

Universidad Nacional del Nordeste

Facultad de Ciencias Agrarias

Caracterización morfológica, fisiológica y molecular de entradas de algodón (*Gossypium hirsutum* L.) e identificación de QTL de importancia agronómica

Ing. Agr. Pablo Nahuel Dileo

Doctorado en Recursos Naturales

Versión 1.6

Aprobado por Director y Co-Director de Tesis

Director

Dr. Gustavo Rubén Rodríguez

Co-Director

Dr. Marcelo Javier Paytas

Agradecimientos

Agradecimientos aquí..

Dedicatoria

Dedicatoria aquí..

Publicaciones

Lista de publicaciones a congresos y revistas aquí..

Índice General

Introducción	1
Capítulo 1: Caracterización de entradas de algodón (<i>Gossypium hirsutum L.</i>) del banco de germoplasma de INTA mediante caracteres morfo-fisiológicos	4
1.1. Introducción	4
1.1.1. Hipótesis	7
1.1.2. Objetivos	8
1.2. Materiales y métodos	8
1.2.1. Sitio experimental y material vegetal	8
1.2.2. Diversidad fenotípica del germoplasma de algodón: caracteres morfológicos, de rendimiento y calidad de fibra	9
1.2.3. Análisis de rendimiento, calidad de fibra, variables fisiológicas y partición de biomasa en accesiones contrastantes de algodón	12
1.2.4. Partición de biomasa y dinámica reproductiva	12
1.2.5. Evaluación de caracteres fisiológicos	13
1.2.6. Análisis estadístico	14
1.3. Resultados y discusión	16

1.3.1. Diversidad fenotípica del germoplasma de algodón: caracteres morfológicos, de rendimiento y calidad de fibra	16
1.3.2. Análisis de rendimiento, calidad de fibra, variables fisiológicas y partición de biomasa en accesiones contrastantes	18
1.4. Conclusión	32
Capítulo 2: Identificación de QTL de importancia agronómica	35
2.1. Introducción	35
2.2. Objetivo	35
2.3. Materiales y métodos	35
2.3.1. Análisis estadístico	38
2.4. Resultados	40
2.4.1. Generación de variabilidad a partir del cruce biparental BGSP-00166 x SP-41255	41
2.5. Discusión	41
2.6. Conclusión	42
Capítulo 3: Si es necesario un tercer capítulo	43
3.1. Introducción	43
3.2. Objetivo	43
3.3. Materiales y métodos	43
3.4. Discusión	43
3.5. Conclusión	43

Conclusión	45
Apéndice A: Primer Apéndice	46
Apéndice B: Segundo Apéndice	47
Referencias	48

Lista de Abreviaturas

A1RR	Altura de inserción de la primera rama reproductiva
AP	Altura de planta
D1P	Distancia de la primera posición reproductiva al tallo principal
DCO	Días desde emergencia a cut out
DM	Días desde emergencia a madurez
DPCA	Días desde emergencia a apertura del primer capullo
DPF	Días desde emergencia a primera flor
DPP	Días desde emergencia a primer botón floral
IF	Índice de fibra
IS	Índice de semilla
IU	Uniformidad de fibra
Mic	Micronaire
N1RR	Nudo de inserción de la primera rama reproductiva
NC	Número de capullos por planta
NN	Número de nudos del tallo principal
NRR	Número de ramas reproductivas (simpodiales)
NRV	Número de ramas vegetativas (monopodiales)
NSC	Número de semillas por capullo
PC	Peso de capullo
PN	Fotosíntesis neta
RB	Rendimiento de algodón en bruto
RF	Rendimiento de fibra
RFD	Porcentaje de fibra al desmote
Str	Resistencia de fibra
UHML	Longitud de fibra
gs	Conductancia estomática

Resumen

Primer párrafo del resumen en español.

Segundo párrafo del resumen aquí.

Abstract

Primer párrafo del resumen en inglés.

Segundo párrafo del resumen aquí.

Índice de Tablas

1.1. Entradas de <i>Gossypium hirsutum</i> L. usadas en el presente estudio y su procedencia	10
1.2. Morphological, phenological, yield, and fiber quality traits measured in 26 cotton accessions	11
1.3. Physiological and biomass partitioning traits measured in eight contrasting cotton accessions	13
1.4. Descriptores	25
1.5. Datos conjuntos...	26
1.6. Valores medios, error estándar (entre paréntesis) y prueba L.S.D. (diferencia mínima significativa) de Fisher para rendimiento de fibra, sus componentes y calidad.	28
1.7. Correlación de Spearman entre los rasgos evaluados en el germoplasma de colección	29
1.8. Acumulacion de biomasa en estructuras vegetativas, tallo, hojas, peciolos, ramas vegetativas, rebrote, biomasa reproductiva, pimpollo, flor, bolla, cápsula, semilla	30
1.9. Retención global, y en posiciones 1, 2 y 3, en los momentos M2, M3, y M4	31
1.10. Fotosintesis, conductancia estomatica y SPAD	32

2.1. Mean and variance (in parentheses) of the traits in the non-segregating generations (BGSP-00166, SP-41255 and F1) and the segregating generation F2	41
--	----

Índice de Figuras

1.1. Heatmap que muestra las distancias calculadas entre los datos utilizando la métrica de Gower.	27
1.2. Biplot del análisis de componentes principales con puntos que representan las proyecciones de las accesiones (1) y las variables (2) en el espacio definido por las dos primeras dimensiones (Dim) o componentes principales. RB: rendimiento de algodón en bruto en g; RF: rendimiento de fibra en g; RFD: porcentaje de fibra en %; PC: peso de capullo en g; NC: número de capullos por planta; IS: índice de semilla en g; IF: índice de fibra en g; NSC: número de semillas por capullo. UHML: longitud de fibra en mm; Str: resistencia de fibra en g tex-1; Mic: micronaire; IU: uniformidad de fibra en %.	28
2.1. Descripción del ensayo de campo, mostrando las dos poblaciones generadas a partir del cruce en la dirección SP-41255 x BGSP-00166 y su reciproco. En el ensayo se distribuyeron al azar plantas del parental SP-41255 (1), Filial 1 (2) y del parental BGSP-00166 (3).	38
2.2. Planta de los genotipos parentales SP-41255 y BGSP-00166	40

Introducción

El algodón (*Gossypium hirsutum* L.) se cultiva en más de 80 países y desempeña un papel crucial en la producción textil como fuente de fibra. Argentina es el segundo productor de algodón de América Latina después de Brasil y desempeña un papel clave en los sistemas productivos de la región noreste del país. La producción de fibra cubre la demanda interna a la vez que facilita la exportación a países como Vietnam, Pakistán, Turquía, China, Indonesia, Colombia e India (ICAC, 2023; M. J. Paytas & Ploschuk, 2013). Se han desarrollado nuevas variedades y sistemas de producción para adaptarse a diversas condiciones medioambientales. En Argentina, el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) cuenta con un programa de mejora genética del algodón que utiliza el germoplasma disponible para desarrollar variedades que mejoren el rendimiento y la calidad de la fibra. El programa ha logrado aumentar tanto el rendimiento como la calidad de la fibra y también ha incorporado la resistencia genética a enfermedades importantes como mancha angular, enfermedad azul y marchitez por fusarium, en numerosas variedades (O. M. Royo et al., 2007; Scarpin et al., 2022; Scarpin et al., 2023).

Recientemente, Scarpin et al. (2022) informaron de un progreso genético en el rendimiento de fibra, el porcentaje de desmote, el rendimiento de algodón bruto y el número de cápsulas (NC), mostrando una tasa media de crecimiento anual de $3,24 \text{ kg ha}^{-1}$, 0,05 %, $4,86 \text{ kg ha}^{-1}$ y 0,12 NC, respectivamente. Como resultado, las variedades más modernas tienen un mayor rendimiento de fibra, porcentaje de desmote, rendimiento de algodón bruto y número de cápsulas que las variedades más antiguas. Estos resultados indican

que los programas de mejoramiento genético del algodón en Argentina han logrado un progreso genético sustancial para el rendimiento de fibra y sus componentes. Además, Scarpin et al. (2023) enfatizaron que este progreso no resultó en una disminución de la calidad del algodón. Sin embargo, se necesita más investigación para mejorar el rendimiento de fibra, la calidad de la fibra y la adaptabilidad a diferentes ambientes. En la provincia de Santa Fe (Argentina), el cultivo de algodón se concentra en los departamentos de 9 de Julio, Vera y General Obligado, cada uno de los cuales presenta disparidades distintivas en cuanto a la composición del suelo y las condiciones ambientales. El tipo de clima en el norte de la provincia es subtropical según la clasificación climática de Köppen, con una estación seca en la región noroeste y sin estación seca en la región noreste de la provincia (ANIDA, 2024). Debido a estas diferencias, es esencial desarrollar genotipos para estas diferentes condiciones para avanzar en la mejora de los cultivos. Además, se necesitan esfuerzos adicionales para identificar genes o QTLs asociados con rasgos agro-nómicos y de calidad de fibra en variedades de algodón en Argentina a través de métodos de mapeo genético.

En un programa de mejora genética del algodón, combinar un alto rendimiento y calidad de la fibra es un reto clave. El primer paso crucial para un programa de mejora eficaz es caracterizar el germoplasma del algodón. Kearsey y Pooni (1996) destacaron la importancia de comprender las diferencias genéticas y la heredabilidad de los rasgos al momento de cruzar plantas. La heredabilidad muestra en qué medida los rasgos están influidos por la genética y puede estimarse comparando las varianzas de las generaciones segregantes y no segregantes. En el algodón, se han notificado estimaciones de heredabilidad para varios rasgos, como el rendimiento de fibra, los componentes del rendimiento, la calidad de la fibra, la altura de la planta, el aceite de semilla, el nudo de la primera rama reproductiva, la cápsulas a prueba de tormentas, entre otros (De Carvalho et al., 2022; Meredith, 1984; Nidagundi et al., 2023; Ribeiro et al., 2017; Tang et al., 1996). Estos estimadores ayudan a los mejoradores a decidir la

selección individual y a predecir cuánto pueden mejorar ciertos rasgos. Sin embargo, merece la pena tener en cuenta que el nivel de heredabilidad cambia en función del rasgo, la población y el ambiente en el que se cultivan.

Capítulo 1

Caracterización de entradas de algodón (*Gossypium hirsutum* L.) del banco de germoplasma de INTA mediante caracteres morfo-fisiológicos

1.1. Introducción

El algodón (*Gossypium hirsutum* L.) constituye una de las principales fuentes de fibra natural a nivel mundial y desempeña un papel estratégico en la industria textil global. En América Latina, Argentina se posiciona como el segundo productor de fibra de algodón después de Brasil, concentrando su producción principalmente en las provincias de Santa Fe, Chaco y Santiago del Estero. Además de abastecer la demanda interna, la producción nacional contribuye al mercado exportador, con destinos como Pakistán, Vietnam, Turquía, China, Indonesia y Bangladesh (ICAC, 2025; M. J. Paytas et al., 2023).

Durante la campaña 2024/25, Argentina alcanzó aproximadamente 683.000 hectáreas implantadas con algodón, destacándose la provincia de Santa Fe con un incremento del 26 % respecto de la campaña anterior y representando el 34 % del área nacional

sembrada (ICAC, 2025; Zorzon, 2025). Estos datos evidencian la creciente importancia del cultivo en el sistema productivo regional.

Con la creación del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) y la implementación de su programa de mejoramiento genético de algodón en 1956, los esfuerzos se orientaron al incremento del rendimiento potencial, la mejora de la calidad de fibra y la incorporación de resistencia genética frente a enfermedades de relevancia económica, tales como la mancha angular bacteriana (*Xanthomonas citri* subsp. *malvacearum*), el “azul” del algodón (Cotton leafroll dwarf virus) y la marchitez por *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum* (O. M. Royo et al., 2007; Scarpin et al., 2022; Scarpin et al., 2023). Como resultado, se ha logrado un progreso genético significativo en caracteres como rendimiento de fibra, porcentaje de fibra y número de capullos por planta, sin comprometer la calidad tecnológica (Scarpin et al., 2022; Scarpin et al., 2023). No obstante, el progreso sostenido continúa siendo necesario para responder a condiciones ambientales contrastantes y a las demandas de sistemas productivos cada vez más mecanizados.

En el norte de Santa Fe, donde predomina el sistema de cosecha tipo stripper, existe una demanda creciente de cultivares con arquitectura compacta y menor desarrollo vegetativo, que optimicen la eficiencia de cosecha y minimicen la contaminación de la fibra. El desarrollo de la cosechadora stripper “Javiyú”, generada por INTA Reconquista, representó un avance tecnológico significativo en la mecanización del cultivo (Pilatti et al., 2021). Paralelamente, la adopción de sistemas de siembra en hileras estrechas y altas densidades de población ha modificado la estructura del cultivo. Entre los productores, la configuración más difundida corresponde a espaciamientos de 52 cm entre hileras y densidades cercanas a 200.000 plantas ha⁻¹ (M. Paytas et al., 2011). Estos cambios tecnológicos subrayan la necesidad de desarrollar y seleccionar cultivares específicamente adaptados a dichos sistemas.

Un paso fundamental en los programas de mejoramiento orientados a satisfacer es-

tas demandas consiste en la caracterización del germoplasma disponible para identificar progenitores con caracteres complementarios. La colección de algodón del INTA, gestionada por la Red Nacional de Recursos Genéticos (REDGEN), conserva actualmente más de 700 accesiones, principalmente de *G. hirsutum*, junto con representaciones de *G. barbadense* y *G. barbadense* var. *brasiliensis* (Arriel et al., 2023). Esta diversidad genética constituye un recurso estratégico para el desarrollo de cultivares adaptados a condiciones agroecológicas locales y a sistemas de producción mecanizados. Su relevancia se ve reforzada por iniciativas regionales como el proyecto +Cotton, coordinado por la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) y la Agencia Brasileña de Cooperación (ABC), que resaltan la importancia de conservar y caracterizar germoplasma latinoamericano para fortalecer programas de mejoramiento enfocados en resiliencia climática y calidad de fibra (FAO & ABC, 2025).

El rendimiento en algodón es un carácter complejo determinado por la interacción de múltiples componentes, entre ellos número de capullos por planta, peso de capullo, porcentaje de fibra e índice de semilla, los cuales están fuertemente influenciados por la arquitectura del dosel, las relaciones fuente–destino y las condiciones ambientales durante el ciclo del cultivo (Constable & Bange, 2015; Pettigrew, 2004). Los caracteres fisiológicos, como la eficiencia fotosintética, la acumulación de biomasa y la partición de asimilados hacia órganos reproductivos, desempeñan un rol clave en la determinación del rendimiento y la calidad de fibra (Constable & Bange, 2015).

Parámetros tales como tasa fotosintética, conductancia estomática, contenido de clorofila estimado mediante lecturas SPAD y distribución de biomasa vegetativa y reproductiva aportan información valiosa para interpretar diferencias genotípicas en dinámica de crecimiento y determinación del rendimiento. En consecuencia, la integración de la caracterización morfo-fisiológica con la evaluación agronómica y tecnológica permite una comprensión más integral del desempeño genotípico, particularmente relevante

en sistemas productivos del norte argentino donde la estabilidad del rendimiento y la eficiencia de cosecha dependen de una arquitectura optimizada y un adecuado balance reproductivo.

A pesar de los avances logrados en el mejoramiento genético nacional, persiste una disponibilidad limitada de cultivares específicamente adaptados a la cosecha tipo stripper y a configuraciones de surcos estrechos. Asimismo, aunque diversos estudios han caracterizado germoplasma de algodón en función de caracteres agronómicos y de calidad de fibra (L. Klein et al., 2011; L. M. Klein et al., 2022; O. Royo, 1998; O. Royo et al., 2003), son escasos aquellos que integran atributos morfológicos y fisiológicos directamente vinculados con la adaptación a sistemas mecanizados (Diaz et al., 2011). Esta limitación restringe la identificación eficiente de líneas parentales que combinen alto rendimiento, calidad tecnológica y arquitectura adecuada para producción mecanizada.

