



UNIVERSIDAD NACIONAL DE RÍO CUARTO  
FACULTAD DE AGRONOMÍA Y VETERINARIA

Trabajo Final presentado para optar al  
Grado de Ingeniero Agrónomo

Modalidad: Proyecto

EVALUACIÓN DE LÍNEAS E HÍBRIDOS  
EXPERIMENTALES DE MAÍZ POR SU TOLERANCIA A  
MAL DE RÍO CUARTO

Alumno: HERRERA, Laura Andrea  
DNI 33.561.404

Director: BONAMICO, Natalia Cecilia  
Co-Director: DI RENZO, Miguel Ángel

Río Cuarto – Córdoba  
Agosto/2012

UNIVERSIDAD NACIONAL DE RÍO CUARTO  
FACULTAD DE AGRONOMÍA Y VETERINARIA

CERTIFICADO DE APROBACIÓN

Título del Trabajo Final: EVALUACIÓN DE LÍNEAS E  
HÍBRIDOS EXPERIMENTALES DE MAÍZ POR SU  
TOLERANCIA A MAL DE RÍO CUARTO

Director: BONAMICO, Natalia Cecilia

Co-Director: DI RENZO, Miguel Ángel

Aprobado y corregido de acuerdo con las sugerencias de la  
Comisión Evaluadora:

\_\_\_\_\_  
\_\_\_\_\_  
\_\_\_\_\_

Fecha de Presentación: \_\_\_\_/\_\_\_\_/\_\_\_\_.

\_\_\_\_\_  
Secretario Académico

## **AGRADECIMIENTOS**

A Dios, que ocupa el primer lugar en mi vida y le doy gracias por siempre.

A mi madre y a mi padre por su incondicionalidad durante esta etapa de mi vida y siempre, por levantarme los brazos cada vez que se hace difícil continuar, por ser mi sustento cada día y por disfrutar los lindos momentos juntos.

A mi prima Gimena, por su amistad y compañía, porque es mi hermana del alma.

Agradezco a la Universidad Nacional de Río Cuarto y en especial a la Facultad de Agronomía y Veterinaria por haberme formado profesionalmente, a los profesores de la carrera de Ingeniería Agronómica. A la cátedra de Mejoramiento Genético, en especial a Natalia Bonamico y Miguel Di Renzo, por ser parte de este trabajo de investigación.

A mis compañeros y amigos de facultad Natalí, Cecilia, Vanesa, Matías, Emiliano y Ezequiel, por ser parte de mi sustento durante los años de estudio.

## ÍNDICE

<b>RESUMEN</b>	<b>VIII</b>
<b>SUMMARY</b>	<b>IX</b>
<b>INTRODUCCIÓN</b>	<b>1</b>
<b>HIPÓTESIS</b>	<b>8</b>
<b>OBJETIVOS</b>	<b>8</b>
<b>MATERIALES Y MÉTODOS</b>	<b>9</b>
<b>RESULTADOS</b>	<b>15</b>
<b>DISCUSIÓN</b>	<b>32</b>
<b>CONCLUSIONES</b>	<b>35</b>
<b>BIBLIOGRAFÍA</b>	<b>36</b>
<b>ANEXOS</b>	<b>41</b>

## ÍNDICE DE CUADROS

<b>Cuadro 1.</b> Escala para la evaluación de la enfermedad Mal de Río Cuarto.	<b>12</b>
<b>Cuadro 2.</b> ANAVA correspondiente al modelo estadístico utilizado.	<b>13</b>
<b>Cuadro 3.</b> Valor medio ( $\pm$ EE), mínimo y máximo de los caracteres grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto, evaluados en líneas doble haploides de maíz durante el ciclo agrícola 2009/10 en la localidad de Sampacho, provincia de Córdoba.	<b>15</b>
<b>Cuadro 4.</b> Valor medio ( $\pm$ EE), mínimo y máximo de rendimiento, y de los caracteres grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto, evaluados en genotipos híbridos durante el ciclo agrícola 2009/10 en la localidad de Sampacho, provincia de Córdoba.	<b>15</b>
<b>Cuadro 5.</b> Cuadrados medios de los análisis de varianza de los caracteres grado medio y severidad de la enfermedad Mal de Río Cuarto, evaluados en 97 líneas doble haploides de maíz durante el ciclo agrícola 2009/10 en la localidad de Sampacho, provincia de Córdoba.	<b>16</b>
<b>Cuadro 6.</b> Cuadrados medios de los análisis de varianza de los caracteres rendimiento, y severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto, evaluados en los 194 híbridos de maíz durante el ciclo agrícola 2009/10 en la localidad de Sampacho, provincia de Córdoba.	<b>17</b>
<b>Cuadro 7.</b> Líneas doble haploides de maíz con superior comportamiento para los caracteres grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto.	<b>18</b>
<b>Cuadro 8.</b> Líneas doble haploides de maíz con inferior comportamiento para los caracteres grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto.	<b>21</b>
<b>Cuadro 9.</b> Híbridos de maíz con superior comportamiento para rendimiento y grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto.	<b>24</b>

