

2020

Caracterización morfológica y selección de diferentes genotipos de maíz (*Zea mays* L.)

Callava Tiznado, Sofia Alana

Tutor

Dra. María Soledad Ureta

Consejeros

Mg. Francisco Torres Carbonell

Dr. Claudio Ezequiel Pandolfo



Departamento de Agronomía
Universidad Nacional del Sur

2020

Agradecimientos

Son muchas las personas que me han acompañado a lo largo de esta carrera, pero quisiera agradecer especialmente...

A mis padres, por darme esta oportunidad, ser un apoyo incondicional en cada decisión que tomo, y ser un ejemplo para mí de perseverancia y esfuerzo.

A mis hermanos, Karen, Zoe y Augusto, mis compañeros de vida en cada paso que doy, llenándome de amor y haciendo este camino más sencillo de transitar. Son mi mayor orgullo.

A mis abuelos, maternos y paternos, por brindarme su infinito cariño, siendo mi segundo hogar.

A mi tía Marly, por haber sido una gran contención en mi experiencia en el exterior que pude realizar con mi carrera.

A mis amigos, de toda la vida y los que conocí en la carrera, por estar a mi lado en tantos momentos de risa, dudas, certezas, estudio, todas partes de esta hermosa etapa universitaria.

Tuve la suerte de contar con personas hermosas para llevar a cabo este trabajo, excelentes profesionales que admiro, los cuales me acompañaron sin importar horarios, ni tiempo, con buena predisposición, por eso agradezco profundamente...

A Soledad Ureta, por estar atenta y dispuesta a cualquier cosa que necesitaba, siempre con esa energía hermosa que contagia.

A Francisco Torres Carbonell, por siempre ayudarme teniéndome mucha paciencia, siendo un gran apoyo a lo largo de este tiempo.

A Claudio Pandolfo, por sus consejos y colaboración que enriquecieron el trabajo realizado.

A todos ellos, nuevamente, les estoy eternamente agradecida.

Índice

Índice de tablas.....	- 3 -
Índice de figuras.....	- 3 -
Resumen	- 5 -
Introducción	- 6 -
Importancia del cultivo.....	- 6 -
El maíz en Argentina	- 6 -
Centro de origen.....	- 6 -
Razas en Argentina	- 8 -
Determinación del rendimiento	- 9 -
Mejoramiento y la importancia de la variabilidad	- 10 -
Hipótesis	- 14 -
Objetivo	- 14 -
Materiales y Métodos	- 15 -
Caracterización morfológica	- 15 -
Selección de genotipos	- 22 -
Resultados y discusión	- 23 -
Caracterización morfológica	- 23 -
Selección de genotipos	- 31 -
Conclusiones	- 35 -
Bibliografía.....	- 36 -
Anexo	- 39 -

Índice de tablas

Tabla 1. Poblaciones utilizadas para la caracterización morfológica.....	- 15 -
Tabla 2. Descriptores métricos utilizados para la caracterización morfológica de las poblaciones y cultivares de <i>Zea mays</i>	- 19 -
Tabla 3. Descriptores categóricos utilizados para la caracterización morfológica de las poblaciones y cultivares de <i>Zea mays</i>	- 20 -
Tabla 4. Caracteres cuantitativos evaluados durante el desarrollo de los cultivos a campo... -	24 -
Tabla 5. Caracteres cuantitativos evaluados de las mazorcas en laboratorio	- 28 -
Tabla 6. Plantas seleccionadas para originar la generación siguiente de genotipos de <i>Zea mays</i>	- 33 -
Tabla 7 Etapas del crecimiento del maíz.	- 39 -

Índice de figuras

Figura 1. Morfología del teosinte y el maíz. A. Diferencias en la morfología entre la planta del teosinte y el maíz. B. Diferencias entre la morfología de la espiga del teosinte y la del maíz. Adaptado Proceeding of National Academy of Sciences of the United States of America. -	8 -
Figura 2. Mazorca de maíz del genotipo M1.....	- 15 -
Figura 3. Mazorca de maíz del genotipo M3.....	- 16 -
Figura 4. Mazorca de maíz del genotipo M4.....	- 16 -
Figura 5. Plántulas de maíz creciendo bajo condiciones de invernáculo previo a su trasplante a campo.....	- 17 -
Figura 6. Plántulas de maíz en estadio V2-V3 luego de ser trasplantadas a campo.....	- 17 -
Figura 7. Distribución de los biotipos de maíz en parcelas en el campo experimental del Departamento de Agronomía de la UNS.....	- 18 -
Figura 8 Plantas de maíz en floración, en el campo experimental del DA de la UNS.	- 18 -
Figura 9. Marlos cosechados en el campo experimental de la UNS. Fecundados por polinización libre De izquierda a derecha: Genotipo 0115, 1147, AB01100, MP, M1.....	- 21 -
Figura 10. Marlo cosechado en el campo experimental y calibre utilizado para las mediciones de ancho del marlo.	- 21 -
Figura 11. Plantas de maíz en el campo experimental del DA de la UNS.....	- 23 -
Figura 12. Comparación entre los distintos genotipos de <i>Zea mays</i> con respecto al tiempo de emisión de estigmas (días), y a la media de todos los genotipos (72,70).....	- 26 -

Figura 13. Comparación entre los distintos genotipos de Zea mays con respecto al tiempo de aparición de panoja (días) y a la media de todos los genotipos (68,08).	- 26 -
Figura 14. Análisis de coordenadas principales en los tres genotipos incógnita (M1 M2 y M3), sus controles híbridos (1147, AB01100, 0115) y variedad de PA MP.....	- 29 -
Figura 15 Variabilidad en el color del pericarpio para un individuo del genotipo M4	- 31 -
Figura 16. Regresión entre número de granos por mazorca y longitud de mazorca	- 31 -
Figura 17. Regresión entre número de granos por mazorca y nro de granos por hilera .	- 32 -
Figura 18. Regresión entre número de granos por mazorca y el peso total de la espiga	- 32 -
Figura 19. Pericarpio rojo. Extraído de: Catálogo de Germoplasma de maíz. INTA. URL: https://inta.gob.ar/sites/default/files/inta-catgermoplasma.pdf	- 40 -
Figura 20. 01-150. Extraído de: Catálogo de germoplasma de maíz. INTA. URL: https://www.ars.usda.gov/ARUserFiles/50301000/Races_of_Maize/Catalogo_Argentina_0_Book.pdf	- 41 -
Figura 21 Capia Garrapata. Extraído de: Catálogo de Germoplasma de maíz. INTA. URL: https://inta.gob.ar/sites/default/files/inta-catgermoplasma.pdf	- 41 -
Figura 22. Capia Variegado Extraído de: Catálogo de Germoplasma de maíz. INTA. URL: https://inta.gob.ar/sites/default/files/inta-catgermoplasma.pdf	- 41 -
Figura 23. Zona de Salta donde se encuentran las razas propuestas de los genotipos evaluados M1, M3 y M4	- 41 -

Resumen

El cultivo de maíz (*Zea mays* L. subsp. *mays*), es mundialmente muy importante tanto para consumo humano a través de los productos obtenidos de él (aceite, edulcorante, jarabe, alcohol, entre otros) como así también para el consumo animal, por eso millones de hectáreas son destinadas en diferentes partes del mundo a producir este cultivo.

Gracias al mejoramiento genético se han obtenido cultivares de mayor rendimiento y calidad, perdiendo gran parte de la variabilidad de los genotipos ancestrales. Por ello, es necesario estudiar la naturaleza y variabilidad de las especies silvestres aún presentes, como potencial para hallar características útiles para los mejoradores, incrementando así los recursos genéticos disponibles.

El objetivo de este trabajo fue estudiar la variabilidad genética presente en distintos materiales provenientes de razas nativas y cultivadas de maíz, y determinar características en los mismos que podrían ser exploradas para iniciar un proceso de mejora orientado a obtener materiales genéticamente superiores.

Se evaluaron en un jardín común, tres razas locales (o *landraces*) de maíz provenientes de la provincia de Salta, una variedad de polinización abierta utilizada en los programas de mejoramiento de maíz y cuatro híbridos de maíz solicitados al INTA Pergamino. El ensayo se realizó en el campo experimental del Departamento de Agronomía, de la Universidad Nacional de Sur. Se midieron y analizaron 22 caracteres cuantitativos y 14 cualitativos, en los distintos estadios fenológicos de las plantas. Posteriormente, se analizó la variabilidad de todos los genotipos, y se determinó que caracteres tenían mayor asociación con el rendimiento.

Los resultados demostraron que los materiales provenientes de Salta poseen una mayor variabilidad genética, pudiéndose realizar la selección de genotipos superiores a través de algunos componentes del rendimiento medidos sobre la mazorca.

Introducción

Importancia del cultivo

El maíz (*Zea mays* L. subsp. *mays*) es una especie perteneciente a la familia de las Poáceas (Gramíneas), originaria de América (Andrade *et al.*, 1996). Junto al trigo (*Triticum aestivum* L.) y el arroz (*Oryza sativa* L.) forma parte de las tres gramíneas más cultivadas en el mundo (FAO, 2019).

Gracias a su gran productividad, alto contenido nutricional y buen nivel de aceptación en consumo animal, el cultivo de maíz es uno de más utilizados mundialmente para alimentar al ganado; como así también para producción de almidón, edulcorantes, alcohol, jarabes, acetona, aceite, entre otros (Watson, 1988).

En el 2018, se destinaron aproximadamente 195 millones de hectáreas en 171 países, alcanzando una producción de 1148 millones de toneladas a nivel mundial (FAO, 2020).

El maíz en Argentina

En nuestro país, la utilización del cultivo de maíz se remonta desde antes de la conquista, donde fue, uno de los principales recursos alimenticios de los pueblos originarios ubicados en el Noroeste y Noreste argentino (Lia, 2014).

Actualmente, Argentina es uno de los líderes mundiales de producción de maíz, ocupando el cuarto puesto como productor y el segundo puesto como exportador (USDA, 2020).

En el 2018, se cosecharon alrededor de 7 millones de hectáreas de maíz, obteniendo una producción total de 43 millones de toneladas, con un rendimiento promedio de 6 mil kg/ha (FAO, 2020).

Este alcance en la producción del cultivo de maíz se debe a la generación, transferencia y uso de tecnologías adecuadas según el área y sistema de producción. Dentro de estas tecnologías, se encuentran la siembra directa, programas de mejoramiento destinados a la obtención de cultivares mejor adaptados a la zona y ajustes de las prácticas de manejo (en el crecimiento y desarrollo del cultivo, cosecha y poscosecha) (Eyhérbide, 2016).

Centro de origen

El maíz fue domesticado probablemente en el sur de México, en la cuenca del río Balsas, hace alrededor de 6.000 a 10.000 años atrás (Piperno *et Flannery*, 2001).

Los parientes más cercanos del maíz cultivado son algunas especies del género *Tripsacum* y un conjunto de gramíneas anuales y perennes del género *Zea* L, llamadas comúnmente teosintes (Hancock, 2012).

Todas las especies nativas del género *Zea* poseen número cromosómico $2n=20$, excepto *Zea perennis* (Hitchc.) Reeves & Mangelsd., que es tetraploide ($2n=40$). Las especies del género *Tripsacum* presentan números básicos que son múltiplos de $X=18$ (Doebley *et al.*, 1984; Doebley, 1990).

El teosinte, *Zea mays* subsp. *parviglumis* Iltis & Doebley, es el antepasado más directo del maíz, compartiendo una relación genética muy estrecha con este (Doebley 1990; Matsuoka *et al*, 2002).