En este contexto, los enfoques estadísticos multivariados, como el análisis de componentes principales (ACP) y el agrupamiento jerárquico utilizando la distancia de Gower, han sido ampliamente empleados para explorar conjuntos de datos fenotípicos complejos (Anwar et al., 2025; L. M. Klein et al., 2022; Mangi et al., 2024; Sarwar et al., 2021; Spoljaric et al., 2018; Ullah et al., 2022). Estas metodologías permiten la evaluación conjunta de caracteres cuantitativos y cualitativos, facilitando la identificación de patrones de variación y la delimitación de grupos genotípicos con características similares.

1.1.1. Hipótesis

Se plantea como hipótesis que dentro del banco de germoplasma de INTA existe variabilidad morfo-fisiológica significativa entre accesiones de *G. hirsutum*, y que dicha variabilidad permite identificar genotipos con combinaciones favorables de arquitectura compacta, eficiencia fisiológica y rendimiento de fibra, potencialmente adaptados a sistemas de producción mecanizados tipo stripper y a configuraciones de siembra en hileras

estrechas del norte argentino.

1.1.2. Objetivos

En función de lo expuesto, el presente capítulo tuvo como objetivo general realizar una evaluación integral de accesiones de algodón del banco de germoplasma de INTA.

Los objetivos específicos fueron:

- Caracterizar caracteres morfológicos, fenológicos, productivos y de calidad de fibra en un conjunto amplio de accesiones.
- Analizar parámetros fisiológicos y patrones de partición de biomasa en genotipos contrastantes seleccionados.
- Identificar líneas parentales promisorias para la generación de poblaciones de mejoramiento orientadas a mejorar la adaptación a ambientes contrastantes y a sistemas de producción mecanizados del norte argentino.

1.2. Materiales y métodos

1.2.1. Sitio experimental y material vegetal

El estudio se llevó a cabo en la Estación Experimental Agropecuaria Reconquista del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), ubicada en la provincia de Santa Fe, Argentina (29°15' S; 59°44' O; 50 m s.n.m.). Los ensayos se desarrollaron durante las campañas 2018–2020 bajo condiciones de invernadero.

Se evaluaron 26 entradas de algodón pertenecientes al banco de germoplasma de INTA, conservado en la Estación Experimental Sáenz Peña (Chaco, Argentina). La selección de estos materiales se realizó considerando su diversidad de origen geográfico y

su desempeño contrastante en rendimiento y calidad de fibra, según la información disponible en el banco de germoplasma. El conjunto incluyó materiales provenientes de Argentina, Australia, Camerún, Chad, China, Costa de Marfil, Pakistán, Senegal y Estados Unidos (Tabla 1.1).

Las plantas se cultivaron en macetas de 5 L conteniendo 2200 g de suelo sin disturbio (pH 6,7; P disponible: 165,7 mg kg⁻¹; Na⁺: 0,6 cmol⁺ kg⁻¹; K⁺: 0,8 cmol⁺ kg⁻¹; Ca²⁺: 27,0 cmol⁺ kg⁻¹; Mg²⁺: 2,2 cmol⁺ kg⁻¹; NH₄⁺: 76,3 mg kg⁻¹; NO₃⁻: 86,1 mg kg⁻¹) mezclado con 400 g de sustrato comercial (GrowMix® Multipro). El riego se realizó de manera regular con el fin de mantener la humedad próxima a capacidad de campo.

Los experimentos se dispusieron bajo un diseño en bloques completos aleatorizados (DBCA), considerando cada maceta con una planta como unidad experimental. Este diseño permitió minimizar posibles gradientes espaciales dentro del invernadero, particularmente aquellos asociados a luz y temperatura. Se establecieron tres repeticiones independientes por entrada.

1.2.2. Diversidad fenotípica del germoplasma de algodón: caracteres morfológicos, de rendimiento y calidad de fibra

Se realizó una caracterización inicial de las 26 entradas, evaluándose caracteres morfológicos, fenológicos, de rendimiento y de calidad de fibra (Tabla 1.2)

En el estado reproductivo de cut-out —definido cuando el número de nudos por encima de la última flor blanca en el tallo principal fue menor a cuatro (Bourland et al., 1992)— se registraron caracteres morfológicos cualitativos tales como forma de planta, tipo de arquitectura de canopia, tipo de floración (observado en la primera rama fructífera y clasificado según proximidad de cápsulas), forma de hoja, densidad de tricomas, tipo de bráctea (en la primera posición fructífera) y forma de cápsula, empleando los descriptores estandarizados para algodón upland («UPOV», 2018).

Tabla 1.1: Entradas de *Gossypium hirsutum* L. usadas en el presente estudio y su procedencia

Entradas	Procedencia	Entradas	Procedencia
BGSP-00166*	Argentina	BGSP-00748	China
BGSP-00177	Argentina	BGSP-00752	China
BGSP-00192	Argentina	BGSP-00755	China
BGSP-00193	Argentina	BGSP-00759	China
BGSP-00194	Argentina	BGSP-00779	China
BGSP-00207*	Argentina	BGSP-00067	Costa de Marfil
BGSP-00269*	Argentina	BGSP-00028	EEUU
SP 41255*	Argentina-Línea avanzada	BGSP-00145	EEUU
SP 6565*	Argentina-Línea avanzada	BGSP-00159*	EEUU
BGSP-00514	Australia	BGSP-00425*	EEUU
BGSP-00072	Camerún	BGSP-00428	EEUU
BGSP-00088	Camerún	BGSP-00715	Pakistán
BGSP-00070	Chad	BGSP-00126*	Senegal

Referencias: * Entradas que fueron seleccionadas para un mayor análisis

A madurez fisiológica (cuando todas las cápsulas se encontraban abiertas), se determinaron caracteres cuantitativos, incluyendo altura de planta (HP), número de nudos en el tallo principal (STEMNN), número de ramas monopodiales (MONON), número de nudos en ramas simpódicas (SYMNN), distancia desde la primera posición reproductiva al tallo principal (DFRP), así como la posición de la primera rama fructífera tanto en número de nudo (FFBN) como en altura (FFBH).

Cada planta fue cosechada individualmente para determinar rendimiento de algodón en bruto (SCY), rendimiento de fibra (LY), porcentaje de fibra (LP), peso de cápsula (BW) y número de cápsulas por planta (BN). La calidad de fibra —longitud (FL), resistencia (FS), micronaire (MIC) e índice de uniformidad (FU)— fue evaluada mediante un equipo High Volume Instrument (HVI Uster 1000, APPA – Reconquista, Santa Fe), utilizando muestras compuestas de las tres repeticiones.

Los caracteres fenológicos se determinaron como el número de días desde la emer-

gencia hasta los siguientes estadios: primer pimpollo (DFS), primera flor (DFF), cut-out (DCO), primera cápsula abierta (DBO) y madurez (DM).

Tabla 1.2: Morphological, phenological, yield, and fiber quality traits measured in 26 cotton accessions

Trait Category	Trait	Abbreviation	Unit	Description
Fiber Quality	Fiber length	FL	mm	Upper half mean length (UHML), measured with HVI
	Fiber strength	FS	g tex ⁻¹	Measured with HVI
	Micronaire	MIC	-	Measured with HVI
	Fiber uniformity	FU	%	Uniformity index, measured with HVI
Morphological (Qualitative)	Plant shape, canopy, flowering type, leaf shape, trichome density, bract type, boll shape	-	-	Scored according to Upland cotton descriptors
Morphological (Quantitative)	Plant height	HP	cm	Height of the plant at maturity in cm
	Main stem nodes	STEMNN	count	Number of nodes on main stem
	Monopodial branches	MONON	count	Number of monopodial (vegetative) branches
	Sympodial branch nodes	SYMNN	count	Number of sympodial branch nodes
	First fruiting branch position (node)	FFBN	count	First fruiting branch position measured by number of stem node
	First fruiting branch position (height)	FFBH	cm	First fruiting branch position measured by height in cm
	Distance to first reproductive position	DFRP	cm	Distance from the first reproductive position to the main stem in cm
Phenological	Days to first square	DFS	days	From seedling emergence to first square
	Days to first flower	DFF	days	From seedling emergence to first flower
	Days to cut-out	DCO	days	From seedling emergence to Cut Out (Bourland et al., 1992)
	Days to boll opening	DBO	days	From seedling emergence to first boll opening
	Days to maturity	DM	days	From seedling emergence to physiological maturity
Yield Components	Seed cotton yield	SCY	g plant ⁻¹	Total seed cotton weight per plant
	Lint yield	LY	g plant ⁻¹	Total lint weight per plant

Tabla 1.2: Morphological, phenological, yield, and fiber quality traits measured in 26 cotton accessions (continued)

Trait Category	Trait	Abbreviation	Unit	Description
	Lint percentage	LP	%	(Lint weight / Seed cotton weight) × 100
	Boll weight	BW	g	Average weight of harvested bolls
	Boll number per plant	BN	bolls plant ⁻¹	Total number of bolls per plant

1.2.3. Análisis de rendimiento, calidad de fibra, variables fisiológicas y partición de biomasa en accesiones contrastantes de algodón

A partir de la caracterización inicial, se seleccionaron ocho entradas contrastantes en función de su desempeño en componentes del rendimiento —especialmente porcentaje de fibra (LP)—, calidad de fibra y arquitectura de planta (particularmente bajo número de ramas monopodiales). Estas entradas fueron sometidas a una evaluación más exhaustiva.

Se realizaron dos experimentos independientes en distintos momentos, cada uno con nueve repeticiones por entrada, con el objetivo de incrementar la representatividad de los parámetros de calidad de fibra y mejorar la precisión estadística. Además de las variables previamente descriptas, se registraron número de semillas por cápsula (SNPB), índice de fibra (LI) e índice de semilla (SI).

1.2.4. Partición de biomasa y dinámica reproductiva

Las ocho entradas seleccionadas fueron evaluadas para partición de biomasa en cuatro momentos fenológicos: primer pimpollo (M1), primera flor (M2), primera cápsula abierta (M3) y madurez (M4). Se realizó muestreo destructivo, separando cada planta en componentes vegetativos (tallos, ramas vegetativas y hojas) y estructuras reproductivas (ramas simpódicas, pimpollos, flores, cápsulas verdes y abiertas, semillas y fibra).

Las muestras fueron secadas en estufa a 65 °C hasta peso constante para determinar biomasa total y su distribución relativa.

El diseño experimental correspondió a un DBCA con arreglo en parcelas divididas, considerando los momentos fenológicos como parcelas principales y las entradas como subparcelas.

La dinámica de floración y retención de estructuras reproductivas se determinó mediante mapeo detallado de posiciones fructíferas siguiendo la metodología propuesta por Kerby et al. (2010) .

1.2.5. Evaluación de caracteres fisiológicos

La tasa fotosintética neta (PN), conductancia estomática (gs) y contenido relativo de clorofila (SPAD) se midieron en tres momentos: en primera flor (M2) y a los 15 y 30 días posteriores. Las determinaciones de PN y gs se realizaron con un sistema LI-COR 6400, mientras que SPAD se registró con un medidor Minolta SPAD-502.

Se evaluaron cuatro repeticiones por entrada. Se seleccionaron cuatro hojas completamente expandidas del estrato superior de la canopia, las cuales fueron marcadas al inicio del experimento y medidas sucesivamente en cada fecha. Las mediciones se realizaron entre las 11:00 y 13:00 h bajo intensidades lumínicas de 900–1500 µmol fotones $m^{-2} s^{-1}$.

Tabla 1.3: Physiological and biomass partitioning traits measured in eight contrasting cotton accessions

Trait.Category	Trait	Abbreviation	Unit	Method
Additional Yield Traits	Seed number per boll	NSPB	count	Number of seeds per boll
	Lint index	LI	g	Weight of lint from 100 seeds
	Seed index	SI	g	Weight of 100 seeds
Biomass Partitioning	Total biomass	TB	g plant ⁻¹	Sum of vegetative and reproductive biomass
	Vegetative biomass	VB	g plant ⁻¹	Sum of stem, vegetative branches and leaves

Tabla 1.3: Physiological and biomass partitioning traits measured in eight contrasting cotton accessions (continued)

Trait.Category	Trait	Abbreviation	Unit	Method
Physiological	Reproductive biomass	RB	g plant ⁻¹	Sum of sympodial branches, squares, flowers, green and open bolls, seed, and fiber
	Net photosynthesis rate	PN	µmol CO ₂ m ⁻² s ⁻¹	LICOR 6400 gas exchange system
	Stomatal conductance	gs	mol H ₂ O m ⁻² s ⁻¹	LICOR 6400 gas exchange system
Reproductive Dynamics	Chlorophyll content	SPAD	SPAD units	Minolta SPAD 502
	Global retention	GR	%	Mapping according to Kerby et al. (2010). Global retention as the ratio of the total number of reproductive structures retained by the total number of reproductive positions generated per plant
	First position retention	R1P	%	Mapping according to Kerby et al. (2010). Retention as the ratio of the total number of reproductive structures retained in the first positions to the total number of reproductive positions generated in those same positions per plant

1.2.6. Análisis estadístico

Todos los análisis estadísticos se realizaron mediante el software R (R Core Team, 2024), adoptándose un nivel de significancia del 5 % ($p \leq 0,05$).

Para la caracterización de las 26 entradas, se verificó la normalidad de los caracteres cuantitativos mediante la prueba de Shapiro–Wilk. Posteriormente se aplicó análisis de varianza (ANOVA) y, cuando correspondió, comparación de medias mediante la prueba LSD de Fisher (Luo, 2024).

Los caracteres cualitativos se analizaron mediante frecuencias relativas. Asimismo, se realizó un análisis de conglomerados jerárquicos empleando la distancia de Gower y el método Ward.D, integrando variables cualitativas y cuantitativas. Los resultados se

representaron mediante dendrogramas y mapas de calor utilizando los paquetes cluster, dplyr y ComplexHeatmap (Gu, 2022; Maechler et al., 2025; Wickham et al., 2023).

Para las ocho entradas seleccionadas, los datos de rendimiento, componentes del rendimiento y calidad de fibra se analizaron mediante modelos lineales mixtos (LMM), utilizando el paquete nlme y el método REML (Pinheiro et al., 2025). Las entradas se consideraron efectos fijos, mientras que experimento y repetición se modelaron como efectos aleatorios. Cuando se detectaron diferencias significativas, se aplicó la prueba LSD de Fisher. Las asociaciones entre variables se evaluaron mediante coeficientes de correlación de Spearman (Conigrave, 2023).

La partición de biomasa y retención reproductiva se analizaron mediante modelos mixtos adaptados a un diseño en parcelas divididas, incluyendo momento, entrada y su interacción como efectos fijos. Se incorporaron estructuras de varianza específicas (varIdent) cuando se detectó heterogeneidad entre momentos.

Los caracteres fisiológicos se analizaron como medidas repetidas en el tiempo, considerando momento, entrada y su interacción como efectos fijos, y bloque e individuo (maceta) como efectos aleatorios.

Finalmente, se realizó un análisis de componentes principales (ACP) para explorar la diversidad global entre entradas.

1.3. Resultados y discusión

1.3.1. Diversidad fenotípica del germoplasma de algodón: caracteres morfológicos, de rendimiento y calidad de fibra

Caracteres morfológicos cualitativos

La distribución de frecuencias de los descriptores morfológicos cualitativos evaluados entre las accesiones se presenta en la **Figura 1.1**. La forma de cápsula fue predominantemente ovoide (88,5 %), seguida por circular (7,7 %) y elíptica ancha (3,8 %). Todas las accesiones presentaron brácteas normales. El tipo de canopia fue mayormente intermedio (69,2 %) y abierto (23,1 %), observándose escasas formas compactas (7,7 %).

