
SELECCIÓN PARA MEJORAR EL PERFIL DE ÁCIDOS GRASOS EN SOJA NO TRANSGÉNICA VÍA ANÁLISIS DE BIPLOTS

SUSANA BOLOGNA, DIEGO SOLDINI, ELIZABETH ROJAS, DIEGO MARTÍNEZ ÁLVAREZ y MÓNICA BALZARINI

RESUMEN

Dado que la mayoría de la soja [*Glycine max* (L.) Merr.] cultivada en Argentina es transgénica y procesada en la agroindustria, existe un interés creciente en la composición química de granos de genotipos de soja no transgénica. Una herramienta eficiente para mejorar las proporciones de los principales ácidos grasos es el estudio de las correlaciones genéticas entre las variables que definen el perfil lipídico y aquellas indicadoras del desempeño agronómico, como base para la selección. El objetivo del estudio fue determinar las interrelaciones entre los contenidos de los principales ácidos grasos (oleico, linoleico, linolénico, palmítico y esteárico) y el rendimiento en granos para selección. Se evaluaron 22 líneas (F_6) de soja no modificada genéticamente en Marcos Juárez (Córdoba) y Villa Mercedes (San Luis), Argentina,

usando un DBCA con dos repeticiones en cada sitio. Se determinó rendimiento, peso de semillas, contenidos de aceite y de ácidos grasos. Para estudiar las correlaciones genéticamente determinadas entre las variables, se realizó un análisis de componentes principales con los residuos de un modelo factorial genotipo \times variable para las medias, a través de sitios, de genotipo para cada variable, centrado por los efectos medios de las variables. Los resultados se visualizaron en gráficos biplot para identificar las correlaciones genéticas entre las variables, comparar genotipos sobre la base de todas las variables y establecer asociaciones entre genotipos y variables. El uso de este método permitió seleccionar genotipos con el perfil de ácidos grasos modificado y con mejor comportamiento agronómico.

El aceite de soja es el de mayor producción mundial, superando a los aceites de colza, palma y girasol, y es recomendado para la nutrición humana por su excelente aporte de ácidos grasos (AG) esenciales. Contiene (Fehr and Curtiss, 2004) alrededor del 16% de ácidos grasos saturados (4% esteárico

y 12% palmítico), 27% de monoinsaturados (oleico) y 57% de poliinsaturados (50% de linoleico y 7% de linolénico).

La modificación de la composición del aceite constituye un objetivo estratégico de los programas de mejoramiento genético, ya que cambiando las proporciones de los cinco

ácidos grasos principales se puede mejorar la calidad de los alimentos, del combustible y de otras aplicaciones del aceite (Wilson, 2004, *apud* Oliva *et al.*, 2006).

El mejoramiento genético para modificar la composición de los AG se ha desarrollado por más de 50 años persiguiendo fundamentalmen-

PALABRAS CLAVE / Correlación Genética / Esteárico / Linoleico / Linolénico / Oleico / Palmítico /

Recibido: 08/01/2010. Modificado: 13/12/2010. Aceptado: 17/12/2010.

Susana Bologna. Ingeniera Agrónoma y Magíster en Gestión Ambiental, Universidad Nacional de San Luis (UNSL), Argentina. Profesora, UNSL, Argentina. Dirección: Departamento de Ciencias Agropecuarias, UNSL. Av. 25 de Mayo 384, (5730) Villa Mercedes, San Luis, Argentina. e-mail: sbologna@fices.unsl.edu.ar

Diego Soldini. Licenciado en Genética, Universidad Nacional de Misiones, Argentina. M.Sc. y Doctor en Genética y Mejoramiento de Plantas, Universidad de San Pablo, Brasil. Fitomejorador, INTA, Argentina.

Elizabeth Rojas. Ingeniera Agrónoma, UNSL, Argentina. Profesora, UNSL, Argentina.

Diego Martínez Álvarez. Ingeniero Agrónomo, UNSL, Argentina. M.Sc. en Producción Vegetal, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina. Profesor, UNSL, Argentina.

Mónica Balzarini. Ingeniera Agrónoma, Universidad Nacional de Córdoba (UNC), Argentina. M.Sc. en Biometría, Universidad Nacional de Buenos Aires, Argentina. Ph.D., Louisiana State University, EEUU. Investigadora, CONICET, y Profesora, UNC, Argentina.

te dos grandes objetivos: 1) aumentar el contenido de oleico y disminuir los contenidos de linoleico y linolénico, para así mejorar la estabilidad del aceite y reducir la necesidad de la hidrogenación química responsable de la producción de AG trans, perjudiciales para la salud; y 2) reducir los ácidos grasos palmítico y esteárico para disminuir el contenido total de AG saturados en la dieta humana, ya que influyen en el desarrollo de enfermedades cardiovasculares (Fehr, 2007).