Así también, se encontraron evidencias arqueológicas que el maíz fue llevado a través del Ecuador hacia América del Sur alrededor de 5000 años a. C., generando un **centro de diversidad** en Perú-Bolivia, que incluye la Quebrada de Humahuaca, Argentina, como límite sur (Ferrer, 2007).

Finalmente, luego de los estudios realizados por Brandonili (1970), basados en consideraciones climáticas, orográficas y evidencias filogenéticas, se definieron dos grandes áreas de diferenciación del maíz, las cuales son:

- 1- Meso América, región ubicada al norte de Ecuador, donde prevalece el germoplasma de México-Guatemala como centro de origen e incluye el sur de los EE. UU., América Central, Colombia, Venezuela e Indias Occidentales.
- 2- América Austral, ubicada al sur del Ecuador bajo la influencia del centro de diversidad Perú-Bolivia, que incluye Ecuador, Chile, Paraguay, Argentina y Brasil.

El maíz se distingue del resto de las especies pertenecientes a la familia de las poáceas, por ser diclino monoica (flor femenina y flor masculina en distintas partes de la planta, pero en un mismo pie). Su fecundación es cruzada y su polinización anemófila, presenta una única inflorescencia masculina, la panoja, en posición apical-central y puede tener una o más inflorescencias femeninas, llamadas comúnmente mazorca, en posición lateral. Esta última, posee numerosos granos desprovistos de glumas incapaces de desarticularse sin la intervención del hombre, impidiendo así su propagación de forma natural (Doebley *et Iltis*, 1980).

Se diferencia morfológicamente de sus ancestros, ya que estos poseen más de una panoja y una o más espigas pequeñas con pocos granos que se desarticulan fácilmente promoviendo su diseminación. Su presencia se restringe a áreas de México y América Central, difiriendo del maíz cultivado, el cual abarca todo el continente americano (Figura 1) (Doebley *et Iltis*, 1980).

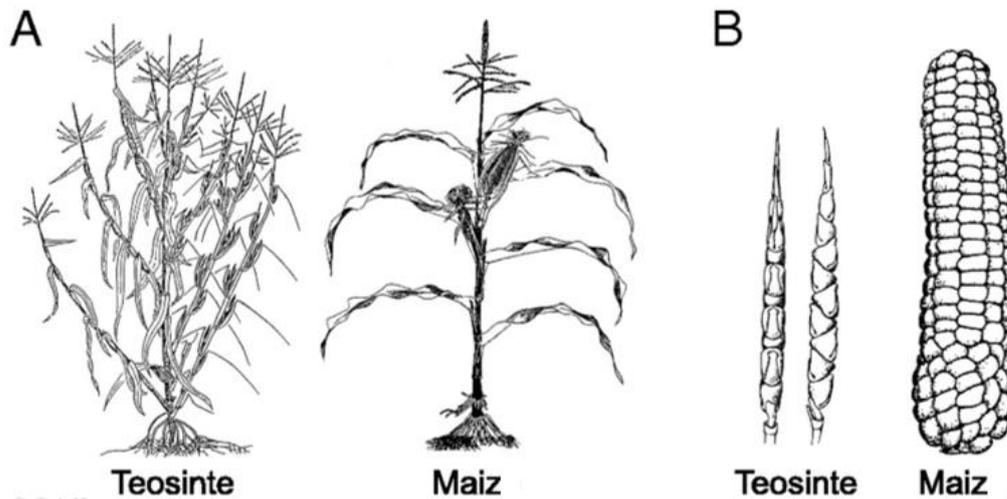


Figura 1. Morfología del teosinte y el maíz. **A.** Diferencias en la morfología entre la planta del teosinte y el maíz. **B.** Diferencias entre la morfología de la espiga del teosinte y la del maíz. Adaptado de: Proceeding of National Academy of Sciences of the United States of America.

Razas en Argentina

Se denomina **raza** a cualquier grupo de poblaciones que tienen un número suficiente de caracteres distintivos en común, que se mantienen por sí mismas a través de reproducción panmítica dentro de las poblaciones y ocupan áreas definidas; y se le llama **grupo racial** cuando comprende un número de razas que tienen algunos caracteres en común, los cuales son generalmente de los granos, como textura del endosperma, color, tamaño (Brieger *et al.*, 1958).

Debido a los hallazgos arqueológicos de diferentes sitios del noroeste argentino, se pudo demostrar la existencia de maíces nativos en el país antes del descubrimiento de América (Cámara Hernández, J., 1973, 1989 (a); Cámara Hernández *et al.*, 1968, 1989; Fernández Distel *et al.*, 1996; Mite Alzogaray *et al.*, 1997; Pelissero *et al.*, 1997; Olisewki *et al.*, 2009). En ellos, las características analizadas en la espiga, marlo y granos permitieron postular su relación con los maíces actuales de la región (Lia *et al.*, 2004).

Este cultivo es sembrado desde la época precolombina, donde la diversidad de razas de maíces provenía del **centro de diversidad** de América Austral, en la región ando-peruana (Cámara Hernández, 1998).

En un estudio taxonómico realizado en la Facultad de Agronomía de la UBA (Universidad de Buenos Aires), donde se evaluaron diferentes razas indígenas de maíz de la República Argentina, se pudieron identificar 28 razas provenientes del noroeste, 15 razas pertenecientes a la provincia de Misiones y 8 razas de la provincia de Formosa (Cámara Hernández *et al.*, 2011).

En Argentina, hay dos regiones bien diferenciadas de establecimiento de razas de maíz:

- Región Andina del NOA, que comprende las provincias de Salta, Jujuy, Tucumán, Catamarca y Santiago del Estero. De un total de 44 formas raciales descritas en el país, 27 fueron recolectadas en Salta, 21 en Jujuy y 18 se encontraron exclusivamente en esta región (Clausen *et al.*, 1999; Ferrer, 2005).
- Región Guaranítica del NEA, que comprende las provincias de Formosa, Chaco, Misiones y Corrientes con 17 razas descritas y sólo 7 encontradas en la región. La provincia de Formosa posee 17 razas y Misiones, 16 razas (Ferrer, 2005).

Parodi (1959), definió razas típicas según esas dos regiones mencionadas, en la primera ubicada al Noroeste argentino (NOA), se destaca el grupo Amylacea, comprende el mayor número de “variedades”, constituido por los Capias, y, además los grupos Indurata, Microsperma, Oryzea y Amylea. En el Nordeste de Argentina (NEA) también se encuentra el grupo Amylacea, siendo Avantí Morotí su raza típica en esta región y los grupos Indurata y Oryzea. Actualmente, en estas regiones se siguen sembrando algunas de estas razas con fines alimenticios, lo que ha ayudado a conservar estos recursos genéticos tan ricos en variabilidad (Ferrer, 2005).

Determinación del rendimiento

Los dos componentes de rendimiento en grano (g/m^2) del cultivo de maíz son: número de granos producidos y el peso medio de los mismos (Cirilo *et al.*, 1994a; Otegui, 1995). Estas variables están regidas por las condiciones ambientales y fisiológicas del maíz. El primer componente, se encuentra en función del número de granos por espiga, el número de espigas por planta y el número de plantas por unidad de superficie. En cuanto al segundo componente, este depende de dos factores interrelacionados: la duración del período efectivo de llenado y la tasa de llenado (Andrade *et al.*, 1996).

El número de espigas fértiles por planta se fija durante la floración, donde cada planta diferencia varias espigas, logrando finalmente que solo una o dos tengan un desarrollo normal en condiciones de cultivo. Existe un umbral de crecimiento por planta en floración por debajo del cual el cultivo llega a cosecha sin espigas, y otro umbral de crecimiento por planta por encima del cual se logran dos espigas viables. Esto explica porque aumentos en la densidad de plantas, reducen el número de espigas viables por planta si éstas no superan el umbral de crecimiento para el desarrollo de una espiga viable, siendo estériles debido a la alta competencia entre plantas. Lo contrario, sucede en una situación de muy baja competencia, las plantas tendrán un umbral de crecimiento superior al necesario para la fijación de dos espigas y presentarán prolificidad. Además, este umbral determina qué condiciones desfavorables durante la prefloración y floración aumentan el porcentaje de aborto de espigas (Andrade *et al.*, 1996).

El número de hileras de granos por mazorca está fuertemente controlado por el genotipo, siendo poco sensible a la variación de las condiciones climáticas. Este se determina luego de la diferenciación de las espigas, en estadios muy tempranos de la fase reproductiva del ápice (Pagano *et al.*, 2007). Algo distinto sucede con el número de granos por hileras, que es más sensible a las variaciones ambientales, ya que se determina durante el período que comienza con la diferenciación floral femenina y termina una a dos semanas antes de la emergencia de los estigmas. Cabe mencionar que, para un determinado genotipo, el número de granos por espiga es función de la supervivencia de espiguillas y de granos, más que del número total de espiguillas diferenciadas (Andrade *et al.*, 1996).

Mejoramiento y la importancia de la variabilidad

Desde la antigüedad se ha practicado la selección, en un principio, fueron los mismos agricultores los que elegían aquellas plantas, que según su criterio poseían características más atractivas (por ser más grandes, presentar mayor producción o poder cosecharse en un mes específico). De esta manera, sólo se sembraban los frutos que producían éstas y, se las colocaba en un ambiente más beneficioso del que se encontrarían en estado natural (tierra más mullida, mayor disponibilidad de agua, sin malezas). En la actualidad, son los llamados mejoradores los encargados de la selección, buscando facilitar la tarea del agricultor, para que este sólo se focalice en la producción de los cultivos (Cubero, 2013).

En primer lugar, es importante diferenciar los conceptos domesticación y mejoramiento genético. Pues, la primera significa poner al cuidado del hombre lo que se encontraba en estado silvestre, y lo segundo proporciona tipos domésticos superiores a los que se tenía anteriormente (Cubero, 2013).

Hoy en día, muchas de las especies que forman parte de nuestra alimentación, se encuentran domesticadas, siendo prueba de ellos las diferencias genéticas, morfológicas y fisiológicas que se encuentran entre las especies actuales y sus respectivos antecesores (Pesqueira, 2017).

Específicamente, el mejoramiento es la modificación genética de las especies vegetales, que persigue el objetivo de obtener la máxima efectividad según los fines y/o necesidades del hombre. Esto se puede conseguir, produciendo más por unidad de superficie y/o mejorando la calidad del producto. Idealmente, este incremento en el rinde se debe presentar acompañado de la resistencia a plagas y enfermedades (Allard 1967; Cubero, 2013). Esta práctica de mejoramiento es muy importante, ya que se estima que la población mundial aumente en 2.000 millones de personas en 30 años, pasando de los 7.700 millones actuales a 9.700 millones en 2050, pudiendo llegar a un pico cercano a los 11.000 millones para 2100 (UN, 2019).

El cultivo de maíz, como tantas otras especies, ha pasado por un largo proceso de evolución, es decir, aislamiento reproductivo, mutación, hibridación y selección natural (Hernandez *et* Alanis, 1970). A su vez, los procesos de mejora han desarrollado nuevas formas de cultivar el maíz con el objeto de lograr aumentar el rendimiento. Primero se utilizaron **variedades de polinización abierta**, que son aquellas formadas por individuos de diferente composición genética pero que presentan cierta uniformidad en caracteres como tipo de grano, tipo de espiga y altura de la planta. La desventaja de este tipo de material es que el rendimiento obtenido dependerá del comportamiento promedio de los individuos en el ambiente, ya que son genéticamente diferentes (Presello *et al.*, 2015).

