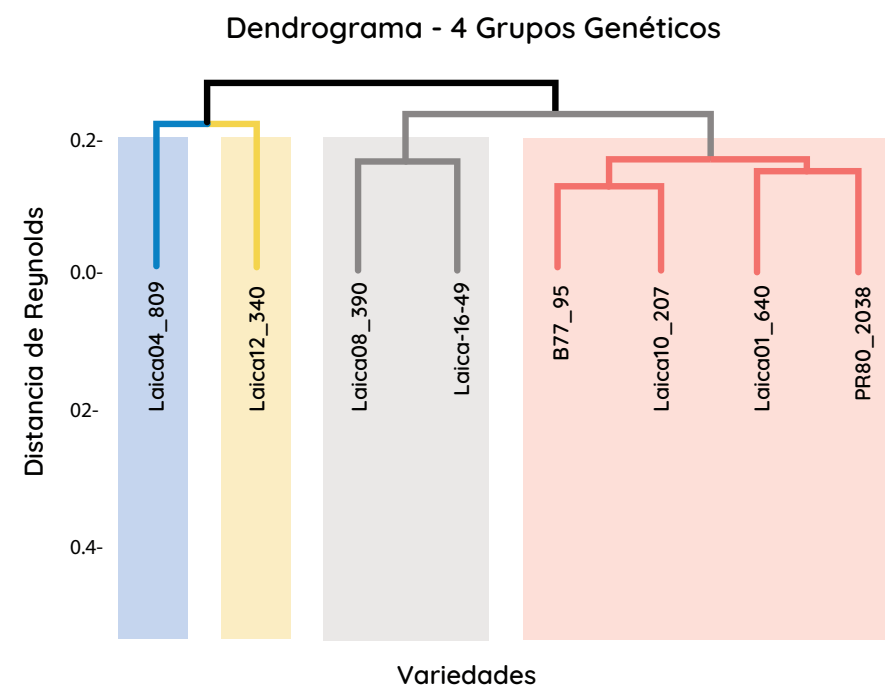


FIGURA 1

Análisis de agrupamiento jerárquico con cuatro grupos genéticos.

Esta diferenciación podría estar asociada a una mayor heterogeneidad genómica, en concordancia con lo reportado por Wang *et al.* (2020). El análisis posiciona a estas variedades como candidatas estratégicas para programas de mejoramiento orientados a la ampliación de la base genética.

Asimismo, esta separación genética plantea la posibilidad de vincular dichas diferencias con características agronómicas y fisiológicas contrastantes, tales como tolerancia al estrés, productividad y adaptación ambiental, aspectos clave en la selección de progenitores superiores.

Los análisis de coordenadas principales (PCoA) han demostrado ser herramientas complementarias al análisis de agrupamiento, ya que permiten visualizar gradientes de diversidad genética que no siempre se detectan claramente en los dendrogramas. Zhang *et al.* (2022) señalan que los primeros componentes principales suelen explicar una proporción significativa de la variación genética y facilitan la

separación entre linajes antiguos, variedades modernas y materiales silvestres, reflejando tanto la historia de hibridación como el origen geográfico del germoplasma.

En este estudio, el análisis de coordenadas principales (Figura 2) mostró que los dos primeros ejes explicaron aproximadamente el 43 % de la varianza total.

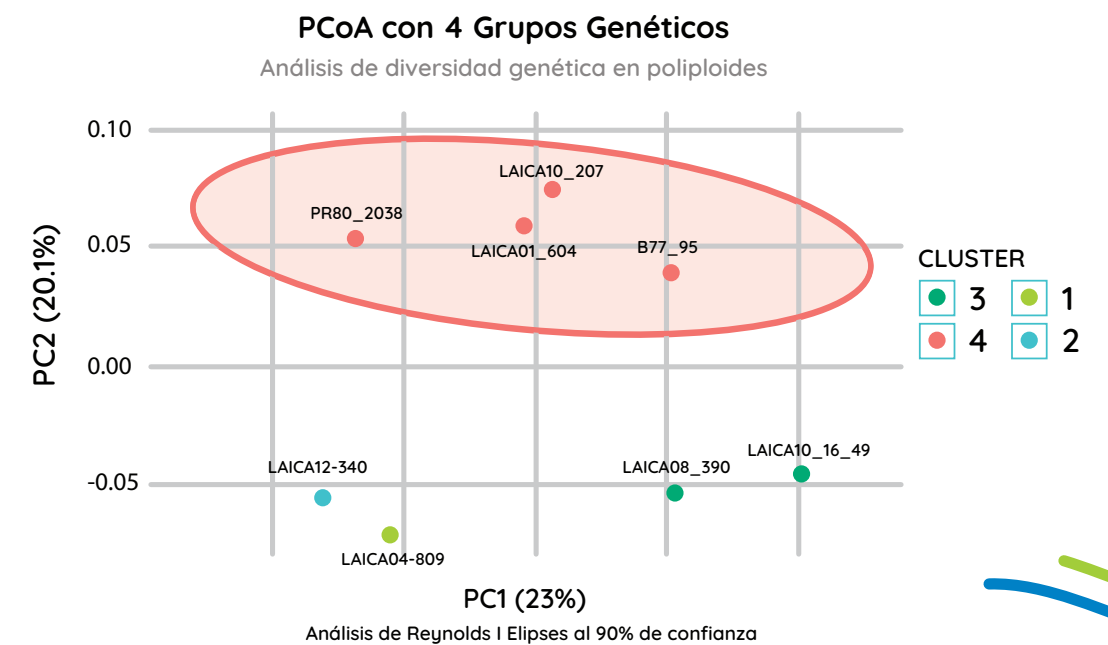


FIGURA 2

Análisis de coordenadas principales.

SECCIÓN ARTÍCULOS CIENTÍFICOS

El grupo 4 se posicionó como el más estrechamente relacionado, lo cual coincide con los resultados obtenidos en el análisis de agrupamiento y confirma la robustez de la estructura genética identificada.

De manera concordante, las variedades LAICA 04-809 y LAICA 12-340 se ubicaron como las genéticamente más diferenciadas dentro del espacio multivariado, reforzando su potencial como progenitores para incrementar la diversidad genética en programas de mejoramiento y reducir los riesgos asociados a la endogamia genética.

La predicción de la diversidad genética en la progenie resultante del cruzamiento de parentales con elevado potencial genético y agronómico constituye un componente clave en los programas modernos de mejoramiento genético de la caña de azúcar. La aplicación de enfoques basados en marcadores moleculares permite estimar de manera anticipada la

variabilidad genética esperada en las poblaciones segregantes, lo que favorece la identificación de combinaciones parentales con mayor probabilidad para generar descendencia superior. En un cultivo caracterizado por un genoma altamente poliploide y complejo, estos análisis contribuyen a optimizar la eficiencia de la selección temprana, reducir los costos asociados a evaluaciones fenotípicas extensivas y preservar una base genética amplia, aspectos fundamentales para el desarrollo sostenido de nuevas variedades con alto rendimiento y mayor resiliencia frente a factores bióticos y abióticos (Aitken et al. 2016; Grativol *et al.* 2014).

A partir de los resultados obtenidos en el análisis de predicción, se confirmó que, para el conjunto de variedades de caña de azúcar cultivadas en la Zona Norte del país, LAICA 04-809 X LAICA 16-49 (Figura 3) se posiciona como una de las mejores opciones de progenitores, junto con el cruce PR 80-2038 X LAICA 16-49 que incluye una variedad introducida.

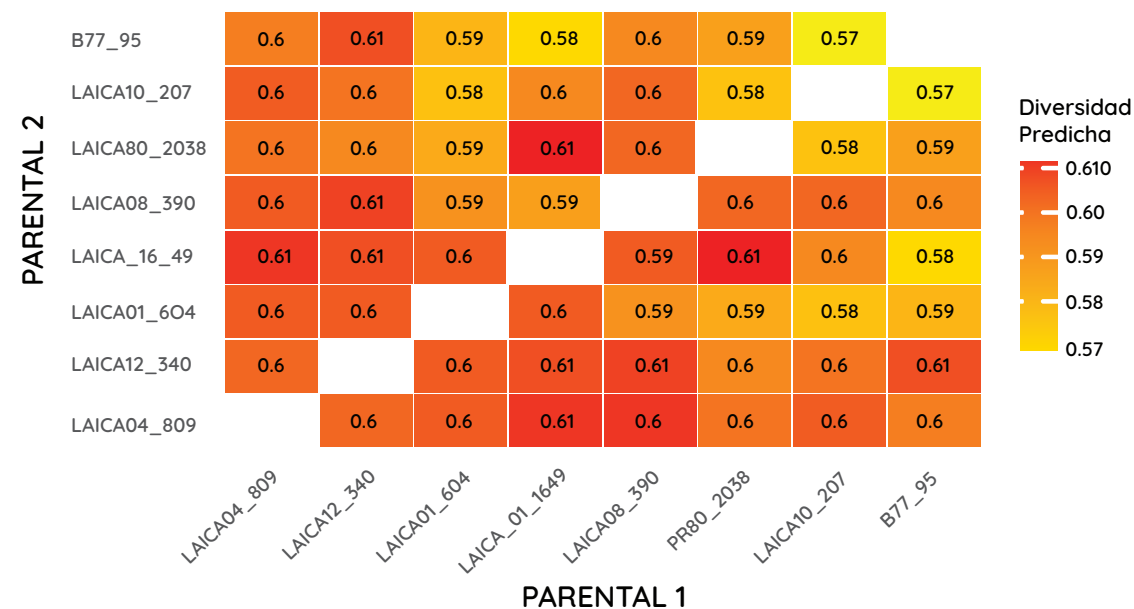


FIGURA 3

Análisis de predicción de diversidad genética de cruces. La escala de colores indica el nivel de diversidad genética esperada que va de 0 a 1, donde 1 es la máxima diversidad genética y 0 la mínima.



Estos genotipos destacan por su desempeño comparativo, lo que respalda su idoneidad como parentales estratégicos en esquemas de cruzamiento orientados al mejoramiento genético del cultivo.

Es importante también la inclusión constante de variedades extranjeras que favorezcan el incremento de la variabilidad y la disminución de la endogamia entre las variedades nacionales.

Debido a su alta precipitación y a las condiciones favorables para el desarrollo del cultivo de caña de azúcar, la Región Norte requiere progenitores con excelente crecimiento vegetativo y bajo acame, lo cual facilita la cosecha. Otro aspecto clave es la capacidad de madurar adecuadamente bajo condiciones de alta humedad, característica que se ha logrado en las variedades con sigla LAICA.

CONCLUSIONES

La concordancia entre el análisis de agrupamiento y el análisis de coordenadas principales confirma una alta similitud genética entre las variedades comerciales de la Región Norte, evidenciando una base genética estrecha en el material actualmente cultivado.





Las variedades LAICA 04-809 y LAICA 12-340 se identificaron como los genotipos genéticamente más diferenciados, tanto en el análisis de agrupamiento como en el análisis de coordenadas principales, destacándose como materiales clave para ampliar la diversidad genética de la región.