A partir de la década de los 80 fueron intensificados los estudios sobre la herencia de los AG, ya que los avances en la genética de su composición han sido limitados, por la escasa exploración y caracterización de la variabilidad (Soldini, 1998), y por la influencia de factores ambientales como radiación, temperatura y precipitaciones efectivas sobre dicho germoplasma (Dardanelli *et al.*, 2006).

En Argentina, trabajos de caracterización bioquímica del banco activo de germoplasma de soja del INTA Marcos Juárez (Soldini y Martínez, 2006), que contiene germoplasma no modificado genéticamente, reportan que existe variabilidad en el contenido de oleico (16,7-30,5%), linoleico (46,0-55,9%) y linolénico (6,5-13,0%).

Por mejoramiento convencional se han logrado contenidos de ácido oleico >70% (Alt *et al.*, 2005) y se han desarrollado cultivares con medio oleico y bajo linolénico (50 y 1%, respectivamente) (Fehr, 2007). Por ingeniería genética se obtuvieron sojas con más del 85% de oleico (Kinney and Knowlton, 1998, *ápu*d Fehr, 2007) que además de tener mayor estabilidad, tienen un potencial significativo en aplicaciones industriales y en biodiesel. Para reducir el contenido total de AG saturados a niveles <7,5% se selecciona de manera conjunta para disminuir los contenidos de palmítico y esteárico (Shen *et al.*, 1997). Se ha obtenido aceite bajo linolénico (2,5-3%) y aceite ultra bajo linolénico con 1%.

Una de las herramientas que se utiliza en el mejoramiento genético para modificar el perfil de AG en los granos es el estudio de las correlaciones genéticas entre tales ácidos y las variables de interés agrónomo. Rani *et al.* (2004) encontraron correlaciones positivas entre peso seco del grano (PS) y ácido oleico, y negativas con los ácidos linoleico y linolénico. Kumar y Rani (2004) determinaron correlaciones negativas de oleico con linoleico y linolénico, y asociaciones positivas entre éstos dos últimos;

también observaron correlaciones positivas entre PS y oleico, y negativas con linoleico, linolénico y esteárico. Cardinal y Burton (2007) observaron correlaciones genéticas positivas entre palmítico y rendimiento en grano, y negativas entre linolénico y el contenido de aceite.

Debido a que la mayoría de la soja cultivada en Argentina es soja RR, cuya base genética es estrecha y de origen privado, existe creciente interés en desarrollar germoplasma nativo no transgénico con buenas propiedades tanto a nivel de rendimiento en granos como en la calidad de su composición química. El objetivo del presente trabajo fue describir la variabilidad en caracteres agronómicos y de calidad del aceite en líneas avanzadas de soja no transgénica, investigando las interrelaciones de origen genético entre los AG y las variables agronómicas, e identificando para selección a genotipos con el perfil de AG demandado asociado a mayor rendimiento en grano.

Materiales y Métodos

Datos

En el año 2005 fueron evaluadas 22 líneas avanzadas (F_6) de soja no transgénicas, derivadas de cruzamientos dialélicos entre cultivares comerciales y genotipos exóticos de alto contenido de aceite (Bologna *et al.*, 2006). Estas líneas avanzadas fueron seleccionadas en ensayos preliminares por su contenido diferencial de ácidos grasos y contenido medio de aceite superior al promedio de los testigos y de los progenitores.

La soja fue sembrada en noviembre en los campos experimentales de la EEA INTA Marcos Juárez, Córdoba (32°41'S y 62°6'O, a 105msnm) y en el Departamento de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Nacional de San Luis (UNSL) en Villa Mercedes, San Luis (33°43'S y 65°29'O, a 555msnm). Se utilizó un diseño experimental de bloques completos al azar, con dos repeticiones. La unidad experimental fue una parcela de 2 surcos de 3m de largo y una distancia entre hileras de 0,52m.

Se registraron los estados fenológicos VE, R1 y R8 según la Escala de Fehr *et al.* (1971) y se determinó el grupo de madurez (GM) para cada línea. Los variables evaluadas fueron: rendimiento en grano (PG), peso de 100 semillas (PS), contenido de aceite (MG), contenido de ácido

oleico (Olei), ácido linoleico (Linol), ácido linolénico (Linolen), ácido palmítico (Palm) y ácido esteárico (Est). El MG fue determinado por el método químico Butt, y el análisis de ácidos grasos se realizó por cromatografía líquido-gaseosa (GLC) con un detector FID, siguiendo las normas AOCS (1998), en el Laboratorio de Calidad de Granos de la EEA Manfredi del INTA.

Análisis estadístico

Las líneas de soja fueron caracterizadas mediante estadística descriptiva, i.e. valores máximos y mínimos, media y desviación estándar para cada variable. Para comparar las respuestas promedio de las líneas y detectar posibles interacciones genotipo×ambiente, se realizó un análisis de la varianza con estructura factorial para cada carácter o variable medida. Luego se calcularon los componentes de la varianza como porcentaje de la variación total de todas las determinaciones, para visualizar la importancia relativa de las distintas fuentes de variación (genotipo, ambiente e interacción genotipo×ambiente).