Más tarde, en la década del 60 se comenzaron a emplear **híbridos**, este material se obtiene del cruzamiento controlado entre dos genotipos parentales. Los genotipos parentales más empleados y ampliamente difundidos en el país, son las **líneas endocriadas**, estas líneas puras se logran por medio de sucesivas autofecundaciones, obteniéndose individuos genéticamente homogéneos y homocigotas para todos los caracteres, permitiendo fijar características deseables que serán transmitidas a su progenie. Finalmente, la recombinación genética resultante del entrecruzamiento de estas líneas endocriadas dará origen a la semilla de primera generación filial (F1), donde se expresa al máximo el fenómeno de heterosis.

El término **heterosis** o **vigor híbrido**, es el fenómeno opuesto a la depresión por endogamia y puede definirse como el aumento en la expresión de ciertos caracteres que surge a partir del cruzamiento entre especies, variedades o líneas puras. La heterosis será mayor cuanto más complementariamente homocigotas sean los parentales que participan de la cruce (Cubero, 2013). Las F1 son genéticamente heterocigotas, uniformes en todos los caracteres, alcanzan un gran vigor híbrido, presentan alto grado de uniformidad y un mayor rendimiento que el de sus parentales. Los **híbridos simples**, producto de la cruce de dos líneas endocriadas, son de aparición más reciente en los sistemas productivos modernos, luego de lo que fue el uso de **híbridos dobles** (producto de la cruce de dos híbridos simples), y los **híbridos de tres líneas** (cruce de un híbrido simple por una línea) (Presello *et al.*, 2015).

Cabe mencionar, que la endocria presenta la desventaja de disminuir notoriamente el vigor de las líneas (**depresión por endogamia**), lo que trae aparejado un bajo rendimiento de las mismas, y con ello, el aumento del costo en la semilla. Una solución ante esta problemática, de baja producción de semilla y alto costo, fue el uso de líneas emparentadas para formar los híbridos simples modificados, donde la hembra del cultivar es resultante del cruzamiento entre dos líneas emparentadas y el macho puede ser una línea. Otra opción para disminuir el costo es el empleo de híbridos triples y dobles. Debido a la segregación, estos producirán cultivos heterogéneos y con ello, mayor desuniformidad en comparación al híbrido simple (Presello *et al.*, 2015).

Todos los procesos de mejora se encuentran gobernados principalmente por las exigencias del mercado, este tiene la necesidad de contar con materiales de estrecha base genética, buscando obtener uniformidad para facilitar las operaciones realizadas durante el ciclo del cultivo (la agricultura tecnificada: siembra directa, utilización de agroquímicos, cosecha, procesos de poscosecha). Esto ha traído consigo un aumento de la erosión genética, en donde se pierde gran parte de la riqueza genética que se encontraba bajo la forma primitiva o de especies silvestres, siendo un recurso de gran relevancia en el fitomejoramiento por su variabilidad, y como potencial para obtener nuevos genes de resistencia, calidad o de adaptación según sea la demanda del momento (Cubero, 2013).

Según la FAO, un **recurso genético** es cualquier material de origen vegetal, incluido el material reproductivo y de propagación vegetativa, que contiene unidades funcionales de herencia, que tiene valor real o potencial para la alimentación y la agricultura (Ferrer, 2015). Las variedades primitivas y razas locales, cumplen con esta definición, por presentar gran heterogeneidad y estabilidad productiva, debido a que en un mismo lugar existen plantas resistentes a distintas plagas y enfermedades o presentan mayor tolerancia al frío o al calor, haciendo que la producción individual varíe con los factores bióticos y abióticos que ocurran durante el año agrícola, manteniéndose el rendimiento promedio, pero jamás alcanzando una alta productividad como en el empleo de cultivares mejorados (Esquinas Alcázar, 1987).

Otras causas que provocan la pérdida de material genético son, el desmonte, el sobrepastoreo, la presión demográfica, la explotación excesiva de especies y la introducción de nuevas plagas y enfermedades (FAO, 1998).

Una posible solución para disminuir la pérdida de material genético fue la creación de **bancos de germoplasma**, encargados de concentrar recursos genéticos, tanto de biotipos como especies a fines (FAO, 2014). En el caso del maíz, como se mencionó en el apartado anterior, México es su centro de origen, allí, en el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) reside el **banco base de germoplasma** con 28000 colecciones, son esencialmente bancos de seguridad que conservan duplicados por largos periodos (Ferrer, 2015; CIMMYT, 2020).

En Argentina, en la Estación Experimental Pergamino (Buenos Aires), perteneciente al Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), funciona el **banco de germoplasma activo** de maíz. Allí se almacenan ejemplares de diversos maíces, siendo una fuente de variabilidad genética para su uso actual y en años venideros (Salhuana *et al.*, 1979; INTA, 1997; Solari *et al.*, 1981; Solari *et al.*, 2008). Se lo denomina **banco de germoplasma activo**, ya que conservan colecciones a corto-mediano plazo con el propósito de que los materiales almacenados se encuentren disponibles en tiempo y forma para que los fitomejoradores puedan obtener material para sus programas de mejoramiento. Este banco se inició debido a que, como ocurre en gran parte del mundo, el área cultivada de la región templada y

subtropical de la Argentina se encuentra en estado de vulnerabilidad, por la erosión y pérdida de la diversidad genética. Por ello, se comenzó en la década de los 50 una colecta sistémica de razas locales de maíz, alcanzando a recolectar 2115 entradas, con la ayuda de IPGRI (hoy Bioversity Internacional). Actualmente, el Banco de Germoplasma de Maíz de INTA, cuenta con más de 2500 entradas que incluyen razas locales, compuestos raciales y duplicados de materiales mejorados (Ferrer, 2007, 2015). Además, la red dispone de un **banco base** de seguridad, en Castelar (Buenos Aires), donde se conservan duplicados de todas las colecciones, tanto propias como de los bancos que la integran (Clausen *et al*, 1995)

Los bancos de germoplasma son de suma importancia debido a que en ellos se preserva la mayor variabilidad posible de cada especie. Estos recursos genéticos son necesarios debido a que brindan opciones ante la vulnerabilidad de los sistemas productivos actuales, donde la mayor proporción del área sembrada se realiza con cultivares híbridos, genéticamente uniformes, los cuales pueden ser afectados rápidamente en presencia de un patógeno o plaga.

Para iniciar un programa de mejoramiento en un cultivo, inexorablemente se debe contar con variabilidad genética, si no la hay, la misma se debe generar. Una de estas formas es a partir de la introducción de materiales. Todo esto, pone énfasis en la relevancia de estudiar la naturaleza y variabilidad de las especies silvestres, como potencial para hallar características útiles para los mejoradores, incrementando así los recursos genéticos disponibles. Además de crear paralelamente estrategias y/o metodologías para su aprovechamiento y preservación (Beyona *et al.*, 2010).

Varias mazorcas de maíz obtenidas en la provincia de Salta fueron donadas a la Cátedra de Genética Básica y Aplicada del Departamento de Agronomía de la Universidad Nacional del Sur. Las mismas presentaban una alta variabilidad en el color del pericarpio de las semillas. Es a partir de esto que surgió el interés de caracterizar estos materiales con el propósito de detectar rasgos factibles de seleccionar para incorporar en un programa de mejora.

Hipótesis

Hipótesis 1. Las mazorcas recolectadas en la provincia de Salta provienen de poblaciones de polinización abierta de maíz y contienen una gran variabilidad genética que se puede determinar a través de caracteres morfológicos en su descendencia.

Hipótesis 2. La caracterización de caracteres asociados al rendimiento en las poblaciones de maíz permitiría identificar genotipos con rendimientos superiores.

Objetivo

El objetivo de este trabajo fue estudiar la variabilidad genética presente en distintos materiales provenientes de razas nativas y cultivadas de maíz, y determinar características en los mismos que podrían ser exploradas para iniciar un proceso de mejora orientado a obtener materiales genéticamente superiores.

Materiales y Métodos

Caracterización morfológica

El presente trabajo fue realizado durante el año 2016/17. Para el mismo, se emplearon tres razas locales provenientes de Salta, M1 (Figura 2), M3 (Figura 3) y M4 (Figura 4), (recolectadas en el año 2011), y a modo de control, una variedad de polinización libre (Solari *et al*, 2015, anexo) y cuatro híbridos comerciales de producción 2015/16, 0115 (Solari *et al*, 2015, anexo), 1147, AB01100 y 6029, pertenecientes al INTA de Pergamino, donde se encuentra el Banco de Germoplasma Activo de la red del INTA (Tabla 1).

Tabla 1. Poblaciones utilizadas para la caracterización morfológica

ID	Origen	Tipo de Población
M1		
M3	Salta	Raza local (<i>landrace</i>)
M4		
0115		
1147	INTA	
AB 01100	Pergamino	Híbrido
6029		
Marcador púrpura	INTA Pergamino	Población de polinización libre

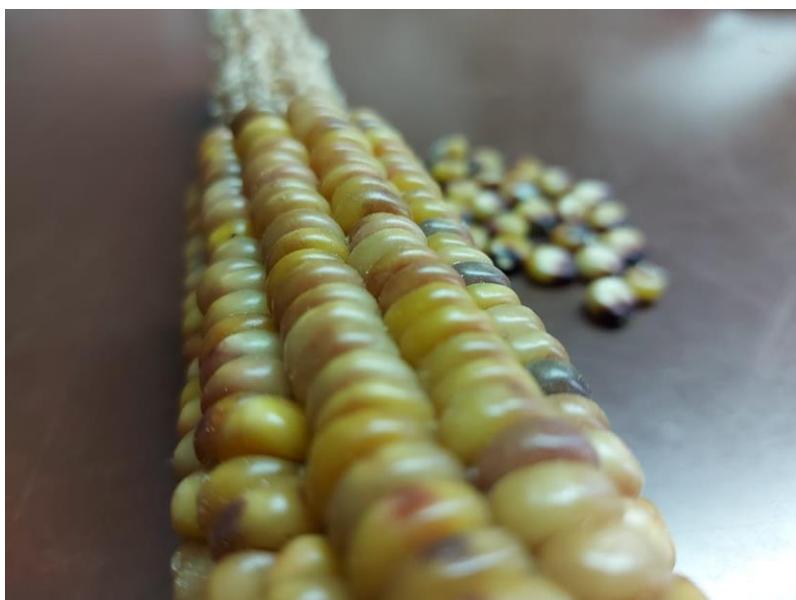


Figura 2. Mazorca de maíz del genotipo M1



Figura 3. Mazorca de maíz del genotipo M3



Figura 4. Mazorca de maíz del genotipo M4

El día 26 de octubre, se sembraron en bandejas plásticas, 40 celdas de cada genotipo de las razas locales de maíz y 16 celdas de cada uno de los 4 híbridos de maíz. La población de polinización abierta se sembró directamente a campo el día en que se trasplantaron todos los genotipos, lo cual ocurrió el 23 de noviembre.

El sustrato que se utilizó para las celdas fue GrowMix Multipro (Terrafertil S.A), compuesto de turba de musgo *Sphagnum* de fibras medias, corteza, cal calcita, cal dolomita y agentes humectantes (85-90% MO, 100-200 N, 80-100 P, 120-200 K, 75-100 Ca, 20-45 Mg). Las bandejas se colocaron en invernáculo, donde las plantas fueron criadas bajo condiciones de luz natural, riego diario y temperaturas de 20-25°C (Figura 5).