**Cuadro 10.** Híbridos de maíz con inferior comportamiento para rendimiento y grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto. **24**

**Cuadro 11.** Correlaciones fenotípicas entre los caracteres evaluados de la enfermedad Mal de Río Cuarto en las 97 líneas doble haploides y los 194 híbridos. **26**

## ÍNDICE DE FIGURAS

- Figura 1.** Distribución geográfica de la enfermedad viral Mal de Río Cuarto en Argentina. **4**
- Figura 2.** Representación de los caracteres grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto, en las líneas doble haploides de maíz con superior comportamiento y en los híbridos formados a partir de ellas y el probador tolerante o el susceptible, evaluadas en la localidad de Sampacho, en el ciclo agrícola 2009/2010. **19**
- Figura 3.** Rendimiento de los híbridos de maíz formados por las líneas con buen comportamiento frente a la enfermedad Mal de Río Cuarto y el probador tolerante o susceptible, evaluados en la localidad de Sampacho, en el ciclo agrícola 2009/2010. **20**
- Figura 4.** Representación de los caracteres grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto, en las líneas doble haploides de maíz con inferior comportamiento y en los híbridos formados a partir de ellas y el probador tolerante o el susceptible, evaluadas en la localidad de Sampacho, en el ciclo agrícola 2009/2010. **22**
- Figura 5.** Rendimiento de los híbridos de maíz formados por las líneas con inferior comportamiento frente a la enfermedad Mal de Río Cuarto y el probador tolerante o susceptible, evaluados en la localidad de Sampacho, en el ciclo agrícola 2009/2010. **23**
- Figura 6.** Biplot de las dos primeras componentes principales para los caracteres grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad MRC evaluados en las líneas doble haploides en la localidad de Sampacho, en el ciclo agrícola 2009/10. **28**
- Figura 7.** Biplot de las dos primeras componentes principales para rendimiento y para los caracteres grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad MRC en los genotipos híbridos evaluados en la localidad de Sampacho, en el ciclo agrícola 2009/10. **29**
- Figura 8.** Biplot de las dos primeras componentes principales para los caracteres grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad MRC evaluados en líneas doble haploides y en los genotipos híbridos derivados de éstas, en la localidad de Sampacho, en el ciclo agrícola 2009/10. **30**

## RESUMEN

El Mal de Río Cuarto (MRC), es una enfermedad viral que afecta al cultivo de maíz (*Zea mays* L.). La incidencia anual de esta enfermedad es muy baja, aunque esporádicamente ocurren epidemias que pueden afectar a toda la región maicera núcleo causando pérdidas considerables en la producción nacional. El virus se transmite en la naturaleza por medio del insecto vector *Delphacodes kuscheli* Fennah de forma persistente propagativa. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el comportamiento de genotipos experimentales de maíz por su comportamiento frente a MRC, líneas doble haploides e híbridos derivados de esas líneas y dos líneas endocriadas (probadores), una tolerante y otra susceptible a la enfermedad, en la localidad de Sampacho, en el sur de Córdoba. Durante la campaña agrícola 2009/10 se evaluaron 97 líneas doble haploides y 194 híbridos, en un ensayo en el cual se usó un diseño de bloques completos al azar con dos repeticiones. Se evaluó el grado medio (0-5), la severidad (0-5) e incidencia (%) de la enfermedad. Además, en los genotipos híbridos se evaluó el carácter rendimiento ( $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ). Las variables se analizaron mediante un análisis de varianza y se realizó un análisis de correlación para todas las variables. Para los caracteres grado medio, severidad e incidencia se aplicó un cálculo de heterosis. En las variables analizadas hubo diferencias estadísticas significativas entre los genotipos. Entre las líneas doble haploides es posible seleccionar aquellas con buen comportamiento a la enfermedad y las variables analizadas estuvieron positiva y estadísticamente correlacionadas, éstas pueden ser progenitores que aportarán tolerancia frente a MRC en las cruzas que intervengan. Los híbridos fueron menos afectados con respecto a las líneas, y aquellos formados con el probador tolerante en general mostraron un comportamiento superior frente a MRC. El mayor rendimiento en los genotipos híbridos estuvo asociado a una menor severidad, grado medio e incidencia de enfermedad, haciendo a estos caracteres útiles para la selección.