En cuanto al tipo de floración, las plantas semicompactas fueron las más frecuentes (69,2 %), seguidas por no agrupadas (23,1 %) y agrupadas (7,7 %). La lámina foliar fue mayormente plana (96,1 %) y las hojas predominantemente palmeadas (96,1 %), registrándose una pequeña proporción de hojas cóncavas (3,9 %) y tipo okra (3,9 %). La pubescencia fue principalmente intermedia (76,9 %), mientras que los niveles débil y fuerte representaron cada uno el 11,5 %. Finalmente, la forma de planta fue predominantemente cilíndrica (61,5 %) y cónica (38,5 %).

Estos descriptores reflejan diferencias cualitativas observadas bajo condiciones de invernadero y deben interpretarse como indicadores exploratorios de diversidad fenotípica. La combinación de atributos tales como tipo de canopia, arquitectura de floración y morfología foliar sugiere la existencia de variabilidad estructural potencialmente relevante para la intercepción lumínica, ventilación del dosel y adaptación a sistemas de manejo intensivo. El detalle completo de los descriptores evaluados se presenta en la **Tabla S1** (Material Suplementario).

Caracteres morfológicos cuantitativos, rendimiento, sus componentes y calidad de fibra

Los valores medios de los caracteres morfológicos cuantitativos se presentan en la

Tabla S2. Se detectaron diferencias significativas entre accesiones para todos los caracteres evaluados.

La altura de planta (HP) varió entre 89,0 y 126,3 cm, mientras que el número de nudos en el tallo principal (STEMNN) osciló entre 13,0 y 17,0. El número de ramas monopodiales (MONON) presentó un rango de 0,3 a 2,7, en tanto que el número de nudos en ramas simpódicas (SYMNN) varió entre 9,7 y 13,3. La posición de la primera rama fructífera en número de nudo (FFBN) fluctuó entre 3,7 y 5,7, mientras que su altura (FFBH) varió entre 25,0 y 40,7 cm. La distancia desde la primera posición reproductiva al tallo principal (DFRP) osciló entre 3,9 y 14,3 cm.

El rendimiento en algodón en bruto (SCY) mostró valores entre 14,3 y 33,5 g planta⁻¹, mientras que el rendimiento de fibra (LY) varió entre 4,6 y 12,3 g planta⁻¹. El peso de cápsula (BW) osciló entre 2,6 y 4,7 g y el número de cápsulas por planta (BN) entre 4,7 y 8,7.

En términos de calidad tecnológica, la longitud de fibra (FL) varió entre 25,1 y 33,9 mm y la resistencia (FS) entre 21,5 y 37,6 g tex⁻¹. Los caracteres fenológicos evidenciaron también amplia variabilidad, con rangos de 19–27 días a primer pimpollo (DFS), 47–55 días a primera flor (DFF), 68–76 días a *cut-out* (DCO), 97–105 días a primera cápsula abierta (DBO) y 118–133 días a madurez (DM).

Para integrar simultáneamente todos los caracteres evaluados se realizó un análisis de conglomerados jerárquicos utilizando la distancia de Gower. El mapa de calor y los dendrogramas obtenidos mediante el método Ward.D se presentan en la **Figura 1.2**. Se distinguieron dos agrupamientos principales. El primero incluyó accesiones con forma de planta cónica y floración no agrupada, algunas de las cuales exhibieron calidad de fibra

superior. El segundo agrupó accesiones con canopia más compacta y floración agrupada, generalmente asociadas con mayor porcentaje de fibra y mayor número de cápsulas.

La necesidad de satisfacer simultáneamente demandas de calidad de fibra, rendimiento y adaptación a prácticas intensivas de manejo requiere ampliar la base genética disponible para los programas de mejoramiento. La colección de germoplasma del INTA, con diversidad documentada en atributos morfológicos, componentes de rendimiento y calidad de fibra (Arriel et al., 2023; L. Klein et al., 2011; O. Royo et al., 2003; Scarpin et al., 2019; Spoljaric et al., 2018), constituye una fuente estratégica de parentales potenciales.

La variabilidad observada en este estudio es consistente con reportes en colecciones de Estados Unidos (Hinze et al., 2025) y Asia (Farooq et al., 2017), mientras que análisis genómicos recientes en China han destacado la base genética relativamente estrecha del algodón cultivado (Y. Li et al., 2023). Iniciativas regionales como el proyecto +Algodón (FAO & ABC, 2025) también subrayan la importancia de conservar y utilizar diversidad del germoplasma latinoamericano para mejorar resiliencia climática y calidad de fibra.

1.3.2. Análisis de rendimiento, calidad de fibra, variables fisiológicas y partición de biomasa en accesiones contrastantes

Componentes del rendimiento y calidad de fibra

Las accesiones seleccionadas para el análisis detallado de rendimiento y calidad de fibra se indican con un asterisco en la Tabla 1. La selección se realizó considerando su pertenencia a distintos grupos identificados en el análisis de conglomerados jerárquicos (Fig. 1), así como los valores extremos observados en la Tabla S2. Se priorizaron accesiones con contrastes marcados en rendimiento de fibra (LY), porcentaje de fibra (LP), número de cápsulas por planta (BN) y atributos tecnológicos, incorporando además genotipos con arquitectura compacta y menor desarrollo monopodial, como BGSP-00166, por su potencial interés agronómico en sistemas mecanizados.

El análisis estadístico evidenció diferencias significativas ($p < 0,05$) entre accesiones para todos los caracteres vinculados al rendimiento y calidad de fibra (Tabla 4), lo que confirma la existencia de variabilidad genética aprovechable dentro del germoplasma evaluado.

La accesión SP-41255 presentó los mayores valores medios para SCY ($34,2 \text{ g planta}^{-1}$), LY ($15,8 \text{ g planta}^{-1}$), LP (45,8 %) y BN (9,2 cápsulas planta $^{-1}$), lo que refleja una estrategia productiva orientada a maximizar tanto la producción total como la eficiencia de desmote. Sin embargo, esta accesión exhibió el menor índice de semilla (SI = 7,7 g), indicando una mayor proporción de fibra respecto al peso de semilla.

En contraste, BGSP-00159 registró el menor SCY ($26,2 \text{ g planta}^{-1}$), mientras que BGSP-00166 presentó los valores más bajos de LY ($8,6 \text{ g planta}^{-1}$), LP (31,1 %), MIC (3,2) y BN (5,8 cápsulas planta $^{-1}$). No obstante, esta misma accesión mostró los valores más elevados de peso de cápsula (BW = $4,6 \text{ g cápsula}^{-1}$), SI (11,5 g), longitud de fibra (FL = 33,2 mm), resistencia (FS = $37,3 \text{ g tex}^{-1}$) y uniformidad (FU = 85,8 %), configurando un perfil de alta calidad tecnológica asociado a menor productividad.

BGSP-00269 presentó los menores valores de BW ($3,4 \text{ g cápsula}^{-1}$), número de semillas por cápsula (SNPB = 22,8) y FL (28,3 mm), aunque exhibió los mayores valores de índice de fibra (LI = 6,5 g) y MIC (4,3). Por su parte, BGSP-00425 se destacó por el mayor SNPB (30,6 semillas cápsula $^{-1}$), pero presentó los valores más bajos de LI (4,0 g) y FU (82,2 %). BGSP-00207 mostró los valores más bajos de FL (28,3 mm) y FS ($29,2 \text{ g tex}^{-1}$). Es particularmente relevante que BGSP-00166 y SP-41255 difirieron significativamente en casi todos los caracteres evaluados, excepto en SNPB, lo que confirma su marcada divergencia fenotípica.

Estos resultados evidencian una amplia variación fenotípica en rendimiento y calidad de fibra, en concordancia con lo reportado por (McCarty et al., 2006), quienes documentaron amplios rangos para SCY, LY, BW, LP, MIC, FL y FS en colecciones de germoplasma

estadounidense. Asimismo, refuerzan la existencia del conocido compromiso parcial entre rendimiento y calidad tecnológica (Y. Li et al., 2023).

El análisis de correlaciones de Spearman (Tabla S3) permitió profundizar en las relaciones entre caracteres. LY mostró una fuerte correlación positiva con BN, confirmando que el número de cápsulas constituye el principal determinante del rendimiento de fibra. También presentó correlaciones positivas moderadas con BW y LP, lo que indica que el incremento del rendimiento puede lograrse tanto por mayor número como por mayor peso individual de cápsulas y mayor proporción de fibra. Sin embargo, LY exhibió correlaciones negativas moderadas con FL, sugiriendo que el aumento del rendimiento puede asociarse a reducciones en longitud de fibra.

LP presentó correlaciones positivas con LY y BN, pero negativas con SI, lo que sugiere que el aumento del porcentaje de fibra puede lograrse a expensas del peso de semilla. Meredith (1984) reportó patrones similares, incluyendo correlaciones negativas entre LP y caracteres como FL y FS, lo que coincide parcialmente con nuestros resultados.

En conjunto, estos hallazgos indican que los programas de mejoramiento orientados a incrementar LY deberían priorizar el aumento de BN, ya que constituye el principal componente asociado al rendimiento. No obstante, el incremento de BN y LP debe manejarse cuidadosamente para evitar deterioros excesivos en calidad de fibra, particularmente en FL y FS. El desafío radica en encontrar un equilibrio fisiológico y genético que permita maximizar rendimiento sin comprometer atributos tecnológicos clave.

Partición de biomasa, retención reproductiva y análisis fisiológico

La dinámica temporal de acumulación y partición de biomasa en ocho accesiones contrastantes se presenta en la Fig. 2. Durante las etapas tempranas de desarrollo (M1–M2), la biomasa vegetativa (VB), compuesta principalmente por tallos y hojas, representó la mayor proporción de materia seca total. A partir del inicio de floración

(M3) y hacia madurez (M4), se observó un desplazamiento progresivo hacia una mayor asignación a estructuras reproductivas, evidenciando el cambio fisiológico desde crecimiento vegetativo hacia reproducción.

El análisis estadístico mostró efectos altamente significativos ($p < 0,001$) del momento, la accesión y su interacción (Tabla S4), lo que indica que las accesiones no solo difieren en magnitud de acumulación de biomasa, sino también en su patrón temporal de asignación.

En madurez (M4), BGSP-00207 presentó la mayor acumulación en ramas reproductivas, mientras que BGSP-00166 mostró la menor acumulación tanto en ramas vegetativas como reproductivas, consistente con su arquitectura compacta. SP-41255 y BGSP-00126 acumularon mayor biomasa en ramas vegetativas, lo que sugiere una estrategia de crecimiento más expansiva previa a la transición reproductiva.

Estas diferencias en arquitectura y partición coinciden con estudios que indican que la ramificación en algodón está fuertemente determinada por factores genéticos (Huang et al., 2022; McGarry et al., 2016; Sun et al., 2022). Asimismo, la densidad de siembra modula estos patrones, ya que mayores densidades reducen la ramificación lateral y favorecen asignación reproductiva (T. Li et al., 2019).

La retención reproductiva (Fig. 3) mostró una disminución progresiva desde M2 hasta M4, reflejando competencia creciente por asimilados durante el llenado de cápsulas. Se observaron diferencias claras entre accesiones en retención global (GR) y de primera posición (R1P). BGSP-00269 y SP-41255 mantuvieron mayores valores de GR y R1P, indicando mayor eficiencia en establecimiento y mantenimiento de frutos tempranos, que suelen asociarse a mayor peso y mejor calidad de fibra.

El análisis estadístico (Tabla S5) confirmó efectos significativos de momento y accesión para GR ($p = 0,0017$) y una interacción significativa momento \times accesión ($p = 0,0119$),

lo que indica diferencias genotípicas en la capacidad de retener estructuras reproductivas a lo largo del ciclo.

La posición de las cápsulas dentro del dosel tiene implicancias directas sobre rendimiento y calidad. Estudios previos (Davidonis et al., 2004; Nie et al., 2019; J. Zhang et al., 2021) demostraron que cápsulas ubicadas en posiciones intermedias presentan mayor longitud y resistencia de fibra, mientras que posiciones superiores tienden a producir menores valores de micronaire. Por lo tanto, accesiones con mayor retención en posiciones tempranas, como BGSP-00269 y SP-41255, no solo incrementan número de frutos sino que optimizan su calidad potencial.

Las variables fisiológicas (Fig. 4) mostraron una disminución progresiva de la tasa fotosintética neta ($P_{N_}$), conductancia estomática ($g_{s_}$) y SPAD desde M2 en adelante. El efecto del momento fue altamente significativo para $P_{N_}$ y SPAD ($p < 0,001$), mientras que la accesión y la interacción fueron significativas únicamente para $P_{N_}$ (Tabla S6), lo que indica que las diferencias genotípicas estuvieron principalmente asociadas a capacidad fotosintética.

BGSP-00425 presentó una disminución más pronunciada en $P_{N_}$, lo que podría explicar su menor acumulación final de biomasa. En contraste, accesiones con perfiles más estables de $P_{N_}$ mostraron mejor desempeño reproductivo. Estos resultados coinciden con J. Li et al. (2019), quienes demostraron que la fotosíntesis neta es un determinante clave del rendimiento en algodón.

En conjunto, la integración de partición de biomasa, retención reproductiva y fisiología evidencia que el rendimiento no depende exclusivamente de la formación de estructuras reproductivas, sino de la eficiencia en la provisión y asignación de carbono durante el período crítico de llenado. Las diferencias observadas reflejan estrategias genotípicas contrastantes de balance fuente–destino, con implicancias directas para la selección de parentales adaptados a sistemas mecanizados y de alta densidad.

Análisis de Componentes Principales

El análisis de componentes principales (ACP) realizado a partir de las variables significativas permitió sintetizar la variabilidad fenotípica observada entre las accesiones evaluadas. El primer componente principal (CP1) explicó el 55,89 % de la variación total, mientras que el segundo componente (CP2) explicó el 14,54 % (Fig. 5), concentrando en conjunto más del 70 % de la variabilidad del conjunto de datos. Esto indica que una proporción sustancial de la estructura fenotípica puede interpretarse mediante la combinación lineal de estos dos ejes principales.

La distribución de las accesiones en el biplot evidenció un claro gradiente asociado a la relación entre rendimiento y calidad de fibra. Las accesiones ubicadas en los cuadrantes izquierdos del gráfico, tales como BGSP-00166, BGSP-00159 y BGSP-00425, se asociaron con mayores valores de calidad de fibra, particularmente longitud de fibra (FL), resistencia de fibra (FS) y uniformidad (FU), así como con mayor índice de semilla (SI). Sin embargo, estas accesiones presentaron valores inferiores en caracteres vinculados al rendimiento, tales como rendimiento de algodón en bruto (SCY), rendimiento de fibra (LY), índice de fibra (LI), número de cápsulas por planta (BN) y porcentaje de fibra (LP). Este patrón sugiere un perfil genotípico orientado hacia calidad tecnológica, aunque con menor expresión de componentes productivos.

En contraste, las accesiones posicionadas en el lado derecho del biplot, incluyendo SP-41255, SP-6565, BGSP-00269, BGSP-00207 y BGSP-00126, se asociaron con mayor producción de biomasa (tallos, biomasa total, ramas monopodiales y simpodiales) y con un mejor desempeño en caracteres de rendimiento. Estas accesiones mostraron mayores valores de SCY, LY, LI, BN y LP, aunque con valores relativamente menores en atributos de calidad de fibra. Este comportamiento resulta coherente con los patrones previamente observados en el análisis de partición de biomasa (Fig. 2) y en la dinámica de retención reproductiva (Fig. 3), donde estos genotipos presentaron mayor acumulación de biomasa.

sa reproductiva y mayor retención global (GR) y de primera posición (R1P). Asimismo, variables fisiológicas como la tasa fotosintética neta (P_N_) contribuyeron positivamente al eje derecho del CP1, reforzando su asociación con el desempeño productivo.