Figura 5. Plántulas de maíz creciendo bajo condiciones de invernáculo previo a su trasplante a campo. Finalizando el mes de noviembre las plántulas alcanzaron el estadio fenológico de V2-V3 (Ritchie *et* Hanway, 1982, anexo) y en ese momento fueron trasplantadas al campo experimental ubicado en el predio del Departamento de Agronomía de la Universidad Nacional del Sur (S 38° 41' 38" O 62° 14' 53"), el cual estaba provisto de un sistema de riego por goteo. Previo a esto, fue debidamente rastreado y emparejado para dicha labor, fertilizado con urea (46-0-0), realizando el control de malezas en forma manual (Figura 6).



Figura 6. Plántulas de maíz en estadio V2-V3 luego de ser trasplantadas a campo.

Se utilizó un diseño en bloques completamente aleatorizados, con 3 repeticiones. Cada unidad experimental (parcela) estaba compuesta por cinco plantas (Figura 7).



Figura 7. Distribución de los biotipos de maíz en parcelas en el campo experimental del Departamento de Agronomía de la UNS.

Durante el desarrollo del cultivo tanto a campo (Figura 8) como poscosecha (Figura 9), se realizó la caracterización morfológica de los individuos de cada población utilizando 36 descriptores aceptados internacionalmente (Bioversity International, 1991), 22 cuantitativos y 14 cualitativos (Tablas 2 y 3). También, para caracterizar la fenología de los genotipos se midió la cantidad de días a aparición de la panoja y a emisión de estigmas. Estos últimos dos caracteres fueron graficados para todos los genotipos, junto con la media global de cada carácter en el experimento.



Figura 8 Plantas de maíz en floración, en el campo experimental del DA de la UNS.

Tabla 2. Descriptores métricos utilizados para la caracterización morfológica de las poblaciones y cultivares de *Zea mays*.

Sigla	Descriptor	Detalle
LP	Longitud de la panoja	Longitud (cm) de la panoja
LER	Longitud del espacio ramificado	Longitud (cm) del espacio ramificado
NR	Número de ramificaciones	Número de ramificaciones: 1. Primarias; 2. Secundarias; 3. Terciarias
ALP	Altura de la planta	Altura de la planta (cm) a la madurez
ALM	Altura a mazorca	Altura desde la base hasta la mazorca (cm)
NHES	Número de hojas a espiga superior	Número de hojas a espiga superior
NTH	Número total de hojas	Número total de hojas
NETP	Número de espigas en el tallo principal	Número de espigas en el tallo principal
NM	Número de macollos	Número de macollos por planta
NEM	Número de espigas en macollos	Número de espigas en macollos
LM	Longitud de la mazorca	Longitud (cm) de la mazorca
NHM	Número hileras/mazorca	Número hileras/mazorca
NGH	Número granos/hilera	Número granos/hilera
NGM	Número de granos/mazorca	Número de granos/mazorca
DMZ	Diámetro de la mazorca	Longitud (cm) de diámetro de la mazorca
DML	Diámetro del marlo	Longitud (cm) de diámetro del marlo
AG	Ancho del grano	Longitud (cm) de ancho del grano
EG	Espesor del grano	Longitud (cm) del espesor del grano
LG	Longitud del grano	Longitud (cm) del grano
NCP	Número de colores del pericarpio	Número de colores del pericarpio
PCI	P1000	Peso (g) de 100 semillas
PTE	Peso total de la espiga	Peso (g) de las semillas

Tabla 3. Descriptores categóricos utilizados para la caracterización morfológica de las poblaciones y cultivares de *Zea mays*.

Sigla	Descriptor	Detalle
Caracteres categóricos		
CT	Color del tallo	Color del tallo: 1. Verde; 2. Rojo sol; 3. Rojo; 4. Morado; 5. Café; 6. Otro
PVF	Pubescencia en la vaina foliar	Pubescencia en la vaina foliar: 3. Escasa; 5. Intermedia; 7. Densa
CAN	Color de anteras	Color de anteras: 1. Violeta oscuro; 2. Violeta claro; 3. Violeta muy claro; 4. Rojo fuerte; 5. Verde; 6. Amarillo
IF	Índice de follaje	Tamaño de hoja: 3. Pequeña; 5. Intermedia; 7. Grande
DM	Daños a mazorca	Daños a mazorca: 0. Ninguno; 3. Poco; 7. Grave
DC	Carbón	Carbón: 0. Ausencia; 1. Presencia leve; 2. Presencia grave
DHG	Disposición de las hileras de granos	Disposición de las hileras de granos: 1. Regular; 2. Irregular; 3. Recta, 4. En espiral
FM	Forma de la mazorca	Forma de la mazorca: 1. Cilíndrica; 2. Cilíndrica-cónica; 3. Cónica; 4. Esférica
CML	Color del marlo	Color: 1. Blanco; 2. Rojo; 3. Café; 4. Morado; 5. Jaspeado; 6. Púrpura; 7. Otro
TG	Tipo de grano	Tipo: 1. Harinoso; 2. Semiharinoso; 3. Dentado; 4. Semidentado; 5. Semicristalino; 6. Cristalino; 7. Reventón; 8. Dulce; 9. Opaco; 10. Tunicado; 11. Ceroso
FSG	Forma de superficie del grano	Forma: 1. Contraído; 2. Dentado; 3. Plano; 4. Redondo; 5. Puntigudo; 6. Muy puntigudo
CP1	Color del pericarpio 1rio	Color: 0. Incoloro; 1. Blanco; 2. Amarillo; 3. Morado; 4. Jaspeado; 5. Café; 6. Anaranjado; 7. Moteado; 8. Capa blanca; 9. Rojo; 10. Púrpura; 11. Otro
CP2	Color del pericarpio 2rio	
CP3	Color del pericarpio 3rio	
CA	Color de aleurona	Color: 1. Incoloro; 2. Bronceado; 3. Rojo; 4. Morado; 5. Amarillo; 6. Otro
DGJ	Daño por gorgojo	Daño por gorgojo: 1. Muy bajo; 3. Bajo; 5. Intermedio; 7. Alto; 9. Muy alto



Figura 9. Marlos cosechados en el campo experimental de la UNS. Fecundados por polinización libre. De izquierda a derecha: Genotipo 0115, 1147, AB01100, MP, M1.

Una vez alcanzado el estado de madurez, en el mes de marzo se cosecharon las espigas completas para luego ser evaluadas en el laboratorio, donde se determinaron los caracteres de la mazorca (Figura 10).



Figura 10. Marlo cosechado en el campo experimental y calibre utilizado para las mediciones de ancho del marlo.

Todos los análisis estadísticos fueron realizados mediante el programa estadístico Infostat (Di Rienzo *et al.*, 2017). Para los caracteres cuantitativos se realizó en primera instancia un análisis de la varianza (ANOVA), luego las medias fueron comparadas con el *test* de LSD

Fisher. Los caracteres cualitativos evaluados mediante el análisis de coordenadas principales fueron color del tallo (CT), pubescencia de la vaina foliar (PVF), color de anteras (CAN), índice follaje (IF), disposición de las hileras de grano (DHG), forma de la mazorca (FM), color del marlo (CML), tipo de grano (TG), forma de superficie del grano (FSH), colores principales primario, secundario y terciario (CP1, CP2, CP3) y color de aleurona (CA).

Selección de genotipos

Para la selección de genotipos se realizaron regresiones de los descriptores cuantitativos tomados de la mazorca respecto de los caracteres que componen el rendimiento como el número y peso de los granos. A partir de estos análisis se seleccionaron aquellos caracteres métricos que presentaban mayor coeficiente de correlación para poder realizar la selección de los mejores materiales. Si bien, en algunos casos el coeficiente de correlación no fue tan alto, se consideró aceptable para un solo año de evaluación.

Posteriormente, en la selección de los genotipos, se aplicó una intensidad de selección del 20% en los caracteres. Para establecer el valor mínimo a partir del cual se realizaba la selección, se utilizó la siguiente ecuación (Hiorth, 1985):

$$X_s = \bar{x} + \sigma \cdot z$$

En donde X_s es el valor mínimo de la fracción de población seleccionada, \bar{x} es la media de la población inicial o progenitora, σ es el desvío estándar de la población inicial o progenitora y z es el valor de la ordenada en el punto de truncamiento, es decir, el punto a partir del cual todos los individuos que superen ese valor formaran parte de la fracción de población seleccionada.

Resultados y discusión

Caracterización morfológica

En el análisis de la varianza de los caracteres cuantitativos, los cuales se encuentran gobernados por muchos genes (Cubero, 2013), se observaron diferencias significativas para todos los caracteres entre los genotipos estudiados (Tabla 4). Los caracteres más variables en todos los genotipos evaluados a campo (Figura 11) fueron longitud del espacio ramificado (LER), número de ramificaciones (NR), altura a mazorca (ALM), número de hojas a espiga superior (NHES), número de espigas en el tallo principal (NETP) y número de espigas en macollos (NEM). Los caracteres mencionados anteriormente, a excepción de número de espigas en macollos (NEM), presentaron mayor variabilidad en los genotipos M1, M3 y M4. En futuras investigaciones, se debería hacer más énfasis en la caracterización de los materiales utilizando estos descriptores, debido a que representan mejor la variabilidad presente.



Figura 11. Plantas de maíz en el campo experimental del DA de la UNS

Tabla 4. Caracteres cuantitativos evaluados durante el desarrollo de los cultivos a campo.

Caracteres	M1	M3	M4	MP	AB01100	0115	1147	6029
LP	36,63 bc	31,57 bcd	31,21 cd	32,18 bcd	33,08 bcd	29,83 d	37,12 b	43,5 a
LER	8,73 bcd	6,54 d	9,8 bc	8,34 bcd	9,52 bcd	8,13 cd	11,14 ab	13,18 a
NR	1,47 b	1,56 ab	1,36 b	1,54 ab	1,69 ab	1,4 a	1,62 ab	1,92 a
ALP	157,3 ab	125,3 d	130,6 cd	152,6 bc	137,4 bcd	132,6 cd	151,4 bc	178,2 a
ALM	41,87 c	32,74 c	34,25 c	42,67 c	43,4 c	37,33 c	56,39 b	78,57 a
NHES	5,87 c	4,77 d	5,07 cd	5,75 cd	6,98 b	5,6 cd	7,54 ab	8,35 a
NTH	4,87 b	4,71 b	4,72 b	4,83 b	3,86 c	4,13 c	4,94 b	5,97 a
NETP	1,73 ab	1,1 b	1,27 b	1,33 ab	1,77 c	1,67 ab	1,63 ab	2,08 a
NEM	0,73 ab	0,22 bc	1,6 e ⁻⁰³ c	0,08 bc	0,17 bc	1,13 a	0,14 bc	0,17 bc
NM	1,67 a	0,6 b	0,77 b	0,42 b	0,31 b	1,93 a	0,48 b	0,25 b

Letras diferentes indican diferencias significativas según LSD Fisher para un $p < 0,05$. Referencias: LP: longitud de la panoja, LER: longitud del espacio ramificado, NR Numero de ramificaciones, ALP: altura de la planta, ALM: Altura de la mazorca, NHES: Numero de hojas a espiga superior, NTH: Número total de hojas, NETP: Numero de espigas en el tallo principal, NEM: Numero de espigas en macollos, NM: Numero de macollos.

