

Evaluación de fuentes de germoplasma segregante de girasol (*Helianthus annuus* L.) en la obtención de familias de medios hermanos, hermanos completos y líneas S1 para rendimiento y calidad de achenio y aceite

Evaluation of segregating germplasm sources of sunflower (*Helianthus annuus* L.) in obtaining half-sib, full-sib, and S1 lines for yield and quality of achene and oil

Alejandro Ángeles Espino¹, Rogelio Lépez Ildefonso¹, José M. Padilla García¹, Marisela Sandoval Canizales¹,
Lino de la Cruz Larios¹, Eduardo Rodríguez Guzmán^{1*}

¹Departamento de Producción Agrícola, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Guadalajara, Zapopan, Jalisco, México. CP. 45550.

ORCID: 0000-0002-1655-6391, alejandro.angeles@academicos.udg.mx;

ORCID: 0000-0002-2062-2291, rogelio.lepez@academicos.udg.mx;

ORCID: 0000-0002-5627-3986, jpadilla@cuba.udg.mx;

ORCID: 0000-0001-9718-3218, marisela.sandoval5823@academicos.udg.mx;

ORCID: 0000-0002-6247-459X, lino.delacruz@academicos.udg.mx;

ORCID: 0000-0002-4640-7610, eduardo.rguzman@academicos.udg.mx

*Autor de correspondencia

Resumen

Palabras clave:

Selección familiar;
girasol; segregantes;
aceite.

Se evaluaron segregantes (F₂) de los híbridos Sigco e Imperial y las variedades sintéticas (VPL) Pederovik, Tecmon-1 y Tecmon-2 como fuentes de germoplasma en girasol para generar familias de medios hermanos (MH), hermanos completos (HC) y líneas S₁ (S₁), en diseño látice simple 5 x 3 estimando rendimiento de achenio, contenido de aceite y ácidos grasos. En rendimiento con diferencias entre fuentes en familias S₁ y de hermanos completos, las familias F₂ superaron hasta 40 % a las de VPL, con diferencias menores entre familias de medios hermanos. Tecmon-2, Sigco y Pederovik fueron eficientes para desarrollar familias de medios hermanos, Sigco sobresalió generando familias S₁, HC, y MH. En contenido de aceite con diferencias significativas para fuentes de germoplasma entre familias S₁ y de MH, Sigco y Tecmon-2, con menor varianza aditiva, sobresalieron para generar medios hermanos. En contenido y calidad de aceite, familias segregantes F₂ superaron a las de VPL.

Abstract

Keywords: Family selection; sunflower; segregants; oil.

Segregants (F₂) of Sigco and Imperial hybrids and synthetic varieties (OP) Pederovik, Tecmon-1, and Tecmon-2 were evaluated as sunflower germplasm sources to generate half-sister (HS), full-sister (FS), and S₁ (S₁) lines in a 5 x 3 simple lattice design estimating achene yield, oil, and fatty acids content. In yield, with differences between sources in S₁ and full-sister lines, the F₂ lines outperformed the VPL lines by up to 40%, with smaller differences among HS. Tecmon-2, Sigco, and Pederovik were efficient in generating S₁ and HS families with Sigco stood out to generate S₁, FS and HS. In oil content with significant differences for germplasm sources between families S₁ and HS. Sigco and Tecmon-2, with lower additive variance, stood out to generate HS. In oil content and quality, F₂ segregating families outperformed those of OP.

Recibido: 03 de junio de 2025

Aceptado: 18 de agosto de 2025

Publicado: 25 de febrero de 2026

Cómo citar: Ángeles, A.; Lépez, R.; Padilla, J. M.; Sandoval, M.; de la Cruz, L.; & Rodríguez, E. (2026). Evaluación de fuentes de germoplasma segregante de girasol (*Helianthus annuus* L.) en la obtención de familias de medios hermanos, hermanos completos y líneas S1 para rendimiento y calidad de achenio y aceite. *Acta Universitaria*, 36, e4668. doi: <https://doi.org/10.15174/au.2026.4668>

Introducción

El girasol (*Helianthus annuus* L.) es la cuarta oleaginosa más importante a nivel mundial por su producción anual, seguida de soya, canola y cacahuete (Abumere *et al.*, 2019). Destaca por sus características agronómicas, por ejemplo, su amplio rango de adaptación a condiciones ecológicas adversas -como suelos de baja fertilidad, sequía y heladas (Beard, 1981; Ramírez-Jiménez *et al.*, 2025)-; su alto contenido de aceite en la almendra cuya calidad se conforma por el contenido de ácidos grasos oleico (omega 9) y linoleico (omega 6), con influencia directa en el metabolismo del colesterol; y su alto contenido de proteína (25%-35%) en la pasta residual (Dagustu, 2018). Además, el resto de la planta puede utilizarse como forraje y su cultivo se realiza con bajos requerimientos de producción (Castro & Villas, 2018).

A pesar del incremento de la producción de oleaginosas en la última década, en 2016 solo se cubrió 7.49% de los requerimientos para la producción de aceite de girasol, donde México ocupó el séptimo lugar en extracción y refinación de aceite, con aproximadamente 50 plantas industriales (Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación [Sagarpa], 2017). Para 2023, el comercio internacional de México alcanzó los 37.6 millones de dólares con un desbalance comercial de 3.59 millones de dólares, donde destacaron Ciudad de México, Jalisco, Estado de México, Puebla y Veracruz como los principales comercializadores a nivel nacional (Organization for Economic Co-operation and Development-Food and Agriculture Organization of the United Nations [OECD-FAO], 2023).

Para 2024 el mercado mundial de productos de girasol se estimó en 40.59 mil millones de dólares americanos y una producción mundial de 16.5 millones de toneladas métricas, proyectando un crecimiento del 3.01% anual para el quinquenio 2024-2029, donde Rusia y Ucrania sobresalen como los mayores productores y exportadores, pues cada uno abarca más de la cuarta parte de la producción mundial (Mordor Intelligence, 2025; Statista, 2025). Por su parte, la participación de México en el comercio mundial fue de 0.027% en 2023, con una reducción de las exportaciones de 7.82% de 2022 a 2023 (Observatorio de Complejidad Económica, 2025).

Según Heiser (2008), la especie procede de la parte central de Estados Unidos y Sudamérica; sin embargo, a partir del análisis de documentos históricos y semillas encontradas en restos arqueológicos en Tabasco y Morelos, donde se encontraron los aquenios prehistóricos más grandes y antiguos, se evidencia que México es el centro de origen con mayor antigüedad. Adicionalmente, Bye *et al.* (2009) asegura que el girasol se cultivó durante la época prehispánica y el virreinato en el centro del país.

Se conocen alrededor de 100 especies del género *Helianthus*, siendo la especie *annuus* la de mayor importancia debido a las características que presenta el aquenio en cuanto al contenido de aceite (30% al 50%) y de proteína (30%). De acuerdo con Turhan *et al.* (2010), la calidad de su aceite está dada por el ácido oleico (60%), por lo que se clasifica como semi-secante.

En cuanto a las características morfológicas de la especie *annus*, se puede decir que es anual, herbácea, erecta, de altura variable y con sistema radicular eficiente que le confiere resistencia a la sequía (De Camargo *et al.*, 2024; Robles, 1983). Además, es una planta alógama, pues los estambres y el pistilo no maduran simultáneamente (Protandria), aunado a que presenta autoincompatibilidad génica (Astiz *et al.*, 2011).

El primer paso en un programa de desarrollo de variedades consiste en desarrollar poblaciones con variabilidad genética para los caracteres de interés y posteriormente seleccionar progenies provenientes de estas poblaciones, lo que constituye una valiosa herramienta para el mejoramiento genético (Dominguez & Gonzalez, 2021). Como punto de partida, lo idóneo es usar poblaciones segregantes en las que se expresa toda la variabilidad genética (Alezones *et al.*, 2014).

Márquez (1985), en su obra clásica llamada *Genotecnica vegetal. Métodos, teoría y resultados*, proporcionó una base teórica y práctica sólida para el desarrollo de variedades más productivas, resistentes a enfermedades y adaptadas a diversas condiciones ambientales, que dentro del mejoramiento genético de plantas alógamas entre las que se incluye el girasol, ofreció alternativas como la selección familiar, donde los efectos ambientales disminuyen y los valores fenotípicos se acercan a los valores genéticos (Dominguez & Gonzalez, 2021; Ellen *et al.*, 2007; Luna-Guerrero *et al.*, 2020).