Tanto el ACP como los coeficientes de correlación de Spearman (Tabla S3) permitieron identificar relaciones estructurales entre los caracteres evaluados. En particular, el rendimiento de fibra (LY) mostró una fuerte correlación positiva con el número de cápsulas (BN), una correlación positiva moderada con el peso de cápsula (BW) y el porcentaje de fibra (LP), y una correlación negativa moderada con la longitud de fibra (FL). Este patrón confirma la existencia de una relación antagónica parcial entre rendimiento y calidad de fibra, fenómeno ampliamente documentado en algodón.

El análisis de componentes principales es una herramienta de uso rutinario en la identificación de similitudes y divergencias entre genotipos de algodón en función de múltiples caracteres simultáneamente (Farooq et al., 2017; L. M. Klein et al., 2022; Shakeel et al., 2015). En el presente estudio, el ACP permitió identificar accesiones contrastantes desde el punto de vista productivo y tecnológico. En particular, BGSP-00166 se asoció fuertemente con mayores valores de calidad de fibra (FL, FS, FU) y mayor tamaño de semilla (SI), mientras que SP-41255 se asoció con mayores valores en caracteres vinculados al rendimiento, tales como SCY, LY, LI, BN y LP.

La accesión SP-41255 se destacó por su desempeño productivo, exhibiendo los mayores valores de LP y BN y los menores valores de BW y SI, en concordancia con lo reportado por Scarpin et al. (2022) en un estudio sobre progreso genético en rendimiento y sus componentes en 20 cultivares de algodón. De manera consistente con nuestras observaciones, SP-41255 se vinculó a caracteres superiores de rendimiento, particularmente mayor porcentaje de fibra y número de cápsulas (Fig. 5). Resultados similares fueron reportados por McCarty et al. (2006), quienes observaron que accesiones con mayor expresión de caracteres de rendimiento tendían a presentar valores inferiores en calidad

de fibra, confirmando la existencia de un compromiso fisiológico y genético entre ambos grupos de caracteres.

En conjunto, el análisis multivariado respalda la identificación de líneas parentales complementarias para programas de mejoramiento genético. Los perfiles contrastantes de BGSP-00166 y SP-41255 representan una oportunidad estratégica para combinar calidad de fibra y potencial de rendimiento mediante esquemas de recombinación dirigida, contribuyendo al desarrollo de ideotipos adaptados a sistemas de producción mecanizados y de alta densidad.

Este enfoque integrador, que combina la evaluación agronómica, fisiológica y tecnológica de la fibra, fortalece la caracterización temprana del germoplasma y aporta criterios objetivos para la selección de parentales en programas de mejoramiento orientados a sistemas de producción mecanizados y de alta eficiencia.

Tabla 1.4: Descriptores

Entradas	Característica de planta			Característica de hoja			Bráctea	Cápsula
	Forma	Canopia	Tipo Floración	Forma	Lámina	Pubescencia		
BGSP-00028	Cónica	Abierta	Individual	Palmada	Plana	Escasa	Normal	Cónica
BGSP-00067	Cónica	Abierta	Individual	Palmada	Plana	Escasa	Normal	Cónica
BGSP-00070	Cilíndrica	Medio	Medio Agrupada	Palmada	Plana	Media	Normal	Cónica
BGSP-00072	Cilíndrica	Medio	Medio Agrupada	Palmada	Plana	Media	Normal	Cónica
BGSP-00088	Cónica	Medio	Individual	Palmada	Plana	Fuerte	Normal	Cónica
BGSP-00126	Cilíndrica	Medio	Medio Agrupada	Palmada	Plana	Escasa	Normal	Cónica
BGSP-00145	Cónica	Medio	Individual	Palmada	Plana	Media	Normal	Cónica
BGSP-00159	Cilíndrica	Medio	Medio Agrupada	Palmada	Plana	Media	Normal	Cónica
BGSP-00166	Cilíndrica	Compacta	Agrupada	Palmada	Plana	Media	Normal	Cónica
BGSP-00177	Cónica	Abierta	Medio Agrupada	Palmada	Plana	Media	Normal	Cónica
BGSP-00192	Cilíndrica	Medio	Medio Agrupada	Palmada	Plana	Media	Normal	Cónica
BGSP-00193	Cilíndrica	Medio	Medio Agrupada	Palmada	Plana	Media	Normal	Cónica
BGSP-00194	Cilíndrica	Compacta	Agrupada	Palmada	Plana	Media	Normal	Cónica
BGSP-00207	Cónica	Abierta	Individual	Palmada	Plana	Fuerte	Normal	Cónica
BGSP-00269	Cilíndrica	Medio	Medio Agrupada	Palmada	Plana	Media	Normal	Cónica
BGSP-00425	Cilíndrica	Medio	Medio Agrupada	Palmada	Plana	Media	Normal	Cónica
BGSP-00428	Cilíndrica	Medio	Medio Agrupada	Palmada	Plana	Media	Normal	Redonda
BGSP-00514	Cónica	Abierta	Individual	Digitada (Okra)	Plana	Media	Normal	Cónica
BGSP-00715	Cónica	Medio	Medio Agrupada	Palmada	Plana	Fuerte	Normal	Cónica
BGSP-00748	Cónica	Medio	Medio Agrupada	Palmada	Plana	Media	Normal	Elíptica
BGSP-00752	Cónica	Medio	Medio Agrupada	Palmada	Plana	Media	Normal	Cónica
BGSP-00755	Cilíndrica	Medio	Medio Agrupadas	Palmada	Plana	Media	Normal	Cónica
BGSP-00759	Cilíndrica	Abierta	Medio Agrupada	Palmada	En copa	Media	Normal	Redonda
BGSP-00779	Cilíndrica	Medio	Medio Agrupada	Palmada	Plana	Media	Normal	Cónica
SP 41255	Cilíndrica	Medio	Medio Agrupada	Palmada	Plana	Media	Normal	Cónica
SP 6565	Cilíndrica	Medio	Medio Agrupada	Palmada	Plana	Media	Normal	Cónica

Tabla 1.5: Datos conjuntos...

Entradas	Características morfológicas							Rendimiento y sus componentes					Calidad de fibra				Fenología				
	AP	NN	NRV	NRR	N1RR	A1RR	D1P	RB	RF	RFD	PC	NC	UHML	Str	Mic	IU	DPP	DPF	DCO	DPCA	DFC
BGSP-00028	106,3 (5,5)	13,3 (0,9)	1,0 (0,6)	10,7 (0,7)	3,7 (0,3)	25,3 (0,7)	9,3 (0,7)	24,1 (2,0)	8,7 (0,6)	36,5 (0,7)	4,3 (0,3)	5,7 (0,3)	30,7	34,0	3,1	84,1	25	51	74	118	163
BGSP-00067	102,0 (4,0)	14,7 (0,7)	1,3 (0,3)	11,0 (0,6)	4,7 (0,3)	27,0 (1,7)	11,0 (1,5)	23,3 (3,3)	8,2 (1,0)	36,0 (1,9)	2,8 (0,2)	8,3 (1,2)	26,8	37,0	2,9	80,8	25	54	74	128	163
BGSP-00070	109,3 (0,3)	14,3 (0,3)	1,3 (0,3)	9,7 (0,3)	5,7 (0,7)	40,7 (4,2)	9,7 (1,9)	19,9 (1,3)	7,7 (0,8)	39,6 (0,8)	3,4 (0,3)	6,0 (0,6)	32,5	31,0	3,8	84,6	27	53	76	128	163
BGSP-00072	113,3 (4,3)	17,0 (0,0)	1,3 (0,3)	13,3 (0,3)	4,7 (0,3)	27,3 (3,2)	7,3 (1,8)	26,3 (2,2)	9,8 (0,9)	38,3 (0,6)	3,5 (0,4)	7,7 (0,3)	28,1	28,2	4,3	82,6	25	54	80	130	162
BGSP-00088	104,3 (5,8)	14,3 (0,7)	1,7 (0,3)	10,7 (0,3)	4,7 (0,3)	28,3 (2,7)	14,3 (1,2)	31,0 (3,2)	11,3 (1,1)	37,1 (0,4)	4,4 (0,2)	7,0 (0,6)	31,6	36,5	3,5	86,2	25	54	78	135	163
BGSP-00126	126,3 (3,8)	14,9 (0,2)	1,5 (0,2)	11,3 (0,3)	4,6 (0,1)	37,4 (1,4)	8,9 (0,9)	16,0 (0,6)	6,6 (0,3)	42,9 (0,3)	2,7 (0,2)	6,0 (0,3)	29,9	32,4	2,8	83,5	25	54	79	132	163
BGSP-00145	89,0 (4,5)	14,3 (0,3)	1,0 (0,6)	11,3 (0,3)	4,0 (0,0)	25,7 (0,9)	9,7 (1,8)	16,1 (3,1)	6,1 (1,1)	38,6 (0,7)	3,6 (0,6)	4,7 (0,9)	26,9	26,6	3,5	80,8	25	52	73	121	163
BGSP-00159	104,3 (3,6)	14,3 (0,3)	1,1 (0,2)	11,0 (0,2)	4,3 (0,2)	31,8 (1,9)	11,4 (0,6)	14,3 (0,6)	5,1 (0,2)	36,8 (0,6)	2,7 (0,1)	5,2 (0,2)	30,0	34,4	2,5	82,7	22	49	74	114	161
BGSP-00166	109,0 (3,0)	15,2 (0,2)	0,8 (0,2)	11,8 (0,3)	4,4 (0,2)	30,6 (1,2)	3,9 (0,6)	18,2 (0,5)	5,5 (0,2)	31,1 (0,4)	3,6 (0,1)	5,1 (0,2)	33,9	37,6	2,5	86,1	23	52	74	124	163
BGSP-00177	103,7 (3,3)	14,3 (0,3)	1,7 (0,3)	10,7 (0,3)	4,7 (0,3)	32,7 (3,4)	13,7 (1,7)	24,5 (2,2)	7,9 (0,8)	33,0 (0,4)	4,2 (0,8)	6,0 (0,6)	29,2	30,7	4,2	82,9	26	53	75	127	164
BGSP-00192	101,3 (5,8)	15,0 (0,0)	1,7 (0,3)	11,0 (0,0)	5,0 (0,0)	29,0 (2,1)	11,3 (0,9)	18,7 (3,3)	7,1 (1,1)	37,9 (2,0)	3,3 (0,4)	5,7 (0,3)	28,2	31,9	3,5	83,3	25	54	76	124	162
BGSP-00193	106,7 (5,5)	15,3 (0,3)	2,7 (0,3)	11,3 (0,3)	5,0 (0,0)	30,7 (0,9)	8,0 (1,7)	29,4 (3,9)	10,9 (1,4)	38,1 (1,8)	4,2 (0,6)	7,0 (0,0)	30,2	33,8	3,5	85,5	25	55	78	137	162
BGSP-00194	92,7 (3,2)	14,7 (0,3)	2,3 (0,3)	10,7 (0,3)	5,0 (0,0)	31,3 (0,7)	5,7 (3,2)	24,0 (3,1)	9,6 (1,4)	40,9 (0,8)	3,7 (0,4)	6,7 (0,9)	29,9	32,6	3,7	85,0	25	55	75	118	163
BGSP-00207	105,0 (8,5)	15,3 (0,2)	0,7 (0,2)	12,2 (0,2)	4,2 (0,1)	29,4 (0,8)	10,1 (1,0)	16,2 (0,6)	6,7 (0,2)	43,6 (0,5)	2,8 (0,1)	5,8 (0,2)	28,6	28,4	2,8	83,2	23	52	79	135	164
BGSP-00269	113,0 (3,7)	14,7 (0,2)	1,2 (0,2)	11,2 (0,2)	4,4 (0,1)	34,2 (1,6)	8,3 (0,8)	16,9 (0,5)	7,1 (0,3)	43,7 (0,5)	2,9 (0,2)	6,1 (0,3)	29,2	33,4	3,9	84,1	23	52	75	133	163
BGSP-00425	105,2 (3,3)	13,8 (0,1)	0,9 (0,3)	10,8 (0,1)	4,0 (0,0)	25,5 (0,7)	8,4 (0,9)	15,1 (0,5)	4,6 (0,2)	31,5 (0,3)	2,6 (0,1)	5,8 (0,3)	32,1	32,6	2,3	82,2	25	53	73	130	163
BGSP-00428	105,3 (7,3)	15,3 (0,3)	0,7 (0,3)	12,0 (0,6)	4,3 (0,3)	28,0 (2,9)	8,7 (2,4)	21,4 (3,6)	8,7 (1,4)	40,1 (0,4)	4,3 (0,7)	5,0 (0,6)	25,1	23,1	4,0	80,0	23	49	74	113	163
BGSP-00514	99,0 (8,0)	16,0 (0,0)	2,7 (0,3)	12,3 (0,3)	4,7 (0,3)	25,0 (1,5)	11,7 (1,7)	28,0 (2,8)	11,7 (1,2)	42,3 (0,4)	4,2 (0,2)	6,7 (0,9)	29,0	32,0	2,7	83,6	23	52	76	117	161
BGSP-00715	102,0 (8,5)	14,7 (0,9)	0,3 (0,3)	11,7 (0,9)	4,0 (0,0)	27,3 (2,3)	13,0 (1,2)	24,0 (3,6)	9,8 (1,2)	41,6 (1,2)	3,4 (0,4)	7,0 (0,6)	27,2	31,7	4,0	83,5	24	55	78	134	163
BGSP-00748	105,7 (0,9)	15,0 (0,0)	1,7 (0,3)	12,0 (0,0)	4,0 (0,0)	25,7 (1,2)	12,0 (0,6)	33,5 (1,8)	12,3 (1,0)	39,0 (2,4)	4,4 (0,1)	7,7 (0,3)	26,3	21,5	3,9	80,9	23	52	74	135	164
BGSP-00752	103,3 (5,2)	15,3 (0,3)	2,7 (0,3)	11,3 (0,3)	5,0 (0,0)	29,3 (0,7)	10,3 (0,9)	27,2 (2,1)	11,3 (1,2)	42,1 (1,9)	4,1 (0,1)	6,7 (0,3)	31,8	26,7	3,6	84,1	25	55	79	135	162
BGSP-00755	97,3 (3,3)	13,0 (0,0)	2,7 (0,3)	10,0 (0,0)	4,0 (0,0)	28,7 (0,3)	10,3 (0,7)	26,3 (2,0)	10,0 (0,7)	38,5 (0,8)	4,7 (0,2)	5,7 (0,7)	29,8	31,4	3,3	84,2	25	53	75	124	163
BGSP-00759	108,3 (5,0)	14,0 (0,6)	1,0 (0,6)	10,0 (1,0)	5,0 (0,6)	38,3 (5,5)	9,7 (2,4)	24,6 (3,6)	8,7 (1,5)	38,3 (1,1)	4,7 (0,6)	5,7 (1,5)	27,8	23,9	4,1	82,3	25	54	77	134	163
BGSP-00779	112,3 (1,9)	16,0 (0,0)	1,3 (0,3)	12,3 (0,3)	4,7 (0,3)	30,3 (1,8)	11,7 (0,7)	26,3 (1,5)	10,4 (0,5)	40,5 (0,7)	3,0 (0,1)	8,7 (0,3)	30,2	31,5	2,7	84,4	25	55	76	126	161
SP 41255	122,3 (2,9)	15,2 (0,1)	1,2 (0,2)	11,8 (0,2)	4,4 (0,1)	32,7 (1,1)	11,2 (0,8)	20,7 (0,7)	8,8 (0,4)	44,7 (0,5)	2,8 (0,1)	7,3 (0,3)	30,9	32,3	3,0	84,1	23	52	76	124	162
SP 6565	120,8 (1,9)	15,7 (0,2)	1,3 (0,2)	12,2 (0,2)	4,5 (0,2)	35,8 (1,6)	8,4 (0,6)	17,3 (0,5)	6,9 (0,2)	41,2 (0,3)	2,6 (0,1)	6,8 (0,3)	29,9	33,3	3,0	84,6	25	55	79	131	162
p-valor	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	-	-	-	-	-	-	-	-	
L.S.D Fisher	17,96	1	0,99	1,05	0,74	6,29	3,89	4,3	1,76	2,46	0,76	1,42	-	-	-	-	-	-	-	-	

Referencias: AP: altura de planta a madurez en cm; NN: número de nudos en el tallo principal; NRV: número de ramas monopodiales (vegetativas); NRR: número de nudos de ramas simpodiales; N1RR: posición de la primera rama fructífera medida como número de nudo del tallo; A1RR: posición de la primera rama fructífera medida como altura en cm; D1P: distancia desde la primera posición reproductiva al tallo principal en cm. RB: rendimiento de algodón en bruto en g; RF: rendimiento de fibra en g; RFD: porcentaje de fibra en %; PC: peso de capullo en g; NC: número de capullos por planta. UHML: longitud de fibra en mm; Str: resistencia de fibra en g tex-1; Mic: micronaire; IU: uniformidad de fibra en %. DPP: días desde emergencia de plántula hasta primer botón floral; DPF: días desde emergencia hasta primera flor; DCO: días desde emergencia hasta cut out; DPCA: días desde emergencia hasta apertura del primer capullo; DM: días desde emergencia hasta madurez.