Dada la naturaleza multivariada del perfil de ácidos grasos, la determinación de las correlaciones genéticas se realizó a partir del método de análisis de componentes principales (ACP), cuyos resultados se visualizan a través de gráficos biplot (Yan y Rajan, 2002). El ACP combina linealmente las variables, en este caso los contenidos de AG, con la finalidad de construir índices con máxima varianza denominados componentes principales (CP). Las CP son variables artificialmente creadas que aportan nueva información para el entendimiento de los patrones de variabilidad entre observaciones, en este caso, genotipos (Balzarini *et al.*, 2005). A través de estos métodos se facilita la identificación de genotipos superiores y de los patrones de interacción genotipo-perfil AG observados en la evaluación genotípica vía ensayos multiambientales. El ACP es aplicado sobre la matriz de correlación de medias (a través de ambientes) de genotipo (filas), para cada variable (columnas) y luego de haber centrado por la media de cada carácter. Los autovectores de la descomposición contienen los pesos con los que se ponderan las filas y columnas de la matriz para formar CP que permiten representar tanto a las filas como a las columnas. El gráfico biplot (Gabriel, 1971), formado por las primeras dos componentes

TABLA I
VALORES MEDIOS, MÍNIMOS Y MÁXIMOS
PARA VARIABLES DE RENDIMIENTO
Y COMPOSICIÓN LIPÍDICA EN GRANOS
DE SOJA

Variables	Promedio	Mínimo	Máximo
PG	4046,00	973,5 (05)	5771,6 (01)
PS	176,81	139,2 (22)	253,6 (03)
MG	22,02	20,1 (05)	23,8 (17)
Olei	21,73	18,25 (18)	25,38 (03)
Linol	53,56	50,78 (21)	56,91 (05)
Linolen	7,97	7,22 (19)	9,07 (22)
Est	4,76	3,85 (03)	5,81 (07)
Palm	10,72	9,61 (14)	11,51 (22)

PG: rendimiento (kg-ha⁻¹), PS: peso de 100 semillas (g), MG: contenido de aceite (%), Olei: de ácido oleico (%), Linol: ácido linoleico (%), Linolen: ácido linolénico (%), Palm: ácido palmítico (%), Est: ácido esteárico (%). Entre paréntesis, identificación de las líneas con valores extremos.

puede ser expresado con el siguiente modelo (Yan and Rajcan, 2002):

$$\frac{T_{ij} - \bar{T}_j}{S_j} = \lambda_1 \zeta_{i1} \tau_{j1} + \lambda_2 \zeta_{i2} \tau_{j2} + \varepsilon_{ij} \quad (1)$$

donde T_{ij} : valor promedio del genotipo i para la variable j , \bar{T}_j : valor promedio de la variable j a través de todos los genotipos, S_j : desviación estándar de la variable j entre los promedios de los genotipos, ζ_{i1} y ζ_{i2} : pesos que reciben el genotipo i (elementos i -ésimo de los dos primeros autovectores filas) en la CP1 y CP2, respectivamente, τ_{j1} y τ_{j2} : pesos que recibe la variable j (elementos i -ésimo de los dos primeros

sultados sugieren alta variabilidad entre las líneas avanzadas, comparado con datos reportados por el Banco Activo de Germoplasma de soja del INTA Marcos Juárez (Soldini y Martínez, 2006). Para el contenido de ácido oleico, entre 18,25-25,38%, linoleico 50,78-56,91%, linolénico 7,22-9,07%, esteárico 3,85-5,81% y palmítico 9,61-11,51%.

Los efectos de genotipo y ambiente fueron estadísticamente significativos para un nivel de significación $\alpha = 0,05$ para todas las variables, y los efectos de interacción genotipo×ambiente también fueron significativos para todas las variables, excepto para PG, como lo indica el estadístico F en la Tabla II.

En la Tabla III se presentan los componentes de la varianza como porcentajes de la variación total. Se puede observar que la fuente de variación de mayor peso para todas las variables, como es esperado, es el ambiente, excepto para la variable linolénico, cuyo mayor porcentaje corresponde al componente genotipo.

Los valores genotípicos expresados como la media a través de los ambientes se presentan en la Tabla IV para todas las variables. Los resultados del ACP que se realizó para estudiar las correlaciones genéticas bajo el modelo de la Ec. 1 se pueden visualizar en la Figura 1. Las dos primeras CP explican el 54,6% de la variabilidad total de los datos estandarizados. Esta proporción representa las principales relaciones entre las variables.