Un hecho interesante fue que el cultivar 6029 fue el más tardío en alcanzar la floración, presentando los valores más altos en los caracteres longitud de la panoja (LP), longitud del espacio ramificado (LER), número de ramificaciones (NR), altura de la planta (ALP), altura a mazorca (ALM), número de hojas a espiga superior (NHES), número total de hojas (NTH) y número de espigas en el tallo principal (NETP). Esto se podría explicar, debido a que los genotipos de maíz de ciclo más largo requieren mayor cantidad de tiempo térmico para el cambio de estado vegetativo a reproductivo del meristema apical, extendiéndose en el tiempo la producción de primordios foliares. En consecuencia, es esperable un mayor número de hojas en comparación a materiales más precoces (Cirilo *et al.*, 2015).

En los caracteres altura de planta (ALP) y número de espigas en el tallo principal (NETP), el genotipo M1, no se diferenció significativamente del híbrido 6029. Así también, la variedad de polinización libre MP y los híbridos 0115 y 1147 presentaron valores de número de espigas en el tallo principal (NETP) que no se diferenciaron de los genotipos antes mencionados, M1 y 6029. La prolificidad, es decir, la característica que tienen algunos genotipos de presentar más de una espiga en el tallo principal, permite obtener un mayor número de mazorcas por superficie. Este atributo, es a veces buscado por los mejoradores cuando desean aumentar el rendimiento por unidad de superficie sin aumentar la densidad de siembra. Pensando en mejorar esta característica, la selección debería enfocarse en la población M1, debido a que en las otras dos razas locales, M3 y M4, las diferencias estadísticas con el híbrido 6029 fueron significativas.

El genotipo 0115 no solamente fue más precoz en alcanzar la floración sino también en comenzar a producir espigas en los macollos. Junto con el M1 fueron los genotipos que se diferenciaron estadísticamente del resto por presentar mayor número de macollos (NM) y también fue el único que se diferenció estadísticamente del resto en el número de espigas en macollos (NEM). Esta última característica de macollar, contrariamente a la prolificidad, no es deseada en mejoramiento, ya que esas nuevas estructuras vegetativas generan una mala administración de los recursos. La producción de macollos como de espigas en macollos pudo haber estado influenciado por la baja densidad de siembra a la que fue sembrado, se sabe que la respuesta del maíz a la variación de la densidad de plantas es de tipo óptimo. Mientras que el rendimiento por planta disminuye con el incremento en la densidad, el rendimiento del cultivo se incrementa hasta un máximo a partir del cual los aumentos posteriores en el número de individuos lo reducen marcadamente. La densidad óptima es aquella que le permite al cultivo alcanzar el máximo rendimiento en grano para un determinado ambiente (Andrade *et al.*, 2001).

Tanto para el carácter altura a mazorca (ALM) y número de hojas a espiga superior (NHES) las razas locales (M1, M3 y M4) y la población de polinización libre (MP) presentaron los valores más bajos, sin diferenciarse estadísticamente entre ellos.

En conclusión, respecto al comportamiento a campo, el genotipo M1 fue el que presentó valores más altos diferenciándose del M3 y M4 en los siguientes caracteres, altura de planta (ALP), número de espigas en el tallo principal (NETP) y número de espigas en macollos (NEM).

Respecto a los días a emisión de estigmas (Figura 12) y los días a aparición de panoja (Figura 13) de los distintos genotipos estudiados para la caracterización de la fenología, se observó que el cultivar 0115 fue el genotipo más precoz y el cultivar 6029 el más tardío, superando ampliamente al promedio. Por este motivo no se pudo realizar la cosecha de espigas de este genotipo y, por lo tanto, el análisis de laboratorio correspondiente. Además, en ambos gráficos, los cultivares AB01100 y 1147, si bien no se observan diferencias significativas entre ellos, superan escasamente al promedio en comparación a las razas locales (M1, M3 y M4) y de polinización libre (MP), que fueron más precoces, exceptuando el antes mencionado cultivar 0115.

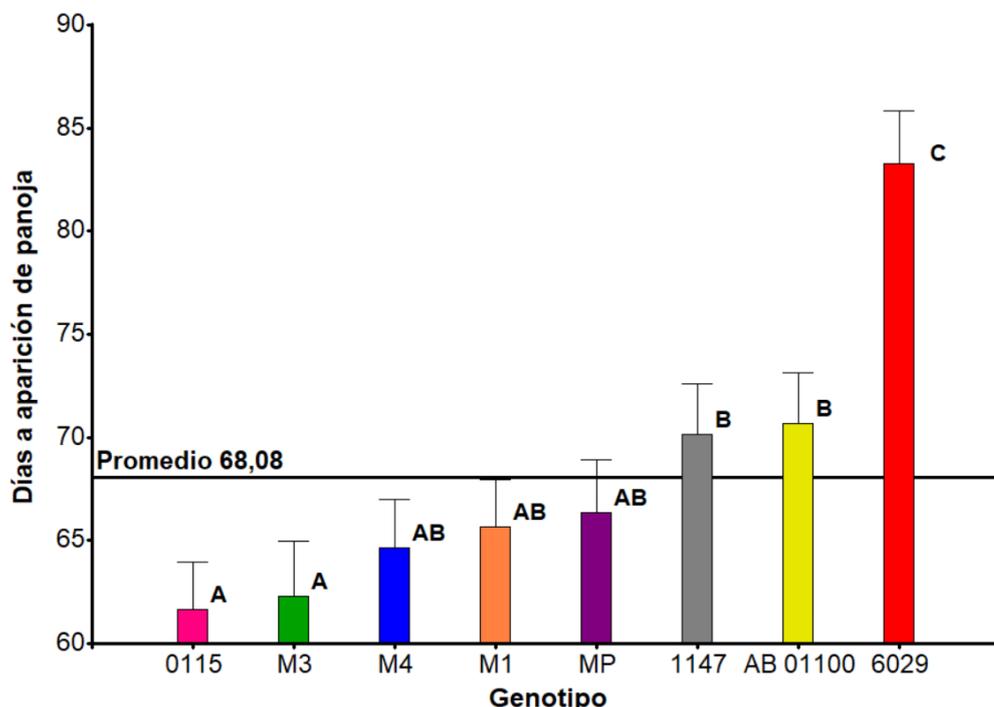


Figura 12. Comparación entre los distintos genotipos de *Zea mays* con respecto al tiempo de aparición de panoja (días) y a la media de todos los genotipos (68,08).

En cuanto a los caracteres cuantitativos medidos en laboratorio (Tabla 5), el genotipo M3 tuvo el mayor valor en longitud de mazorca (LM) pero sin diferenciarse estadísticamente de M1, M4 y del híbrido 1147. Estos últimos tres presentaron características en común con aquellos que tuvieron los valores más bajos en este carácter, MP, AB01100 y 0115. Como se mencionó

en el apartado anterior, el número de hileras de granos por mazorca está fuertemente controlado por el genotipo (Pagano *et al.*, 2007), diferenciándose estadísticamente en este carácter el genotipo 1147, por presentar el mayor valor en contraposición de la variedad de polinización libre (MP), que fue el de menor valor. En cuanto a las razas locales (M1, M3 y M4) no tuvieron diferencias estadísticas entre ellas ni con los cultivares AB01100 y 0115. Los genotipos 1147, M3 y M4 presentaron los valores más altos para número de granos en mazorca (NGM), sin diferenciarse estadísticamente de M1, AB01100 y 0115. La población de polinización libre (MP) nuevamente tuvo el valor más bajo. Este carácter ha sido fuertemente seleccionado en los programas de mejoramiento, no se observaron diferencias significativas entre la mayoría de los materiales modernos y las razas locales, esto indicaría un muy buen comportamiento de parte de estas últimas.

Tabla 5. Caracteres cuantitativos evaluados de las mazorcas en laboratorio.

Caracteres	M1	M3	M4	MP	AB01100	0115	1147
LM	14,82 ab	16,95 a	14,58 ab	13,25 b	12,54 b	12,37 b	15,08 ab
NHM	12,28 bc	12,41 bc	12,35 bc	11,15 c	12,07 bc	12,49 b	14,13 a
NGH	31,49 ab	33,42 a	33,82 a	24,51 b	26,18 ab	24,88 b	29,38 ab
NGM	369,7 ab	427,6 a	423,4 a	274,3 b	301,9 ab	312,1 ab	418,9 a
DMZ	3,13 ab	3,29 ab	2,87 b	3,24 ab	3,55 a	2,9 b	3,46 a
DML	1,98 c	2,25 b	1,9 c	2,01 bc	2,28 ab	1,87 c	2,53 a
AG	0,79 ab	0,85 a	0,8 ab	0,84 a	0,84 a	0,73 b	0,84 a
EG	0,47 ab	0,57 a	0,49 ab	0,5 ab	0,4 b	0,46 ab	0,55 a
LG	0,77 ab	0,77 ab	0,8 ab	0,87 a	0,83 ab	0,73 b	0,8 ab
NCP	1,77 a	1,53 abc	2,11 a	1,14 bc	0,95 c	1,6 ab	1,0 c
PCI	222,2 a	251,8 a	262,8 a	271 a	210,1 a	210,3 a	277 a
PTE	59,08 ab	46,07 ab	51,13 ab	58,65 ab	51,99 ab	44,64 b	82,89 a

Letras diferentes indican diferencias significativas según LSD Fisher para un $p < 0,05$. Referencias: LM: Longitud de la mazorca, NHM: Numero de hileras por mazorca, NGH: Numero de granos por hilera, NGM Numero de granos por mazorca, DMZ: Diámetro de la mazorca, DML: Diámetro del marlo, AG: Ancho del grano, EG: Espesor del grano, LG: Longitud del grano, NCP: Numero de colores del pericarpio, PCI: Peso de 1000 semillas, PTE: Peso total de la espiga.

Tanto en diámetro de mazorca (DMZ) y diámetro del marlo (DML), los híbridos AB01100 y 1147 tuvieron los valores más altos. En el primero, los genotipos M1, M3 y MP, no se diferenciaron estadísticamente de los híbridos, y en el segundo, M3 y MP, no se diferenciaron del AB01100, pero sí del 1147 que sobresalió con el mayor valor de diámetro del marlo (DML). El híbrido 0115 y el genotipo M4, presentaron los valores más bajos en ambos caracteres. En los caracteres del grano, ancho del grano (AG), espesor del grano (EG) y longitud del grano (LG) no hubo diferencias significativas entre M1, M2, M3 y MP.

Los genotipos M1 y M4 mostraron un gran abanico de colores del pericarpio (NCP), sin diferenciarse estadísticamente de M3, y este último sin diferenciarse del MP. Por otra parte, los híbridos AB01100 y 1147, tuvieron los valores más bajos. Como era de esperarse por tratarse de materiales que presentan uniformidad en la mayoría de los caracteres.

Para las condiciones edafoclimáticas en las que se realizó el ensayo, no se encontraron diferencias en peso de 1000 (PCI), pero si en peso total de la espiga (PTE) donde el híbrido 1147 obtuvo el mayor valor, el cual no se diferenció estadísticamente de las poblaciones estudiadas (M1, M3, M4 y MP). Tanto el peso como el número de granos determinan el rendimiento, pero de los dos, el más importante es número de granos por unidad de superficie, ya que explica la mayor parte de las variaciones, el cual se determina alrededor de floración (Capristo *et al.*, 2007).