Palabras clave: *enfermedad viral, grado medio, severidad, incidencia, heterosis.*



## SUMMARY

### LINES AND EXPERIMENTAL HYBRIDS OF MAIZE EVALUATED FOR THEIR TOLERANCE TO MAL DE RIO CUARTO

Mal de Río Cuarto (MRC) is the most important viral disease that affects maize (*Zea mays* L.) in Argentina. The annual incidence of this is very low, though can occur sporadic epidemics and affect the corn region resulting in a great loss to the national production. In nature, *Delphacodes kuscheli* Fennah insect transmits the virus in a persistent propagative manner. The aim of the present work was to evaluate experimental maize genotypes performance: doubled haploids lines and its derivated hybrids together with two inbreds lines (testers), a resistant and a susceptible one due to MRC, in Sampacho in the south of Cordoba. During the 2009/10 agricultural season, 97 doubled haploids lines and 194 hybrids were evaluated in a trial using a design in complete blocks at random with two repetitions. The means grade (0-5), the severity (0-5) and incidence (%) disease were measured. In addition, it was also evaluated the grain yield ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) in the hybrid genotypes. The variants were analysed through an analysis of variance and a correlation analysis was performed on all variables. It was applied an estimation of heterosis to the means grade, severity and incidence disease. The analysis of variance showed significant differences for the variables among all the genotypes. Between the doubled haploids lines, it is possible to select those with good performance to disease tolerance. Doubled haploid lines can be progenitors which will contribute tolerance to the crosses to MRC. The analysed variables were positive and statistically correlated. The hybrids were less affected compared to the lines and those derivated by the tolerant tester in general showed a superior performance to MRC. A low severity, means grade and incidence of disease were associated with a major grain yield in the hybrid genotypes, so these traits are useful for the selection.

Key words: *viral disease, means grade, severity, incidence, heterosis.*

## INTRODUCCIÓN

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los tres cereales más importantes del mundo junto con el trigo (*Triticum aestivum* L.) y el arroz (*Oryza sativa* L.). Actualmente se producen alrededor de 100 millones de hectáreas en 125 países en desarrollo y en 75 de esos países es el cereal más cultivado (FAOSTAT, 2011). Aunque gran parte de la producción de maíz del mundo es utilizada para alimento animal (aproximadamente el 78%), en muchos países el consumo humano es cada vez mayor, siendo en América Latina y África el cereal más importante utilizado para la alimentación. La creciente demanda de consumo de alimentos se estima en un incremento de alrededor del 1.3% por año antes de 2020 (Ortiz *et al.*, 2010). A partir del año 2020 y hasta el año 2050, la demanda de maíz en el mundo se duplicará, estimándose que en el año 2025 será el cultivo con la mayor producción a nivel mundial (Rosegrant *et al.*, 2008).

La planta de maíz posee características que le permiten adaptarse a distintas condiciones de crecimiento. Es por ello que fácilmente se introdujo en todos los continentes, en donde se produce y se mejora. La diversidad genética del maíz, al ser un cultivo alógamo, es muy extensa, lo cual lo hace muy útil en los programas fitogenéticos. Las razas nativas muestran una significativa variación morfológica y polimorfismo genético considerable, y esto les permite ser sembradas en alturas que fluctúan desde el nivel del mar hasta 3800 m sobre éste (Ortiz *et al.*, 2010). El maíz cultivado es una planta completamente domesticada, no crece en forma silvestre y no puede sobrevivir en la naturaleza, siendo completamente dependiente de los cuidados del hombre (Dowswell *et al.*, 1996). Se cree que fue domesticado a partir del teosinte (*Z. mays ssp. parviglumis*) en el sur de México, hace más de 6000 años. Existen pruebas arqueológicas recientes que indican que ya estaba presente en la región del río Balsas, cerca de Iguala en el estado de Guerrero, en México, en el año 8700 AC (Piperno *et al.*, 2009). Este cereal evolucionó y se expandió a otras regiones de México y de América Central, y desde allí a otras partes del mundo (Piperno y Flannery, 2001; Webster *et al.*, 2005).