Para la determinación de las correlaciones genéticas entre las variables, se trazaron vectores desde el origen del biplot hasta los marcadores de cada una de las variables (vectores de variables; Figura 1). PG presenta ángulos agudos con MG y los AG esteárico y palmítico, lo que determina correlación positiva; ángulo obtuso y por ende correlación negativa con linoleico; mientras que con linolénico no se observa correlación. Cardinal y Burton (2007) destacan correlaciones genéticas positivas entre palmítico y rendimiento en grano y negativas entre linolénico y el contenido de aceite. PS muestra correlación genética positiva con oleico y negativa con los

TABLA II
VALORES DE F DEL ANÁLISIS DE LA VARIANZA PARA LAS DISTINTAS VARIABLES

FV	GL	PG	PS	MG	Olei	Linol	Linolen	Palm	Est
Ambiente	1	25,27*	88,6*	539,17*	843,89*	1864,73*	212,62*	1008,53*	12585,43*
Genotipo	21	6,52*	7,28*	82,88*	184,18*	204,6*	2196,39*	772,69*	1180,14*
G×A	21	1,69	2,33*	25,90*	22,37*	29,08*	282,51*	26,93*	174,12*

*: significación al 5%.

FV: fuentes de variación, PG: rendimiento, PS: peso de 100 semillas, MG: contenido de aceite, Olei: ácido oleico, Linol: ácido linoleico, Linolen: ácido linolénico, Palm: ácido palmítico, Est: ácido esteárico.

principales de los autovectores filas y columnas, representa un espacio óptimo para analizar la variabilidad y covariabilidad (correlación) subyacente entre genotipos y variables. Las correlaciones entre las variables determinadas por una base genética y no ambiental, ya que se trabaja con un promedio genotípico a través de ambientes, son exploradas a través de los ángulos formados por los vectores de variables en ese espacio. El coeficiente de correlación entre dos variables es determinado por el coseno del los ángulos entre los vectores que representan las variables; así, ángulos agudos indican correlaciones positivas ($r = \cos 0^\circ = 1$), ángulos obtusos corresponden a correlaciones negativas ($r = \cos 180^\circ = -1$), y ángulos rectos indican que no hay correlación entre las variables ($r = \cos 90^\circ = 0$). Utilizando las dos CP de máxima varianza (CP1 y CP2), construidas tanto con los autovectores filas como con los autovectores columnas de la descomposición objeto de estudio, el elemento ij de la matriz de entrada

autovectores columnas) en la CP1 y CP2, respectivamente, y ε_{ij} : residuo del modelo asociado con el valor estandarizado para el genotipo i y para la variable j . Los análisis estadísticos se realizaron con el Software Estadístico para Análisis de Datos Genéticos Info-Gen (Balzarini y Di Rienzo, 2004).

Resultados y Discusión

Con los datos de fenología VE y R8 se determinó el número de días a madurez para cada línea. Se observó una variación de 26 días entre las líneas más precoces y las más tardías. A partir de la información aportada por la estadística descriptiva se identificaron los genotipos que poseen valores extremos para cada uno de los caracteres estudiados (Tabla I). Los re-

TABLA III
COMPONENTES DE LA VARIANZA COMO PORCENTAJE
DE LA VARIANZA TOTAL PARA CADA VARIABLE

FV	PG	PS	MG	Olei	Linol	Linolen	Palm	Est
Genotipo	19,48	7,45	12,76	17,55	9,75	80,95	42,86	8,42
Ambiente	75,47	90,17	83,25	80,33	88,86	8,33	55,71	90,33
G×A	5,05	2,38	3,99	2,12	1,39	10,72	1,43	1,25

FV: fuentes de variación, PG: rendimiento, PS: peso de 100 semillas, MG: contenido de aceite, Olei: ácido oleico, Linol: ácido linoleico, Linolen: ácido linolénico, Palm: ácido palmítico, Est: ácido esteárico.

TABLA IV
VALORES GENOTÍPICOS DE LAS VARIABLES
A TRAVÉS DE LOS AMBIENTES

Líneas	PG	PS	MG	Olei	Linol	Linolen	Palm	Est
1	5436	175,80	21,10	22,18	52,63	8,13	10,96	4,76
2	4157	177,33	21,83	22,27	53,68	7,66	10,63	4,61
3	3627	203,52	21,51	22,94	51,46	7,47	10,55	4,32
4	3361	200,04	21,80	21,87	53,23	8,42	11,04	4,11
5	2265	166,41	20,57	19,66	56,05	8,34	10,16	4,57
6	3213	175,44	21,49	21,87	52,67	8,10	11,16	4,97
7	3113	173,47	23,09	22,19	53,01	7,66	10,31	5,43
8	4738	175,39	22,28	21,14	53,30	7,81	11,25	5,10
9	4239	180,08	22,18	22,37	54,02	7,58	10,29	4,66
10	4296	185,21	22,37	22,76	53,08	7,89	10,55	4,74
11	4033	176,22	21,88	23,36	52,25	7,54	10,61	5,06
12	4157	172,52	21,45	22,99	52,20	7,63	10,56	5,36
13	4295	159,62	22,47	21,37	53,11	8,08	11,13	5,20
14	4266	189,32	22,30	22,64	54,59	7,59	9,81	4,22
15	4248	179,03	21,21	20,86	54,71	7,94	10,96	5,07
16	3606	190,49	22,89	20,00	55,11	8,36	10,52	4,90
17	4257	173,97	23,34	19,60	55,13	8,37	10,78	5,01
18	4415	160,48	22,12	19,54	55,45	8,45	10,82	4,61
19	4788	187,29	22,48	22,15	53,97	7,40	10,59	4,74
20	3933	179,10	21,21	21,17	53,99	8,42	10,83	4,38
21	4013	164,27	22,50	23,99	51,71	7,54	11,07	4,54
22	4564	144,72	22,42	21,15	53,07	8,88	11,31	4,27