La predicción de diversidad genética en progenies indicó que los cruces LAICA 04-809 x LAICA 16-49 y PR 80-2038 x LAICA 16-49 presentan los mayores niveles de diversidad

genética esperada, posicionándose como combinaciones prioritarias para futuros cruzamientos.

En conjunto, los resultados confirman que la selección estratégica de progenitores basada en información molecular permite identificar cruces con mayor potencial genético, contribuyendo de forma directa al fortalecimiento del programa de mejoramiento de caña de azúcar en la Región Norte de Costa Rica.

LITERATURA CITADA

- Aitken, KS; McNeil, MD; Hermann, S; Bundock, PC. 2016. Genetic diversity, linkage disequilibrium and population structure in sugarcane (*Saccharum spp.*). *BMC Genomics* 17(1):1-14. <https://doi.org/10.1186/s12864-016-2681-0>
- CENGICAÑA (Centro Guatemalteco de Investigación y Capacitación de la Caña de Azúcar, Guatemala). 2012. El cultivo de la caña de azúcar en Guatemala. Guatemala.
- CENGICAÑA (Centro Guatemalteco de Investigación y Capacitación de la Caña de Azúcar, Guatemala). 2021. Memoria Presentación de resultados de investigación Zafra 2020-2021. Guatemala.
- Chaves Solera, MA. 2018a. Genética aplicada a la mejora de las plantaciones comerciales de caña de azúcar. San José, Costa Rica, LAICA; DIECA.

Chaves Solera, MA. 2018b. Variedades de caña de azúcar sembradas comercialmente en la Región Norte (San Carlos-Los Chiles), Costa Rica, durante el periodo 1986-2016 (30 años). San José, Costa Rica, LAICA-DIECA. 24 p.

Chaves Solera, MA. 2019. Variedades de caña de azúcar sembradas comercialmente en Los Chiles, Zona Norte, Costa Rica, durante el periodo 2000-2016 (17 años). San José, Costa Rica, LAICA-DIECA. 25 p.

Durán Alfaro, JR; Oviedo Alfaro, M. 2015. La hibridación de la caña de azúcar en Costa Rica: ¿qué se ha hecho? VI Congreso Tecnológico del Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA), 6. CoopeVictoria R.L., Grecia, Alajuela, Costa Rica, 20-21 ago. 16 p.

Grativol, C; Regulski, M; Bertalan, M; McCombie, WR; da Silva, FR; Zerlotini, A; Vicentini, R. 2014. Sugarcane genome sequencing by methylation filtration provides tools for genomic research in the genus *Saccharum*. *The Plant Journal* 79(1):162-172. <https://doi.org/10.1111/tbj.12539>.

Maccheroni, W; Jordão, H; Degaspari, R; Matsuoka, S. 2007. Development of a dependable microsatellite-based fingerprinting system for sugarcane. *Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists* 26:889-900.

Moore, PH; Paterson, AH; Tew, TL. 2014. Sugarcane: the crop, the plant and domestication. In: Moore, PH; Botha, FC, eds. *Sugarcane: physiology, biochemistry and functional biology*. Ames, Iowa, USA, Wiley-Blackwell. p. 1-18.

OGTR (Office of the Gene Technology Regulator, Australia). 2011. *The biology of Saccharum spp.* (sugarcane). Canberra, Australia, Australian Government, Office of the Gene Technology Regulator.

Oliveira, KM; Pinto, LR; Marconi, TG; Mollinari, M; Garcia, AAF. 2021. Genetic diversity and population structure of sugarcane breeding materials assessed by SNP and SSR markers. *Industrial Crops and Products* 170:113764. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2021.113764>.

Riascos, JJ; Victoria, JI; Ángel, F. 2003. Diversidad genética en variedades de caña de azúcar (*Saccharum spp.*) usando marcadores moleculares. *Revista Colombiana de Biotecnología* 5(1):6-15.

Singh, RK; Srivastava, S; Singh, SP; Sharma, ML; Aitken, KS. 2020. Assessment of genetic diversity and population structure in sugarcane using SSR and SNP markers. *Molecular Biology Reports* 47(6):4321-4335. <https://doi.org/10.1007/s11033-020-05496-3>.

Wang, J; Li, Y; Zhang, J; Zhou, M. 2020. Genome-wide analysis of genetic diversity and heterozygosity in sugarcane breeding populations. *BMC Plant Biology* 20:421. <https://doi.org/10.1186/s12870-020-02650-9>.

Zhang, J; Yang, X; Li, Y; Deng, H. 2022. Population structure and genetic relationships of sugarcane germplasm revealed by principal coordinate and SNP analyses. *Frontiers in Plant Science* 13:845672. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.845672>.



ANÁLISIS PREDICTIVO DEL PORCENTAJE DE MATERIA EXTRAÑA EN COSECHA MECANIZADA BASADO EN LA INTENSIDAD DE INFESTACIÓN DE *Diatraea spp* EN INGENIO CUTRIS

Rafael Conejo Ugalde¹, Fabián Alvarez Rodriguez², Carlos Quesada Brenes², Keylor Dávila Soza²

RESUMEN

La infestación de barrenadores del género *Diatraea spp.* constituye una de las principales plagas que afectan la productividad agrícola e industrial de la caña de azúcar en América Latina. El presente estudio evaluó la relación entre la intensidad de infestación de *Diatraea spp.* en campo y el porcentaje de materia extraña atribuible al daño de esta plaga durante la cosecha mecanizada en el Ingenio Cutris, ubicado en la Zona Norte de Costa Rica.

Se analizaron datos de muestreos realizados durante las cosechas 2024 (n=103) y 2025 (n=386), en los que se determinó la intensidad de infestación mediante la evaluación de entrenudos dañados en muestras de caña tomadas en campo, así como la composición de materia extraña en muestras provenientes de frentes de cosecha mecanizada.

Para evaluar la relación entre ambas variables se aplicaron modelos estadísticos de regresión, incluyendo un modelo beta para variables proporcionales, complementado con análisis de correlación. Los resultados evidenciaron una relación positiva altamente significativa entre la intensidad de infestación y el porcentaje de materia extraña atribuible a *Diatraea spp.* ($p < 0.001$).

El modelo beta que incorporó el efecto del año de cosecha presentó el mejor ajuste estadístico, con significancia en los parámetros asociados a la infestación, explicando aproximadamente el

46% de la variabilidad observada en el porcentaje de materia extraña y evidenciando diferencias significativas entre años. Las predicciones del modelo indican que incrementos en la infestación se asocian con aumentos progresivos en la proporción de material deteriorado durante la cosecha.

Estos resultados confirman que el daño provocado por la plaga favorece el deterioro fisiológico del tallo y la generación de residuos durante la cosecha mecanizada, lo cual impacta negativamente la calidad de la materia prima y la eficiencia industrial. El estudio demuestra la importancia de fortalecer las estrategias de manejo integrado de *Diatraea spp.* como componente clave para mejorar la calidad de la caña cosechada y la eficiencia del proceso industrial.



¹ Programa Fitosanidad, Manejo Integrado de Plagas, Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA), Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar (LAICA). Correo-e: rcconejo@laica.co.cr

² Departamento Agrícola, Ingenio Cutris. Correo-e: falvarez@cutres.com

INTRODUCCIÓN

La rentabilidad de una fábrica de azúcar depende directamente de la calidad de la caña que recibe. Un problema constante es la presencia de materia extraña (ME), que incluye tierra, hojas, cogollos y caña seca o podrida. Barrantes et al. (2020) señalan que la ME es uno de los mayores inconvenientes en la industria, ya que ocupa el lugar de la caña moledera y arrastra azúcar hacia el bagazo, perdiéndose en el proceso.

En Costa Rica, se estima que por cada 1% de aumento en estos residuos, el rendimiento de azúcar baja 0,74 unidades porcentuales (Oviedo y Chaves 2003).

La calidad de los tallos empeora por el ataque de los barrenadores, específicamente las especies de *Diatraea spp.* En el país, predominan *D. guatemalaella*, *D. tabernella* y *D. saccharalis* (Quesada 2007). El daño directo ocurre cuando las larvas perforan el tallo, lo que reduce la capacidad de la planta para realizar fotosíntesis y acumular azúcar (Rossato et al. 2019).

De forma indirecta, estas perforaciones permiten la entrada de hongos como el muermo rojo, que fermenta la sacarosa y la convierte en alcohol, dañando la pureza de los jugos (Condega 2002; Vejar Cota s.f.).

Este deterioro tiene un fuerte impacto económico. Vargas y Gómez (2005) indican que



por cada 1% de intensidad de infestación (II), el peso de la caña disminuye un 0,7%. Además, los tallos dañados se vuelven quebradizos y mueren, lo que aumenta la cantidad de caña seca que las cosechadoras recogen como materia extraña (García 2003). Otros estudios muestran que estas pérdidas pueden alcanzar los 1,05 kg de azúcar por cada tonelada de caña procesada (Mendoza et al. 2007).

Como el daño ocurre dentro del tallo, es difícil detectarlo a simple vista, por lo que es necesario usar modelos matemáticos para predecir cuánto azúcar se perderá realmente (Badilla y Gómez 2003).

En el Ingenio Cutris, es vital entender cómo la infestación de *Diatraea spp.* en el campo eleva el porcentaje de basura que llega a la fábrica. Por esta razón, el presente estudio tiene como objetivo evaluar el impacto de la intensidad de infestación sobre el porcentaje de materia extraña en la cosecha mecanizada, comparando los resultados de las zafras 2024 y 2025.

METODOLOGÍA

El estudio se realizó en plantaciones comerciales del Ingenio Cutris, ubicado en la zona Norte de Costa Rica, durante las zafras 2024 y 2025. La región se caracteriza por condiciones tropicales húmedas que favorecen el desarrollo de plagas en el cultivo de caña de azúcar.

Se empleó un diseño observacional correlacional en el cual la unidad de muestreo correspondió a lotes comerciales de caña de azúcar.

En cada lote se realizaron dos tipos de evaluación: determinación de la intensidad de infestación de *Diatraea spp.* en campo y cuantificación del porcentaje de materia extraña atribuible a esta plaga durante la cosecha mecanizada, lo que permitió el apareamiento de las observaciones por lote.

El tamaño de la muestra consistió en 103 unidades para el año 2024 y 386 unidades para el 2025, consolidando la base de datos para el análisis.

Para determinar la intensidad de infestación, durante la cosecha se seleccionaron aleatoriamente 10 tallos por hectárea dentro de cada lote evaluado.



En cada tallo se contabilizó el número total de entrenudos y el número de entrenudos afectados por daño de barrenadores (*Diatraea spp.*).

La intensidad de infestación se calculó como la proporción de entrenudos dañados respecto al total de entrenudos evaluados, expresada en porcentaje. Este indicador refleja el daño acumulado en los tallos previo a la cosecha mecanizada.

Durante la cosecha mecanizada se recolectaron muestras de material cosechado en los diferentes frentes de cosecha. En cada frente se tomaron muestras entre 9 y 14 kg, las cuales fueron pesadas para obtener el peso bruto inicial.