La historia del cultivo de maíz en la Argentina es de un continuo mejoramiento en la tecnología general de manejo; en un principio se contaba con herramientas primitivas, había una carencia casi total de control químico de malezas e insectos, y no había semillas de calidad. Los conocimientos de manejo que hoy nos parecen corrientes, en su mayoría no existían. La agricultura, en su totalidad fue desarrollándose y con ella aparecieron diferentes implementos mecánicos. Paralelo al desarrollo técnico se produjo el desarrollo genético; primero fueron las variedades mejoradas y luego los híbridos, dobles al principio, luego de

tres líneas y finalmente los simples. Este último tipo tardó en incluirse en el mercado argentino por diversas razones, entre las que se pueden destacar su mayor complejidad tecnológica de producción y su mayor costo, junto a prejuicios firmemente arraigados en el sentido que los híbridos simples no tendrían la adaptabilidad, plasticidad o la estabilidad de rendimiento de los dobles, o que no soportarían como ellos condiciones de estrés por sequía o por el uso de altas densidades (Rossi, 1997).

En la Argentina, el maíz es uno de los cultivos más importantes, con una superficie sembrada de 4,6 millones de ha, una superficie cosechada de 3,7 millones de ha, y una producción de 23 millones de tn, basada en un rendimiento de 6.139 kg.ha<sup>-1</sup> durante la campaña 2010/2011 (MAGyP, 2011). La siembra de este cereal se realiza fundamentalmente con cultivares híbridos que en los últimos años han ocupado entre el 95 y 99% de los lotes de producción comercial para grano. Esto se fundamenta en la significativa heterosis que presenta el cruzamiento de determinados genotipos (líneas endocriadas), las facilidades para la ejecución de cruzamientos, la cantidad de semilla producida por líneas progenitoras y la favorable relación entre cantidad de simiente comercial que puede obtenerse por ha y los requerimientos de semilla para sembrar esa superficie a nivel del productor (ASA, 2005).

### **Mejoramiento genético**

El cambio en la forma de vida del hombre, de recolector-cazador a la de agricultor-criador, pudo realizarse porque algunas plantas y animales se modificaron en su contacto permanente con el hombre, sometiéndolas a una fuerte presión de selección. Así surgió el mejoramiento genético de las especies cultivadas, aplicando modificaciones continuas a las mismas a favor de las necesidades del hombre. Estas modificaciones se transmitieron de generación en generación mediante cambios en la información hereditaria del material genético que se cultiva. En el siglo XX ocurrió un desarrollo espectacular de la mejora genética vegetal a causa del conocimiento de las leyes de la herencia, junto con el desarrollo y aplicación de ciencias como la bioquímica, la biometría y la citología. Con ello se describen y explican los efectos de consanguinidad y de heterosis logrando la obtención de líneas endocriadas e híbridos. El aprovechamiento de la heterosis o del vigor híbrido permitió el incremento del rendimiento, la mejora de caracteres agronómicos y la producción de grandes volúmenes de semilla a un costo razonable. Con la introducción de los híbridos de maíz, se lograron incrementos en la productividad, mejoras en el sistema radical, aumento en la firmeza del tallo y en la sanidad de la planta (Cubero, 1999).

Los híbridos comerciales más recientes poseen mejor sanidad y calidad de raíz y caña, tienen hojas más erectas, mantienen el follaje verde relativamente durante más tiempo

y son menos afectados por el estrés hídrico en floración, incluso en altas densidades. Se destaca que estos logros han sido alcanzados sin modificar la madurez relativa, superando la frecuente asociación entre potencial de rendimiento y humedad del grano a la cosecha. De esta manera, el maíz es el cultivo que manifestó mayor respuesta a la selección por productividad (Rossi, 1997).