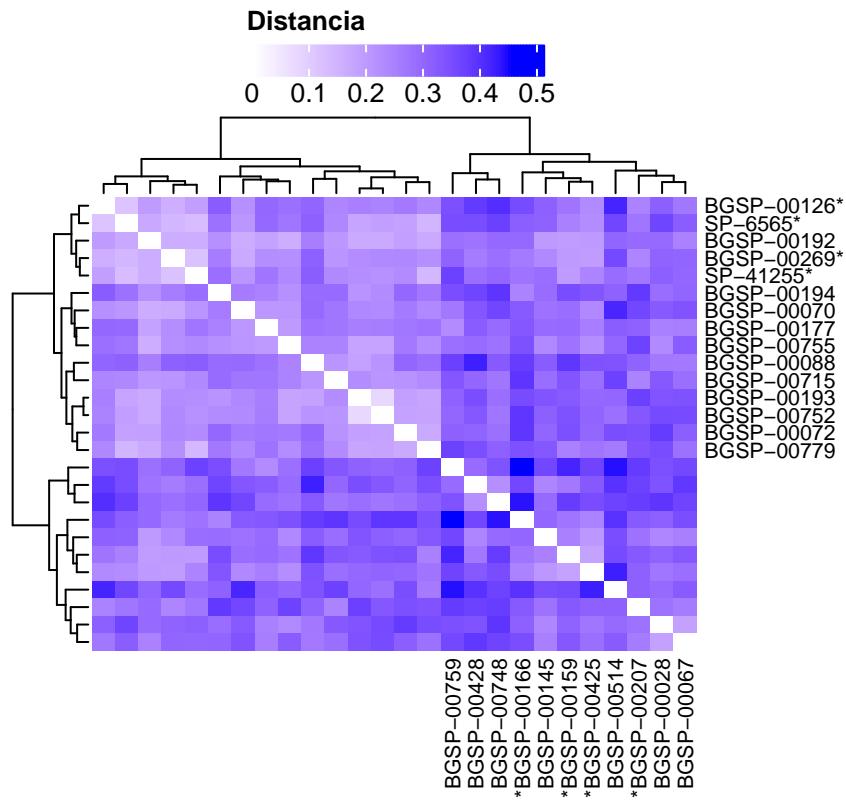


Figura 1.1: Heatmap que muestra las distancias calculadas entre los datos utilizando la métrica de Gower.

Tabla 1.6: Valores medios, error estándar (entre paréntesis) y prueba L.S.D. (diferencia mínima significativa) de Fisher para rendimiento de fibra, sus componentes y calidad.

Entradas	Rendimiento y sus componentes								Calidad de fibra			
	RB	RF	RFD	PC	NC	IS	IF	NSC	UHML	Str	Mic	IU
BGSP-00126	30,5 (6,6)	13,2 (2,9)	43,1 (0,4)	3,6 (0,4)	8,0 (1,0)	8,7 (0,3)	6,2 (0,3)	25,0 (1,6)	29,8 (0,3)	30,4 (1,3)	3,5 (0,4)	83,8 (1,0)
BGSP-00159	26,2 (5,4)	9,5 (1,9)	36,3 (0,8)	4,1 (0,5)	6,2 (0,6)	10,3 (1,0)	5,6 (0,7)	26,8 (0,7)	28,4 (0,9)	33,2 (2,1)	3,7 (0,5)	82,7 (0,5)
BGSP-00166	27,5 (4,3)	8,6 (1,4)	31,2 (0,3)	4,6 (0,4)	5,8 (0,5)	11,5 (0,5)	5,0 (0,4)	28,9 (0,8)	33,2 (0,5)	37,3 (2,0)	3,2 (0,3)	85,8 (0,6)
BGSP-00207	30,2 (6,3)	13,1 (2,7)	43,5 (0,4)	3,6 (0,4)	8,0 (1,0)	8,3 (0,2)	6,2 (0,3)	25,2 (2,0)	28,3 (0,4)	29,2 (0,7)	3,4 (0,3)	83,5 (0,4)
BGSP-00269	29,8 (5,8)	12,9 (2,5)	43,4 (0,4)	3,4 (0,2)	8,6 (1,1)	8,8 (0,4)	6,5 (0,2)	22,8 (1,9)	28,3 (0,5)	31,6 (1,2)	4,3 (0,2)	83,7 (0,3)
BGSP-00425	31,5 (7,4)	11,3 (2,9)	34,2 (1,2)	3,6 (0,4)	8,3 (1,1)	7,9 (0,4)	4,0 (0,6)	30,6 (0,9)	30,4 (1,0)	31,3 (1,6)	3,4 (0,5)	82,2 (0,2)
SP-41255	34,2 (6,1)	15,8 (3,0)	45,8 (0,6)	3,7 (0,5)	9,2 (1,0)	7,7 (0,1)	6,2 (0,3)	26,8 (2,8)	29,8 (0,7)	32,2 (1,2)	3,8 (0,3)	83,6 (0,7)
SP-6565	30,1 (5,8)	12,5 (2,4)	41,4 (1,0)	3,7 (0,6)	8,2 (0,7)	8,9 (0,4)	5,9 (0,2)	25,5 (3,0)	30,1 (0,5)	32,5 (0,9)	3,7 (0,3)	84,9 (0,6)
p-value	0,005	<0,001	<0,001	0,002	<0,001	<0,001	<0,001	0,014	<0,001	0,017	<0,001	0,003
Fisher's L.S.D	3,68	1,91	1,99	0,57	1,19	1,35	0,75	4,04	1,38	4,03	0,43	1,66

Referencias: RB: rendimiento de algodón en bruto en g; RF: rendimiento de fibra en g; RFD: porcentaje de fibra en %; PC: peso de capullo en g; NC: número de capullos por planta; IS: índice de semilla en g; IF: índice de fibra en g; NSC: número de semillas por capullo. UHML: longitud de fibra en mm; Str: resistencia de fibra en g tex-1; Mic: micronaire; IU: uniformidad de fibra en %.

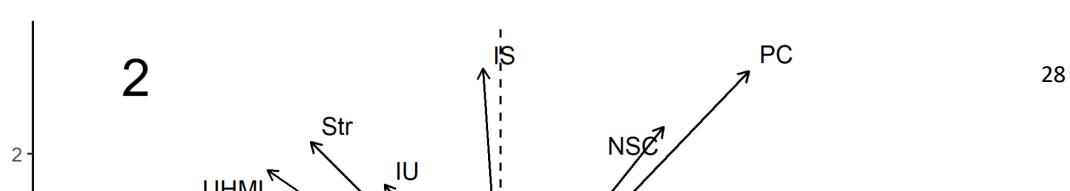
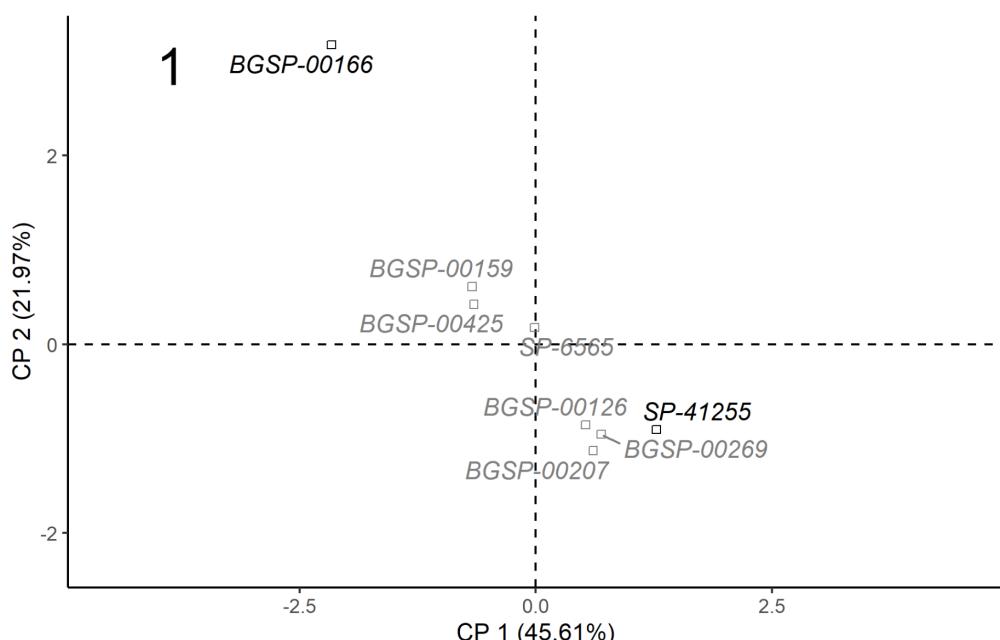


Tabla 1.7: Correlación de Spearman entre los rasgos evaluados en el germosplasma de colección

	RB	RF	RFD	PC	NC	IS	IF	NSC	UHML	Str	Mic
RF	.94***	-									
RFD	.24	.48***	-								
PC	.75***	.67***	-.15	-							
NC	.86***	.89***	.42**	.43**	-						
IS	.01	-.09	-.51***	.41**	-.27	-					
IF	.52***	.70***	.54***	.49***	.49***	.20	-				
NSC	.54***	.38**	-.34*	.69***	.30*	-.03	-.06	-			
UHML	-.35*	-.46**	-.36*	-.15	-.42**	.14	-.46**	.06	-		
Str	-.14	-.27	-.42**	.07	-.30*	.51***	-.17	-.08	.38**	-	
Mic	.79***	.83***	.35*	.64***	.77***	.06	.71***	.28	-.53***	-.23	-
IU	-.05	-.06	-.01	.09	-.10	.40**	.09	-.14	.34*	.46***	-.10

Referencias: *p <0.05, **p <0.01 and *** p <0.001. RB: rendimiento de algodón en bruto en g; RF: rendimiento de fibra en g; RFD: porcentaje de fibra en %; PC: peso de capullo en g; NC: número de capullos por planta; IS: índice de semilla en g; IF: índice de fibra en g; NSC: número de semillas por capullo. UHML: longitud de fibra en mm; Str: resistencia de fibra en g tex-1; Mic: micronaire; IU: uniformidad de fibra en %.

Valores Ajustados Promedios por Momento y Entradas

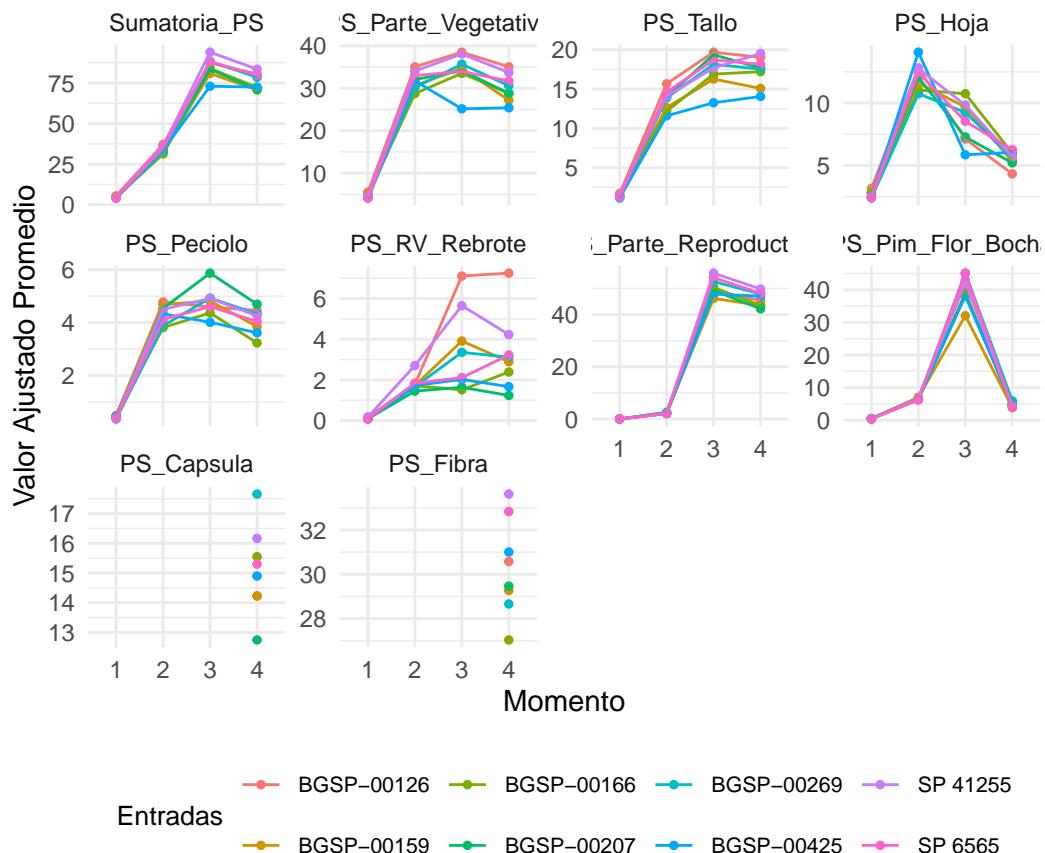


Tabla 1.8: Acumulacion de biomasa en estructuras vegetativas, tallo, hojas, peciolos, ramas vegetativas, rebrote, biomasa reproductiva, pimpollo, flor, bocha, cápsula, semilla

ANOVA						
Rasgos	Fuente	GLNum	GLDen	F	p-valor	
Biomasa Total	(Intercept)	1	193	62.54	<0.0001	
	Momento	3	21	92.71	<0.0001	
	Entradas	7	193	6.34	<0.0001	
	Momento:Entradas	21	193	2.37	0.0011	
1 Biomasa Vegetativa	(Intercept)	1	193	210.27	<0.0001	
	Momento	3	21	196.04	<0.0001	
	Entradas	7	193	4.55	0.0001	
	Momento:Entradas	21	193	1.65	0.0416	
1.1 Tallo	(Intercept)	1	193	332.03	<0.0001	
	Momento	3	21	249.72	<0.0001	
1.2 Hoja	Entradas	7	193	6.30	<0.0001	
	Momento:Entradas	21	193	2.41	0.0009	
	(Intercept)	1	193	211.00	<0.0001	
	Momento	3	21	39.10	<0.0001	
1.3 Peciolo+Ramas	Entradas	7	193	0.70	0.6741	
	Momento:Entradas	21	193	1.81	0.0195	
	(Intercept)	1	193	148.48	<0.0001	
	Momento	3	21	123.02	<0.0001	
1.4 RV+Rebrote	Entradas	7	193	2.73	0.0102	
	Momento:Entradas	21	193	1.46	0.0956	
	(Intercept)	1	193	63.81	<0.0001	
	Momento	3	21	21.61	<0.0001	
2 Biomasa Reproductiva	Entradas	7	193	4.02	0.0004	
	Momento:Entradas	21	193	1.49	0.0829	
	(Intercept)	1	193	10.52	0.0014	
	Momento	3	21	62.70	<0.0001	
2.1 Prim+Flor+Bocha	Entradas	7	193	3.15	0.0035	
	Momento:Entradas	21	193	1.45	0.0992	
	(Intercept)	1	193	132.53	<0.0001	
	Momento	3	21	94.71	<0.0001	
2.2 Cápsula (M4)	Entradas	7	193	0.94	0.4797	
	Momento:Entradas	21	193	0.63	0.8961	
2.3 Fibra+Semilla (M4)	(Intercept)	1	47	10.82	0.0019	
	Entradas	7	47	3.85	0.0022	
	(Intercept)	1	47	13.01	0.0007	
	Entradas	7	47	2.36	0.0373	