En el análisis de coordenadas principales (Figura 14), utilizando los caracteres categóricos, las familias de los híbridos mostraron una amplia distribución. Se observó que los individuos pertenecientes a las poblaciones de maíz: M1, M3 y M4 se dispusieron de forma más dispersa en concordancia con genotipos más variables, mientras que los individuos pertenecientes a los híbridos, como AB01100 y 1147, como era de esperarse, se agruparon de forma más compacta. La variedad de polinización abierta MP, presentó un mayor grado de dispersión que los híbridos, pero menor que las variedades silvestres, y se agrupó hacia un extremo indicando una mayor diferenciación respecto del resto de los genotipos evaluados. El híbrido 0115, contrario a lo esperado, tuvo una disposición más dispersa. Las dos coordenadas del gráfico explican más del 35% de la variabilidad, lo cual indica que no hay una variable que tengan mayor influencia en la variabilidad cualitativa, sino que todas presentan una importancia semejante.

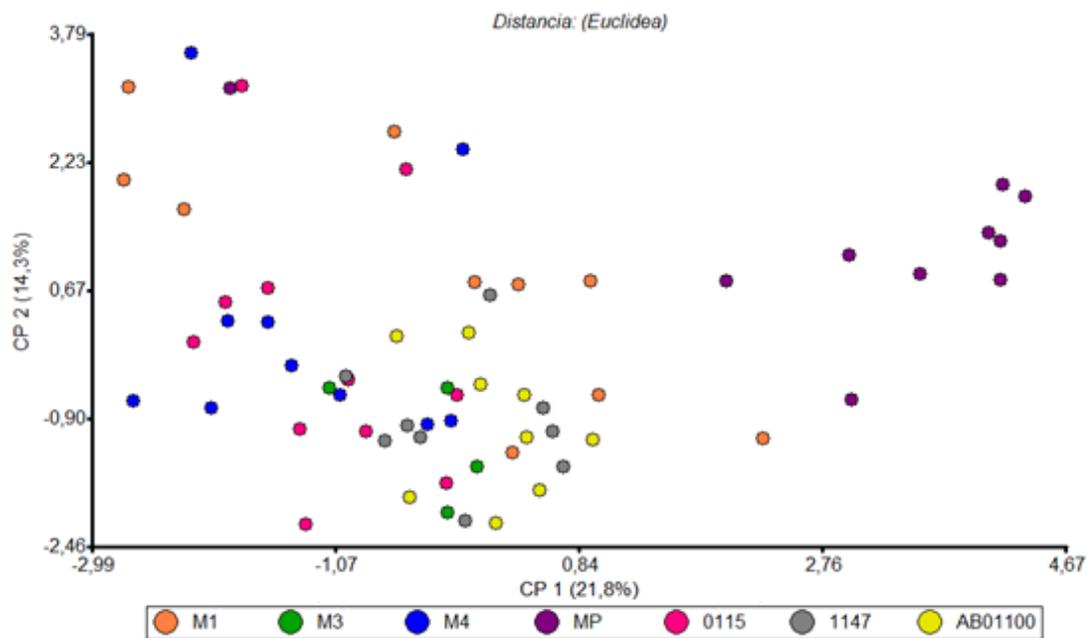


Figura 14. Análisis de coordenadas principales en los tres genotipos incógnita (M1 M2 y M3), sus controles híbridos (1147, AB01100, 0115) y variedad de polinización abierta MP

Asimismo, la población de polinización abierta (MP) se diferenció notoriamente de las tres razas locales (M1, M3 y M4). Las razas locales presentaron mayor variabilidad debido a su constitución genética más diversa, comparados con los híbridos, que son más uniformes (Riesberg *et* Carney, 1998). Si bien el gráfico de coordenadas principales no permite diferenciar los genotipos mejorados de las razas locales, el carácter color del pericarpio (CP) fue más variable, presentando mayor cantidad de colores en los genotipos más antiguos. De las tres razas locales, el genotipo el M3 presentó menor variabilidad en los caracteres evaluados ya que se observó más agrupado. Además, se pudo observar que el genotipo M1 mostró mayor asociación con los materiales modernos.

Respecto a los caracteres cualitativos evaluados a campo, color de anteras (CAN), índice de follaje (IF) y pubescencia en la vaina foliar (PVF) mostraron alta variabilidad tanto en las plantas del mismo genotipo como de genotipos distintos, incluyendo los híbridos, 0115, 1147 y AB0110, a excepción del MP, donde en el carácter color de anteras (CAN) se destacaba el color violeta oscuro. El genotipo M4, tuvo la mayor cantidad de colores en las anteras (CAN), variando desde violeta oscuro a claro, verde y amarillo; M1 presentaba colores de violeta oscuro a violeta claro, mientras que en el M3 predominó el verde y en algunos casos el color violeta claro. En cuanto al color del tallo (CT) fue verde en todos los casos, a excepción nuevamente del MP, que presentó color morado.

En los caracteres evaluados en laboratorio, forma de la mazorca (FM) y disposición de hileras de granos (DHG) también se vio variabilidad dentro y entre los genotipos. Si bien para el primero predominó la forma cilíndrica-cónica, se podían visualizar las formas cilíndrica y/o cónica y, en el segundo, tanto la disposición regular como la irregular.

En cuanto al tipo de grano (TG) en la mayoría de los genotipos predominó el tipo semidentado y semicristalino a cristalino. Asimismo, en la forma de superficie grano (FSG) prevaleció la forma plana y redonda.

Como se mencionó anteriormente, el maíz es una planta alógama, por lo cual en los ejemplares cosechados se pudo ver muchos casos de xenia, que es el efecto que se produce cuando ocurre fecundación con polen de un genotipo diferente a causa de la polinización cruzada en el maíz (Urbina Algaras, 2015), y se manifiesta a través del cambio de color del pericarpio en algunos granos de la mazorca. Debido a esto y a la variabilidad presente en los materiales sembrados es que hubo una gran diversidad de colores de pericarpio (Figura 15). Para este último carácter, como fue indicado previamente, las razas locales presentaron mayor variedad de colores, en los genotipos M1 y M4 se pudo observar diferentes tonalidades de púrpura, grises y amarillos, como así también blancos, con color del marlo (CML) blanco. En cambio, en M3 se observaron, colores más rojizos, algunos jaspeados y amarillos con marlo rojizo. En el caso de los híbridos, el color del pericarpio (CP) en el AB01100 prevaleció el rojo, en el 1147 el amarillo y en el 0115 el blanco y amarillo claro, todos presentaron el marlo color blanco. En cuanto al color de aleurona (CA) en su mayoría fue incolora, solamente en algunos ejemplares del MP y del 1147 fue de color amarillo.



Figura 15 Variabilidad en el color del pericarpio para un individuo del genotipo M4

Una vez finalizada la caracterización morfológica, se realizó una revisión bibliográfica de distintos catálogos de germoplasma de maíz de Argentina elaborados por el INTA. A partir de la comparación de las características de los materiales evaluados y de las accesiones descritas en los catálogos es que se propone incluir a los genotipos M1 y M4 dentro de la raza Capia Garrapata, y al genotipo M3 dentro de la raza Capia Variegado ambos originarios de la provincia de Salta (Solari *et al*, 2015, anexo).

Selección de genotipos

Los caracteres que presentaron los mayores coeficientes de correlación en la regresión respecto de los componentes de rendimiento, en todos los genotipos evaluados (exceptuando el híbrido 6029), fueron la longitud de mazorca (Figura 16), el número de hileras por mazorca (Figura 17) y peso total de la espiga (Figura 18) respecto al número de granos por espiga.

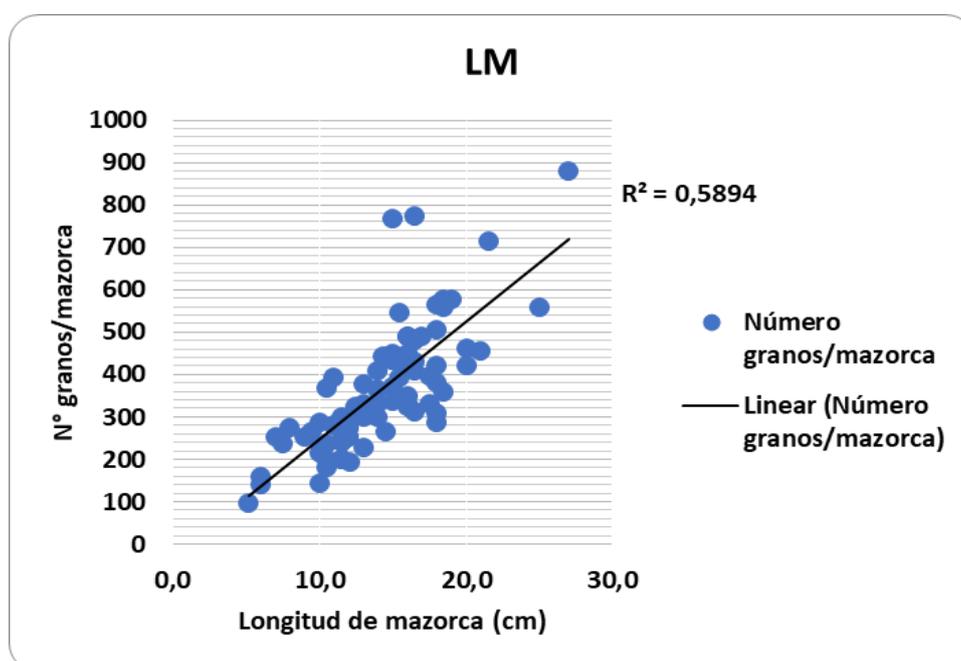


Figura 16. Regresión entre número de granos por mazorca y longitud de mazorca

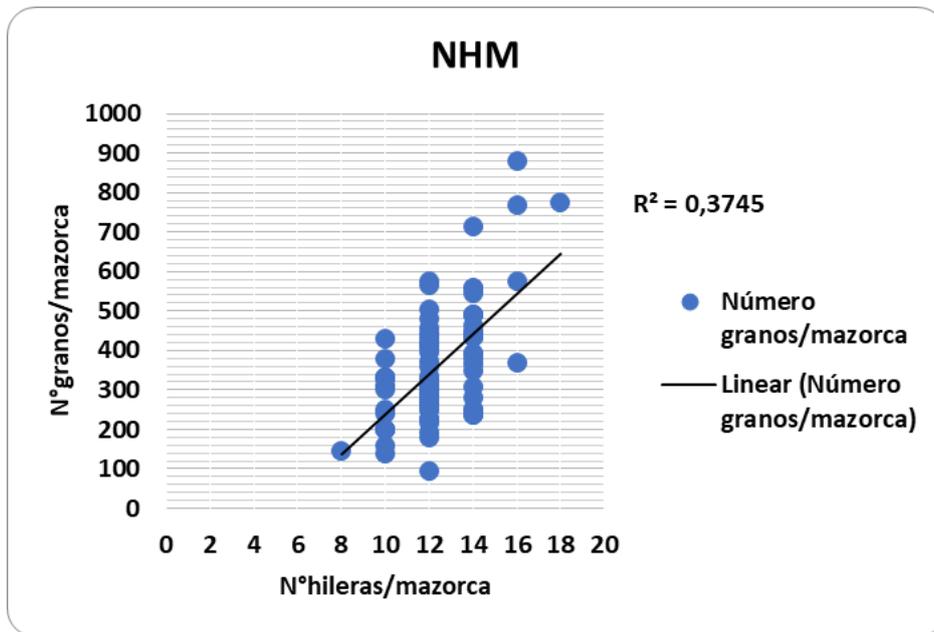


Figura 17. Regresión entre número de granos por mazorca y número de granos por hilera