De acuerdo con el tipo de familia, es decir, familias de medios hermanos, hermanos completos y de líneas S₁, son las diferentes fracciones de la varianza genética (aditividad, dominancia y epistasis) que se pueden aprovechar (Persa *et al.*, 2020). La varianza genotípica sumada a la varianza ambiental y su interacción respectiva da como resultado la varianza fenotípica, donde la aditiva es la varianza de los valores reproductivos y el principal componente de la varianza genotípica ((Dominguez & Gonzalez, 2021; Falconer & Mackay, 2001; Schou *et al.*, 2020).

Por otra parte, dentro de la selección familiar, los sistemas de polinización son básicos, puesto que por polinización libre o por cruza fraternales con mezcla de polen se generan medios hermanos, por cruza planta a planta se producen familias de hermanos completos y con autofecundaciones se obtienen Líneas S₁ (Márquez, 1985). Las familias de medios hermanos mantienen poblaciones segregantes bajo panmixia, mientras que las de hermanos completos permiten mantener el grado de heterosis en una generación y en las familias de Líneas S₁ se derivan líneas endogámicas para la obtención de híbridos.

El objetivo de la investigación fue evaluar comparativamente dos tipos de fuentes de germoplasma segregante, híbridos F₂ y variedades de polinización libre de girasol (*Helianthus annuus* L.) y su eficiencia en la generación de familias de medios hermanos, hermanos completos y Líneas S₁ para rendimiento de achenio, contenido y calidad de aceite.

Materiales y métodos

Localización

El estudio se llevó a cabo en el Campo Agrícola Experimental del Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias de la Universidad de Guadalajara, ubicado a 20° 44' 46" latitud norte, 103° 30' 43" longitud oeste y 1658 m. s. n. m. En un primer ciclo se generaron las familias en las cinco poblaciones segregantes en un lote, aprovechando que en el campo experimental no hubo lotes cercanos de girasol. En un segundo ciclo se evaluaron las familias obtenidas junto con sus progenitores (Poblaciones originales F₂ y VPL) en un lote experimental que constó de 708.4 m². El suelo se preparó con barbecho, dos pasos de rastra cruzada, nivelación y surcado. Se sembraron dos semillas por golpe cada 25 cm en el lomo del surco. Se hizo el aclareo dejando una planta por mata cuando tenían 20 cm de altura. Se dio el riego de siembra, dos riegos de auxilio y el ciclo se completó con la precipitación pluvial. Se dieron dos escardas en las etapas tempranas del cultivo para el control de arvenses. No se fertilizó ni aplicaron plaguicidas para el control de insectos plaga y fitopatógenos.

Germoplasma

Se emplearon como fuentes de germoplasma segregante: los híbridos Sigco e Imperial a los cuales se les obtuvo la generación F_2 (F_2) (Tabla 1), además de tres variedades de polinización libre (VPL): Peredovik (comercial), y Tecmon-1 y Tecmon-2, (experimentales) originalmente generadas mediante selección masal.

Tabla 1. Fuentes de germoplasma progenitoras para la obtención de familias, ciclo de cultivo y contenido de aceite en girasol.

Fuente de Germoplasma	Tipo	Ciclo (días)	Contenido de aceite
Peredovik	VPL	120	40%
Sigco	Híbrido (F_2)	130	40%
Imperial	Híbrido (F_2)	130	40%
Tecmon-1	VPL	110	30%
Tecmon-2	VPL	110	34%

Nota. VPL: Variedad de polinización libre.

Fuente: Elaboración propia.

Obtención de familias

En un lote se establecieron las cinco fuentes mencionadas (Tabla 1) y se formaron los tres tipos de familias durante el primer ciclo de cultivo para cada una de las fuentes. A continuación, se describe la forma de obtención de cada tipo de familia, dentro de cada población segregante F_2 o VPL (Fehr 1991; Márquez, 1980).

Familias de medios hermanos (MH). Se seleccionaron plantas al azar durante el periodo de antesis, mismas que se etiquetaron con número consecutivo, la fecha de antesis (progenitor materno). Además, se colectó polen para formar un compuesto balanceado (progenitor masculino), con el cual se polinizó a las hembras. En la población segregante F_2 de Sigco se formaron las familias MH Sigco F_2 y MH Imperial F_2 , mientras que en las variedades de polinización libre (VPL) se formaron las familias MH Peredovik, MH Tecmon1 y MH Tecmon2.

Familias de hermanos completos (HC). Se hicieron cruza fraternales planta a planta (PaP). Se seleccionaron plantas contiguas. Previo a la dehiscencia de las anteras, se retiraron las lígulas de los capítulos, se cubrieron las inflorescencias con bolsas de manta y se frotaron durante la antesis. Se identificaron colocando una etiqueta con los datos de cada progenitor, número de cruza, fecha en que se cubrieron y fecha del cruzamiento. En este tipo de familia se obtuvieron: HC Sigco F_2 , HC Imperial F_2 , HC Peredovik, HC Tecmon1 y HC Tecmon2.

Familias de Líneas S_1 (S_1). Se hicieron autofecundaciones (Márquez, 2013). Se seleccionaron plantas que se cubrieron con bolsas de manta previo a la dehiscencia de las anteras, frotando los capítulos durante la antesis. Se identificaron colocando una etiqueta con la fecha en que se cubrieron y el número de autofecundación. En este tipo de familia se obtuvieron: S_1 Sigco F_2 , S_1 Imperial F_2 , S_1 Peredovik, S_1 Tecmon1 y S_1 Tecmon2.

En todas las familias, las plantas polinizadas se cosecharon, secaron y desgranaron individualmente, además se eliminó la semilla vana.

Para evaluar el comportamiento y tipo de acción génica en la prueba de las familias, se obtuvieron los componentes de la varianza genética de acuerdo con el modelo desarrollado por Márquez (1985) para selección familiar.

Diseño experimental

Para evaluar las familias obtenidas en cada fuente de germoplasma, se diseñó un experimento en látice rectangular 5 x 3 con dos repeticiones (Lagos & Criollo, 2001; Rojas, 2006), siendo el grupo X la repetición 1 y el grupo Y la repetición 2. Se formaron cinco bloques incompletos de tres familias cada uno, las cuales a su vez constituyeron una fuente de germoplasma. Para el grupo X las familias se sortearon en hileras y para el grupo Y en columnas para favorecer la aleatorización de los tratamientos, por lo que se analizó mediante un experimento bifactorial combinatorio, donde "A" fueron las fuentes de germoplasma y "B" el tipo de familia. El lote de evaluación constó de 30 parcelas de dos surcos cada una y 5 m de longitud, espaciados a 0.92 m (unidad experimental).

Para el análisis de contenido de ácidos grasos, se diseñó un experimento bifactorial (3 x 5) con tres tipos de polinización y cinco fuentes de germoplasma.

Variables evaluadas

Las variables estimadas se dividieron en dos: la primera en las fuentes de germoplasma para establecer las características fenotípicas (antesis, porte y capítulo) de las fuentes de germoplasma de acuerdo con su procedencia (F2 y VPL) y la segunda orientada al rendimiento de achenio, contenido y calidad de aceite en las familias generadas (HC, MH y S1) para finalmente relacionar las fuentes con las familias y estimar la eficiencia de las familias en su productividad y calidad de aceite en relación con su fuente de origen.

Considerando que las familias presentaron las características fenotípicas de la fuente de germoplasma de la que se derivaron, se omitió tomar estas variables pues el objetivo fue determinar la eficiencia de las familias en el rendimiento de achenio, contenido y calidad de aceite.

Las variables fenotípicas se calcularon con los valores promedios de cinco plantas seleccionadas al azar en cada parcela experimental. Esta información se centra en estimar características que son de interés agronómico para la inclusión de la población en la formación de familias al estar asociadas con rendimiento (Ángeles *et al.*, 2021; Kendarini *et al.*, 2025; Sefaoglu, 2023).

Días a antesis. Se determinaron con base en los días transcurridos desde la siembra hasta que el 50% de las plantas se encontraban al 50% de floración. Se relaciona con el ciclo de vida y la precocidad requerida en los progenitores para su adaptación al ambiente de producción regional en un ambiente semicálido y que se reportan correlacionadas con rendimiento.

