

**“Factores que afectan la precisión de la predicción genómica en híbridos de girasol: diversidad genética del germoplasma, modelo estadístico y diseño de la población de entrenamiento.”**

**Lic. Ma. Gabriela CENDOYA**

Director: Dr. Andrés Zambelli

Co-Director: Dr. Martín Grondona

El crecimiento proyectado de la población mundial hacia el año 2050, estimado en 9.700 millones de habitantes, plantea la necesidad de incrementar significativamente la producción de alimentos. En este contexto, el mejoramiento genético constituye una herramienta fundamental para aumentar la productividad agrícola de manera sostenible.

Desde la Revolución Verde, los avances en genética y manejo agronómico han permitido mejorar el rendimiento y la adaptación de los cultivos. En particular, el girasol (*Helianthus annuus L.*) representa una especie de gran importancia a nivel global, siendo la cuarta fuente de aceite vegetal, y un cultivo estratégico para Argentina por su destacada participación en la producción mundial.

Los caracteres agronómicos de interés suelen estar controlados por numerosos genes de pequeño efecto, lo que limita la eficacia de metodologías tradicionales como la selección asistida por marcadores. En este sentido, la selección genómica ha emergido como una alternativa robusta, al permitir la predicción del valor genético de los individuos mediante el uso de información genómica a lo largo de todo el genoma, a través de modelos como GBLUP.

La precisión de la predicción genómica depende de diversos factores, entre los que se destacan la variabilidad genética del germoplasma, la densidad y distribución de marcadores moleculares, la heredabilidad de los caracteres y el diseño de la población de entrenamiento.

La presente tesis tiene como objetivo general evaluar y optimizar metodologías de predicción genómica aplicadas al mejoramiento genético de girasol. En este marco, se aborda la caracterización de la diversidad genética en germoplasma élite, la evaluación de diferentes estrategias para la selección y distribución de marcadores moleculares, el desarrollo y comparación de modelos estadísticos de predicción, y el análisis de su desempeño en términos de la precisión de las predicciones, bajo distintos escenarios simulados. En este contexto, se proponen estrategias orientadas a mejorar la precisión en la estimación del valor genético de híbridos, contribuyendo al diseño eficiente de programas de mejoramiento.