PG: rendimiento; PS: peso de 100 semillas; MG: contenido de aceite; Olei: contenido de ácido oleico; Linol: ácido linoleico; Linolen: ácido linolénico; Palm: ácido palmítico; Est: ácido esteárico.

demás AG. Similares resultados han sido reportados por varios autores, entre ellos Rani *et al.* (2004), quienes informaron correlaciones positivas entre PS y oleico y negativas con linoleico y linolénico. El oleico presenta correlación negativa con linoleico y linolénico. Entre los AG linoleico y linolénico se observa correlación positiva, al igual que entre los AG saturados esteárico y palmítico. Kumar y Rani (2004) coinciden con la determinación de correlaciones negativas de oleico con linoleico y linolénico y asociaciones positivas entre éstos dos últimos.

El biplot (Figura 1) puede ser usado para comparar las líneas sobre la base de múltiples variables, es decir sobre la base de su perfil lipídico y rendimiento en grano. Esta información permite seleccionar los posibles candidatos a progenitores para los programas de mejoramiento genético. Para ayudar a la interpretación, en la Figura 2 se presenta el biplot con un polígono envolvente que pasa por los identificadores de genotipos. Los genotipos que definen los extremos del polígono son 3, 21, 22, 18, 5 y 14, que representan los genotipos de comportamiento extremo. Luego, a partir del origen del biplot se trazan líneas perpendiculares a los lados del polígono y se determinan sectores que lo dividen. Éstos permiten establecer asociaciones entre los genotipos y las

variables que los caracterizan. El genotipo 3, ubicado en uno de los vértices, tiene valores relativamente altos de oleico y PS, y le siguen en importancia con altos valores para las dos variables los genotipos 11 y 12 que se encuentran en el interior del cuadrante. El genotipo 22, ubicado en otro vértice, expresa los mayores valores de PG, MG, palmítico y esteárico. En otro vértice, el genotipo 18 presenta el mayor contenido de linolénico, seguido por el 17 que queda dentro del cuadrante correspondiente. El genotipo 5 tiene mayor contenido de linoleico y le siguen en este sentido, ubicados dentro del cuadrante, los genotipos 16, 20 y 15.

Con esta información se pueden realizar algunas comparaciones entre genotipos con miras a la selección de líneas con atributos específicos. Así, comparando el genotipo 3 con el 21, se observa que el primero se destaca por los valores más altos de oleico y PS, mientras que el segundo si bien tiene valores altos de oleico no tiene un PS entre los más altos; sin embargo, la línea 21 tiene un nivel promedio de rendimiento con bajos valores de linoleico y linolénico, sin tener los mayores valores de palmítico y esteárico. También puede observarse que el genotipo 3 po-

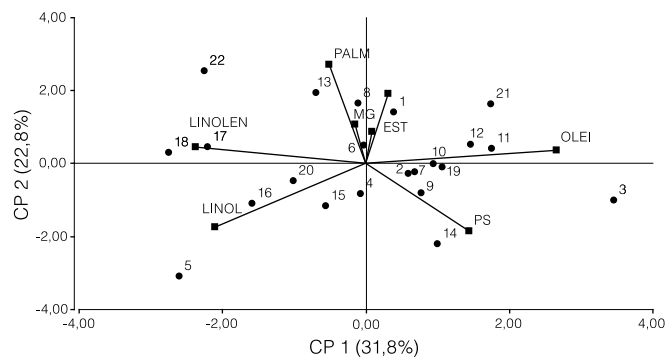


Figura 1. Gráfico biplot genotipo×variable. Las variables son PG: rendimiento, PS: peso de 100 semillas, MG: contenido de aceite, Olei: contenido de ácido oleico, Linol: ácido linoleico, Linolen: ácido linolénico, Palm: ácido palmítico, y Est: ácido esteárico. Los genotipos están representados con números.