Posteriormente, las muestras se clasificaron manualmente en las siguientes fracciones: cogollo, hojas y raíces (basura), caña seca o podrida, y caña sana. Cada fracción se pesó individualmente para determinar su proporción dentro de la muestra total.

A partir de la zafra 2024, durante la clasificación se identificaron y separaron los fragmentos de caña que presentaban evidencias claras de daño interno por *Diatraea spp.* (perforaciones, galerías, deterioro del tejido interno o presencia de residuos asociados a la actividad larval).

El peso de este material se registró de forma independiente, permitiendo calcular el porcentaje de materia extraña atribuible al daño por barrenador como el peso de los fragmentos dañados dividido entre el peso total de la muestra, multiplicado por 100.

Para evaluar la relación entre la intensidad de infestación y el porcentaje de materia extraña atribuible a *Diatraea spp.*, se integró la información de ambos muestreos a nivel de lote. Inicialmente se realizó un análisis de regresión lineal simple para explorar la relación entre variables.

Posteriormente, dado que la variable respuesta corresponde a una proporción acotada entre 0 y





100%, se empleó un modelo de regresión beta con función de enlace logit, incluyendo la intensidad de infestación como variable independiente y el año de cosecha como factor para controlar posibles diferencias entre zafras.

La bondad de ajuste se evaluó mediante el pseudo coeficiente de determinación. Los análisis se realizaron en el software R utilizando el paquete especializado betareg.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los análisis realizados evidenciaron una relación positiva altamente significativa entre la intensidad de infestación de *Diatraea spp.* en campo y el porcentaje de materia extraña atribuible al daño de esta plaga durante la cosecha mecanizada.

Esta relación se mantuvo consistente a través de los diferentes métodos de análisis empleados, lo cual sugiere que el daño provocado por el barrenador tiene implicaciones directas sobre la calidad de la caña cosechada.

El análisis de regresión lineal mostró que la intensidad de infestación explica aproximadamente el 31% de la variación

observada en la proporción de materia extraña asociada al daño por barrenador ($R^2 = 0,309$; $p < 0,001$).

El coeficiente estimado del modelo indica que, en promedio, por cada incremento de una unidad porcentual en la intensidad de infestación se observa un aumento aproximado de 1,13 unidades porcentuales en el porcentaje de materia extraña atribuible a *Diatraea spp.*

Si bien esta relación lineal proporciona una aproximación inicial útil para describir la



tendencia general, la naturaleza proporcional de la variable respuesta, acotada entre 0 y 100%, hace que el empleo de un modelo de regresión beta resulte más adecuado para describir el comportamiento de los datos.

El modelo beta que incorporó el efecto del año de cosecha presentó el mejor ajuste estadístico, con un pseudo coeficiente de determinación de 0,463, lo que indica que aproximadamente el 46 % de la variabilidad observada en el porcentaje de materia extraña puede explicarse por la intensidad de infestación de *Diatraea spp.* y las diferencias entre años de cosecha.

En este modelo, la intensidad de infestación presentó un efecto positivo altamente significativo ($\beta = 0,313$; $p < 0,001$), confirmando

que la infestación en campo constituye un predictor relevante del porcentaje de daño observado en la materia extraña.

Asimismo, el efecto del año resultó significativo ($\beta = -0,793$; $p < 0,001$), lo que sugiere la existencia de diferencias operativas, ambientales o agronómicas entre ciclos productivos que influyen en la generación de materia extraña.

El parámetro de precisión del modelo ($\phi = 45,9$; $p < 0,001$) indica una adecuada consistencia en la relación observada entre las variables analizadas (Figura 1).

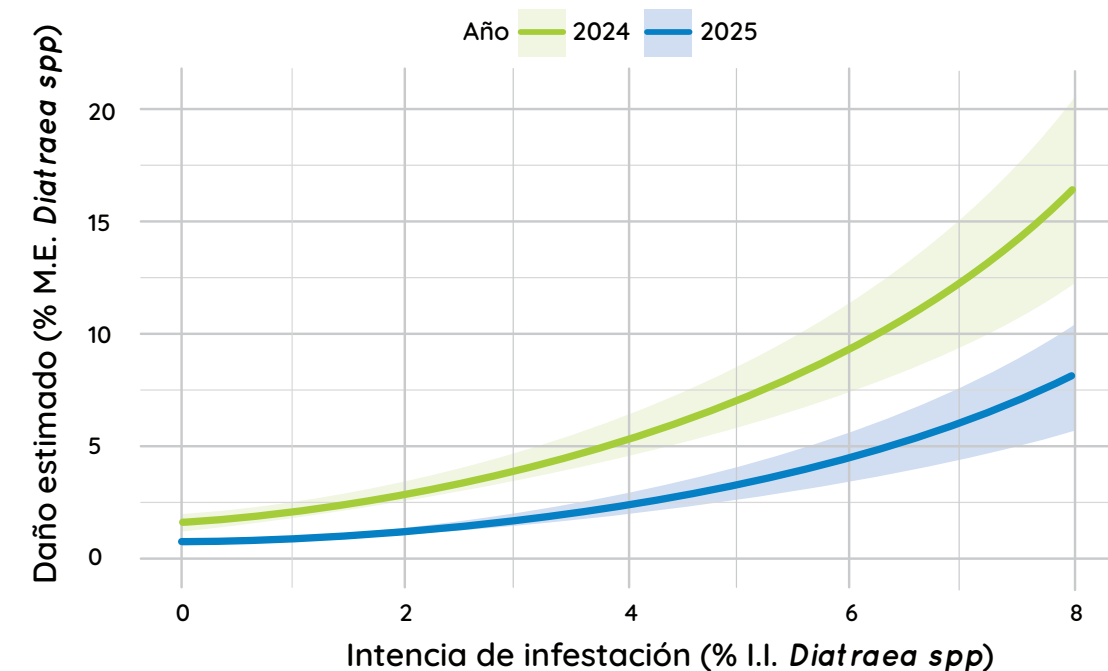


FIGURA 1

Valores predichos del porcentaje de daño en materia extraña asociado a *Diatraea spp.* (% M.E. *Diatraea*) para distintos niveles de intensidad de infestación (% I.I.) según el modelo de regresión beta con efecto del año.

SECCIÓN ARTÍCULOS CIENTÍFICOS

Las predicciones generadas por el modelo beta permiten visualizar el comportamiento práctico de esta relación. En condiciones similares a las observadas durante la cosecha 2024, niveles bajos de infestación cercanos a 1% se asocian con aproximadamente 2% de materia extraña atribuible a la plaga.

A medida que la infestación aumenta, el porcentaje de material deteriorado se incrementa progresivamente, de manera que infestaciones cercanas a 5% pueden generar valores superiores a 7% de materia extraña (Cuadro 1).

Este incremento no ocurre de forma completamente proporcional; mientras que en niveles bajos de infestación el porcentaje de materia extraña suele mantenerse dentro de rangos operativos aceptables, al superarse ciertos niveles de daño el aumento en impurezas se vuelve más pronunciado.

Este comportamiento sugiere la existencia de umbrales agronómicos a partir de los cuales el impacto del barrenador se amplifica durante la cosecha mecanizada.



CUADRO 1.

Predicción del porcentaje de materia extraña atribuible a *Diatraea* spp. en función de la intensidad de infestación en campo durante las cosechas 2024 y 2025, Ingenio Cutris.

I.I. <i>Diatraea</i> (%)	% M.E <i>Diatraea</i> spp. predicho 2024			% M.E <i>Diatraea</i> spp. predicho 2025		
	PROMEDIO	MÍNIMO	MÁXIMO	PROMEDIO	MÍNIMO	MÁXIMO
1	2,14	1,79	2,55	0,98	0,84	1,14
2	2,91	2,50	3,38	1,34	1,17	1,53
3	3,95	3,43	4,55	1,72	1,50	1,95
4	5,30	4,56	6,15	2,14	1,85	2,44
5	7,13	5,99	8,46	2,64	2,26	3,07

Desde el punto de vista biológico, la relación observada puede explicarse por el deterioro fisiológico y estructural que las larvas de *Diatraea* spp. provocan en los tallos de caña de azúcar.

Las galerías internas generadas durante la alimentación larval debilitan el tejido vegetal, interrumpen la integridad estructural del tallo y favorecen procesos de deshidratación y degradación del tejido vegetal (Figura 2). Además, estas perforaciones facilitan la colonización por microorganismos que aceleran el deterioro del tejido interno, dando origen a fragmentos de caña seca o podrida.

Este tipo de material es posteriormente identificado durante la clasificación de las muestras de materia extraña, donde el daño atribuible a *Diatraea* spp. se registra principalmente dentro de esta categoría.

El debilitamiento estructural del tallo tiene además implicaciones importantes durante la cosecha mecanizada. Las operaciones de corte basal, troceado, limpieza y transporte dentro de la cosechadora someten a la caña a fuerzas mecánicas considerables. Los tallos que han sido debilitados por las galerías del barrenador presentan una menor resistencia estructural y, por lo tanto, tienden a fracturarse con mayor facilidad que los tallos sanos.

Esta fragmentación genera una mayor proporción de fibras sueltas, astillas y fragmentos de tallo que, al no ser completamente eliminados por los sistemas de limpieza de la cosechadora, terminan incorporados a la carga de caña enviada al ingenio. En consecuencia, parte del material deteriorado por la plaga pasa a formar parte de la fracción de materia extraña cuantificada durante el muestreo.



FIGURA 2

Daño ocasionado por *Diatraea* spp. en muestras de materia extraña provenientes de cosecha mecanizada, Ingenio Cutris, 2025.



Desde una perspectiva agronómica e industrial, estos resultados sugieren que la presencia de *Diatraea spp.* no solo representa un problema asociado a la pérdida de rendimiento agrícola por reducción de biomasa y sacarosa, sino que también afecta la calidad física de la caña cosechada.

En sistemas de cosecha mecanizada, la integridad estructural del tallo es un factor determinante para garantizar una adecuada eficiencia de los sistemas de limpieza.

El incremento de materia extraña en la caña procesada puede reducir la eficiencia de molienda, aumentar el desgaste de equipos, incrementar los requerimientos de limpieza y disminuir la recuperación de sacarosa durante el proceso industrial.

A estas implicaciones técnicas se suman consecuencias económicas relevantes. La materia extraña generada como resultado del daño de *Diatraea spp.* corresponde a material vegetal deteriorado, con bajo o nulo contenido de sacarosa, que debe ser cosechado, transportado y procesado junto con la caña sana.

Esto implica que una fracción de la capacidad de cosecha, transporte y molienda se destina a movilizar material que no contribuye a la

producción de azúcar, reduciendo la eficiencia operativa del sistema y aumentando los costos unitarios.

Por ejemplo, un nivel de 10% de materia extraña atribuible a *Diatraea spp.* implica que por cada tonelada de material cosechado y transportado al ingenio aproximadamente 100 kg corresponden a residuos de baja calidad que no aportan valor al proceso productivo. Este material ocupa espacio en los medios de transporte, consume combustible y utiliza capacidad de molienda sin generar el retorno esperado en azúcar.