Altura de planta (m). Se tomó midiendo con cinta métrica (cm) desde el inicio del tallo junto al suelo hasta la base del capítulo, carácter deseable en las plantas relacionado a una altura que permita tolerar viento, evitando acame y con asociación al rendimiento.

Diámetro de capítulo (cm). Se midieron los capítulos al término del periodo de antesis con una regla, carácter asociado a la productividad de la planta a través del número y peso de achenios.

Rendimiento de achenio (t ha⁻¹). Se pesó el achenio de 20 plantas con 13% de humedad por familia, se separó la semilla vana obteniendo los kilogramos y se hizo la conversión a t ha⁻¹. La determinación de humedad de achenio se realizó de acuerdo con las reglas de la International Seed Testing Association (ISTA, 2016) mediante un determinador Steinlite NTEP Moisture Tester SL95, en el Banco de Germoplasma del Centro Universitario.

Contenido de aceite (%). Se obtuvo mediante resonancia magnética nuclear (Mannina & Segre, 2002). Los análisis se llevaron a cabo en el laboratorio de oleaginosas del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP). De las familias de hermanos completos, medios hermanos y Líneas S₁ que se generaron en cada una de las fuentes de germoplasma, se mezcló la semilla y se tomó una muestra al azar de 50 g de cada una. Las muestras se colocaron en una estufa a 60 °C durante 24 horas y se dejaron enfriar durante 12 h en un desecador. Posteriormente, se calibró el aparato utilizando un testigo de aceite de girasol para ajustar la lectura del tablero digital. Se midió un volumen de semilla de 30 cc por muestra, que se pesó en una balanza analítica, y se vertió en un tubo de ensaye. Posteriormente, se introdujo al aparato y después de 8 s se tomó la lectura. El porcentaje de aceite se obtuvo con la relación:

$$\% \text{ aceite} = \frac{\text{Peso aceite testigo} \times \text{lectura de la muestra}}{\text{Lectura del aceite testigo} \times \text{peso de la muestra}} \times 100$$

Contenido de ácidos grasos (palmitico, esteárico, oleico y linoleico [%]). Se obtuvieron mediante cromatografía de gases en un equipo Varian 3700 en columnas de acero inoxidable (Ledea *et al.*, 2005) en el INIFAP. Para los análisis se tomó una muestra aleatoria de 50 g. Se conformaron dos muestras, una procedente de la mezcla de semilla de cada tipo de familia (HC, MH y S₁) y la segunda por fuente de germoplasma, mezclando la semilla de cada fuente de germoplasma.

Componente aditivo. Se obtuvo la varianza genética aditiva de acuerdo con la familia:

Varianza aditiva $\sigma^2_a = 1/4 \sigma^2$ en Medios hermanos (MH)

La varianza aditiva en selección familiar de medios hermanos se estima utilizando la relación de parentesco entre ellos, ya que comparten el 25% de sus genes (Falconer & Mackay, 2001; Márquez, 1985).

Varianza aditiva $\sigma^2_a = 1/2 \sigma^2$ en Hermanos completos (HC)

La selección familiar de hermanos completos estima la varianza aditiva en 50% al proceder de padres (Falconer & Mackay, 2001; Márquez, 1985).

Varianza aditiva $\sigma^2_a = \sigma^2$ en Líneas S₁ (S₁)

En el caso de las familias de Líneas S₁, conceptualizadas por Márquez (1980, 1985) como autohermanos, la varianza aditiva es 100% de la varianza en las líneas, dado que sus genes proceden del mismo individuo progenitor.

En las tres familias mencionadas se emplea la varianza entre familias para estimar la varianza aditiva a partir de las esperanzas de los cuadrados medios, de los cálculos y de las derivaciones descritos en Falconer & Mackay (2001), Fehr (1991), Márquez (1985), Hallauer & Miranda (1988) y Márquez-Sánchez & Sahagún-Castellanos (1994), autores clásicos en la genética cuantitativa.

Resultados y discusión

Características fenotípicas de progenitores (F₂ y VPL)

Se obtuvieron diferencias estadísticamente significativas entre las fuentes en cuanto a días a antesis y altura de planta, sin diferencias significativas en cuanto al diámetro de capítulo (Tabla 2).

Tabla 2. Valores promedio de variables fenotípicas y su significancia estadística en cinco fuentes de germoplasma (F₂ de híbridos y variedades de polinización libre) de girasol para aceite.

Fuente de germoplasma	Tipo*	Días a antesis	Altura de planta (m)	Diámetro capítulo (cm)
Peredovik	VPL	68 b	1.66 b	21.6 a
Sigco	Híbrido (F ₂)	81 d	1.97 a	23.1 a
Imperial	Híbrido (F ₂)	79 c	1.54 c	23.8 a
Tecmon-1	VPL	63 a	1.57 c	20.4 a
Tecmon-2	VPL	61 a	1.60 c	19.0 a

Nota. *VPL = Variedad de polinización libre, Híbrido (F₂) Generación F₂ del híbrido comercial. Tratamientos con la misma letra no difieren estadísticamente. Tukey ($p \leq 5\%$).

Fuente: Elaboración propia.

A continuación, se abordan estas características de manera individual:

Días a antesis. En siembras para producción de achenio, hay híbridos precoces, intermedios y tardíos, con diferentes condiciones ambientales en cuanto a intensidad lumínica, temperatura y altitud, por lo que el ciclo de cultivo puede variar de 80 a 130 días, dependiendo del cultivar y la fecha de siembra (Castro & Villas, 2018). Las variedades de polinización libre (VPL) Pederovik, Tecmon-1 y Tecmon-2 fueron significativamente más precoces que los híbridos Sigco e Imperial, registrando desde 11 hasta 20 días menos a antesis (Tabla 2). Estas diferencias se deben a las características particulares tanto de los materiales segregantes híbridos F₂ como de las variedades de polinización libre, ya que estas últimas están adaptadas a condiciones de temporal con menor ciclo. Además, la segregación forma parte del amortiguamiento genético frente a condiciones adversas, como las que enfrentan las variedades en siembras de temporal. La diferenciación entre genotipos de girasol de ciclo corto de los de ciclo tardío, seleccionando los más adecuados para la región, brinda la oportunidad de obtener productos de alto rendimiento y calidad (Gül & Coban, 2020).

La duración desde la siembra a antesis es importante en los cálculos del potencial de producción y los programas de mejoramiento de girasol (Debaeke *et al.*, 2017), por lo que variedades precoces (Pederovik, Tecmon-1 y Tecmon-2) resultan ser de utilidad para formar progenies destinadas a condiciones de temporal con tolerancia a sequía y, por su precocidad, reducen el riesgo de presencia de insectos, plagas, fitopatógenos y heladas tempranas; además de permitir realizar siembras en diferentes fechas e incluso obtener más de un ciclo de producción por año (Ma'ali *et al.*, 2024); en tanto que variedades tardías como las poblaciones F₂ segregantes de los híbridos Sigco e Imperial permitirán desarrollar progenies que puedan presentar un mayor periodo de fotosíntesis, aunado al potencial de rendimiento asociado al llenado de achenio, contenido de aceite con mayor potencial de producción (Castro & Villas, 2018).

Altura de planta. El estudio de la altura de planta permite detectar variabilidad genética en las poblaciones y la relación entre esta y los factores ambientales, complementando las técnicas para el mejoramiento de los programas genéticos (Dos Santos *et al.*, 2017).

En el presente estudio, esta variable presentó diferencia significativa al 1% de probabilidad entre las fuentes de germoplasma (Tabla 2), conformando tres grupos: 1) Sigco, con el mayor porte con 197 cm, 2) Peredovik, de 166 cm, y 3) un tercer grupo sin diferencia significativa entre sí, donde se incluyeron el híbrido Imperial (154 cm) y las variedades Tecmon-1 y Tecmon-2 (157 cm y 160 cm, respectivamente). Por su parte, Padilla-García *et al.* (2018) realizaron un estudio en Zapopan, Jalisco, con cuatro híbridos de la empresa Pioneer y mencionan que la altura del girasol varió significativamente según la variedad, resultando P64HE118 el de mayor altura (192.7 cm), seguido de COBALT II y P64HH98 (179.5 y 178.8, respectivamente). Las más bajas fueron P63HH111 y P63HE60 (131.2 cm y 124.5 cm), sin diferencias entre híbridos en relación al porcentaje de acame, registrando un promedio de 3.6%, un valor aceptable para genotipos que van de 124.5 a 192,7 cm de altura, proporcionando tolerancia a la caída de plantas por su robustez de tallo y mayor anclaje al suelo por su enraizamiento.