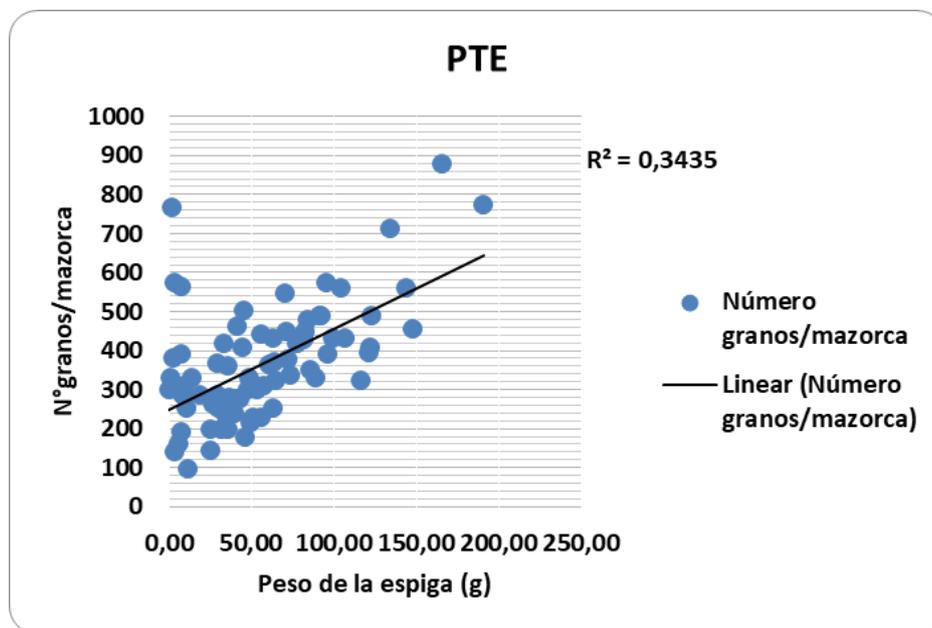


Figura 18. Regresión entre número de granos por mazorca y el peso total de la espiga

En el caso de los caracteres seleccionados, el CV fue de 27,66 % para longitud de mazorca, 13,32 % para número de hileras/mazorca y 82,19 % para peso total de la espiga.

La selección realizada con una intensidad del 20 % se correspondió con un valor mínimo de la población seleccionada de 89,7 g para el peso total de la espiga. En el caso del largo de la

mazorca, este valor fue de 18,8 cm. Mientras que el valor mínimo en el número hileras por mazorca fue de 13,7.

La media de la población seleccionada en cada caso fue 21,19 cm para longitud de espiga, 14,64 para número de hileras por mazorca y 114,12 g para peso de la espiga.

Finalmente, luego de la selección realizada por los caracteres antes mencionados, fueron seleccionadas las plantas 1, 2 y 4 de la M1 y la 4 de M3 (Tabla 6).

Tabla 6. Plantas seleccionadas para originar la generación siguiente de genotipos de Zea mays.

Bloque	Tratamiento	Planta	PTE (g)	LM (cm)	NHM
3	M3	4	165,85	27,0	16
1	M1	1	134,45	21,5	14
1	M4	2	147,56	21,0	12
2	M1	1	78,12	20,0	12
3	M1	2	104,20	18,5	14
3	M3	1	35,84	18,5	12
1	M4	3	3,51	18,5	12
1	M1	4	8,70	18,0	12
1	M3	3	45,47	18,0	12
2	M3	3	9,12	18,0	10
3	M3	3	7,97	18,0	12
3	M1	4	92,12	17,0	14
2	M4	2	84,25	16,5	12
3	M1	1	91,53	16,0	14
2	M4	1	13,91	16,0	10
2	M4	4	82,90	16,0	14
3	M1	3	70,13	15,5	14
3	M4	1	99,77	15,5	12
2	M1	2	63,27	15,0	14
1	M4	1	2,18	15,0	16
2	M4	5	55,83	14,3	12
1	M1	2	1,16	14,0	10
2	M1	4	44,57	14,0	12
2	M3	1	60,50	14,0	14
3	M4	2	64,75	12,5	12
3	M3	1	30,45	12,0	12
3	M4	4	19,07	12,0	12
3	M1	5	32,46	11,8	10
2	M1	5	36,10	11,5	10
2	M1	3	25,10	10,5	10
1	M1	5	49,71	10,0	12
1	M4	5	29,09	10,0	12
1	M4	4	11,05	9,0	12
1	M3	2	3,42	6,0	10

El rendimiento del maíz está determinado por varios componentes, siendo utilizados para la selección de genotipos superiores. Entre ellos, el número y tamaño de mazorcas por planta, es una variable que se encuentra en función de la variedad o el híbrido, las condiciones del cultivo y las características ambientales (Laverde *et al.*, 1986). Siendo entonces, la longitud de la mazorca es un factor de importancia que influye en el resultado final de la producción (Ángeles *et al.*, 2010). En cuanto al número de hileras/mazorca, demuestra la capacidad genética de los genotipos estudiados (Borroreal *et al.*, 2018), pues es un carácter regido principalmente por el genotipo, siendo poco variable a las condiciones ambientales. Por último, el peso total de la espiga (PTE) fue el que presentó mayor valor en el coeficiente de variación, siendo este uno de los componentes más importantes del rendimiento junto con el número de granos (Andrade *et al.*, 1996).

A partir de la bibliografía científica, la elección de los caracteres que se utilizaron para seleccionar materiales fue acertada, siendo el genotipo de polinización silvestre M1 el que presentó valores más altos diferenciándose de M3 y M4 en los siguientes caracteres medidos a campo, altura de planta (ALP), número de espigas en el tallo principal (NETP) y número de espigas en macollos (NEM), así también 3 de las 4 mazorcas seleccionadas correspondieron a este genotipo.

Sería deseable que los materiales seleccionados en este estudio fueran sembrados en futuros trabajos de intensificación, en un número mayor, para poder evaluar la correlación con el rendimiento de los caracteres utilizados solo en estos genotipos. Además, con datos de dos generaciones se podrán realizar determinaciones importantes para el mejoramiento de estos materiales como la heredabilidad en sentido amplio y estricto.

Conclusiones

- ✓ Se pudo caracterizar los diferentes genotipos por medio de los caracteres tomados durante el crecimiento y desarrollo del cultivo, como así también en la mazorca, este último evaluado en laboratorio.
- ✓ Los genotipos recolectados en la provincia de Salta mostraron mayor variabilidad que los híbridos y la variedad de polinización libre que se evaluaron en conjunto. Los caracteres más variables evaluados a campo fueron longitud del espacio ramificado (LER), número de ramificaciones (NR), altura a mazorca (ALM), número de hojas a espiga superior (NHES), número de espigas en el tallo principal (NETP). En futuras investigaciones, se debería hacer más énfasis en la caracterización de los materiales utilizando estos descriptores, debido a que representan mejor la variabilidad presente.
- ✓ El carácter cualitativo color del pericarpio (CP) se destacó en las razas locales ya que presentaron una mayor variedad de colores en comparación a los híbridos y la variedad de polinización libre.
- ✓ Debido a las características morfológicas evaluadas a campo de las plantas y en laboratorio de mazorca, los genotipos M1 y M4, se podrían incluir en la raza Capia Garrapata, y al genotipo M3 dentro de la raza Capia Variegado, ambos originarios de la provincia de Salta.
- ✓ A partir de los valores obtenidos para los componentes del rendimiento en la medición de caracteres en mazorca: peso total de la espiga, número de hileras/mazorca y longitud de la espiga, se pudieron seleccionar cuatro genotipos superiores de aquellos proveniente de Salta.

Bibliografía

Allard, R.W. 1967. Principios de la mejora genética de las plantas. 1ra edición. Ediciones Omega, Barcelona.

Andrade, F. H, Cirilo, A., Uhart, S. y Otegui, M. 1996. Ecofisiología del cultivo de maíz. Balcarce: La Barrosa. Buenos Aires.

Andrade, F. H. 1998. Posibilidades de expansión de la producción agrícola. Interciencia Volumen 23 Número 4.

Bedoya, C.A y Chávez Tovar, V.H. 2010. Teosinte: el ancestro del maíz. Claridades Agropecuarias N°201.

Borroel García, V.J., Salas Pérez, I., Ramírez Aragón, M.G., López Martínez, J.D. y Luna Anguiano, J. 2018. Rendimiento y componentes de producción de híbridos de maíz en la Comarca Lagunera. Terra Latinoamericana Volumen 36 Número 4

Cámara Hernández, J.; Miente Alzogaray, A.M.; Bellón R. y Galmarini, A.J., Razas de maíz nativas de la Argentina. Ed. Fac. Agronomía, UBA, vol. 1, 174 pp. 2012

Capristo, P.R., Rizzalli, R. H. y Andrade, F.H. 2007. Ecophysiological Yield Components of Maize Hybrids with Contrasting Maturity. Reproduced from Agronomy Journal. Published by American Society of Agronomy.

CIMMYT. URL: <https://seedsofdiscovery.org/es/el-banco-de-germoplasma-del-cimmyt-actividades-y-logros/> Fecha de consulta: Abril 2020

Cubero, J.L. 2013. Introducción a la Mejora Genética Vegetal. 3ra edición. Ediciones Mundi-Prensa Madrid. España.

Eyhérbide, G. 2015. Bases para el manejo del cultivo de maíz. INTA Pergamino. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. URL: https://inta.gob.ar/sites/default/files/inta_bases_para_el_manejo_de_maiz_reglon_100-2_2.pdf

FAO. 2019. Perspectivas Alimentarias. Roma. URL: [//www.fao.org/giews/reports/food-outlook/es/](http://www.fao.org/giews/reports/food-outlook/es/).

FAO. 2014. Normas para bancos de germoplasma de recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura. Roma

FAOSTAT. 2018. URL: <http://www.fao.org/faostat/es/#data/QC> Fecha de consulta: Abril 2020.

Ferrer, M. 2007. Importancia de las variedades primitivas y razas locales de maíz. Maizar. URL: <http://www.maizar.org.ar/vertext.php?id=275>

Hancock, J.F. 2012. Plant Evolution and the Origin of Crop species. 3^o Edition. Michigan State University. USA.

Hiorth, G. E. 1985. Genética Cuantitativa. II: Selección. Universidad Nacional de Córdoba. Fac. de Ciencias Agropecuarias.

Lia, Verónica V. 2004. Diversidad genética y estructura poblacional en razas nativas de maíz (*Zea mays* ssp. *mays*) del Noroeste Argentino: presente y pasado del germoplasma autóctono. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires. http://digital.bl.fcen.uba.ar/Download/Tesis/Tesis_3766_Lia.pdf

Paliwal, R.L., Granados, G., Lafitte, H. R., Violic, A. D. 2001. El maíz en los trópicos: Mejoramiento y producción. FAO. URL: <http://www.fao.org/3/x7650s16.htm>

Proceeding of National Academy of Sciences of the United States of America. URL: <https://www.pnas.org/content/116/12/5643> Fecha de consulta: Abril 2020

Riesberg, L.H. y Carney, S.E. 1998. Plant hybridization. Tansley Review No. 102. New Phytol 140: 599-624.

Satorre, E. 2014. Producción de maíz. AACREA. Asociación Argentina de Consorcios Regionales de Experimentación Agrícola. Unidad de Comunicación y Marketing, Buenos Aires.