Adicionalmente, la presencia de caña deteriorada puede afectar la densidad de carga, requiriendo un mayor número de viajes para transportar la misma cantidad de caña útil, lo que incrementa los costos logísticos y la huella de carbono asociada al transporte.

En sistemas donde el pago al productor considera parámetros de calidad de la caña, niveles elevados de materia extraña pueden traducirse además en penalizaciones económicas directas.

En este contexto, mantener el porcentaje de materia extraña por debajo de límites operativos constituye un factor clave para garantizar estabilidad en la operación industrial y

rentabilidad del sistema productivo. La integración de información fitosanitaria proveniente del monitoreo de *Diatraea spp.* con indicadores de calidad de cosecha permite anticipar escenarios de riesgo y priorizar intervenciones en aquellos lotes donde la infestación pueda comprometer la calidad de la materia prima.

En conjunto, los resultados obtenidos refuerzan la importancia de implementar estrategias efectivas de manejo integrado de *Diatraea spp.* incluyendo monitoreo sistemático, liberaciones de enemigos naturales y otras prácticas de manejo que permitan mantener las poblaciones de la plaga por debajo de niveles económicamente dañinos.

El manejo oportuno del barrenador no solo contribuye a proteger la productividad del cultivo, sino también a mejorar la eficiencia global del sistema agroindustrial al reducir la generación de materia extraña durante la cosecha mecanizada y sus efectos sobre la calidad de la materia prima, los costos operativos y la eficiencia del proceso industrial.

CONCLUSIONES

Se confirmó una relación positiva y altamente significativa entre la intensidad de infestación de *Diatraea spp.* en campo y el porcentaje de materia extraña atribuible al daño de esta plaga durante la cosecha mecanizada en el Ingenio Cutris. Esta relación se mantuvo consistente a través de los diferentes métodos de análisis empleados, validando el objetivo principal del estudio.

El modelo de regresión beta que incorporó el efecto del año de cosecha presentó el mejor ajuste estadístico, explicando aproximadamente el 46% de la variabilidad observada en el porcentaje de materia extraña.





La intensidad de infestación mostró un efecto positivo significativo, mientras que el año de cosecha también resultó significativo, evidenciando diferencias operativas, ambientales o agronómicas entre las zafras 2024 y 2025 que influyen en la generación de impurezas.

Las predicciones del modelo indican que incrementos en la infestación se asocian con aumentos progresivos en la proporción de material deteriorado durante la cosecha. Para la cosecha 2024, infestaciones cercanas a 1% se asociaron con aproximadamente 2% de materia extraña atribuible a la plaga, mientras que infestaciones de 5% generaron valores superiores a 7% de materia extraña, demostrando que el impacto del barrenador se amplifica al superarse ciertos umbrales de daño.

El deterioro fisiológico y estructural provocado por las larvas de *Diatraea spp.* debilita los tallos de caña, favoreciendo su fractura durante las operaciones de cosecha mecanizada y generando fragmentos, astillas y tejido seco o podrido que se incorporan como materia extraña. Este material deteriorado reduce la calidad de la materia prima y afecta negativamente la eficiencia industrial. Los resultados obtenidos indican que el daño por *Diatraea spp.* no solo implica pérdidas en

rendimiento agrícola por reducción de biomasa y sacarosa, sino que también impacta la calidad física de la caña cosechada, incrementando los costos operativos de cosecha, transporte y molienda, y reduciendo la eficiencia del proceso industrial.

Se confirma la importancia de fortalecer las estrategias de manejo integrado de *Diatraea spp.*, incluyendo monitoreo sistemático y liberaciones de enemigos naturales, como componente clave para mantener las poblaciones de la plaga por debajo de niveles económicamente dañinos, mejorar la calidad de la caña cosechada y optimizar la eficiencia global del sistema agroindustrial.



LITERATURA CITADA

- Badilla, F; Gómez, JV. 2003. Pérdidas de azúcar causadas por *Diatraea spp.* en Nueva Concepción, Guatemala. Manejo Integrado de Plagas y Agroecología 67: 18-22.
- Barrantes Mora, JC.; Navarro Acuña, O.; Alpízar Oviedo, E.; Venegas Valderramos, R. 2020. Determinación de la materia extraña en entregas comerciales de caña de azúcar en el Ingenio El General, Pérez Zeledón, Costa Rica. Período 2016-2019. Entre Cañeros 14: 31-51.
- Condega, A. 2002. Evaluación de barrenadores de brotes y tallos de caña de azúcar: *Elasmopalpus lignosellus* y *Diatraea saccharalis*. Tesis Lic. Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano, Honduras. 33 p.
- García Lozano, J. 2003. Manejo integrado del complejo de barrenadores de la caña panelera en el piedemonte del Caquetá. Florencia, Caquetá, Colombia, CORPOICA. 20 p.
- Mendoza, J; Gualle, D; Ayora, A; Martínez, I. 2007. Estimación de pérdidas causadas por roedores e insectos en caña rezagada. In Congreso Ecuatoriano de la Ciencia del Suelo (11, 2007, Quito, Ecuador). Memoria. Quito, Ecuador. 6 p.
- Oviedo, M; Chaves, M. 2003. Determinación de la cantidad y calidad de la materia extraña presente en las entregas comerciales de caña de azúcar. In Congreso de ATACORI (15, 2003, Carrillo, Costa Rica). Memoria. San José, Costa Rica, ATACORI. p. 183-189.
- Quesada Bolaños, VE. 2007. Parasitoidismo natural en huevos de *Diatraea spp.* por *Trichogramma sp.* y *Telenomus sp.*, en dos zonas cañeras de Costa Rica. Tesis Lic. San Carlos, Costa Rica, Instituto Tecnológico de Costa Rica. 73 p.
- Rossato Jr, JAS; Madaleno, LL; Mutton, MJR; Higley, LG; Fernandes, OA. 2019. Photosynthesis, yield and raw material quality of sugarcane injured by multiple pests. PeerJ 7:e6166.
- Vargas O., GA; Gómez, LA. 2005. Evaluación del daño causado por *Diatraea spp.* en caña de azúcar y su manejo en el valle del río Cauca. Cali, Colombia, CENICAÑA. 8 p.
- Vejar Cota, G. s.f. Manual técnico para el manejo de barrenadores del tallo en caña de azúcar. s.l., FMC. 36 p.





PRIMER REPORTE DE *Myrmecomorba nylanderiae* EN INDIVIDUOS DE HORMIGA LOCA (*Nylanderia fulva*) PRESENTES EN COSTA RICA.

Ana María Conejo Barboza¹, Rafael Conejo Ugalde², Kevin Núñez Chacón², Alejandro Rodríguez Morales³

RESUMEN

Myrmecomorba nylanderiae Jouvenaz & Ellis, 1986 es un microsporidio unicelular, eucariota relacionado al Reino Fungi. El primer reporte de este microorganismo como patógeno intracelular especializado en infectar la hormiga loca *Nylanderia fulva* (Mayr, 1862) sucedió en el estado de Texas, Estados Unidos de América.

En el año 2016 se reportó la presencia de *N. fulva* en el cultivo de caña de azúcar en el cantón de Grecia, provincia de Alajuela, Costa Rica. La presente investigación tuvo como objetivo determinar la presencia del microsporidio *M. nylanderiae* asociado a individuos de *N. fulva* presentes en Costa Rica.

Para este estudio se recolectaron muestras de hormiga loca en las principales zonas productoras de caña de azúcar del país, así como en zonas residenciales e industriales en donde se confirmó su presencia. A partir de las muestras se aisló el material genético y se utilizó la prueba PCR (polymerase chain reaction) convencional con cebadores específicos para amplificar una región del 16S de *M. nylanderiae*.

Las secuencias nucleotídicas (método Sanger) obtenidas de las ampliaciones, se procesaron mediante BLASTn y búsqueda en bases de datos NCBI (National Center for Biotechnology Information). Además, se utilizó microscopía de luz para visualizar la estructura del microsporidio y confirmar la presencia de esporas.



¹ Unidad Biotecnológica, Biología Molecular, Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA), Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar (LAICA). Correo-e: aconejo@laica.co.cr

² Programa Fitosanidad, Manejo Integrado de Plagas, Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA), Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar (LAICA). Correo-e: rconejo@laica.co.cr

³ Gerente de Investigación y Extensión Agrícola, Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA), Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar (LAICA). Correo-e: arodriguez@laica.co.cr



La presencia del microsporidio en *N. fulva* se confirmó con PCR convencional, secuenciación de Sanger y microscopía de luz. Para los análisis de las secuencias se obtuvo un 99.6% de similitud con *M. nylanderia* en la base de datos NCBI.

INTRODUCCIÓN

La hormiga loca (*Nylanderia fulva*) es un insecto de tamaño pequeño, de color marrón oscuro (Figura 1), perteneciente al Orden Hymenoptera y la Familia Formicidae. Originaria de Sudamérica, esta especie se encuentra nativamente en el sur de Brasil y el norte de Argentina (Creighton 1950; Fernández 2000; Kumar *et al.* 2015). Su nombre común se debe al comportamiento errático de las obreras, quienes han perdido la capacidad de dejar huellas de forrajeo. Esta especie es considerada una plaga

invasora que puede colonizar extensas áreas de producción agropecuaria, ecosistemas naturales y viviendas, con impactos significativos en diversos entornos (ICA 2020). De comportamiento omnívoro, *N. fulva* se alimenta de fuentes azucaradas como la miel de rocío producida por insectos chupadores del orden Hemiptera, nectarios de plantas y frutas sobremaduras.

También consume proteínas provenientes de artrópodos de los Órdenes Lepidoptera, Coleoptera, Isoptera e Hymenoptera, así como de las mucosas de vertebrados. Sus colonias, compuestas por millones de individuos y múltiples reinas, pueden construir nidos transitorios en casi cualquier tipo de ambiente (ICA 2020; SFE 2018). Aunque no se han documentado plantas hospedantes específicas en la literatura, *N. fulva* mantiene relaciones



FIGURA 1

Vista frontal de hormiga loca obrera (*Nylanderia fulva*).

mutualistas con hemípteros en cultivos como frutales, caña de azúcar, café, plátano, yuca, cacao, pastos y banano (Zenner-Polanía 1990; Zenner y Ruiz 1985).

Su introducción a Colombia en 1970 fue deliberada, con el objetivo de utilizarla como control biológico de serpientes y zompopas. Posteriormente, se dispersó a través del uso de gallinaza como fertilizante y el transporte de suelo (Zenner-Polanía 1990).

En Costa Rica, *N. fulva* fue reportada por primera vez en 2016 en plantaciones comerciales de caña de azúcar en el cantón de Grecia, Costa Rica (LAICA 2020).

Su identificación formal como especie ocurrió en 2017 (LAICA 2020). Aunque se especula que su llegada al país pudo deberse al ingreso de maquinaria y equipos contaminados provenientes del Sur de los Estados Unidos de América, posiblemente del estado de Texas, esta hipótesis no ha sido confirmada.