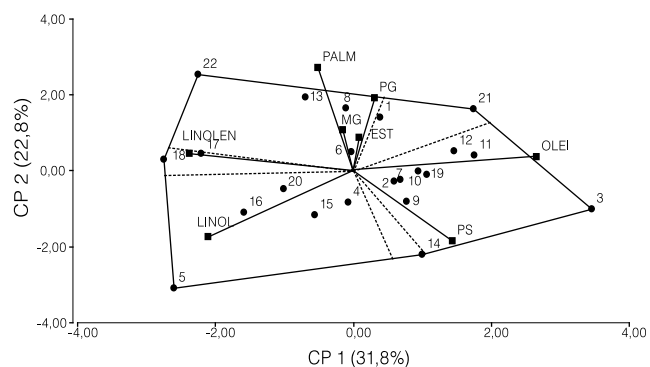


Figura 2. Gráfico biplot genotipo×variable con polígono envolvente de identificadores de genotipos. Las variables son PG: rendimiento, PS: peso de 100 semillas, MG: contenido de aceite, Olei: contenido de ácido oleico, Linol: ácido linoleico, Linolen: ácido linolénico, Palm: ácido palmítico, y Est: ácido esteárico. Los genotipos están representados con números.

see mayor contenido de oleico que el 18 y 5, que son los genotipos que presentan los mayores valores de los AG linolénico y linoleico.

El método biplot también constituye una herramienta para seleccionar en base a múltiples variables a partir de la eliminación (descarte) de los genotipos cuyos valores están por debajo de la media de la o las variables en consideración (Yan and Rajcan, 2002). Con este fin se trazó una línea que une el origen del biplot y el punto que representa a la variable de interés (subrayada), y luego otra línea que también pasa por el origen y es perpendicular a la anterior (Figura 3). Cuando el biplot aproxima suficientemente bien las principales tendencias en los datos, se puede considerar que aquellos genotipos que caen del mismo lado, que separado por la línea perpendicular contiene a la variable, tendrían valores mayores al promedio para la variable considerada. Por el contrario, aquellos genotipos que quedan en el lado opuesto, tendrían valores menores al promedio de los genotipos para esa variable. La Figura 3a muestra los resultados de la selección basada en PG des-

cartando aquellos genotipos cuyo rendimiento es menor al promedio. Con el mismo criterio se muestra en las Figuras 3b a 3f la selección para MG, MG y PG, MG y oleico, PG y oleico, así como la combinación de alto oleico y bajo linolénico, respectivamente. En las Figuras 3a y 3b se seleccionaron los genotipos que superan los valores medios de PG y MG respectivamente, y en la Figura 3c se observan los 6 genotipos que reúnen ambas condiciones. En la Figura 3d el resultado de la selección por alto contenido de MG y oleico sugiere que el genotipo 21 reúne dichas condiciones, y comparando esta figura con la Figura 3a se deduce que este genotipo también es de alto PG.

La Figura 3e muestra 9 genotipos seleccionados que superan la media de PG y oleico. En la Figura 3f se han seleccionado genotipos que superan la media de oleico y se encuentran por debajo de la media de linolénico, y relacionando ambas figuras se observa que hay una coincidencia de la mayoría de los genotipos seleccionados, por lo que se demuestra que se pueden obtener genotipos que tengan buen rendimiento, superen la media de oleico y presenten valores reducidos de linolénico. Por último, si se selecciona por bajo contenido de AG saturados, con valores por debajo de la media de esteárico y palmítico, se destacan los genotipos 3, 14 y 9 que presentan un perfil de ácidos grasos caracterizado por alto oleico, bajo linolénico y bajo contenido de palmítico y esteárico. De éstos el 9 y el 14 son también de alto PG.

Conclusiones

La evaluación de las líneas en varias localidades es necesari-

ria, debido a que la fuente de variación más importante para la mayoría de las variables, tanto de rendimiento como de calidad, es el ambiente y se detectan componentes de interacción genotipo×ambiente significativas principalmente para las variables de calidad de aceite.

El método de biplot utilizado constituye una poderosa herramienta para analizar las relaciones entre los genotipos y las variables. Revela eficientemente las asociaciones entre las variables agronómicas y las de calidad del aceite; permite comparar genotipos sobre la base de su perfil lipídico y rendimiento productivo simultáneamente; y se puede usar para realizar descarte independiente de genotipos para aplicar selección comparativa. El uso de este método permitió identificar genotipos

con el perfil de ácidos grasos más demandado que a la vez muestran valores relativamente altos de rendimiento en granos.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a los integrantes del proyecto de Investigación P-50306 de Ciencia y Técnica de la Universidad Nacional de San Luis, por la colaboración en la conducción de los ensayos de campo y laboratorio, a los técnicos del Laboratorio de Calidad de Granos de la EEA Manfredi del INTA, por las determinaciones de los contenidos de aceite y ácidos grasos, y al Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET) de la Argentina.