La altura de planta, siendo uno de los atributos morfológicos con mayor variabilidad reportado por Alezones *et al.* (2014), permitió sugerir que la selección en las primeras generaciones para este carácter sería efectiva al presentar alta heredabilidad; además, es dependiente del germoplasma del que se derivó siendo una variable que mejor explica la variación en poblaciones segregantes de híbridos. En este tenor, el híbrido Imperial y las variedades de polinización libre Tecmon-1 y Tecmon-2 son fuentes promisorias de plantas bajas con tolerancia al acame.

Diámetro de capítulo. No se presentó diferencia significativa, por lo que el comportamiento de las cinco fuentes de germoplasma fue similar. Debe tenerse en cuenta que, si bien en esta variable hay un componente genético en su manifestación, es un carácter que presenta alta interacción con el medio ambiente, considerando que a mayor densidad de población el diámetro disminuye y, a su vez, los achenios son de menor tamaño; por ende, el contenido de aceite disminuye.

Nel *et al.* (2000) coincidieron en el menor tamaño del capítulo, pero difirieron en el contenido de aceite y proteína de las semillas, pues no se vio afectado por la población de plantas, siempre que sea menor a 35 000 plantas ha⁻¹.

Los genotipos identificados con alto rendimiento y contenido de aceite podrían utilizarse en un programa dirigido a mejorar el potencial genético del girasol (Sefaoglu, 2023). En consecuencia, la determinación de los genotipos de girasol empleados como fuentes de genes adecuados para la región brinda la oportunidad de obtener productos de alto rendimiento y calidad.

Sri *et al.* (2025) relacionaron características fenotípicas con el rendimiento de semillas y encontraron asociaciones significativas y positivas con la altura de la planta, el diámetro del capítulo y el contenido de aceite. Por su parte, Reavanth *et al.* (2022) encontraron que caracteres con alta heredabilidad y alto avance genético fueron altamente susceptibles a la selección, lo que se observó para los días al 50% de floración y la altura de la planta. Asimismo, el rendimiento de semillas por planta, como rasgo clave, presentó una correlación significativa positiva con altura de planta (0.61) y diámetro de capítulo (0.83), siendo este último el de mayor efecto indirecto positivo en el rendimiento de semillas por planta.

Las tres características son afectadas por factores ambientales, sin embargo, el componente genético es heredable y, por lo tanto, seleccionable. Su asociación permite considerarlos como criterios para el mejoramiento genético.

Desempeño por tipo de familias en rendimiento y contenido de aceite y ácidos grasos

El rendimiento de aqenio, contenido y calidad de aceite se evaluaron en las familias de medios hermanos, hermanos completos y Líneas S₁ de cada una de las cinco variedades segregantes empleadas como fuentes de germoplasma: Pederovik, Tecmon-1 y 2 (Variedades de Polinización Libre) y los segregantes F₂ de los híbridos Sigco e Imperial, resultando por lo tanto tres tipos de familias (MH, HC y S₁) por cinco fuentes para un total de 15 familias.

Rendimiento de aqenio

No se presentaron diferencias significativas ($p > 5\%$) entre las 15 familias de medios hermanos, hermanos completos y Líneas S₁ (Tabla 3). Sin embargo, se obtuvieron diferencias altamente significativas ($p \leq 1\%$) entre las familias de Líneas S₁ y las familias de hermanos completos en cada fuente, así como diferencias significativas ($p \leq 5\%$) para las familias de medios hermanos. Estos resultados muestran que, en el rendimiento de aqenio, las familias tienen el mismo comportamiento y que en las fuentes de germoplasma hubo respuesta diferenciada entre los materiales segregantes provenientes de híbridos y las variedades sintéticas o de polinización libre.

Tabla 3. Análisis de varianza para rendimiento de aqenio y contenido de aceite en familias de Líneas S₁, Hermanos Completos y Medios Hermanos de girasol.

Fuentes de variación	G.L.	Aqenio (ton ha ⁻¹)			Contenido de aceite (%)		
		S ₁	HC	MH	S ₁	HC	MH
Bloques	1	0.26	0.08	0.87	2.00	0.04	0.04
Familias	14	0.08 ^{ns}	0.26 ^{ns}	0.69 ^{ns}	4.82**	6.52 ^{ns}	11.82**
F. Germoplasma	4	0.28**	0.36**	1.35*	13.71**	10.02**	45.29**
Error	10	0.06	0.23	0.59	2.67	3.27	0.44
C.V %		18.99	15.69	14.59	15.96	12.42	11.93

Nota. **Diferencia significativa ($p \leq 1\%$); *diferencia significativa ($p \leq 5\%$); ns = diferencia no significativa.

Fuente: Elaboración propia.

Estas diferencias se observan entre las familias S₁ donde se formaron dos grupos: el primero, proveniente de los segregantes F₂ de los híbridos Sigco e Imperial (Figura 1, grupo a), con un promedio de 1.59 t ha⁻¹, de 30% a 40% superior al segundo grupo, éste último integrado por las familias S₁ derivadas de las VPL: Peredovik, Tecmon-1 y Tecmon-2, con 1.11 t ha⁻¹ en promedio de las tres familias (Figura 1, grupo b).

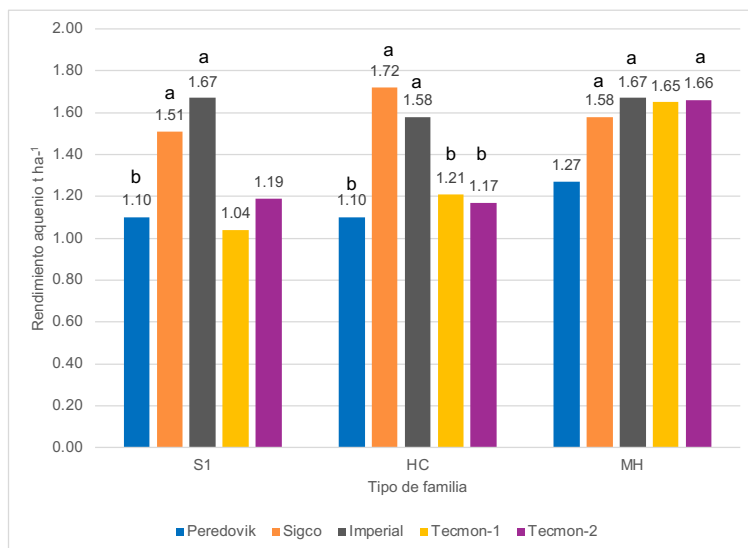


Figura 1. Rendimiento de achenio en tres tipos de familia en cinco fuentes de germoplasma.

Nota. *Tratamientos con distinta letra difieren estadísticamente ($p \leq 5\%$)

Fuente: Elaboración propia.

El componente aditivo de la varianza genética para el rendimiento (Tabla 4), al presentar valores bajos, que van de 0.001 a 0.047, indican que cuatro fuentes de germoplasma incluyendo los materiales de polinización libre, Peredovik, Tecmo-1 y Tecmon-2 junto con el híbrido Sigco son eficientes para derivar líneas S₁, a excepción del segregante F₂ del híbrido Imperial cuya varianza aditiva fue de 0.36. Lo anterior se fundamenta en que la varianza genética se compone por varianza aditiva y varianza de dominancia, dado que los efectos epistáticos son probablemente minúsculos, y difíciles de estimar. Por lo tanto, en las cuatro fuentes de familias de líneas S₁ mencionadas se aprovecha complementariamente la varianza debida a efectos dominantes asociada a efectos de heterosis aprovechables en nuevos híbridos formados a partir de estas líneas.

De manera similar, las familias de hermanos completos provenientes de los segregantes F₂ de los híbridos Sigco e Imperial con promedio de 1.65 t ha⁻¹ (Figura 1, grupo a) superaron en 30% el promedio (1.16 t ha⁻¹) de las familias provenientes de las VPL Peredovik, Tecmon-1 y Tecmon-2 (Figura 1, grupo b). Los componentes de la varianza genética aditiva indican que las cuatro fuentes de germoplasma mencionadas son eficientes para la generación de hermanos completos.