Tabla 1.9: Retención global, y en posiciones 1, 2 y 3, en los momentos M2, M3, y M4

ANOVA						
Rasgos	Fuente	GLNum	GLDen	F	p-valor	
Ret_Global	(Intercept)	1	144	90.21	<0.0001	
	Momento	2	14	52.91	<0.0001	
	Entradas	7	144	3.48	0.0018	
	Momento:Entradas	14	144	2.21	0.0098	
Ret_P1	(Intercept)	1	144	338.14	<0.0001	
	Momento	2	14	89.26	<0.0001	
	Entradas	7	144	1.47	0.1810	
	Momento:Entradas	14	144	3.05	0.0004	
Ret_P2	(Intercept)	1	144	22.78	<0.0001	
	Momento	2	14	8.89	0.0032	
Ret_P3	Entradas	7	144	2.65	0.0131	
	Momento:Entradas	14	144	1.29	0.2206	
	(Intercept)	1	144	13.92	0.0003	
	Momento	2	14	6.59	0.0096	
Ret_P3	Entradas	7	144	1.06	0.3914	
	Momento:Entradas	14	144	0.92	0.5359	

Valores Ajustados Promedios por Momento y Entradas

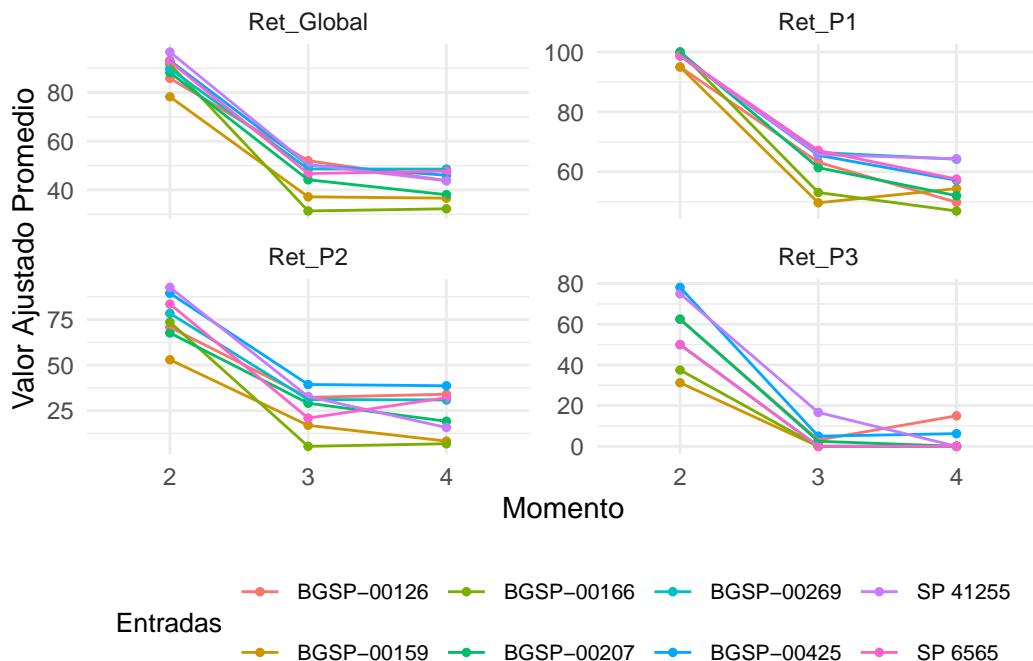
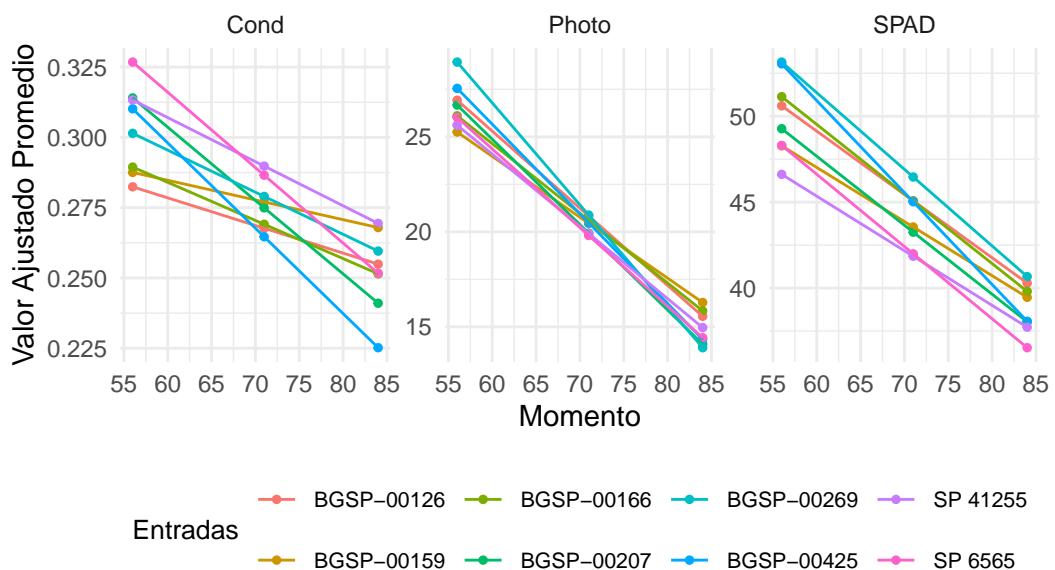


Tabla 1.10: Fotosintesis, conductancia estomática y SPAD

ANOVA					
Rasgos	Fuente	GLNum	GLDen	F	p-valor
SPAD	(Intercept)	1	56	139.88	<0.0001
	DDE	1	56	19.76	<0.0001
	Entradas	7	21	1.04	0.4363
	DDE:Entradas	7	56	0.74	0.6355
Cond	(Intercept)	1	56	26.32	<0.0001
	DDE	1	56	1.18	0.2814
	Entradas	7	21	0.90	0.5224
	DDE:Entradas	7	56	0.91	0.5085
Photo	(Intercept)	1	56	339.17	<0.0001
	DDE	1	56	122.17	<0.0001
	Entradas	7	21	3.49	0.0122
	DDE:Entradas	7	56	3.36	0.0046

Valores Ajustados Promedios por Momento y Entradas



1.4. Conclusión

El presente estudio evidenció una amplia variabilidad fenotípica, fisiológica y agronómica entre las accesiones de algodón evaluadas, confirmando la diversidad conservada en el banco de germoplasma del INTA y su elevado potencial para programas de mejoramiento genético del cultivo. Los descriptores morfológicos, los componentes del rendimiento

miento y los caracteres tecnológicos de la fibra presentaron rangos amplios de variación, lo que permitió identificar accesiones con perfiles contrastantes y, a la vez, complementarios desde el punto de vista productivo y de calidad.

Entre las ocho accesiones seleccionadas para el análisis detallado, SP-41255 se destacó consistentemente por su superior desempeño en rendimiento de fibra (LY), porcentaje de fibra (LP) y número de cápsulas por planta (BN), evidenciando una estrategia de crecimiento orientada a maximizar la producción reproductiva. En contraste, BGSP-00166 combinó una arquitectura vegetal compacta —caracterizada por menor desarrollo de ramas monopodiales— con los valores más elevados de longitud (FL), resistencia (FS) y uniformidad de fibra (FU), atributos de alta relevancia para la calidad industrial. Estas diferencias reflejan estrategias de asignación de recursos contrastantes, en las que las accesiones de mayor rendimiento destinaron una mayor proporción de asimilados a estructuras reproductivas y presentaron mayor retención de frutos, mientras que aquellas asociadas a mayor calidad tecnológica mostraron patrones de crecimiento más moderados y equilibrados.

El análisis de partición de biomasa y retención reproductiva permitió evidenciar que las diferencias en rendimiento no se explican únicamente por el número de estructuras formadas, sino por la eficiencia en su mantenimiento y llenado, estrechamente vinculada a la dinámica fuente–destino. En este sentido, las mediciones fisiológicas indicaron que la variabilidad en la tasa fotosintética neta (P_{N}), más que en la conductancia estomática o en el contenido relativo de clorofila (SPAD), fue el principal factor asociado a las diferencias en acumulación de biomasa y formación del rendimiento. Este hallazgo refuerza la importancia de integrar variables fisiológicas en la caracterización temprana del germoplasma.

El análisis multivariado consolidó estos resultados al separar las accesiones principalmente a lo largo de un gradiente rendimiento–calidad de fibra, confirmando la existencia

de relaciones antagónicas parciales entre ambos grupos de caracteres. En este contexto, los perfiles contrastantes de BGSP-00166 y SP-41255 representan una combinación parental promisoria para integrar calidad de fibra y potencial de rendimiento mediante esquemas de recombinación dirigida.

En conjunto, la evaluación integrada de caracteres agronómicos, fisiológicos y tecnológicos aporta un marco robusto para la identificación temprana de parentales candidatos en programas de mejoramiento orientados a sistemas de producción mecanizados y de alta densidad. No obstante, será necesario complementar estos resultados con ensayos multilocales y multianuales a campo que permitan confirmar la estabilidad de los caracteres, su interacción con el ambiente y su desempeño bajo condiciones reales de cosecha mecanizada.

Capítulo 2

Identificación de QTL de importancia agronómica

2.1. Introducción

Aquí una breve introducción del capítulo

2.2. Objetivo

Mapear QTL (Quantitative Trait Loci) asociados a caracteres de rendimiento de fibra mediante el análisis de una población segregante F₂ obtenida del cruzamiento de progenitores contrastantes.

2.3. Materiales y métodos

Se caracterizaron marcadores moleculares del tipo SSR (Single Sequence Repeats o microsatélites) asociados a QTLs de importancia agronómica. Se utilizaron 55 SSR chequear n° de marcadores que fueron seleccionados acorde tanto a trabajos científicos (Ademe et al., 2017; An et al., 2010; Baytar et al., 2018; Iqbal & Rahman, 2017; C. Q. Li et al., 2017; R. Liu et al., 2012; R. Liu et al., 2018; X. Liu et al., 2017; Qin

et al., 2015; Shen et al., 2007; Shi et al., 2015; Su et al., 2016; B. Wang et al., 2007; H. Wang et al., 2015; M. Wang et al., 2014; Xia et al., 2014; S. Zhang et al., 2016; Z.-S. Zhang et al., 2005) como la base de datos de CottonGen (<http://www.cottongen.org>). Dicha actividad se realizó en el laboratorio de biotecnología de INTA Reconquista. A partir de las entradas contrastantes para las características de interés, se realizaron cruzamientos y por autofecundación de las F₁ se obtuvo la población F₂. A continuación, se detallan las etapas:

I. Obtención de la población segregante para los loci de los marcadores (M) y los QTLs. Luego de la caracterización morfológica y fisiológica, las entradas fueron seleccionadas para ser utilizadas como parentales contrastantes en los respectivos cruzamientos de este estudio. Para los mismos se utilizaron las entradas de alto porcentaje de desmote como parentales masculinos. Considerando que por cada bocha se obtiene, en promedio, 20 semillas (Naeem et al., 2017) se tomó una flor de cada parental para dicho cruzamiento, para la generación de la población F₁ (20 plantas). La población segregante (F₂) resultó de la autofecundación de las F₁, para llegar a una población F₂ aproximada de 200 plantas (Bardak et al., 2018; T. Zhang et al., 2003).

BGSP-00166 y SP-41255 fueron los genotipos parentales seleccionados. Ambos parentales son de origen argentino. El primer parental es una línea endogámica derivada del cruce entre Chaco 510 x SP 6269, mientras que el segundo parental es otra línea endogámica seleccionada del cruce entre SP-81270-7 x Mij. 3. Morfológicamente, difieren en su estructura de planta (Figure 2.2). BGSP-00166 es más compacta, con una distancia más corta entre la primera posición de fructificación y el tallo, mientras que SP-41255 tiene una estructura de planta más abierta. El cruzamiento se realizó en ambas direcciones para evaluar la existencia de efecto recíproco. La emasculación se realizó en las plantas utilizadas como parentales fe-

meninos mediante la eliminación de los estambres con pinzas antes de la antesis floral (estadio en forma de vela), durante las horas de la tarde. Al día siguiente, se realizó el cruce mediante la transferencia de polen de los parentales masculinos a los femeninos (flores emasculadas), tal y como se describe en Acquaah (2012). A continuación, las semillas F_1 de los cruces de algodón se sembraron en condiciones de invernadero y se autopolinizaron para producir F_2 . En la temporada de cultivo 2019-2020, la población F_2 se sembró en hiladas no replicadas en condiciones de campo. Cada hilada tenía 10 m de longitud y una separación de 1 m, con 50 plantas por hilada (Figura 2.1). Las generaciones no segregantes (tanto las F_1 s, SP-41255 x BGSP-00166 y BGSP-00166 x SP-41255, como los genotipos parentales) también se sembraron en las mismas condiciones. Todas estas generaciones se sometieron a evaluación fenotípica. En la dirección de cruzamiento de SP-41255 x BGSP-00166, se consiguió una población segregante F_2 de 205 plantas, mientras que para la dirección de cruzamiento inversa, se obtuvieron 234 plantas. En el mismo ensayo, como se muestra en la Figura 2.1, se sembraron y consiguieron uniformemente 17 plantas del progenitor BGSP-00166, 19 plantas del progenitor SP-41255 y 11 plantas de la F_1 (mitad y mitad generadas a partir de una dirección de cruzamiento y su recíproca).

- II. Medición de la característica fenotípica controlada por los QTL. Se realizarán las mediciones de rendimiento y calidad de fibra detalladas en el apartado "Caracterización morfológica". Para el experimento del cruce biparental, cada planta (de poblaciones segregantes y no segregantes) también se cosechó individualmente en la fase de madurez para evaluar el rendimiento y las características relacionadas con la calidad: SCY, LY, LP, BW, BN, FL, FS, FU y MIC se midieron como se ha descrito anteriormente.
- III. Caracterización molecular por SSR de los de los parentales y cada planta de la po-

blación F₂. El ADN genómico se aisló utilizando hojas jóvenes procedentes de los progenitores y la población segregante, mediante método CTAB modificado (Paterson et al., 1993; J. Zhang & Stewart, 2000). Se evaluó la cantidad y calidad del ADN mediante espectrofotometría para comparación. La amplificación por PCR y la tinción con plata se realizó según Lin et al. (2005) . Los productos de PCR de los SSR se separaron en geles de poliacrilamida desnaturizantes al 2 % y revelados con carbonato de sodio(Lin et al., 2005).