REFERENCIAS

- Alt JL, Fehr WR, Welke GA, Shannon JG (2005) Transgressive segregation for oleate content in three soybean populations. *Crop Sci.* 45: 2005-2007.
- AOAC (1998) Official Methods of Analysis. 16a ed. Association of Official Analytical Chemists. Gaithersburg, MD, EEUU.
- Balzarini M, Bruno C, Arroyo A (2005) *Análisis De Ensayos Agrícolas Multiambientales. Ejemplos en Info-Gen.* 1ª ed. Brujas. Córdoba, Argentina. 105 pp.
- Balzarini M, Di Rienzo J (2004) *Info-Gen: Software para el Análisis Estadístico de Datos Genéticos.* Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.
- Bologna S, Soldini D, Carreras J (2006) Evaluación del potencial genético de germoplasma exótico de soja para incrementar el contenido de aceite en el grano. *Rev. Inv. Agropec. INTA (RIA)* 35: 37-51.
- Cardinal JA, Burton JW (2007) Correlations between palmitate content and agronomic traits in soybean population segregating for the *fap1*, *fap_{ns}* and *fan* alleles. *Crop Sci.* 47: 1804-1812.
- Dardanelli J, Balzarini M, Martinez M, Cuni-berti M, Baigorri H (2006) Soybean maturity groups, environments, and their interaction define mega-environments for seed composition in Argentina. *Crop Sci.* 46: 1939-1947.
- Fehr WR (2007) Breeding for modified fatty acid composition in soybean. *Crop Sci.* 47: 72S-87S.

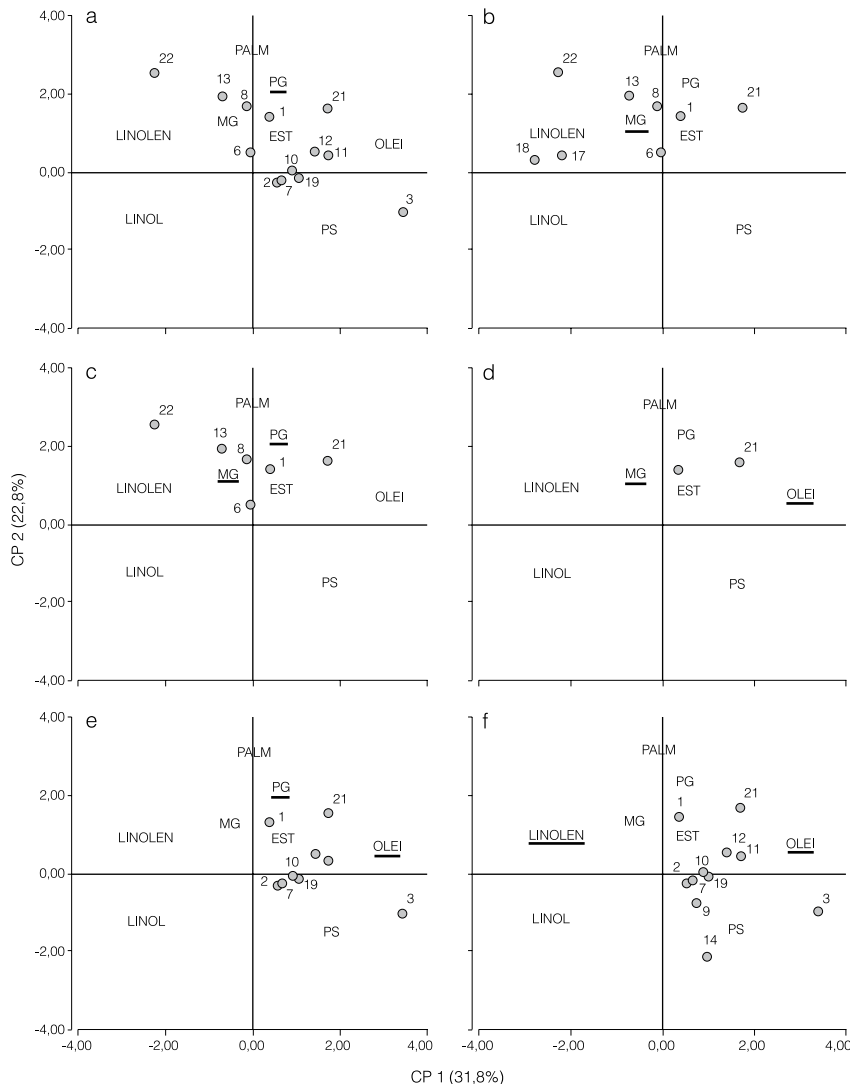


Figura 3. Selección de genotipos de soja basada en el gráfico biplot genotipo×variable. a: selección por PG, b: selección por MG, c: selección por MG y PG, d: selección por MG y Olei, e: selección por PG y Olei, f: selección por alto Olei y bajo Linolen.