Tabla 4. Valores de la varianza genética aditiva y su significancia para Líneas S₁, hermanos completos y medios hermanos en cinco fuentes de germoplasma de girasol.

Fuente	Rendimiento de Achenio			Contenido de aceite		
	S ₁	HC	MH	AH	HC	MH
	CM	CM	CM	CM	CM	CM
Peredovik	0.047	0.060	0.279	3.740	1.970	1.900
Sigco	0.041	0.040	0.384	0.003*	0.012*	2.082*
Imperial	0.360	0.077	0.079	0.009*	0.010*	0.186
Tecmon-1	0.001	0.070	0.158	5.590	5.210	2.050
Tecmon-2	0.082	0.126	0.421*	2.980	2.500	3.370*

Nota. *Diferencia significativa ($p \leq 5\%$).

Fuente: Elaboración propia.

En las familias de medios hermanos, solo la variedad Peredovik (Figura 1, grupo b) tuvo menor rendimiento con 1.27 t ha^{-1} , 22% menos que las variedades Tecmon-1 y Tecmon-2 que no presentaron diferencia significativa con los segregantes F₂ de los híbridos Sigco e Imperial, como se muestra en la Tabla 3 y en la Figura 1 (grupo a con 1.64 t ha^{-1} en promedio).

El componente aditivo de la varianza genética para las familias de medios hermanos (Tabla 4) indica que, de las cinco fuentes de germoplasma, solo el segregante Imperial obtuvo un valor bajo, mientras que el resto de las fuentes presentaron valores altos, por lo que estas fuentes son eficientes para la formación de medios hermanos. Estas familias de medios hermanos pueden formarse bajo panmixia (formando un compuesto balanceado con semilla de los individuos que la conforman una vez obtenida la familia y se reproduce en lote aislado, permitiendo que alcance el equilibrio genético por los cruzamientos aleatorios). Un segundo procedimiento es tomar semilla, de cada fuente o de una mezcla de estas, para incrementar la variabilidad genética y derivar materiales a través de selección masal o individual, lo que concuerda con Márquez-Sánchez & Sahagún-Castellanos (1994), quienes consignan que la respuesta a la selección se pierde cuando la varianza aditiva se agota.

Por otra parte, hay que considerar que las fuentes de germoplasma Tecmon-1 y Tecmon-2 se derivaron de cruza de cultivado por silvestre, donde este último se considera un reservorio importante de genes que le confieren rusticidad a estas dos fuentes, a través de resistencia o tolerancia a condiciones adversas tanto bióticas como abióticas, por co-evolucionar en ambientes fuera de cultivo sin los cuidados de los agricultores.

Contenido de aceite

Como se presenta en la Tabla 3, entre familias de Líneas S₁ y medios hermanos se mostraron diferencias altamente significativas ($p < 1\%$), reflejando variabilidad entre las familias en estas dos formas de parentesco, mientras que en hermanos completos no se presentó significancia, con similitud en contenido de aceite en las familias obtenidas en este parentesco.

Entre fuentes de germoplasma, en todas las formas de obtener las familias (autofecundación, cruzamiento planta a planta o formación de compuesto balanceado para polinizar) se obtuvieron diferencias altamente significativas ($p < 1\%$) (Tabla 3). En promedios (Figura 2), entre familias S₁ hay claramente diferencia entre las fuentes, al igual que en las familias obtenidas con parentesco de medios hermanos, mientras que entre hermanos completos las diferencias estadísticas solo fueron significativas ($p < 5\%$).

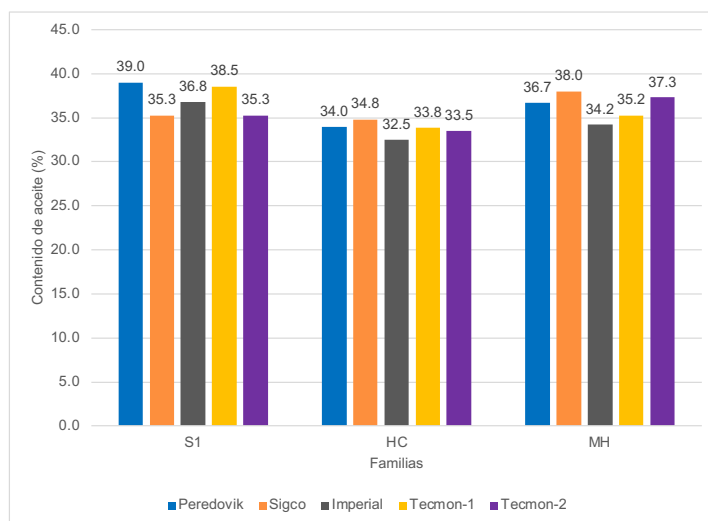


Figura 2. Contenido de aceite en tres tipos de familia en cinco fuentes de germoplasma.

Nota. *Tratamientos con distinta letra difieren estadísticamente ($p \leq 5\%$).

Fuente: Elaboración propia.

En Peredovik y Tecmon-1 el mayor contenido de aceite se obtuvo en Familias S₁ con 39% y 38.5%, respectivamente, ambas en el grupo a (Figura 2), seguidas de Imperial con 36.8 % en el grupo b de Familias S₁ y superando en contenido a las familias de hermanos completos o medios hermanos.

En el presente trabajo, en lo que se refiere a las familias de Líneas S₁, obtenidas a partir de los híbridos Sigco e Imperial, se obtuvieron los valores más bajos en varianza aditiva, 0.003 y 0.009 (Tabla 4), por lo que se infiere que son las más aptas para derivar líneas o familias de Líneas S₁, considerando que el efecto genético esperado se deberá a la varianza genética por efectos de dominancia, de acuerdo con la composición de la variación genética señalada por Falconer & Mackay (2001). Estos resultados coinciden con Hladni *et al.* (2006) al evaluar siete líneas con androesterilidad citoplásmica, desarrolladas mediante hibridación interespecífica, tres líneas restauradoras de la fertilidad utilizadas como probadores y 21 híbridos F1 sometidas al análisis línea $\times$ probador. Se obtuvo que el componente no aditivo de la varianza genética (dominante) jugó un papel fundamental en la herencia del contenido de aceite.

Por su parte, Göksoy *et al.* (2020), evaluando una población híbrida obtenida de tres líneas CMS (estériles masculinos citoplasmáticos) y cuatro líneas probadoras de polen (restauradoras) con contenido medio o alto de ácido oleico, encontraron que tanto los efectos genéticos aditivos como los no aditivos fueron efectivos para el rendimiento de aceite además del rendimiento de aquenio algunos de sus componentes.

Por su parte as familias S₁ provenientes de las variedades de polinización libre o sintéticos: Tecmon-2, Peredovik y Tecmon-1 (2.98, 3.74 y 5.59), valores altos en varianza aditiva (Tabla 4), además de presentar menor depresión endogámica, se pueden aprovechar sometiéndolas a un proceso de selección de líneas endogámicas (Márquez, 1985).

En familias de hermanos completos, la comparación de las fuentes en cuanto al contenido de aceite (Figura 2) mostró que no hay diferencias marcadas, Peredovik y Sigco se incluyeron en el grupo a (34.8 % y 34 %, respectivamente), similares a Tecmon-1 y Tecmon-2 (grupo ab, 33.8 % y 33.5 % respectivamente) e Imperial (grupo b, 32.5 %), con diferencias de apenas 2.3 % entre la de mayor contenido (Sigco) y la inferior (Imperial). Al obtener el componente aditivo de la varianza genética para este grupo de familias, Imperial y Sigco obtuvieron los valores inferiores (0.10 y 0.12, respectivamente); en tanto que Peredovik, Tecmon-2 y Tecmon-1 tuvieron los valores de varianza aditiva superiores (5.21, 2.5 y 1.97, respectivamente) y por ende factibles de mejorar mediante selección

En el contexto de familias de medios hermanos, el mayor contenido de aceite fue alcanzado por Sigco (Figura 2, grupo a) y Tecmon-2 (Figura 2, grupo ab) con 38% y 37.3%, respectivamente; seguidas de las familias de medios hermanos de Peredovik y Tecmon-1 con 36.7% y 35.2% (Figura 2, grupo bc), e Imperial con 34% (Figura 2, grupo c). En cuanto al componente aditivo de la varianza genética para este grupo de familias de medios hermanos, los valores más altos se presentaron en la variedad Tecmon-2 (3.37) y el híbrido Sigco (2.082), por lo que se considera que estas fuentes son las más apropiadas para generar familias de medios hermanos en polinización libre. Peredovik (1.9) y Tecmon-1 (2.05) tuvieron un valor intermedio, y el menor correspondió al híbrido Imperial con 0.186 (Tabla 4).