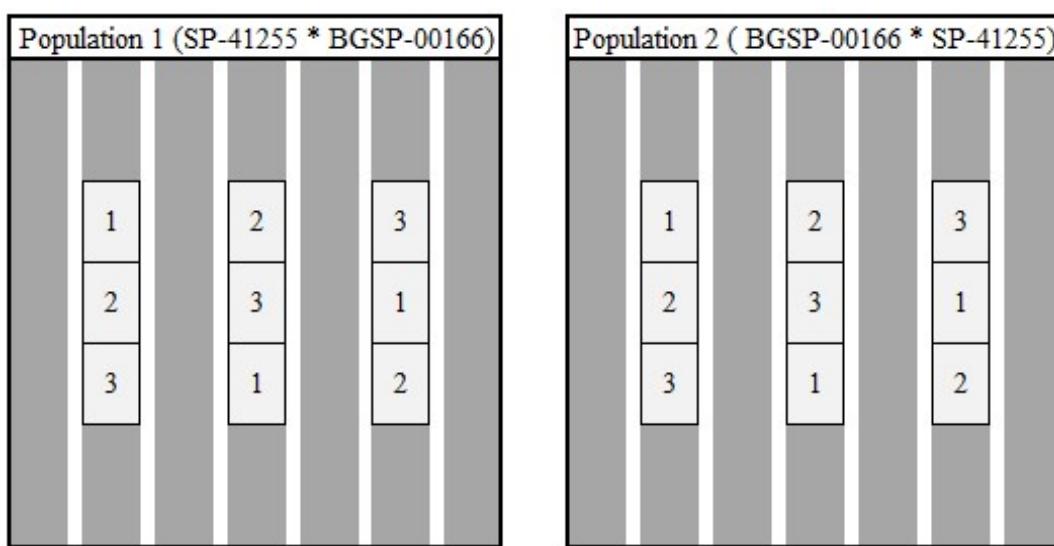


Figura 2.1: Descripción del ensayo de campo, mostrando las dos poblaciones generadas a partir del cruce en la dirección SP-41255 x BGSP-00166 y su recíproco. En el ensayo se distribuyeron al azar plantas del parental SP-41255 (1), Filial 1 (2) y del parental BGSP-00166 (3).

2.3.1. Análisis estadístico

Para el experimento de cruzamiento biparental, se realizó una prueba de Levene para confirmar la varianza homogénea en las generaciones no segregantes, mientras que la distribución normal se confirmó mediante la prueba de Shapiro-Wilk. Se realizó la prueba L.S.D. de Fisher para comparar las parentales P₁, P₂ y la generación F₁. Además, también se realizó una comparación de las medias de las generaciones F₁ y F₂ recíprocas para detectar la existencia de un efecto recíproco en las características objeto de estudio. Se

realizó un test de bondad de ajuste Chi-Cuadrado para detectar segregación transgresiva siguiendo el enfoque propuesto por Rodriguez et al. (2005) . Se consideró que la generación parental tenía un tamaño igual al de la generación F₂. Las frecuencias esperadas se calcularon asumiendo igual tamaño entre la generación parental y la F₂, y se consideraron fenotipos extremos aquellos individuos de la F₂ que superaban la media del rasgo en la generación parental y dos desvíos estándar (test de una cola, el 2,5 % de los individuos en una distribución normal). Bajo estos supuestos, cuando la proporción observada de individuos extremos en la generación F₂ superaba esta proporción esperada (un χ² significativo), se consideraba que el rasgo mostraba un patrón de herencia transgresivo.

La heredabilidad en sentido amplio (h_{bs}^2) se estimó a partir de los componentes de varianza de las generaciones no segregantes (P₁, P₂ and F₁) y de la generación F2 de la siguiente manera (Kearsey & Pooni, 1996):

$$h_{bs}^2 = \frac{\sigma^2 G}{\sigma^2 Ph} \times 100$$

Donde h_{bs}^2 = heredabilidad en sentido amplio, $\sigma^2 G$ = varianza genotípica, $\sigma^2 Ph$ = varianza fenotípica.

La varianza entre plantas dentro de las F₁'s y los parentales P₁ y P₂ se consideró como varianza ambiental y se restó de la varianza entre plantas F₂ para obtener estimaciones de la varianza genotípica.

$$\sigma^2 E = \frac{\sigma^2 P_1 + \sigma^2 P_2 + \sigma^2 F_1}{3}$$

Donde $\sigma^2 E$ = Varianza ambiental, $\sigma^2 P_1$ = Varianza del parental 1, $\sigma^2 P_2$ = Varianza del parental 2, $\sigma^2 F_1$ = varianza de la generación F₁ .

$$\sigma^2 G = \sigma^2 Ph - \sigma^2 E$$

Para estimar la correlación genética entre rasgos se utilizó la metodología propuesta por Kearsey y Pooni (1996) .

2.4. Resultados



Figura 2.2: Planta de los genotipos parentales SP-41255 y BGSP-00166

2.4.1. Generación de variabilidad a partir del cruce biparental BGSP-00166 x SP-41255

Los genotipos parentales BGSP-00166 y SP-41255 fueron significativamente diferentes para todos los caracteres evaluados, a excepción de RB (Tabla 2.1). Por otra parte, los valores medios de todos los caracteres no mostraron diferencias significativas entre la F₁ y la F₂ recíproca ($p > 0,05$), como se muestra en la Tabla S1. Esto significa que no existe el efecto recíproco en este cruce para los caracteres analizados. Por lo tanto, decidimos fusionar las poblaciones recíprocas F₁ y F₂.

Tabla 2.1: Mean and variance (in parentheses) of the traits in the non-segregating generations (BGSP-00166, SP-41255 and F1) and the segregating generation F2

Generations	Caracteres								
	SCY	LY	LP	BW	BN	FL	FS	MIC	FU
BGSP-00166	89.5a (1266.4)	25.8a (110.3)	30.9a (0.9)	6.2b (0.4)	14.5a (29.8)	32.5b (0.3)	37.1b (2.8)	3.9a (0.1)	85.5b (1.8)
SP-41255	86.9a (761.8)	36.6b (126.1)	43.4c (0.8)	4.6a (0.3)	19.1b (29.6)	26.9a (0.6)	30.7a (2.9)	4.8c (0.1)	82.0a (2.1)
F~1~	123.5b (1013.1)	44.1b (126.6)	37.4b (0.4)	6.4b (0.6)	19.4b (26.7)	32.0b (0.3)	37.4b (0.9)	4.2b (0.1)	86.1b (0.9)
F~2~	114.1 (1957.2)	37.5 (227.3)	37.2 (4.4)	5.9 (0.9)	19.7 (52.5)	31.3 (1.5)	36.1 (5.2)	4.3 (0.2)	84.9 (1.7)

RB: Seed cotton yield in g, LY: Lint yield in g,

LP: Lint percentage in %, BW: Boll weight in g, BN: Boll number

per plant, SI: Seed index in g, LI: Lint index in g, SNPB: Seed

number per boll, FL: Fibre length in mm, FS: Fibre strength

g tex⁻¹, Mic: Micronaire, FU: Fibre uniformity in %.

2.5. Discusión

Aquí la discusión del capítulo 3

2.6. Conclusión

Aquí la conclusión del capítulo 3

Capítulo 3

Si es necesario un tercer capítulo

3.1. Introducción

Aquí una breve introducción del capítulo

3.2. Objetivo

Aquí objetivo del capítulo 3

3.3. Materiales y métodos

Aquí M y M del capítulo 3

3.4. Discusión

Aquí la discusión del capítulo 3

3.5. Conclusión

Aquí la conclusión del capítulo 3

Conclusión

Las conclusiones de la tesis aquí..

Apéndice A

Primer Apéndice

Sí es necesario incluir un apéndice, iría aquí..

En capítulo 1:

Descripción aquí..

Apéndice B

Segundo Apéndice

Este sería el segundo apéndice..

Referencias

- Acquaah, G. (2012). *Principles of plant genetics and breeding* (2. ed). Wiley-Blackwell.
- Ademe, M. S., He, S., Pan, Z., Sun, J., Wang, Q., Qin, H., Liu, J., Liu, H., Yang, J., Xu, D., Yang, J., Ma, Z., Zhang, J., Li, Z., Cai, Z., Zhang, X., Zhang, X., Huang, A., Yi, X., ... Du, X. (2017). Association mapping analysis of fiber yield and quality traits in upland cotton (*gossypium hirsutum l.*) *Molecular Genetics and Genomics*, 292(6), 1267-1280. <https://doi.org/10.1007/s00438-017-1346-9>
- An, C., Jenkins, J. N., Wu, J., Guo, Y., & McCarty, J. C. (2010). Use of fiber and fuzz mutants to detect qtl for yield components, seed, and fiber traits of upland cotton. *Euphytica*, 172(1), 21-34. <https://doi.org/10.1007/s10681-009-0009-2>
- ANIDA. (2024). Tipos climáticos en Argentina. Available at: <https://ide.ign.gob.ar/portals/apps/MapJournal/index.html?appid=b58d8b8841ef472e962317cac879e87f> (Accessed: 24 Apr 2024).
- Anwar, Z., Ditta, A., & Riaz Khan, M. K. (2025). Multivariate screening of upland cotton genotypes reveals key traits for salt tolerance at the seedling stage [PMID: 41131482 PMCID: PMC12548190]. *BMC Plant Biology*, 25, 1448. <https://doi.org/10.1186/s12870-025-07354-4>
- Arriel, N. H. C., Cerón, M., Cardoso, K. C. M., Dileo, P. N., González, C., Hoffmann, L. V., Jiménez, H., Klein, L. M., de A. Lima, M. M., Medina, C., Larrañaga-Monsalve, J. F., Monteros-Altamirano, Á., Muchut, R. J., Paytas, M. J., Rodríguez-Mosquera, M. E., Salgado Funes, E. F., & Spoljaric, M. V. (2023). History and status of local cotton

- gossypium spp. in argentina, brazil, colombia and ecuador. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 70(8), 2193-2217. <https://doi.org/10.1007/s10722-023-01584-x>
- Bardak, A., Hayat, K., Erdogan, O., Mahmood, Z., Khan, N.-I., Iqbal, M. A., Tekerek, H., & Mehboob-ur-Rahman. (2018). Genetic mapping in cotton [DOI: 10.5772/intechopen.74513]. En Mehboob-Ur-Rahman & Y. Zafar (Eds.). InTech. <https://doi.org/10.5772/intechopen.74513>
- Baytar, A. A., Peynircioğlu, C., Sezener, V., Basal, H., Frary, A., Frary, A., & Doğanlar, S. (2018). Genome-wide association mapping of yield components and drought tolerance-related traits in cotton. *Molecular Breeding*, 38(6), 74. <https://doi.org/10.1007/s11032-018-0831-0>
- Conigrave, J. (2023). *corx: Create and Format Correlation Matrices* [R package version 1.0.7.2]. <https://CRAN.R-project.org/package=corx>
- Constable, G. A., & Bange, M. P. (2015). The yield potential of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) *Field Crops Research*, 182, 98-106. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2015.07.017>
- Davidonis, G. H., Johnson, A. S., Landivar, J. A., & Fernandez, C. J. (2004). Cotton fiber quality is related to boll location and planting date [_eprint: <https://acess.onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.2134/agronj2004.4200>]. *Agronomy Journal*, 96(1), 42-47. <https://doi.org/10.2134/agronj2004.4200>
- De Carvalho, L., Farias, F., Teodoro, L., & Teodoro, P. (2022). Genotype selection for fiber quality traits in cotton in the Brazilian Northeast. *Agronomy Journal*, 114. <https://doi.org/10.1002/agj2.21176>
- Diaz, D., Tcach, M., Peterlin, O., Mondino, M., & Prina, A. (2011). Selección de líneas de algodón con fructificación agrupada en progenies obtenidas a partir de mutaciones inducidas en guazuncho 2 inta. https://www.researchgate.net/publication/304716251_Seleccion_de_lineas_de_algodon_con_fructificacion_agrupada_en_progenies_obtenidas_a_partir_de_mutaciones_inducidas_en_Guazuncho_

- 2_INTA_Daniel_Diaz_Mauricio_Tcach_Oscar_Peterlin_Mario_Mondino_y_Alberto
- FAO & ABC. (2025). Genetic improvement: A key tool for revitalizing cotton in Latin America. Brazil–FAO International Cooperation, +Cotton Project. Available at: <https://www.fao.org/in-action/programa-brasil-fao/news/ver/en/c/1740730/>. <https://www.fao.org/in-action/program-brazil-fao/news/ver/en/c/1740729/>
- Farooq, J., Rizwan, M., Sharif, I., Saleem, S., Chohan, S., & Kainth, R. (2017). Genetic diversity studies in some advanced lines of *Gossypium hirsutum* L. for yield and quality related attributes using cluster and principle component analysis.
- Gu, Z. (2022). Complex Heatmap Visualization. *iMeta*. <https://doi.org/10.1002/imt2.43>
- Hinze, L. L., Udall, J. A., Yu, J. Z., & Frelichowski, J. E. (2025). The national plant germplasm system cotton collection—a review of germplasm resources, phenotypic characterization, and genomic variation. *Theoretical and Applied Genetics*, 138(9), 220. <https://doi.org/10.1007/s00122-025-05009-4>
- Huang, X., Liu, H., & Ma, B. (2022). The Current Progresses in the Genes and Networks Regulating Cotton Plant Architecture [Publisher: Frontiers]. *Frontiers in Plant Science*, 13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.882583>
- ICAC. (2023). Situación del Algodón en la Argentina, INFORME CAMPAÑA 2022/2023.
- ICAC. (2025). ICAC Open Data Dashboard. https://icac.shinyapps.io/ICAC_Open_Data_Dashboaard/#
- Iqbal, M. A., & Rahman, M.-u. (2017). Identification of marker-trait associations for lint traits in cotton. *Frontiers in Plant Science*, 8. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00086>
- Kearsey, M. J., & Pooni, H. S. (1996). *The genetical analysis of quantitative traits* [DOI: 10.1007/978-1-4899-4441-2]. Springer US. <https://doi.org/10.1007/978-1-4899-4441-2>

- Kerby, T. A., Bourland, F. M., & Hake, K. D. (2010). Physiological rationales in plant monitoring and mapping [DOI: 10.1007/978-90-481-3195-2_27]. En J. M. Stewart, D. M. Oosterhuis, J. J. Heitholt & J. R. Mauney (Eds.). Springer Netherlands. https://doi.org/10.1007/978-90-481-3195-2_27
- Klein, L., Spoljaric, M., Tcach, M., & Díaz, D. (2011). Caracterización morfológica de los carpelos y molecular de 3 genotipos de algodón resistentes y una variedad no resistente a tormentas.
- Klein, L. M., Etchart, V. J., Tcach, M. A., Gonzales, A. J., Dileo, P. N., Tcach, N. E., & Spoljaric, M. V. (2022). Variabilidad morfológica y molecular en genotipos de algodón (*Gossypium hirsutum* L.) de tres orígenes geográficos diferentes [Number: 40]. *Ciencias Agronómicas*, (40), e025-e025. <https://doi.org/10.35305/agro40.e025>
- Li, C. Q., Dong, N., Fu, Y. Z., Sun, R. R., & Wang, Q. L. (2017). Marker detection and elite allele mining for yield traits in upland cotton (*gossypium hirsutum* l.) by association mapping. *The Journal of Agricultural Science*, 155(4), 613-628. <https://doi.org/10.1017/S0021859616000745>
- Li, J., Wang, Y., Li, N., Zhao, R., Khan, A., Wang, J., & Luo, H. (2019). Cotton leaf photosynthetic characteristics, biomass production, and their correlation analysis under different irrigation and phosphorus application. *Photosynthetica*, 57(4), 1066-1075. <https://doi.org/10.32615/ps.2019.118>
- Li, T., Zhang, Y., Dai, J., Dong, H., & Kong, X. (2019). High plant density inhibits vegetative branching in cotton by altering hormone contents and photosynthetic production. *Field Crops Research*, 230, 121-131. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2018.10.016>
- Li, Y., Si, Z., Wang, G., Shi, Z., Chen, J., Qi, G., Jin, S., Han, Z., Gao, W., Tian, Y., Mao, Y., Fang, L., Hu, Y., Chen, H., Zhu, X., & Zhang, T. (2023). Genomic insights into the genetic basis of cotton breeding in china. *Molecular Plant*, 16(4), 662-677. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2023.01.012>