Desde el punto de vista fitosanitario, uno de los principales problemas asociados a *N. fulva* es su relación mutualista con insectos chupadores como áfidos, cochinillas y escamas del tallo.

En esta interacción, las hormigas brindan protección a estos insectos a cambio del alimento en forma de ligamaza que ellos producen. Las variedades de caña RB 86-7515, LAICA 12-340, LAICA 07-20, LAICA 07-26, MEX 79-431 y CP 72-2086 han mostrado mayores niveles de infestación por áfidos en las zonas de influencia de la hormiga en el país (Conejo Ugalde 2023).

Esto se asocia con una sintomatología severa en el follaje, caracterizada por amarillamiento de las hojas, recubrimiento negro tipo hollín por el desarrollo de fumaginas, reducción de la actividad fotosintética y debilitamiento general de la planta (Figura 2), frecuentemente

vinculados con la presencia del áfido *Melanaphis sacchari* (LAICA 2020).

Los hongos responsables de la fumagina pertenecen a los géneros *Capnodium* spp. o *Meliola* spp. Estos organismos forman una capa de hollín o tizne sobre las hojas, lo que impide la respiración y la fotosíntesis, generando una coloración amarilla en el follaje. Como consecuencia, se produce defoliación, adelgazamiento de los tallos, debilitamiento general, un crecimiento limitado de las plantas y una reducción en su tamaño (Echeverri 2013).

Estudios realizados en el cantón de Grecia, han demostrado que niveles moderados de infestación por áfidos pueden provocar hasta un 20% de reducción en el tonelaje por hectárea, resaltando los daños económicos que esta plaga puede ocasionar en la producción de caña de azúcar (Salazar Blanco 2022).



FIGURA 2

Colonias de áfidos (*Melanaphis sacchari*) asociadas a *N. fulva* en caña de azúcar. Fotografía: K. Núñez-Chacón.



MATERIALES Y MÉTODOS

El material genético de los individuos de *N. fulva* colectados en las diferentes zonas fue obtenido implementando el protocolo DIECA-LBM-PRT-001. La PCR convencional se realizó con imprimadores especie-específicos para *M. nylanderiae* V1/NR614 (Cuadro 1), además de forma paralela se amplificó como control interno los marcadores especie-específicos para *N. fulva* EFA3F/R (Plowes *et al.* 2015).

El volumen final de la mezcla para PCR es de 10 L, la cual contiene: 3ul de agua libre de RNAsas, 5 ul de Dream Taq PCR Master Mix (2x) (Fermentas, St. Leon-Rot, Germany), 1 uM de cada uno de los marcadores y 1 L de ADN (100ng/ul).

El perfil térmico se corrió en un termociclador MiniAmp (Applied Biosystems) a 95°C 15min, seguido de 35 ciclos a 94°C 30 seg, 55°C 90 seg, 72°C 90 seg y una extensión final a 72°C 10 min. Los productos de PCR fueron evaluados mediante electroforesis (agarosa 1 % y tinción con GelRed).

Las amplificaciones obtenidas de 614pb se enviaron a secuenciar a la empresa MacroGen Inc y se analizaron mediante la herramienta de búsqueda de similaridad BLAST en la base de datos del NCBI.

Las muestras que resultaron positivas se confirmaron mediante microscopía de luz siguiendo la metodología del Departamento de Biología Integrada de la Universidad de Texas, a excepción de la tinción.

CUADRO 1.

Marcadores utilizados para la detección molecular de *M. nylanderiae* y *N. fulva*.

GEN	INICIADOR	SECUENCIA	LONGITUD (pb)
Factor de elongación	EFA3F	GACAATATGCTCGAGCCGTC	400
	EFA3R	CGAACCTTTGAAGACGGTGAA	
ARN ribosomal 16S	V1	CACCAGGTTGATTCTGCCTGAC	614
	NR614	CCATGCTAGACCAGCCATT	

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se procesaron un total de 33 muestras, provenientes de las provincias de Alajuela (Alajuela, Grecia, Sarchí, Naranjo y San Ramón), San José (Pérez Zeledón) y Guanacaste (Cañas), de las cuales, 22 resultaron positivas a *M. nylanderiae*, lo que representa un 66,7% del total de muestras colectadas (Cuadro 2); la mayoría correspondiente a puntos ubicados en el Valle Central de Costa Rica. Las secuencias obtenidas de las muestras positivas fueron similares en un 99,6% con las secuencias de *M. nylanderiae* depositadas en la base de datos del NCBI.



CUADRO 2.

Localidades de detección de *M. nylanderiae* en Costa Rica.

PROVINCIA/CANTÓN/DISTRITO	LATITUD	LONGITUD	ALTITUD	# MUESTRAS
Alajuela, Sarchí, Rodriguez	10.0907931	-84.3541543	964 m.s.n.m	2
Alajuela, Grecia, Tacaes	10.0092310	-84.3110046	723 m.s.n.m	1
Alajuela, Grecia, San José	10.0801849	-84.2855217	1031 m.s.n.m	3
Alajuela, Grecia, San Isidro	10.1012000	-84.2907015	1118 m.s.n.m	2
Alajuela, Grecia, San Isidro	10.0813934	-84.2953130	1053 m.s.n.m	2
Alajuela, Grecia, Puente de Piedra	10.0293415	-84.3532847	739 m.s.n.m	1
Alajuela, Naranjo, Rosario	10.0609941	-84.3617610	875 m.s.n.m	2
Alajuela, Alajuela, Garita	9.9977137	-84.2802544	793 m.s.n.m	1
Alajuela, San Ramón, San Juan	10.0965299	-84.4644148	1058 m.s.n.m	1
Guanacaste, Cañas, Porozal	10.3230734	-85.1514292	14 m.s.n.m	5
San José, Pérez Zeledón, Daniel Flores	9.33391972	-83.6703320	638 m.s.n.m	2



En el conjunto de muestras analizadas, se evaluó la presencia de *M. nylanderiae* en hormigas de diferentes estadios (obreras, pupas, larvas y machos alados). Los resultados positivos se detectaron exclusivamente en obreras y machos alados. La distribución espacial de las muestras positivas se muestra en la Figura 3.

El tamaño de muestra se consideró adecuado para los objetivos del estudio, ya que permitió evaluar la presencia o ausencia del microsporidio en diferentes regiones donde se ha reportado la presencia de la hormiga loca.

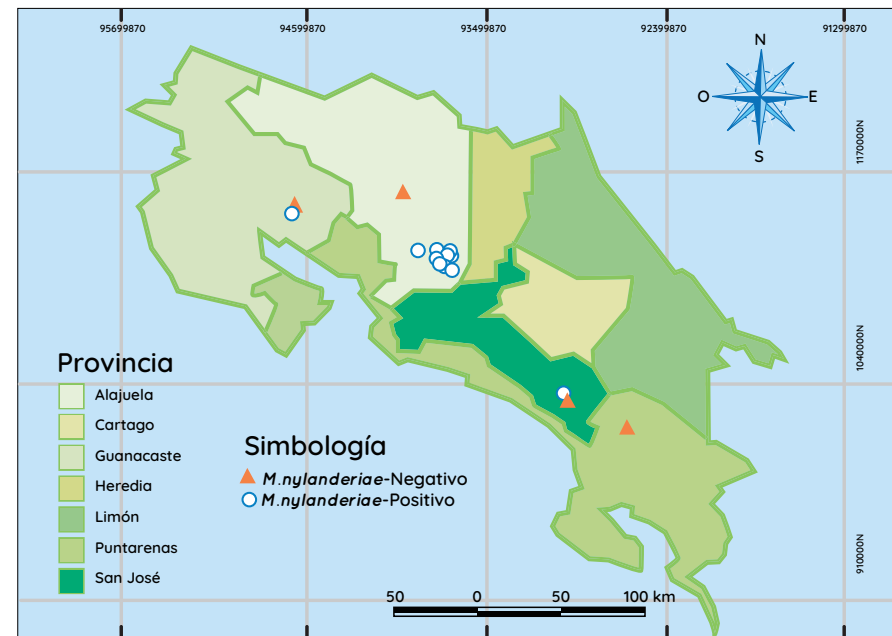


FIGURA 3

Distribución de *M. nylanderiae* en Costa Rica. Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA), Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar (LAICA), 2024. Mapa: R. Conejo-Ugalde.

La Figura 4 muestra las esporas del microsporidio *M. nylanderiae* asociadas a *N. fulva*, observadas mediante microscopía de luz. En las microfotografías se aprecian esporas provenientes de especímenes recolectados en Texas, EE. UU. (A y B), y de individuos de Grecia, Costa Rica (C y D), las cuales presentan morfología consistente con la descrita para microsporidios asociados a formícidos, confirmando la presencia del patógeno en ambas poblaciones.

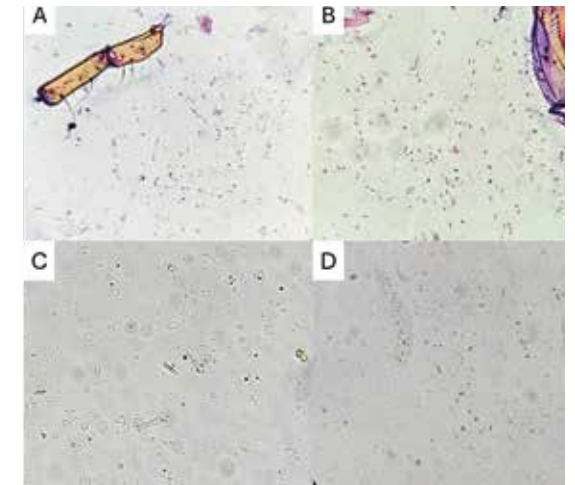


FIGURA 4

Esporas del microsporidio *Myrmecomorba nylanderiae* asociadas a *Nylanderia fulva*, observadas mediante microscopía de luz. (A, B) Esporas de especímenes provenientes de Texas, EE. UU.; (C, D) esporas de individuos de Grecia, Costa Rica. Fotografías: K. Núñez-Chacón.

Los resultados indican una marcada distribución de los puntos positivos en el Valle Central de Costa Rica, donde todas las muestras procesadas fueron positivas para *M. nylanderiae*. Este patrón es consistente con la hipótesis de que el Valle Central fue el punto inicial de introducción de *Nylanderia fulva* en el país, documentada por primera vez en 2016.

La propagación del microsporidio parece estar ligada a la dispersión inicial de *N. fulva* en esta región. Específicamente, se plantea que el microsporidio pudo haber ingresado al país junto con las primeras colonias de hormiga loca presuntamente provenientes de Texas, ya infectadas. Esto explicaría su rápida diseminación en las colonias de *N. fulva* durante los años posteriores.

Un caso destacado es el cantón de Grecia, donde la invasión de *N. fulva* causó pérdidas significativas en cultivos y afectó áreas residenciales. Actualmente, en esa región se observa una notable reducción en las poblaciones de esta hormiga, lo que podría estar relacionado con la acción del microsporidio como regulador biológico.

Esta observación es consistente con estudios previos sobre la capacidad de los microsporidios para impactar negativamente en la viabilidad de las colonias huésped.