Solari, Lucio R y Gómez, Selva G. 2015. Catálogo de Germoplasma de maíz. INTA. URL: <https://inta.gob.ar/sites/default/files/inta-catgermoplasma.pdf>. Fecha de consulta: Septiembre 2020

Solari, Lucio R y Gómez, Selva G. 1977. Catálogo de germoplasma de maíz. INTA. URL: https://www.ars.usda.gov/ARUserFiles/50301000/Races_of_Maize/Catalogo_Argentina_0_Book.pdf Fecha de consulta: Septiembre 2020

United Nations. 2019. 2019 Revision of World Population Prospects. URL: population.un.org/wpp/

Urbina Algaras, Róger. 2015. Control de Calidad en la Producción 'Tradicional' y 'No Convencional' de Semilla de Variedades de Maíz (*Zea mays* L.) de Polinización Libre. Harvest Plus América Latina y el Caribe. Colombia. URL: http://lac.harvestplus.org/wp-content/uploads/2017/11/manual_produccion_maiz_biofortificado.pdf

USDA. Grain: World Markets and Trade. 2020. URL: <file:///C:/Users/llyl/Downloads/022020grain-corn-coarsegrains.pdf>

Anexo

Tabla 7 Etapas del crecimiento del maíz.

Etapas	DAS*	Características
VE	5	El coleóptilo emerge de la superficie del suelo
V1	9	Es visible el cuello de la primera hoja.
V2	12	Es visible el cuello de la segunda hoja.
Vn		Es visible el cuello de la hoja número “n”. (“n” es igual al número definitivo de hojas que tiene la planta; “n” generalmente fluctúa entre 16 y 22, pero para la floración se habrán perdido las 4 a 5 hojas de más abajo.)
VT	55	Es completamente visible la última rama de la panícula.
R0	57	Antesis o floración masculina. El polen se comienza a arrojar.
R1	59	Son visibles los estigmas.
R2	71	Etapas de ampolla. Los granos se llenan con un líquido claro y se puede ver el embrión.
R3	80	Etapas lechosas. Los granos se llenan con un líquido lechoso blanco.
R4	90	Etapas masosas. Los granos se llenan con una pasta blanca. El embrión tiene aproximadamente la mitad del ancho del grano.
R5	102	Etapas dentadas. La parte superior de los granos se llena con almidón sólido y, cuando el genotipo es dentado, los granos adquieren la forma dentada. En los tipos tanto cristalinos como dentados es visible una “línea de leche” cuando se observa el grano desde el costado.
R6	112	Madurez fisiológica. Una capa negra es visible en la base del grano. La humedad del grano es generalmente de alrededor del 35%.
<p>* DAS: número aproximado de días después de la siembra en tierras bajas tropicales, donde las temperaturas máxima y mínima pueden ser de 33°C y 22°C, respectivamente. En los ambientes más fríos estos tiempos aumentan.</p>		

MP: Variedad de polinización libre del INTA de Pergamino

PERICARPIO ROJO

Accesiones

BUENOS AIRES: 01-100; FORMOSA: 07-116; CORDOBA: 14-038, 14-060, 14-068, 14-071, 14-102; MENDOZA: 16-036, 16-038, 16-060.

Rangos extremos

Longitud de la mazorca: 9-22 cm

Diámetro de la mazorca: 30-50 mm

Número de hileras: 8-18

Longitud del grano: 6-12 mm

Ancho del grano: 6-12 mm

Contenido de proteína: 7-12,2 %

Contenido de aceite: 3-4,8 %

Mazorcas cilíndrico-cónicas. Granos de tamaño y conformación diferente, a veces aparece una depresión más o menos profunda en la corona. En algunas colecciones predomina la textura harinosa, en otras la cristalina. El color del pericarpio distingue a este grupo, ya que sus células contienen antociana. De acuerdo a la concentración de dicho pigmento la coloración es más o menos subida en el rojo, varía desde el púrpura y granate hasta el negro. (Solari *et al*, 2015)



Figura 19. Pericarpio rojo. Extraído de: Catálogo de Germoplasma de maíz. INTA. URL: <https://inta.gob.ar/sites/default/files/inta-catgermoplasma.pdf>.

0115: Híbrido del INTA de Pergamino
COMPUESTO DENTADO BLANCO RUGOSO

Accesiones

BUENOS AIRES: 01-148, 01-149, **01-150**.

Rangos extremos

Longitud de la mazorca: 10-23 cm

Diámetro de la mazorca: 40-60 mm

Número de hileras: 14-16

Longitud del grano: 7-15 mm

Ancho del grano: 5-10 mm

Contenido de proteína: 9,3-9,6 %

Contenido de aceite: 3,7-3,8 %

Mazorcas cilíndricas o cilíndrico-cónicas, medianas a grandes, con apreciable número de hileras bastante regulares. Los granos son blancos presentan en su corona una acentuada rugosidad o hendidura, característica que distingue a esta forma racial. El pericarpio y la aleurona son incoloros, aunque presenta algunos granos púrpuras. El marlo es de buena consistencia, grueso, de color blanco. (Solari *et al*, 1997)

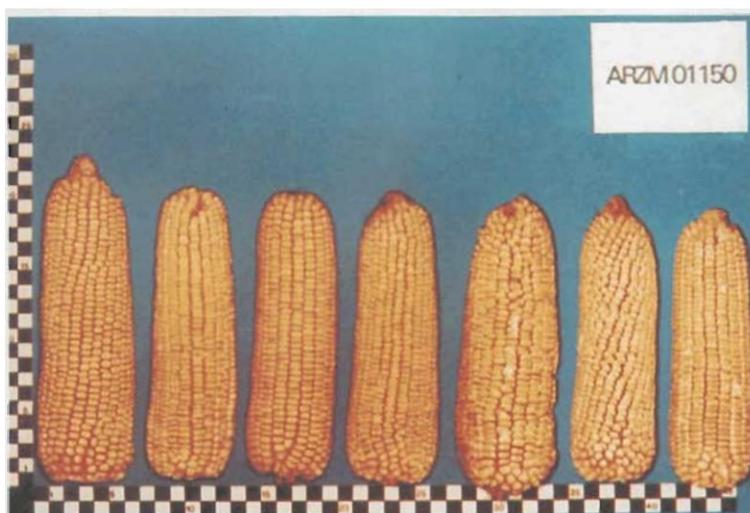


Figura 20. 01-150. Extraído de: Catálogo de germoplasma de maíz. INTA. URL: https://www.ars.usda.gov/ARUserFiles/50301000/Races_of_Maize/Catalogo_Argentina_0_Book.pdf

Razas propuestas para los genotipos evaluados M1, M3 y M4

Para genotipos M1 y M4

CAPIA GARRAPATA

Rangos extremos

Longitud de la mazorca: 4-19 cm

Diámetro de la mazorca: 30-50 mm

Número de hileras: 8-22

Longitud del grano: 6-18 mm

Ancho del grano: 4-14 mm

Contenido de proteína: 5- 8,8 %

Contenido de aceite: 3,7-5,2 %

Mazorcas cilíndrico-cónica a aovada de tamaño variable, las más típicas cortas, con numerosas hileras de granos, a veces irregulares. Los granos son grandes de forma alargada, dentados. Poseen endosperma de textura harinosa color blanco, el pericarpio es incoloro y la aleurona es moteada de azul o negro. El marlo es ligeramente grueso y blanco en su mayoría (Solari *et al*, 2015)

Para genotipo M3

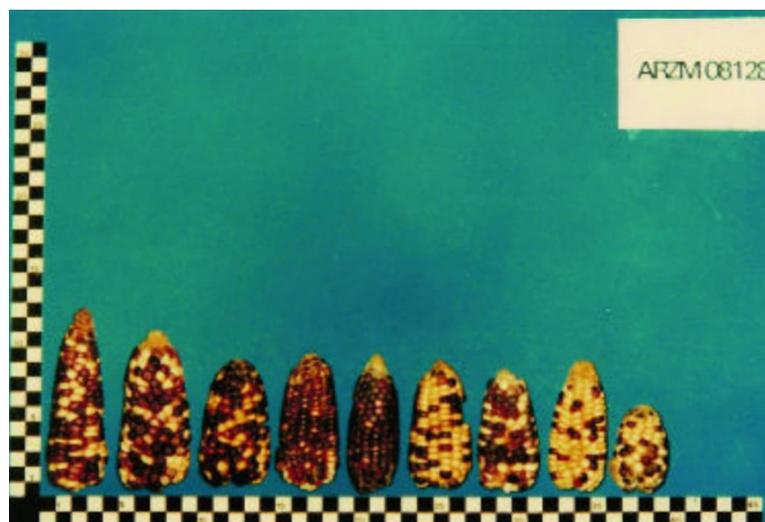


Figura 21 Capiá Garrapata. Extraído de: Catálogo de Germoplasma de maíz. INTA. URL: <https://inta.gob.ar/sites/default/files/inta-catgermoplasma.pdf>.

CAPIA VARIEGADO

Rangos extremos

Longitud de la mazorca: 7-14 cm

Diámetro de la mazorca: 30-40 mm

Número de hileras: 8-14

Longitud del grano: 8-12 mm

Ancho del grano: 6-11 mm

Contenido de proteína: 7,5 %

Contenido de aceite: 4,8 %

Mazorcas cortas a medianas, con hileras más bien regulares. Los granos son largos, algunos ligeramente dentados. El endosperma es amarillo de textura harinosa. El pericarpio es rojo variegado. El marlo es grueso. (Solari *et al*, 2015)



Figura 22. Copia Variegado Extraído de: Catálogo de Germoplasma de maíz. INTA.
URL: <https://inta.gov.ar/sites/default/files/inta-catgermoplasma.pdf>.

Salta

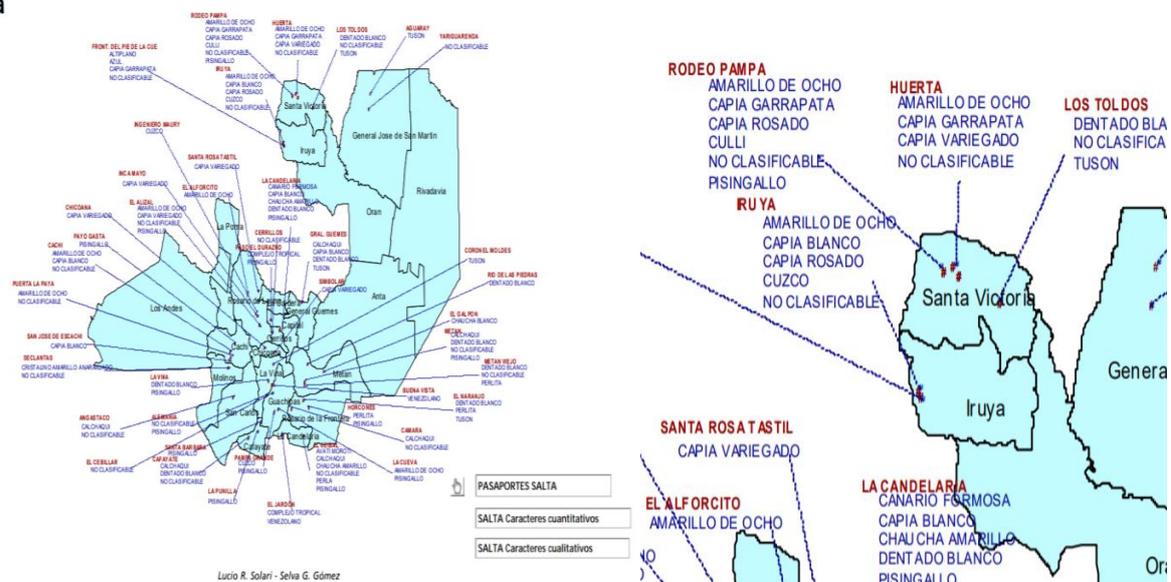


Figura 23. Zona de Salta donde se encuentran las razas propuestas de los genotipos evaluados M1, M3 y M4