Sin embargo, conviene señalar que de acuerdo con Rocca *et al.* (2017) la variación en el contenido de aceite, en híbridos de girasol, fue causada por cambios en la proporción del peso de tegumento, peso del grano, concentración de aceite en tegumento y en el contenido de aceite del embrión. De tal manera que un mismo genotipo, sembrado en diferentes ambientes puede tener variaciones de un 10% por encima del promedio en el rendimiento de aceite en grano, donde un 71 % de dicha variación fue debida al efecto ambiental y manejo del cultivo; 11% por la interacción genético ambiental y sólo 17% efecto de factores genéticos. Adicionalmente, Nel *et al.* (2000) reportan que, a mayor densidad de población, el diámetro del capítulo disminuye; a su vez, los achenios son de menor tamaño, por ende, el contenido de aceite disminuye resultando el contenido de aceite altamente influenciado por el ambiente de producción y el manejo del cultivo.

En relación con la fuente de segregación, como es el caso de Tecmon-1 y Tecmon-2, obtenidas por retrocruzamiento de girasol cultivado por silvestre, se puede decir que su uso influye como progenitor masculino o femenino en el contenido de aceite, pues se redujo cuando el girasol silvestre actuó como hembra, lo que demuestra que el contenido de aceite en la semilla está determinado principalmente por herencia materna (Seiler *et al.*, 2017), con la presencia de interacciones negativas en cruzamientos donde el girasol silvestre interviene como hembra (Haro-Ramírez *et al.*, 2007), aspecto a considerar en las variedades obtenidas de esta forma. Su uso en la formación de familias de medios hermanos mejora el rendimiento de achenio; y en la formación de hermanos completos y líneas S₁, se posicionaron en valores intermedios en el contenido de aceite en sus respectivas familias, compitiendo Tecmon-1 con Peredovik en las familias S₁. Lo anterior las hace competitivas en el mejoramiento genético de girasol para formación de híbridos y sintéticos o variedades de polinización libre.

Calidad de aceite

Como se presenta en la Tabla 5, en las fuentes de germoplasma no se presentó diferencia significativa ($p > 5\%$) en los ácidos esteárico y palmítico, mientras que en el ácido oleico (omega-9) la diferencia fue altamente significativa ($p \leq 1\%$) y en ácido linoleico (omega-6) fue significativa ($p \leq 5\%$). Además, no presentó diferencia significativa ($p > 5\%$) entre las familias ni en la interacción.

Tabla 5. Análisis de varianza para contenido de ácidos grasos (calidad) en familias de Líneas S₁, Hermanos Completos y Medios Hermanos en cinco fuentes de germoplasma de girasol.

Fuente	G.L.	Esteárico	Palmítico	Oleico	Linoleico
		C.M.	C.M.	C.M.	C.M.
F. Germoplasma	4	0.13 ns	0.24 ns	10.01**	7.91*
Familias	2	0.07 ns	0.33 ns	0.15 ns	0.07 ns
G x F	8	0.31 ns	0.33 ns	1.39 ns	1.63 ns
Error	15	0.75 ns	0.45 ns	0.83 ns	1.89 ns
C.V. %		11.53%	15.93%	5.57%	1.89%

Nota. GL = Grados de libertad; CM = Cuadrado medio; F. Germoplasma = Fuentes de germoplasma; G x F = Fuentes de germoplasma X Familias; C.V. = Coeficiente de variación. *Tratamientos con distinta letra difieren estadísticamente ($p \leq 5\%$).

Fuente: Elaboración propia.

De los resultados se desprende que, en los ácidos oleico y linoleico, si bien no hay diferencia significativa entre las familias (Líneas S₁, medios hermanos o hermanos completos), sí hay una influencia de la fuente de germoplasma de donde se generaron, siendo menor el ácido oleico en las variedades segregantes procedentes de cruza de cultivado por silvestre Tecmon-1 y Tecmon-2.

Tabla 6. Valores promedio (%) y su significancia estadística para contenido de ácidos grasos en cinco fuentes de germoplasma de girasol.

	Esteárico	Palmítico	Oleico	Linoleico
Peredovik	5.38 a	5.90 a	15.38 b	73.31 a
Sigco	5.62 a	5.59 a	15.82 b	72.89 a
Imperial	5.39 a	6.07 a	14.97 b	73.54 a
Tecmon-1	5.22 a	5.51 a	17.77 a	71.49 b
Tecmon-2	5.51 a	5.91 a	17.59 a	70.96 b

Nota. *Tratamientos con distinta letra difieren estadísticamente ($p \leq 5\%$).

Fuente: Elaboración propia.

Al obtener los componentes ortogonales para el ácido oleico, se formaron dos grupos, las variedades Tecmon-1 y Tecmon-2 con mayor contenido, mientras que la variedad Peredovik y los segregantes F₂ de los híbridos Sigco e Imperial presentaron menor contenido. En ácido linoleico, la diferencia entre las fuentes de germoplasma fue significativa ($p \leq 5\%$), con un comportamiento opuesto con respecto al ácido oleico, donde las variedades Tecmon-1 y Tecmon-2 presentaron el menor contenido (Tabla 6). Este comportamiento se debe a que los ácidos tienden a complementarse, además de que se ha reportado que existe una correlación negativa: cuando el ácido oleico incrementa, el ácido linoleico disminuye (Peper, 2015).

En general, se consideran tres tipos de girasoles en el mercado: común, alto oleico y confitero (Hernández-Martínez *et al.*, 2024). Los resultados obtenidos en la presente investigación permitieron identificar líneas derivadas de Tecmon- y Tecmon-2 que mostraron mayor contenido de ácido oleico.

El mejoramiento genético de girasol en la actualidad se enfoca en emplear como fuente de variabilidad el uso de mutantes (Hernández-Martínez *et al.*, 2024) complementado con identificación de QTL asociado al rendimiento y calidad de girasol para aceite. Además considera que el fitomejorador debería realizar una selección orientada a obtener un mayor vigor híbrido mediante un programa de mejoramiento heterótico del rendimiento de los aquenios y la calidad de la semilla (Cvejić *et al.*, 2023; Kanwal *et al.*, 2019; Mijić *et al.*, 2021).

El presente trabajo permite proponer que se pueden emplear diferentes fuentes de germoplasma para aprovechar los altos rendimientos obtenidos, pero con la consecuente reducción de la variabilidad genética, ya presente en las variedades híbridas disponibles en el mercado, o bien, optar por la introgresión desde genotipos silvestres para fomentar la variabilidad genética y a su vez desarrollar variedades sintéticas formadas mediante los métodos de selección familiar o familiar, como la definió el Dr. Fidel Márquez Sánchez; incluyendo una serie de opciones de métodos de control de la polinización como los empleados aquí, para proponer a productores, habilitándoles con esta metodología para el desarrollo de nuevas variedades adaptables ante el cambio climático (Kaleri *et al.*, 2022; Pekcan *et al.*, 2021) y una agricultura denominada agroecológica y sustentable.

Conclusiones

En rendimiento de aquenio las fuentes de germoplasma fueron eficientes para la generación de Líneas S₁ (líneas), mientras que Tecmon-2, Sigco y Peredovik fueron las mejores para generar familias de medios hermanos. El híbrido Sigco fue sobresaliente para generar familias (S₁, HC y MH). En contenido y calidad de aceite, los segregantes F₂ de los híbridos superaron a las variedades sintéticas; sin embargo, las líneas segregantes de las variedades sintéticas Tecmon1 y Tecmon2 tuvieron mayor contenido de ácido oleico, lo cual es deseable para las características del aceite en diferentes usos.

Agradecimientos

Se agradece a las autoridades universitarias por el interés y las facilidades otorgadas para la realización del presente estudio. De la misma manera, es importante manifestar un especial agradecimiento a todos los estudiantes que participaron en la investigación.