En contraste, en zonas como Pérez Zeledón y Cañas, donde la colonización de *N. fulva* es más reciente, el patrón de infección por *M.*

nylanderiae es menos homogéneo. Aunque se detectaron puntos positivos, la mayoría de las muestras procesadas en estas áreas fueron negativas.

Esto sugiere que la diseminación del microsporidio puede estar en etapas iniciales en estas regiones, probablemente debido a una menor densidad de colonias infectadas o a diferencias en factores ambientales que limitan su propagación.

Por último, la detección de *Myrmecomorba nylanderiae* en machos alados representa un hallazgo significativo, ya que estudios previos han señalado que la transmisión del microsporidio ocurre principalmente a nivel intracolonia, asociada a interacciones entre obreras y otros estadios durante el cuidado de la colonia (LeBrun *et al.* 2017, 2018).



Dado que los machos alados desempeñan un papel clave en la dispersión y establecimiento de nuevas colonias, su infección sugiere que la dinámica de transmisión de *M. nylanderiae* podría no limitarse únicamente al contacto directo entre obreras, sino que también incluir eventos de vuelo nupcial y colonización, ampliando el entendimiento de los mecanismos de dispersión del patógeno.

En general, estos resultados refuerzan la importancia del tiempo de establecimiento de *N. fulva* y su interacción con *M. nylanderiae* para comprender la dinámica de diseminación del microsporidio.

Además, señalan la necesidad de continuar monitoreando la presencia de este parásito en nuevas áreas afectadas por *N. fulva*, lo que permitirá evaluar su potencial como agente de control biológico.

AGRADECIMIENTOS

Al Sr. Víctor González, Especialista Agrícola de la Oficina de Asuntos Agrícolas de la Embajada de los Estados Unidos en Costa Rica, por su valioso apoyo en el financiamiento y la gestión de la infraestructura que permitió el desarrollo de este estudio.

Asimismo, se expresa un especial agradecimiento al Dr. Edward LeBrun, de la Universidad de Texas en Austin, por su acompañamiento técnico y científico, así como por su aporte en el desarrollo y validación de las metodologías empleadas en la presente investigación.

LITERATURA CITADA

- Creighton, WS. 1950. The ants of North America. Bulletin of the Museum of Comparative Zoology 104:1-585.
- Conejo Ugalde, R. 2023. Situación actual de la hormiga loca (*Nylanderia fulva*) en el sector cañero de Costa Rica. Boletín Agroclimático Caña de Azúcar 5(16):6-11.

- Echeverri, C. 2013. Evaluación de dos cebos tóxicos para el control de *Nylanderia fulva* (Formicidae) en cultivos de café (Pitalito, Huila). Fitosanidad 17(1):11-17.
- Fernández, CF. 2000. Notas taxonómicas sobre la “hormiga loca” (Hymenoptera: Formicidae: *Paratrechina fulva*) en Colombia. Revista Colombiana de Entomología 26(3-4):145-149.
- ICA (Instituto Colombiano Agropecuario, Colombia). 2020. ABC del manejo integrado de la hormiga loca en la producción agrícola. Bogotá, Colombia. 7 p.
- Kumar, S; LeBrun, EG; Stohlgren, TJ; Stabach, JA; McDonald, DL; Oi, DH; LaPolla, JS. 2015. Evidence of niche shift and global invasion potential of the tawny crazy ant, *Nylanderia fulva*. Ecology and Evolution 5(20):4628-4641.
- LAICA (Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar, Costa Rica). 2020. Acciones realizadas en el sector azucarero para el manejo y combate de la hormiga loca *Nylanderia fulva* (Hymenoptera: Formicidae) y propuesta de un plan de investigación interinstitucional para su manejo y combate. San José, Costa Rica, LAICA. 22 p.
- LeBrun, EG; Ottens, AK; Gilbert, LE. 2018. The microsporidian pathogen *Myrmecomorba nylanderiae*: intracolony transmission and impact upon tawny crazy ant (*Nylanderia fulva*) colonies. Journal of Applied Entomology 142:114-124.
- LeBrun, EG; Smith, CD; Wolf, CA. 2017. Final performance report: mitigating impact of tawny crazy ant populations on endangered karst invertebrates: quantifying harm and designing environmentally safe control methods. Austin, Texas, USA, Texas Parks and Wildlife Department. Endangered Species Program. Grant TX E-172-R.
- Plowes, RM; Becnel, JJ; LeBrun, EG; Oi, DH; Valles, SM; Jones, NT; Gilbert, LE. 2015. *Myrmecomorba nylanderiae* gen. et sp. nov., a microsporidian parasite of the tawny crazy ant *Nylanderia fulva*. Journal of Invertebrate Pathology 129:45-48.
- Salazar Blanco, JD. 2022. Áfidos en el cultivo de la caña de azúcar. Boletín Agroclimático para Caña de Azúcar 4(21):5-13.
- SFE (Servicio Fitosanitario del Estado, Costa Rica). 2018. Ficha técnica para ARP 017-2018: *Nylanderia fulva* (Mayr). San José, Costa Rica, Ministerio de Agricultura y Ganadería, Servicio Fitosanitario del Estado. 13 p.
- Zenner, I; Ruiz, N. 1985. Hábitos alimenticios y relaciones simbióticas de la hormiga loca *Nylanderia fulva* con otros artrópodos. Revista Colombiana de Entomología 11(1):3-10.
- Zenner-Polanía, I. 1990. Biological aspects of the “hormiga loca”, *Paratrechina (Nylanderia) fulva* (Mayr), in Colombia. In Meer, RKV van der; Jaffe, K; Cedeño, A (eds.). Applied Myrmecology: A World Perspective. Boulder, Colorado, EE. UU., Westview Press. p. 290-297.



EVALUACIÓN MULTIAMBIENTAL DE FAMILIAS DE CAÑA DE AZÚCAR (*Saccharum spp.*) MEDIANTE MODELOS MIXTOS Y VALORES BLUP

Eduardo Vargas Miranda¹, Pablo Carvajal Quesada¹, Ricardo Vega Alfaro¹, Julio Barrantes Mora², Randall Ocampo Chinchilla³, Gerardo Fonseca Brenes⁴, Allan Ruíz Solano⁵

RESUMEN

En el mejoramiento genético de caña de azúcar es fundamental contar con herramientas que permitan identificar familias superiores en capacidad productiva y calidad industrial, reduciendo los sesgos asociados a variación ambiental y muestreo.

En este contexto, el uso de modelos mixtos y del método BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) permite estimar con mayor precisión el mérito genético de los materiales evaluados.

El objetivo de este estudio fue evaluar el desempeño productivo en toneladas de caña por hectárea estimada (TCH biométrico) y de calidad por medio de sólidos solubles (BRIX) de 21 familias de caña de azúcar mediante modelos mixtos y estimación de BLUP, integrando ambos caracteres en un índice de selección.

Las familias fueron evaluadas en cuatro ambientes cañeros distintos, considerando variaciones en número de plantas por parcela según disponibilidad al establecimiento.

Se observó variabilidad en el desempeño productivo entre regiones, y el ajuste mediante BLUP permitió corregir efectos ambientales y de edad del cultivo. Un total de 10 cruces (47,6%) presentaron valores de TCH ajustada superiores

a la media observada del TCH biométrico (87.87 t ha⁻¹) del conjunto de familias evaluadas.

Además, seis cruces (28,57%) mostraron valores BLUP positivos simultáneamente para TCH biométrico y BRIX. La integración de ambas variables mediante un índice basado en valores estandarizados permitió identificar siete cruces (33,3%) con desempeño superior y balanceado. Entre ellos se destacan los cruces 32-23, 101-23, 104-23, 66-23, 44-23, 37-23 y 87-23



¹ Programa de Variedades, Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA), Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar (LAICA). Correo - e: jvargasm@laica.co.cr

² Coordinador Región Sur Pérez Zeledón, Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA), Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar (LAICA). Correo - e: jbarrantes@laica.co.cr

³ Coordinador Región Valle Central, Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA), Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar (LAICA). Correo - e: rocampo@laica.co.cr

⁴ Coordinador Región Turrialba-Jiménez, Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA), Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar (LAICA). Correo - e: gfonseca@laica.co.cr

⁵ Coordinador Región Norte San Carlos-Los Chiles, Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA), Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar (LAICA). Correo - e: aruiz@laica.co.cr



INTRODUCCIÓN

El mejoramiento genético ha cobrado gran relevancia a nivel mundial al abrir la posibilidad de obtener cultivos más resilientes, capaces de adaptarse a condiciones ambientales variables (Bernardo 2020). Esta adaptación implica a su vez la incorporación de diversas características deseables que permitan aumentar la productividad de los sistemas agrícolas y mejorar la competitividad en los mercados internacionales.

En caña de azúcar, este proceso adquiere especial importancia debido a que se trata de un cultivo perenne que se cosecha generalmente en ciclos de aproximadamente 12 meses y, en algunos casos particulares, hasta los 24 meses.

Esta condición genera ciclos de investigación prolongados, que pueden extenderse entre 10 y 12 años antes de obtener una variedad con características agronómicas e industriales adecuadas para su validación en condiciones comerciales (Jackson 2005).

Durante la primera etapa de selección en campo, conocida como vivero primario, se evalúan cientos o incluso miles de plantas provenientes de cada cruzamiento. En esta fase resulta necesario aplicar metodologías que permitan

estimar adecuadamente la contribución genética de cada cruzamiento o familia. De esta manera, es posible orientar el proceso de hibridación hacia aquellos progenitores y combinaciones que presenten mayor potencial productivo (Bernardo 2020; Cursi *et al.*2020).

Sin embargo, la evaluación en etapas tempranas suele verse influenciada por múltiples factores. Entre los principales se encuentran el ambiente o lugar donde se establece la fase de selección, la época en que se realiza la evaluación y el desbalance experimental en el número de individuos evaluados por cruzamiento. En estas condiciones, el uso de medias simples de campo puede resultar engañoso y dificultar comparaciones justas entre familias (Piepho *et al.* 2008).

En este contexto, los modelos mixtos y el método BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) se han convertido en herramientas ampliamente utilizadas en programas de mejoramiento genético.

Estas metodologías permiten estimar con mayor precisión los efectos genéticos al separar los componentes de varianza asociados a los efectos genéticos, ambientales y residuales, facilitando la

identificación del mérito genético real de los materiales evaluados (Piepho *et al.* 2008, Chen *et al.* 2024).

El Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA), adscrito a la Liga Agrícola Industrial de la Caña de Azúcar (LAICA), desempeña un papel fundamental en el desarrollo de nuevas variedades adaptadas a las distintas condiciones de producción del país.

Este programa busca generar tecnologías varietales que contribuyan a mejorar la productividad del cultivo y que sean accesibles para los productores (Rodríguez Morales 2025).

En este sentido, resulta necesario contar con herramientas analíticas que permitan identificar de manera eficiente familias promisorias adaptadas a diferentes regiones productoras.

Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue evaluar el desempeño productivo (TCH biométrico) y de calidad (BRIX) de familias de caña de azúcar mediante modelos mixtos y estimación de BLUP, integrando ambos caracteres en un índice de selección para identificar las combinaciones parentales más promisorias en etapas tempranas del programa de mejoramiento.

MATERIALES Y MÉTODOS

Las familias evaluadas provinieron de cruzamientos controlados realizados en la estación experimental del Departamento de Investigación y Extensión de la Caña de Azúcar (DIECA) durante el año 2023. Cada familia correspondió a la combinación hembra x macho, utilizando la semilla generada por la variedad seleccionada como progenitor femenino.

El material evaluado consistió en plántulas correspondientes a la primera fase de selección del programa de mejoramiento, conocida como vivero primario. En total se evaluaron 21 familias

(población segregante), con un número variable de plántulas por ambiente. Todas las familias fueron llevadas a campo durante el año 2024. Las evaluaciones se realizaron entre los 6 y 7 meses de edad en primera soca.

La siembra se estableció en parcelas por familia de cuatro surcos, con longitud variable. El número de observaciones por cruce se indica como *n* en los cuadros de resultados y corresponde a la cantidad de registros disponibles para cada familia dentro del conjunto de evaluaciones realizadas en los diferentes ambientes.

Este número puede variar entre cruces debido a diferencias en el número de plantas evaluables y en la disponibilidad de datos en cada sitio de evaluación.



SECCIÓN ARTÍCULOS CIENTÍFICOS

Las evaluaciones se realizaron en diferentes condiciones agroecológicas correspondientes a cuatro regiones cañeras del país: distrito San Isidro, cantón Grecia; distrito Los Chiles, cantón Los Chiles; distrito La Fortuna, cantón Pérez Zeledón; y distrito La Suiza, cantón Turrialba.

Las variables evaluadas fueron el contenido de sólidos solubles (BRIX), medido mediante refractometría, y el rendimiento estimado como TCH biométrico (toneladas de caña por hectárea), obtenido a partir de mediciones físicas en campo que incluyeron número de tallos por metro, diámetro de tallo, altura al punto de quiebre y presencia de corcho o hueco.

Las mediciones se realizaron en tres puntos de muestreo de tres metros lineales por familia, seleccionados al azar dentro de cada parcela. En algunos casos el número de puntos de muestreo se ajustó según la disponibilidad de plantas evaluables en cada ambiente.

Para estimar el mérito genético de las familias evaluadas se utilizó un modelo lineal mixto, el cual permite separar los efectos genéticos de las fuentes de variación ambiental presentes en los datos de campo.

La estructura general del modelo se definió como:

$$y = X\beta + Zu + e$$

Donde:

y = al vector de observaciones

X y Z : matrices de incidencia para los efectos fijos y aleatorios, respectivamente

β : vector de efectos fijos

u : vector de efectos aleatorios

e : error residual.

En el modelo, el cruce (familia completa) se consideró como efecto aleatorio, mientras que la región de evaluación y la edad del cultivo (meses) se incluyeron como efectos fijos.

A partir del modelo mixto se estimaron los valores genéticos de las familias mediante BLUP. Con base en estas estimaciones se calcularon los valores predichos de cada variable, denominados TCH ajustada y BRIX ajustado, los cuales corresponden a los valores estimados por el modelo al integrar el intercepto general y los efectos definidos en el modelo estadístico. Estos valores permitieron comparar el desempeño relativo de los cruces minimizando la influencia de las variaciones ambientales presentes en los datos de campo.

Los análisis estadísticos se realizaron en el software RStudio utilizando el paquete lme4 para el ajuste de modelos mixtos.

Con el fin de integrar simultáneamente los caracteres de desempeño productivo (TCH biométrico) y de calidad (BRIX), se construyó un índice de selección basado en los valores ajustados obtenidos mediante el modelo mixto.

Para hacer comparables ambas variables, primero se estandarizaron utilizando valores Z , calculados como:

$$Z = (x - \bar{x}) / s$$

Donde:

x : valor ajustado de cada familia

\bar{x} : media

s : desviación estándar de la variable.

Posteriormente, el índice de selección se calculó como el promedio ponderado de los valores estandarizados de ambas variables:

$$I = 0.5(Z_TCHsf) + 0.5(Z_BRIX)$$

Este índice permitió identificar familias con desempeño superior considerando simultáneamente rendimiento y contenido de sólidos solubles (BRIX), facilitando la priorización de cruces promisorios en etapas tempranas del programa de mejoramiento.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se observó una variabilidad productiva importante entre las regiones evaluadas considerando la variable TCH biométrico. El ambiente de Grecia presentó los valores más altos de rendimiento, mientras que Pérez Zeledón mostró los más bajos.



Por su parte, Turrialba y Los Chiles presentaron valores intermedios. Estas diferencias evidencian la influencia de las condiciones agroecológicas sobre la expresión fenotípica del rendimiento en caña de azúcar.

De acuerdo con lo señalado por Elías *et al.* (2016), la variabilidad ambiental puede afectar

significativamente la evaluación temprana de materiales, lo que refuerza la necesidad de utilizar modelos mixtos y estimaciones BLUP que permitan separar los efectos ambientales del mérito genético de las familias evaluadas (Figura 1).

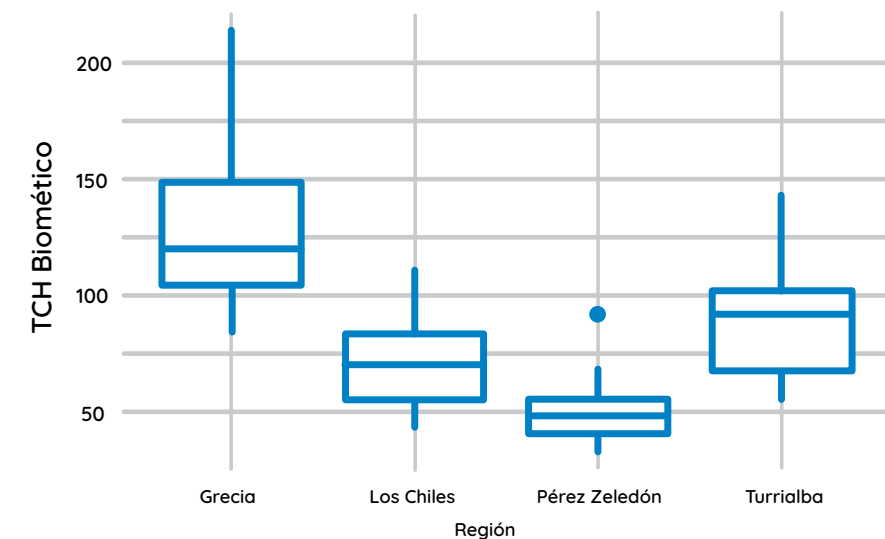


FIGURA 2

Distribución del TCH biométrico estimado en las diferentes regiones de evaluación.



Considerando los efectos del ambiente y las variaciones en edad del cultivo (6-7 meses) dentro del modelo, se observó que 10 cruces (47,6%) presentaron un rendimiento ajustado (TCH_ajustada) superior a la media observada del TCH biométrico (87,87 t ha⁻¹).

Este resultado sugiere que, para estas familias, las condiciones ambientales durante la evaluación pudieron haber limitado la expresión de su potencial productivo, el cual fue estimado con mayor precisión mediante el uso de BLUP (Cuadro 1).

La comparación entre la media observada (TCH_media) y el valor ajustado mediante BLUP permite evidenciar cómo el modelo corrige el efecto ambiental presente en los datos de campo.

En múltiples cruces se observa que el rendimiento ajustado difiere considerablemente de la media observada. Por ejemplo, los cruces 66-23, 104-23 y 37-23 presentaron medias observadas de 88,13, 80,11 y 50,66 t ha⁻¹, respectivamente, mientras que sus valores ajustados alcanzaron 127,55, 123,31 y 115,25 t ha⁻¹.

Estas diferencias reflejan la influencia de las condiciones ambientales y del número de observaciones disponibles para cada familia (Cuadro 1).

Asimismo, el uso de modelos mixtos permitió incorporar información proveniente de datos desbalanceados, lo cual se refleja en el número variable de observaciones (n) entre cruces.

En este contexto, las familias con menor número de observaciones presentan mayor incertidumbre en la estimación de su desempeño; sin embargo, el modelo BLUP permite ajustar este efecto al utilizar la información disponible del conjunto de datos (Cuadro 1).

De acuerdo con Hoarau y Dumont (2023) el uso de BLUP introduce un efecto de contracción "shrinkage" hacia la media general del modelo.

Este efecto reduce la sobreestimación del desempeño en familias con pocas observaciones (n) y disminuye el riesgo de seleccionar materiales basados en valores extremos asociados al error experimental.

CUADRO 1.

Comparación entre la media observada y el valor genético ajustado (BLUP) para TCH biométrico en los cruces evaluados.

CRUCE	TCH_MEDIA	N	BLUP_TCH	TCH_AJUSTADA
32-23	124,48	3	23,44	138,20
101-23	125,70	6	20,19	134,95
44-23	93,27	6	13,67	128,43
66-23	88,13	2	12,79	127,55
104-23	80,11	2	8,55	123,31
52-23	60,68	3	6,78	121,54
73-23	74,52	3	6,63	121,39
20-23	97,33	9	5,53	120,29
37-23	50,66	3	0,49	115,25
74-23	64,47	3	0,32	115,08
87-23	49,51	1	-0,13	114,62
86-23	134,61	3	-0,29	114,46
28-23	53,79	5	-1,27	113,49
65-23	60,34	2	-1,91	112,85
12-23	83,47	3	-2,30	112,46
100-23	120,83	3	-8,94	105,82
55-23	70,31	3	-10,56	104,19
83-23	116,68	3	-11,55	103,21
60-23	110,84	2	-12,83	101,93
43-23	89,20	2	-24,27	90,48
22-23	96,30	3	-24,34	90,42
MEDIA	87,87	-	-	114,76



Al analizar los valores BLUP estimados para BRIX y TCH biométrico, se observó una proporción ligeramente mayor de cruces con ganancia genética positiva para BRIX, con 12 cruces (57,1%), en comparación con los 10 cruces (47,6%) que presentaron valores positivos para TCH.

No obstante, el resultado más relevante corresponde a la concordancia observada en seis cruces (28,57%) que mostraron valores BLUP positivos para ambas variables.

Estos cruces corresponden a: 32-23, 101-23, 44-23, 66-23, 104-23 y 37-23 (Cuadro 2).

De acuerdo con Cock *et al.* (2000), esta relación puede explicarse por el fenómeno conocido como “trade-off”, que describe una compensación biológica entre rendimiento agrícola y calidad industrial.

En el caso de la caña de azúcar, incrementos en el rendimiento de biomasa pueden asociarse con

reducciones en el contenido de sólidos solubles, y viceversa.

Por esta razón, los cruces que presentan ganancias genéticas positivas en ambas variables adquieren especial relevancia dentro del proceso de selección.



CUADRO 2.

Valores genéticos estimados mediante BLUP y rendimiento ajustado para BRIX y TCH biométrico en los cruces evaluados.