- Fehr WR, Curtiss CF (2004) Breeding for fatty acid composition of soybean oil. *Proc. VII World Soybean Res. Conf.* Foz do Iguaçu, Brasil. pp. 815-821.
- Fehr WR, Caviness CE, Burmood DT Pennington JS (1971) Stage of development descriptions for soybeans, *Glycine max* (L.) Merrill. *Crop Sci.* 11: 929-931.
- Gabriel KR (1971) Biplot display of multivariate matrices with application to principal components analysis. *Biometrics* 44: 705-715.
- Kumar V, Rani A (2004) Association of fatty acid composition of soybean with maturity period and seed size. *Proc. VII World Soybean Res. Conf.* Foz do Iguaçu, Brasil. p. 199.
- Oliva ML, Shannon JG, Sleper DA, Ellesieck MR, Caldinal AJ, Paris RL, Lee JD (2006) Stability of fatty acid profile in soybean genotypes with modified seed oil composition. *Crop Sci.* 46: 2069-2075.
- Rani A, Kumar V, Hussain SM (2004) Correlation studies for various biochemical and physical attributes of soybean seed grown over widely differing latitude. *Proc. VII World Soybean Res. Conf.* Foz do Iguaçu, PR, Brasil. p. 199.
- Shen N, Fehr WR, Johnson L, White P (1997) Oxidative stabilities of soybean oils with elevated palmitate and reduced linolenate contents. *J. Am. Oil Chem. Soc.* 74: 299-302.
- Soldini DO (1998) *Control Genético de la Composición del Aceite de Soja: Ácidos Grasos y Antioxidantes*. ESALQ, Universidad de San Pablo, Brasil. 13 pp.
- Soldini DO, Martínez MJ (2006) *Caracterización Bioquímica del Banco Activo de Germoplasma de Soja del INTA Marcos Juárez*. 3^{er} Congr. de Soja del Mercosur. Rosario, Argentina. 303 pp.
- Wilson RF (2004) Seed composition. En Boerma HR, Specht JE (Eds.) *Soybean: Improvement, Production and Uses*. 3^a ed. ASA, CSSA, SSSA. Madison, WI, EEUU. pp. 621-677
- Yan W, Rajcan I (2002) Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Sci.* 42: 11-20.

SELECTION FOR IMPROVING FATTY ACID PROFILES IN NON-TRANSGENIC SOYBEAN BY BIPLLOT ANALYSIS

Susana Bologna, Diego Soldini, Elizabeth Rojas, Diego Martínez Álvarez and Mónica Balzarini

SUMMARY

Since most of the soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] cultivated in Argentina is transgenic and processed in the agroindustry, there is a growing concern about seed composition of non transgenic genetic resources. An efficient tool to improve the proportions of the main fatty acids (FA) is the study of the genetics correlations between the lipidic seed composition and agronomical variables, as a basis for selection. The aim of the study was to determine the relationships between the main FA (oleic, linoleic, linolenic, palmitic and stearic) and grain yield. A total of 22 advanced (F6) and not genetically modified soybean lines were evaluated in Marcos Juárez (Córdoba) and Villa Mercedes (San Luis), Argentina, using a RCBD with two

replicates per site. Grain yield, seed weight, oil content and FA contents were determined. To study the genetically determined correlations between variables, principal components analysis was carried out for the residues of a genotype×variable factorial model for the across-site means, centered on mean trait effects. Results were shown in biplots that permit to identify genetic correlations between variables, to compare genotypes on a multivariate bases, and to visualize associations between genotypes and variables. The use of this method allowed the selection of genotypes with an improved fatty acid profile and higher grain yield.

SELEÇÃO PARA MELHORAR O PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS NA SOJA NÃO TRANSGÊNICA VÍA ANÁLISE DE BIPLLOTS

Susana Bologna, Diego Soldini, Elizabeth Rojas, Diego Martínez Álvarez e Mónica Balzarini

RESUMO

Devido que a maior parte da soja [*Glycine max* (L.) Merr.] cultivada na Argentina é transgênica e processada na agroindústria, existe um interesse crescente na composição química de grãos de genótipos de soja não transgênica. Uma ferramenta eficiente para melhorar as proporções dos principais ácidos graxos é o estudo das correlações genéticas entre as variáveis que definem o perfil lipídico e aquelas indicadoras do desempenho agrônomo, como base para a seleção. O objetivo do estudo foi determinar as interrelações entre os conteúdos dos principais ácidos graxos (oléico, linoléico, linolênico, palmítico e esteárico) e o rendimento em grãos para seleção. Avaliaram-se 22 linhas (F₆) de soja não modificada geneticamente em Marcos Juárez (Córdoba) e Villa Mercedes (San Luis),

Argentina, usando um DBCA com duas repetições em cada local. Determinou-se rendimento, peso de sementes, conteúdos de óleo e de ácidos graxos. Para estudar as correlações geneticamente determinadas entre as variáveis, se realizou uma análise de componentes principais com os resíduos de um modelo factorial genótipo×variável para as médias, através de locais, de genótipo para cada variável, centrado pelos efeitos médios das variáveis. Os resultados se visualizaram em gráficos biplot para identificar as correlações genéticas entre as variáveis, comparar genótipos sobre a base de todas as variáveis e estabelecer associações entre genótipos e variáveis. O uso deste método permitiu seleccionar genótipos com o perfil de ácidos graxos modificado e com melhor comportamento agrônomo.