Conflicto de interés

Los autores no tienen conflicto de interés con la investigación realizada.

Referencias

- Abumere, V. I., Dada, O. A., Adebayo, A. G., Kutu, F. R., & Togun, A. O. (2019). Different rates of chicken manure and NPK 15-15-15 enhanced performance of sunflower (*Helianthus annuus* L.) on ferruginous soil. *International Journal of Agronomy*, 2019(1), 1–10. <https://doi.org/10.1155/2019/3580562>
- Alezones, B., Casanova, A., & Laurentin, H. (2014). Caracterización morfológica y molecular de poblaciones segregantes de girasol provenientes de híbridos comerciales. *Agronomía Tropical*, 64(1-2), 83-95. http://www.sian.inia.gob.ve/revistas_ci/Agronomia%20Tropical/at6412/pdf/at_volumen_64_12.pdf
- Ángeles, A., Pimienta, E., Padilla, J. M., Arellano, I. J., & Rodríguez, E. (2021). Evaluación del vigor híbrido en cruza de girasol (*Helianthus annuus* L.) con líneas tempranas S1 de bajo contenido de aceite. *Acta Universitaria*, 31, e2905. <https://doi.org/10.15174/au.2021.2905>
- Astiz, V., Iriarte, L. A., Flemmer, A., & Hernández, L. F. (2011). Self-compatibility in modern hybrids of sunflower (*Helianthus annuus* L.) fruit set in open and self-pollinated (bag isolated) plants grown in two different locations. *Helia*, 34(54), 129–138. <https://doi.org/10.2298/hel1154129a>
- Beard, B. H. (1981). The sunflower crop. *Scientific American Magazine*, 244(5). <https://doi.org/10.1038/scientificamerican0581-150>
- Bye, R., Linares, E., & Lentz, D. L. (2009). México: centro de origen de la domesticación del girasol. *TIP Revista Especializada En Ciencias Químico-Biológicas*, 12(1), 5-12. <http://tip.zaragoza.unam.mx/index.php/tip/article/view/18/18>
- Castro, C., & Villas, R. M. (2018). Main aspects of sunflower production in brazil. *Oilseeds & Fats, Crops and Lipids* (OCL), 25(1), D104. <https://doi.org/10.1051/ocl/2017056>
- Cvejić, S., Hrnjaković, O., Jocković, M., Kupusinac, A., Doroslovački, K., Gvozdenac, S., Jocić, S., & Miladinović, D. (2023). Oil yield prediction for sunflower hybrid selection using different machine learning algorithms. *Scientific Reports*, 13. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-44999-3>
- Dagustu, N. (2018). In vitro tissue culture S studies in sunflower (*Helianthus* spp.). *Ekin Journal of Crop Breeding and Genetics*, 4(1), 13-21. <https://dergipark.org.tr/en/pub/ekinjournal/issue/36232/408214>
- Debaeke, P., Casadebaig, P., Flenet, F., & Langlade, N. (2017). Sunflower crop and climate change: vulnerability, adaptation, and mitigation potential from case-studies in Europe. *Oilseeds & Fats, Crops and Lipids* (OCL), 24(1), D102. <https://doi.org/10.1051/ocl/2016052>
- De Camargo, T. O., Zimmer, G., Saliba, H. C., Ferraz, A., Pohl, S., Madruga, F., Madruga, L. V., & Da Silva, A. (2024). Morphological and phenological characterization of sunflower seeds. *Colloquium Agrariae*, 20(1), e244827. <https://journal.unoeste.br/index.php/ca/article/view/4817>
- Dominguez, M., & Gonzalez, J. (2021). Heredabilidad, correlaciones genéticas, análisis de sendero e índices de selección en una población de girasol (*Helianthus annuus*) de la EEA INTA Pergamino. *RIA. Revista de Investigaciones Agropecuarias*, 47(2), 209-215. <https://www.redalyc.org/journal/864/86469002006/html/>
- Dos Santos, J. B., Marengo, C. R., Vieira, C. A., Raj, H., Soares, G., & de-Lira, V. M. (2017). Crecimiento del girasol (*Helianthus annuus* L.) en función de la salinidad del agua de riego con fertilización nitrogenada. *Agrociencia*, 51(6), 649-660. <https://www.agrociencia-colpos.org/index.php/agrociencia/article/view/1317/1317>
- Ellen, E. D., Muir, W. M., Teuscher, F., & Bijma, P. (2007). Genetic improvement of traits affected by interactions among individuals: sib selection schemes. *Genetics*, 176(1), 489–499. <https://doi.org/10.1534/genetics.106.069542>
- Falconer, D. S., & Mackay, T. F. C. (2001). *Introducción a la genética cuantitativa* (4a. ed.). Acribia.
- Fehr, W. (1991). *Principles of cultivar development: theory and technique*. Agronomy Books. <https://dl.icdst.org/pdfs/files4/fd75e8ea98dc29a0e2ed559b132c745a.pdf>
- Göksoy, A., Öztürk, L., Yanikoğlu, S., & Kizik, S. (2020). Heterosis and combining ability through line x tester analysis for yield, oil and high oleic acid characters in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Turkish Journal of Field Crops*, 25(2), 122–130. <https://doi.org/10.17557/tjfc.685709>
- Gül, V., & Coban, F. (2020). Determination of yield and quality parameters of oil sunflower genotypes grown in Turkey. *Turkish Journal of Field Crops*, 25(1), 9-17. <https://tarlabitkileridernegi.org/menuscript/index.php/tjfc/article/view/213>

- Hallauer, A. R., & Miranda, J. B. (1988). *Quantitative genetics in maize breeding*. Iowa State University.
- Haro-Ramírez, P. A., Julia-García, M. C., & Reyes-Valdés, M. H. (2007). Determinación materna del contenido de aceite en semillas de girasol. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 30(1), 39–39. <https://doi.org/10.35196/rfm.2007.1.39>
- Heiser, C. B. (2008). The sunflower (*Helianthus annuus*) in Mexico: further evidence for a North American domestication. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 55(1), 9–13. <https://doi.org/10.1007/s10722-007-9300-z>
- Hernández-Martínez, M., Rodríguez-Vera, A. P., de la O-Olán, M., & Montero-Tavera, V. (2024). Generación de líneas y variedades sintéticas de girasol alto oleicas mediante selección recurrente y molecular. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 47(2), 135-145. <https://doi.org/10.35196/rfm.2024.2.135>
- Hladni, N., Skoric, D., Kraljevic-Balalic, M., Sakac, Z., & Jovanovic, D. (2006). Combining ability for oil content and its correlations with other yield components in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Helia*, 29(44), 101–110. <https://doi.org/10.2298/hel0644101h>
- Kaleri, M. H., Jatoi, W. A., Baoch, M., & Chachar, Q. (2022). Heterosis and inbreeding depression for yield and oil traits of sunflower genotypes under water stress conditions. *Plant Science Today*, 9(3), 92–104. <https://doi.org/10.14719/pst.2199>
- Kanwal, N., Ali, F., Ali, Q., & Sadaqat, H. A. (2019). Phenotypic tendency of achene yield and oil contents in sunflower hybrids. *Acta Agriculturae Scandinavica Section B - Soil & Plant Science*, 69(8), 690–705. <https://doi.org/10.1080/09064710.2019.1641546>
- Kendarini, N., Herwati, A., Novansyah, R. A., & Ardianini, N. R. (2025). Determining the relationship between yield and yield components in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Journal of Agriprecision & Social Impact*, 2(1). <https://doi.org/10.62793/japsi.v2i1.51>
- International Seed Testing Association (ISTA). (2016). *Reglas internacionales para el análisis de las semillas 2016*. https://vri.umayor.cl/images/ISTA_Rules_2016_Spanish.pdf
- Lagos, T. C., & Criollo, H. (2001). Eficiencia relativa del diseño látice con respecto los diseños bloques al azar e irrestrictamente a azar en un ensayo de rendimiento de maíz de clima medio. *Revista de Ciencias Agrícolas*, 18(1), 140-149. <https://revistas.udenar.edu.co/index.php/rfacia/article/view/1005>
- Ledeá, O. E., Martínez, E., Garcés, R., Alaiz, M., Díaz, M., Dobarganes, C., Moleiro, J., Hernández, C., Rosado, A. & Correa, T. (2005). Aplicación de métodos cromatográficos en el estudio de la composición química del aceite de girasol ozonizado OLEOZON®. *Revista CENIC Ciencias Químicas*, 36, 1-14. <https://www.redalyc.org/pdf/1816/181620511012.pdf>
- Luna-Guerrero, M. J., López-Castañeda, C., & Hernández-Garay, A. (2020). Mejoramiento genético de la biomasa aérea y sus componentes en alfalfa: selección familiar de medios hermanos. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 11(4), 1126–1141. <https://doi.org/10.22319/rmcp.v11i4.5344>
- Ma'ali, S., Cochrane, N., Makgoga, W., & Erasmus, J. (2024). The impact of planting dates and hybrid selection on sunflower seed yield and oil content. *South African Journal of Plant and Soil*, 41(1), 1–10. <https://doi.org/10.1080/02571862.2024.2352174>
- Mannina, L., & Segre, A. (2002). High resolution nuclear magnetic resonance: from chemical structure to food authenticity. *Grasas y Aceites*, 53(1), 22-33. <http://grasasyaceites.revistas.csic.es/index.php/grasasyaceites/article/view/287/289>
- Márquez, F. (1980). Sistemas de selección combinada, familiar e individual en el mejoramiento genético del maíz (*Zea mays* L.). *Revista Fitotecnia Mexicana*, 3(4), 3–3. <https://doi.org/10.35196/rfm.1980.4.3>
- Márquez, F. (1985). *Genotécnica Vegetal. Métodos-Teoría-Resultados*. AGTEditor, S. A.
- Márquez, F. (2013). Endogamia en un sintético de maíz formado con familias de auto hermanos (Líneas S1). *Revista Fitotecnia Mexicana*, 36(3), 259-261. <https://revfitotecnia.mx/index.php/RFM/article/view/280/254>
- Márquez-Sánchez, F., & Sahagún-Castellanos, J. (1994). Estimation of genetic variances with maternal half-sib families. *Maydica*, 39(3), 197-201. <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/full/10.5555/19951600535>
- Mijić, A., Liović, I., Sudarić, A., Gadžo, D., Duvnjak, T., Šimić, B., Jug, D., & Markulj Kulundžić, A. (2021). Influence of plant density and hybrid on grain yield, oil content and oil yield of sunflower. *Agriculturae Conspectus Scientificus*, 86(1), 27-33. <https://hrcak.srce.hr/clanak/370582%3F>