CRUCE	BLUP_BRIX	BRIX_AJUSTADO	BLUP_TCH	TCH_AJUSTADO
32-23	0,32	16,75	23,44	138,20
101-23	0,41	16,84	20,19	134,95
44-23	0,48	16,90	13,67	128,43
66-23	0,63	17,06	12,79	127,55
104-23	0,84	17,26	8,55	123,31
52-23	-0,67	15,75	6,78	121,54
73-23	-0,49	15,94	6,63	121,39
20-23	-,54	15,89	5,53	120,29
37-23	0,50	16,93	0,49	115,25
74-23	-0,97	15,46	0,32	115,08
87-23	0,50	16,93	-0,13	114,62
86-23	-1,07	15,36	-0,29	114,46
28-23	-0,24	16,19	-1,27	113,49
65-23	-0,07	16,36	-1,91	112,85
12-23.	0,10	16,53	-2,30	112,46
100-23	0,02	16,45	-8,94	105,82
55-23	0,41	16,84	-10,56	104,19
83-23	-0,41	16,02	-11,55	103,21
60-23	-0,22	16,20	-12,83	101,93
43-23	0,31	16,74	-24,27	90,48
22-23	0,14	16,57	-24,34	90,42

SECCIÓN ARTÍCULOS CIENTÍFICOS

Por medio del índice estandarizado (Z) fue posible integrar rendimiento (TCH biométrico) y calidad en jugos (BRIX), asignando igual ponderación a ambas variables.

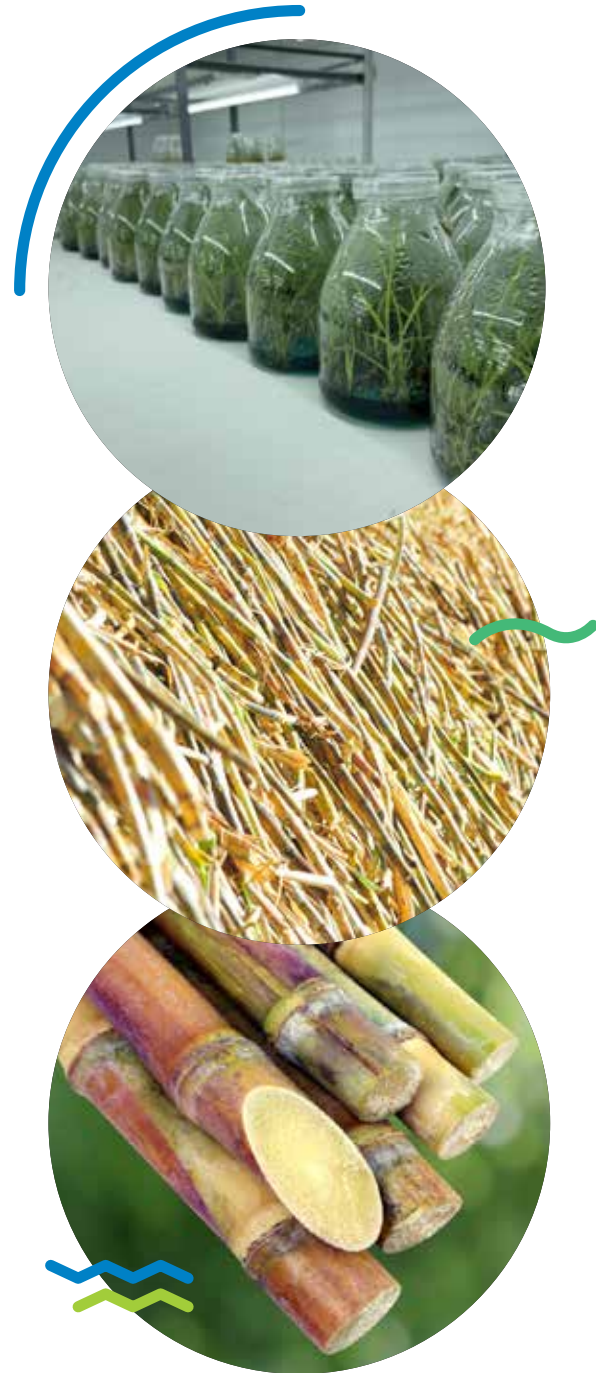
Esto permitió identificar un total de 7 cruces (33,3%) con un indicador (I) positivo, es decir, superior a 0. Estos cruces corresponden a: 32-23, 101-23, 104-23, 66-23, 44-23, 37-23 y 87-23 (Cuadro 3).

Al contar con un solo indicador fue posible hacer un balance entre caracteres BRIX y TCH biométrico, siendo este un aspecto bien valorado en mejoramiento (Jackson *et al.* 1995).

Del mismo modo, sería posible hacer un ajuste a la fórmula (ver metodología) y dar mayor prioridad relativa a BRIX o TCH biométrico según los objetivos del fitomejorador.

Es relevante observar que, entre las variedades utilizadas en los cruzamientos, RB 86-7515 fue empleada en cinco combinaciones, de las cuales cuatro presentaron valores de $I > 0$ (Cuadro 3).

Este resultado sugiere que esta variedad podría presentar una capacidad combinatoria general (GCA) favorable dentro del conjunto analizado.



CUADRO 3.

Índice de selección basado en valores estandarizados (Z) de TCH biométrico y BRIX para los cruces evaluados.

CRUCE	HEMBRA	MACHO	TCH_AJUSTADA	BRIX_AJUSTADO	Z_TCH	Z_BRIX	I_INDICE
32-23	CR 87-338	LAICA 15-216	138,20	16,75	1,86	0,60	1,23
101-23	LAICA 07-26	RB 86-7515	134,95	16,84	1,60	0,77	1,18
104-23	CP 00-2150	RB 86-7515	123,31	17,26	0,68	1,56	1,12
66-23	LAICA 01-604	Policruce 3	127,55	17,06	1,01	1,18	1,10
44-23	LAICA 12-92	Policruce 2	128,43	16,90	1,08	0,89	0,99
37-23	RB 86-7515	LAICA 20-61	115,25	16,93	0,04	0,94	0,49
87-23	RB 86-7515	CG 04-15398	114,62	16,93	-0,01	0,94	0,46
12-23	CR 87-338	CG 00-33	112,46	16,53	-0,18	0,19	0,00
55-23	LAICA 01-604	LAICA 12-340	104,19	16,84	-0,84	0,76	-0,04
65-23	B 77-95	Policruce 3	112,85	16,36	-0,15	-0,12	-0,14
73-23	LAICA 15-618	CG 04-15398	121,39	15,94	0,53	-0,91	-0,19
28-23	CG 04-10295	LAICA 05-805	113,49	16,19	-0,10	-0,44	-0,27
20-23	LAICA 05-109	LAICA 12-340	120,29	15,89	0,44	-1,01	-0,29
100-23	RB 04-1443	LAICA 12-340	105,82	16,45	-0,71	0,04	-0,34
52-23	RB 98-8507	EC 02	121,54	15,75	0,54	-1,25	-0,36
43-23	MEX 83-419	Policruce 2	90,48	16,74	-1,92	0,58	-0,67
60-23	CT 14-456	LAICA 08-22	101,93	16,20	-1,02	-0,42	-0,72
22-23	LAICA 13-77	RB 86-7515	90,42	16,57	-1,93	0,26	-0,83
83-23	MEX 79-431	NA 56-26	103,21	16,02	-0,92	-0,76	-0,84
74-23	LAICA 15-601	LAICA 12-340	115,08	15,46	0,03	-1,80	-0,89
86-23	MEX 79-431	LAICA 12-340	114,46	15,36	-0,02	-2,00	-1,01



CONCLUSIONES

El uso de modelos mixtos y estimación de BLUP permitió corregir los efectos ambientales presentes en la evaluación temprana de familias de caña de azúcar, generando estimaciones más consistentes del mérito genético de los cruces en comparación con las medias observadas.

El análisis conjunto de TCH biométrico y BRIX evidenció que ambos caracteres no siempre presentan comportamientos concordantes entre familias, lo que refuerza la necesidad de evaluar simultáneamente rendimiento agrícola y calidad industrial en las primeras etapas del mejoramiento.

La integración de ambos caracteres mediante un índice de selección basado en valores estandarizados permitió identificar cruces con desempeño balanceado, facilitando la priorización de materiales con potencial productivo e industrial superior.

El índice permitió identificar un conjunto de 7 cruces (33%) con un balance positivo entre TCH

biométrico y BRIX, siendo esto: 32-23, 101-23, 104-23, 66-23, 44-23, 37-23 y 87-23.

Los resultados sugieren que la incorporación de modelos mixtos y de índices de selección multicaracter puede mejorar la toma de decisiones en el proceso de hibridación del programa de mejoramiento genético de DIECA.



LITERATURA CITADA

- Bernardo, R. 2020. Breeding for Quantitative Traits in Plants. 3rd ed. Woodbury, Minnesota, USA, Stemma Press.
- Chen, C; Bhuiyan, SA; Ross, E; Powell, O; Dinglasan, E; Wei, X; Atkin, F; Deomano, E; Hayes, B. 2024. Genomic prediction for sugarcane diseases including hybrid Bayesian-machine learning approaches. *Frontiers in Plant Science* 15:1398903. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1398903>
- Cursi, DE; Cox, MC; Anoni, CO; Hoffmann, HP; Gazaffi, R; Garcia, AAF. 2020. Comparison of different selection methods in the seedling stage of sugarcane breeding. *Agronomy Journal* 112(6):4479-4488.
- Cock, JH; Luna, CA; Palma, A. 2000. The trade-off between total harvestable production and concentration of the economically useful yield component: cane tonnage and sugar content. *Field Crops Research* 67(3):257-262. [https://doi.org/10.1016/S0378-4290\(00\)00100-3](https://doi.org/10.1016/S0378-4290(00)00100-3)
- Elias, AA; Robbins, KR; Doerge, RW; Tuinstra, MR. 2016. Half a century of studying genotype × environment interactions in plant breeding experiments. *Crop Science* 56(5):2090-2105. <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.01.0061>
- Hoarau, JY; Dumont, T. 2023. Benefits of mixed models and its BLUP methodology in sugarcane breeding. *Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists* 31:621-627.
- Jackson, P; McRae, T; Hogarth, M. 1995. Selection of sugarcane families across variable environments I. Sources of variation and an optimal selection index. *Field Crops Research* 43(2-3):109-118. [https://doi.org/10.1016/0378-4290\(95\)00039-S](https://doi.org/10.1016/0378-4290(95)00039-S)
- Jackson, PA. 2005. Breeding for improved sugar content in sugarcane. *Field Crops Research* 92(2-3):277-290.
- Piepho, HP; Möhring, J; Melchinger, A; Büchse, A. 2008. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica* 161(1-2):209-228.
- Rodríguez Morales, A. 2025. LAICA impulsa una agroindustria azucarera más sostenible y resiliente. *Entre Cañeros (DIECA-LAICA)* 27:4-7.

Tomá LO NUEVO



BAJO en CALORÍAS