- Lin, Z., He, D., Zhang, X., Nie, Y., Guo, X., Feng, C., & Stewart, J. M. (2005). Linkage map construction and mapping qtl for cotton fibre quality using srap, ssr and rapd. *Plant Breeding*, 124(2), 180-187. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2004.01039.x>
- Liu, R., Wang, B., Guo, W., Qin, Y., Wang, L., Zhang, Y., & Zhang, T. (2012). Quantitative trait loci mapping for yield and its components by using two immortalized populations of a heterotic hybrid in gossypium hirsutum l. *Molecular Breeding*, 29(2), 297-311. <https://doi.org/10.1007/s11032-011-9547-0>
- Liu, R., Gong, J., Xiao, X., Zhang, Z., Li, J., Liu, A., Lu, Q., Shang, H., Shi, Y., Ge, Q., Iqbal, M. S., Deng, X., Li, S., Pan, J., Duan, L., Zhang, Q., Jiang, X., Zou, X., Hafeez, A., ... Yuan, Y. (2018). Gwas analysis and qtl identification of fiber quality traits and yield components in upland cotton using enriched high-density snp markers. *Frontiers in Plant Science*, 9, 1067. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01067>
- Liu, X., Teng, Z., Wang, J., Wu, T., Zhang, Z., Deng, X., Fang, X., Tan, Z., Ali, I., Liu, D., Zhang, J., Liu, D., Liu, F., & Zhang, Z. (2017). Enriching an intraspecific genetic map and identifying qtl for fiber quality and yield component traits across multiple environments in upland cotton (gossypium hirsutum l.) *Molecular Genetics and Genomics*, 292(6), 1281-1306. <https://doi.org/10.1007/s00438-017-1347-8>
- Luo, D. (2024). *predictmeans: Predicted Means for Linear and Semiparametric Models* [R package version 1.1.1]. <https://CRAN.R-project.org/package=predictmeans>
- Maechler, M., Rousseeuw, P., Struyf, A., Hubert, M., & Hornik, K. (2025). *cluster: Cluster Analysis Basics and Extensions* [R package version 2.1.8.1 — For new features, see the 'NEWS' and the 'Changelog' file in the package source)]. <https://CRAN.R-project.org/package=cluster>
- Mangi, N., Iqbal, M. S., Shuli, F., Iqbal, M. T., Alharthi, B., Jatoi, G. H., Sarfraz, Z., Ma, Q., & Sun, X. (2024). Empowering cotton breeding programs through the strategic exploration and exploitation of phenotypic diversity of genetic resources under

- climate change conditions. *Plant Stress*, 13, 100548. <https://doi.org/10.1016/j.stress.2024.100548>
- McCarty, J. C., Wu, J., & Jenkins, J. N. (2006). Genetic diversity for agronomic and fiber traits in day-neutral accessions derived from primitive cotton germplasm. *Euphytica*, 148(3), 283-293. <https://doi.org/10.1007/s10681-005-9027-x>
- McGarry, R. C., Prewitt, S. F., Culpepper, S., Eshed, Y., Lifschitz, E., & Ayre, B. G. (2016). Monopodial and sympodial branching architecture in cotton is differentially regulated by the *gossypium hirsutum* single flower truss and self-pruning orthologs [eprint: <https://nph.onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.1111/nph.14037>]. *New Phytologist*, 212(1), 244-258. <https://doi.org/10.1111/nph.14037>
- Meredith, W. R. (1984). Quantitative genetics [DOI: 10.2134/agronmonogr24.c5]. In R. J. Kohel & C. F. Lewis (Eds.). American Society of Agronomy, Crop Science Society of America, Soil Science Society of America. <https://doi.org/10.2134/agronmonogr24.c5>
- Naeem, M., Iqbal, M., Sami-Ul-Allah, W. N., & Zahid, W. (2017). QTL Identification for Within-Boll Yield Components of *Gossypium hirsutum* L. *Philippine Agricultural Scientist*, 100(3).
- Nidagundi, J. M., Shiva, K., Revanasiddayya, Patil, S., S., R., Hanchinal, S. G., & Ajayakumar, M. Y. (2023). Comparative variability studies for yield and fibre quality traits in F2 generations derived from single and double crosses in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Emergent Life Sciences Research*, 09(02), 265-275. <https://doi.org/10.31783/elsr.2023.92265275>
- Nie, J.-j., Yuan, Y.-c., Qin, D.-l., Liu, Y.-h., Wang, S.-l., Li, J.-p., Zhang, M.-l., Zhao, N., Guo, W.-j., Qi, J., Mao, L.-l., Song, X.-l., & Sun, X.-z. (2019). Spatial distribution of bolls affects yield formation in different genotypes of bt cotton varieties. *Journal of Integrative Agriculture*, 18(11), 2492-2504. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(19\)62617-1](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(19)62617-1)

- Paterson, A. H., Brubaker, C. L., & Wendel, J. F. (1993). A rapid method for extraction of cotton (*Gossypium* spp.) genomic DNA suitable for RFLP or PCR analysis. *Plant Molecular Biology Reporter*, 11(2), 122-127. <https://doi.org/10.1007/BF02670470>
- Paytas, M., Mieres, L., Regonat, A., & Gregoret, O. (2011). Narrow row cotton: Can we increase yield by enhancing assimilate supply? In: Congresso Brasileiro De Algodão, 8; Evolution of the chain for the construction of a setor forte: Anais. Campina Grande, PB: Embrapa Algodão. p.1782-1787. Brazil. <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/913165/4/SIS010Poster.088.pdf>
- Paytas, M. J., Scarpin, G. J., Mercado, K., & Ploschuk, E. L. (2023, octubre). Capítulo 3.2: Algodón. Facultad de Agronomía Universidad de Buenos Aires.
- Paytas, M. J., & Ploschuk, E. L. (2013). Cultivos industriales-Capítulo Algodón. En E. De La Fuente, A. Gil & A. Kantolil (Eds.). Facultad de Agronomía Universidad de Buenos Aires.
- Pettigrew, W. T. (2004). Physiological consequences of moisture deficit stress in cotton [eprint: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.2135/crops-ci2004.1265>]. *Crop Science*, 44(4), 1265-1272. <https://doi.org/10.2135/cropsci2004.1265>
- Pilatti, O., Paytas, M., & Toselli, L. (2021). Technology: Machinery with territorial impact. Javiyú – Cotton Stripper. https://www.argentina.gob.ar/sites/default/files/2021/05/algodon_stripper_de_arrastre_en.docx.pdf
- Pinheiro, J., Bates, D., & R Core Team. (2025). *nlme: Linear and Nonlinear Mixed Effects Models* [R package version 3.1-168]. <https://CRAN.R-project.org/package=nlme>
- Qin, H., Chen, M., Yi, X., Bie, S., Zhang, C., Zhang, Y., Lan, J., Meng, Y., Yuan, Y., & Jiao, C. (2015). Identification of associated SSR markers for yield component and fiber quality traits based on frame map and upland cotton collections (D. D. Fang, Ed.). *PLOS ONE*, 10(1), e0118073. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0118073>

- R Core Team. (2024). *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>
- Ribeiro, L. P., Carvalho, L. P. d., Farias, F., Rodrigues, J. I. d. S., Teodoro, P. E., & Bhering, L. L. (2017). Genetic gains in agronomic and technological traits of elite cotton genotypes [Publisher: Instituto Agronômico de Campinas]. *Bragantia*, 77, 466-475. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.2017329>
- Rodriguez, G. R., Pratta, G. R., Zorzoli, R., & Picardi, L. A. (2005). Transgressive segregation for fruit quality traits in a cross between exotic and mutant genotypes of *Lycopersicon*. *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*, 33(4), 373-379. <https://doi.org/10.1080/01140671.2005.9514373>
- Royo, O. (1998). Catálogo 1998 Colección de algodón, banco de germoplasma EEA Saenz Pena. *Informaciones técnicas, área de genética y protección vegetal, serie genética nro., 1.*
- Royo, O. M., Poisson, J., Bonacic, I., Montenegro, A., Ibalo, S., Mazza, S., & Giménez, L. (2007). Direction of cotton breeding in Argentina.
- Royo, O., Poison, J., & Montenegro, A. (2003). Proceedings World Cotton Research Conference, 267-270.
- Sarwar, G., Nazir, A., Rizwan, M., Shahzadi, E., & Mahmood, A. (2021). Genetic diversity among cotton genotypes for earliness, yield and fiber quality traits using correlation, principal component and cluster analyses. *Sarhad Journal of Agriculture*, 37(1). <https://doi.org/10.17582/journal.sja/2021/37.1.307.314>
- Scarpin, G. J., Dileo, P. N., Winkler, H. M., Cereijo, A. E., Lorenzini, F. G., Roeschlin, R. A., Muchut, R. J., Acuña, C., & Paytas, M. (2022). Genetic progress in cotton lint and yield components in Argentina. *Field Crops Research*, 275, 108322. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2021.108322>
- Scarpin, G. J., Dileo, P. N., Winkler, H. M., Cereijo, A. E., Lorenzini, F. G., Muchut, R. J., Roeschlin, R. A., Mattalia, P., Acuña, C., & Paytas, M. (2023). Genetic progress

- in seed and fiber quality traits of cotton in Argentina. *Field Crops Research*, 302, 109106. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2023.109106>
- Scarpin, G. J., Dileo, P. N., Winkler, H., Paytas, M. J., Fernandes, I., Senna, R., Cordeiro, C. F., Troncoso, C., & Lorenzini, F. (2019). Caracterización morfológica y productiva de líneas de algodón. *Revista APPA - Asociación para la Promoción de la Producción Algodonera, Argentina*.
- Shakeel, A., Talib, I., Rashid, M., Saeed, A., Ziaf, K., & Saleem, M. F. (2015). Genetic diversity among upland cotton genotypes for quality and yield related traits. *Pakistan Journal of Agricultural Research*, 52(1), 73-77.
- Shen, X., Guo, W., Lu, Q., Zhu, X., Yuan, Y., & Zhang, T. (2007). Genetic mapping of quantitative trait loci for fiber quality and yield trait by ril approach in upland cotton. *Euphytica*, 155(3), 371-380. <https://doi.org/10.1007/s10681-006-9338-6>
- Shi, Y., Li, W., Li, A., Ge, R., Zhang, B., Li, J., Liu, G., Li, J., Liu, A., & Shang, H. (2015). Constructing a high-density linkage map for *Gossypium hirsutum* × *Gossypium barbadense* and identifying QTLs for lint percentage [Publisher: Wiley Online Library]. *Journal of integrative plant biology*, 57(5), 450-467.
- Spoljaric, M., Tcach, M., Rojas, J., Tarrago, J., & Cointry, E. (2018). Caracterización de genotipos de *Gossypium hirsutum* L. sobre su tolerancia a estrés hídrico. *RIA*, 44, 49-59. <https://ria.inta.gob.ar/wp-content/uploads/2018/04/ria-vol44-n1-abril-2018.pdf#page=50.00>
- Su, J., Fan, S., Li, L., Wei, H., Wang, C., Wang, H., Song, M., Zhang, C., Gu, L., Zhao, S., Mao, G., Wang, C., Pang, C., & Yu, S. (2016). Detection of favorable qtl alleles and candidate genes for lint percentage by gwas in chinese upland cotton. *Frontiers in Plant Science*, 7. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01576>
- Sun, Q., Xie, Y., Li, H., Liu, J., Geng, R., Wang, P., Chu, Z., Chang, Y., Li, G., Zhang, X., Yuan, Y., & Cai, Y. (2022). Cotton *GhBRC1* regulates branching, flowering, and growth

- by integrating multiple hormone pathways. *The Crop Journal*, 10(1), 75-87. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2021.01.007>
- Tang, B., Jenkins, J. N., Watson, C. E., McCarty, J. C., & Creech, R. G. (1996). Evaluation of genetic variances, heritabilities, and correlations for yield and fiber traits among cotton f2 hybrid populations. *Euphytica*, 91(3), 315-322. <https://doi.org/10.1007/BF00033093>
- Ullah, A., Shakeel, A., Ahmed, H. G. M.-D., Naeem, M., Ali, M., Shah, A. N., Wang, L., Jaremko, M., Abdelsalam, N. R., Ghareeb, R. Y., & Hasan, M. E. (2022). Genetic basis and principal component analysis in cotton (*Gossypium hirsutum* L.) grown under water deficit condition [Publisher: Frontiers]. *Frontiers in Plant Science*, 13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.981369>
- UPOV. (2018). <https://www.upov.int/documents/d/upov/tg-documents-en-tg088.pdf>
- Wang, B., Guo, W., Zhu, X., Wu, Y., Huang, N., & Zhang, T. (2007). Qtl mapping of yield and yield components for elite hybrid derived-rils in upland cotton. *Journal of Genetics and Genomics*, 34(1), 35-45. [https://doi.org/10.1016/S1673-8527\(07\)60005-8](https://doi.org/10.1016/S1673-8527(07)60005-8)
- Wang, H., Huang, C., Guo, H., Li, X., Zhao, W., Dai, B., Yan, Z., & Lin, Z. (2015). Qtl mapping for fiber and yield traits in upland cotton under multiple environments (K. Wang, Ed.). *PLOS ONE*, 10(6), e0130742. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0130742>
- Wang, M., Li, C., & Wang, Q. (2014). Quantitative trait loci mapping and genetic dissection for lint percentage in upland cotton (*gossypium hirsutum*). *Journal of Genetics*, 93(2), 371-378. <https://doi.org/10.1007/s12041-014-0385-9>
- Wickham, H., François, R., Henry, L., Müller, K., & Vaughan, D. (2023). *dplyr: A Grammar of Data Manipulation* [R package version 1.1.4]. <https://CRAN.R-project.org/package=dplyr>
- Xia, Z., Zhang, X., Liu, Y.-y., Jia, Z.-f., Zhao, H.-h., Li, C.-q., & Wang, Q.-l. (2014). Major gene identification and quantitative trait locus mapping for yield-related traits in

- upland cotton (*gossypium hirsutum l.*) *Journal of Integrative Agriculture*, 13(2), 299-309. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(13\)60508-0](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(13)60508-0)
- Zhang, J., & Stewart, J. M. (2000). Economical and rapid method for extracting cotton genomic dna. *J Cotton Sci*, 4(3).
- Zhang, J., Han, Y., Li, Y., Li, X., Wang, G., Wang, Z., Du, W., & Feng, L. (2021). Inhibition of apical dominance affects boll spatial distribution, yield and fiber quality of field-grown cotton. *Industrial Crops and Products*, 173, 114098. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2021.114098>
- Zhang, S., Feng, L., Xing, L., Yang, B., Gao, X., Zhu, X., Zhang, T., & Zhou, B. (2016). New QTLs for lint percentage and boll weight mined in introgression lines from two feral landraces into *Gossypium hirsutum* acc TM-1 [Publisher: Wiley Online Library]. *Plant Breeding*, 135(1), 90-101.
- Zhang, T., Yuan, Y., Yu, J., Guo, W., & Kohel, R. J. (2003). Molecular tagging of a major qtl for fiber strength in upland cotton and its marker-assisted selection. *Theoretical and Applied Genetics*, 106(2), 262-268. <https://doi.org/10.1007/s00122-002-1101-3>
- Zhang, Z.-S., Xiao, Y.-H., Luo, M., Li, X.-B., Luo, X.-Y., Hou, L., Li, D.-M., & Pei, Y. (2005). Construction of a genetic linkage map and qtl analysis of fiber-related traits in upland cotton (*gossypium hirsutum l.*) *Euphytica*, 144(1-2), 91-99. <https://doi.org/10.1007/s10681-005-4629-x>
- Zorzon, C. (2025). *El Algodón en la Provincia de Santa Fe: Análisis Productivo Edición 2024-2025* (inf. téc.). <https://www.appasantafe.org.ar/edicion-2024-2025>