- Mordor Intelligence. (2025). *Tamaño del mercado de girasol y análisis de participación tendencias de crecimiento y pronósticos (2024-2029)*. <https://www.mordorintelligence.com/es/industry-reports/global-sunflower-market>
- Nel, A. A., Loubser, H. L., & Hammes, P. S. (2000). The effect of plant population on the quality of sunflower seed for processing. *South African Journal of Plant and Soil*, 17(1), 6-9. <https://doi.org/10.1080/02571862.2000.10634858>
- Observatorio de Complejidad Económica. (2 de agosto de 2025). *Aceite de girasol o cártamo, fracciones simplemente refinadas*. <https://oec.world/es/profile/hs/sunflower-or-safflower-oilfractions-simply-refined>
- Organization for Economic Co-operation and Development-Food and Agriculture Organization of the United Nations (OECD-FAO). (2023). *OCDE-FAO Perspectivas Agrícolas 2023-2032*. OECD Publishing. <https://doi.org/10.1787/2ad6c3ab-es>
- Padilla-García, J. M., Avendaño-López, A. N., Sánchez-Martínez, J., & Arellano-Rodríguez, L. J. (2018). Adaptación y rendimiento del girasol (*Helianthus annuus*), bajo condiciones de temporal en Zapopan, Jal. *Revista de Ciencias Naturales y Agropecuarias*, 5(14), 14-18. https://www.ecorfan.org/bolivia/researchjournals/Ciencias_Naturales_y_Agropecuarias/vol5num14/Revista_de_Ciencias_Naturales_y_Agropecuarias_V5_N14_3.pdf
- Pekcan, V., Yilmaz, M. I., Evcil, G., Cil, A. N., Sahin, V., Gunduz, O., Koc, H., & Kaya, Y. (2021). Oil content determination on sunflower seeds in drought conditions. *Journal of Food Processing and Preservation*, 46(10), e15481. <https://doi.org/10.1111/jfpp.15481>
- Peper, A. M. (2015). *Calidad de achenio y aceite de girasol. Efectos del genotipo, factores ambientales y su interacción y relación con el rendimiento y sus componentes* [Tesis Doctoral] Universidad de Buenos Aires. <http://ri.agro.uba.ar/files/download/tesis/doctorado/2015peperalberto.pdf>
- Persa, R., Iwata, H., & Jarquin, D. (2020). Use of family structure information in interaction with environments for leveraging genomic prediction models. *The Crop Journal*, 8(5), 843-854. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2020.06.004>
- Ramírez-Jiménez, G., Robledo-Jiménez, C. L., Martínez-Ávila, G. C. G., Treviño-Ramírez, J. E., & Meza-Carranco, Z. (2025). Influencia de los factores bióticos y abióticos en el cultivo de girasol (*Helianthus annuus* L.): una revisión para el caso de México. *RIIIT Revista Internacional de Investigación e Innovación Tecnológica*, 13(73), 86-103. https://riiit.com.mx/apps/site/files_v2450/girasol_n.l_6_riiit_div_mar-abr_2025.pdf
- Reavanth, T., Manivannan, N., Sasikala, R., & Rajendran, L. (2022). Genetic variability and association analysis for yield and its component traits in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Madras Agricultural Journal*, 109(10-12), 56-60. <https://masujournal.org/109/GmNF6wFFjrsluEhi8988JczWaY3ad.pdf>
- Robles, S. R. (1983). *Producción de granos y forrajes* (4a Ed.). Limusa.
- Rocca, P., Martino, L., Rausch, A., & Zuil, S. G. (2017). Variabilidad genotípica y ambiental del peso, tamaño y aceite del grano de girasol (*Helianthus annuus* L.) en el Noreste argentino. *Agrotecnia*, (26), 5-16. <https://doi.org/10.30972/agr.0262718>
- Rojas, B. A. (2006). The expanded family of lattices. *Agrociencia*, 40, 627-640. <https://agrociencia-colpos.org/index.php/agrociencia/article/view/495/495>
- Schou, M. F., Kristensen, T. N., & Hoffmann, A. A. (2020). Patterns of environmental variance across environments and traits in domestic cattle. *Evolutionary Applications*, 13(5), 1090-1102. <https://doi.org/10.1111/eva.12924>
- Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (Sagarpa). (2017). *Planeación Agrícola Nacional 2017-2030. Oleaginosas canola, cártamo, girasol, soya mexicanas*. https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/256431/B_sico-Oleaginosas-parte_una.pdf
- Seiler, G. J., Qi, L. L., & Marek, L. F. (2017). Utilization of sunflower crop wild relatives for cultivated sunflower improvement. *Crop Science*, 57(3), 1083-1101. <https://doi.org/10.2135/cropsci2016.10.0856>
- Sefaoglu, F. (2023). Investigation on the genotype and environmental relationships on yield and its components in sunflower (*Helianthus annuus* L.) in eastern region of Türkiye. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 83(01), 77-87. <https://doi.org/10.31742/ISGPB.83.1.10>

- Sri, B. K., Suresh, G., Toprope, V. N., & Pole, S. P. (2025). Comprensión de la contribución de los componentes del rendimiento en girasol (*Helianthus annuus* L.) mediante análisis de correlación y coeficiente de trayectoria. *Journal of Experimental Agriculture International*, 47(5), 744–751.
<https://doi.org/10.9734/jeai/2025/v47i53463>
- Statista. (2025). *Volumen de producción mundial de las principales semillas oleaginosas en la campaña de 2023/2024, por tipo*.
<https://es.statista.com/estadisticas/565669/produccion-mundial-de-las-principales-semillas-oleaginosas/#statisticContainer>
- Turhan, H., Citak, N., Pehlivanoglu, H., & Mengul, Z. (2010). Effects of ecological and topographic conditions on oil content and fatty acid composition in sunflower. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 16(5), 553–558.
<https://www.agrojournal.org/16/05-03-10.pdf>