### **Líneas endocriadas e híbridos comerciales**

Un hito importante en la agricultura mundial fue la producción de híbridos. En maíz, un híbrido es el material vegetal resultante del cruzamiento entre individuos de diferentes líneas, que permiten el aumento de producción (expresión del vigor híbrido) y la homogeneidad fenotípica y genética del genotipo que se obtiene. Esta ventaja de homogeneidad de los híbridos simples, es al mismo tiempo su mayor debilidad por su vulnerabilidad ante distintos estreses bióticos o abióticos. En la obtención de los híbridos, es muy importante el uso de la consanguinidad y el aprovechamiento del fenómeno opuesto, la heterosis, no sólo por el aumento en rendimiento que se consigue, sino por la posibilidad de obtener un producto comercial homogéneo y repetible en el tiempo (Cubero, 1999). La semilla de maíz destinada al cultivo, es producto del cruzamiento entre dos líneas que difieren sustancialmente en su composición genética. Al cruzarse, la combinación genética que resulta se traduce en un rendimiento mucho mayor que el de los progenitores. Este incremento de rendimiento con respecto a las líneas parentales es el vigor híbrido o heterosis (Valentinuz y Paparotti, 2004; De la Cruz-Lázaro *et al.*, 2010). Los cruzamientos derivados de diferentes poblaciones incrementa la respuesta heterótica haciendo más productivos los cruzamientos que entre líneas derivadas de las mismas o similares poblaciones de polinización abierta (Allard, 1975).

La utilización de líneas de diferente origen permite aprovechar la gran diversidad genética presente en el maíz. Mediante la adecuada elección de estos genotipos se puede incrementar la respuesta heterótica. Es por ello destacable la importancia de las líneas en la obtención de los híbridos comerciales, siendo necesaria la evaluación de las mismas, su identidad a lo largo del tiempo y la posterior producción de la semilla comercial. Las líneas endocriadas se obtienen por autofecundaciones sucesivas, siendo sometidas a selecciones basadas en caracteres deseables para el trabajo de mejora de que se trate. Para ello es importante contar con información sobre grupos de materiales que exhiben una consistente respuesta heterótica en sus cruzamientos, lo cual nos permite asignar mejor los recursos y concentrar esfuerzos en combinaciones híbridas con mayor probabilidad de resultar promisorias (Ordas, 1991).

La elección del híbrido es el componente de mayor peso en la producción del cultivo de maíz, seguido por el costo de fertilización. Si se tiene en cuenta el material genético y el manejo, se concluye que elegir el híbrido pasa a ser un tema mayor al momento de planificar el cultivo, como así también las fechas de siembra apropiadas y eventualmente, la aplicación de tratamientos de insecticidas sistémicos a la semilla. Se puede hacer la elección sobre la base de que la productividad, adaptabilidad y estabilidad del híbrido a las condiciones ambientales sean los factores más importantes, pero hay que considerar también otros factores significativos como son el largo del ciclo, la dureza de la caña, la resistencia al vuelco y el quebrado, la dureza y el color del grano y la tolerancia a enfermedades, entre ellas el Mal de Río Cuarto (MRC) (Lenardón, 2007).

### Mal de Río Cuarto (MRC)

Las frecuentes y elevadas pérdidas ocasionadas por el MRC en lotes de maíz en el sur de Córdoba y su dispersión a otras zonas maiceras, hacen de esta enfermedad la más importante de este cultivo, en la Figura 1 se ilustra el área de expansión en la campaña 1996/97 (Lenardón *et al.*, 1998).



**Figura 1.** Distribución geográfica de la enfermedad viral Mal de Río Cuarto en Argentina.

El MRC, enfermedad de origen viral, causa pérdidas considerables en la producción nacional de maíz. El área en donde la enfermedad es endémica abarca unas 300.000 hectáreas. La incidencia anual de esta enfermedad es muy baja, aunque

esporádicamente se suceden epidemias que pueden afectar a toda la región maicera núcleo, tales como las observadas en 1981/82. En 1996/97 el MRC afectó 300.000 hectáreas en la pampa húmeda y causó pérdidas estimadas en 120 millones de dólares (Lenardón *et al.*, 1998). En 2006/07 se detectaron numerosos casos de lotes que presentaron pérdidas parciales en el cinturón maicero tradicional; en el centro este, sudeste de Buenos Aires y parciales a totales en la región donde la enfermedad es endémica con pérdidas de aproximadamente 70 millones de dólares (Lenardón, 2007). La siembra de híbridos susceptibles y la variabilidad climática global podrían conducir al desarrollo de nuevas epifitias, por lo cual la existencia de híbridos tolerantes y un sistema de pronóstico son dos herramientas adecuadas para minimizar el impacto de la virosis (March, 2004; Lenardón, 2002). El área en donde la enfermedad es endémica se encuentra en la zona próxima a la localidad de Río Cuarto, provincia de Córdoba, Argentina y fue detectada por primera vez al final de la década del '60 (Nome *et al.*, 1981; Lenardón *et al.*, 1999). Su distribución se amplió progresivamente, alcanzando en la actualidad gran parte del área maicera argentina (Laguna y Giménez Pecci, 2004).

El agente causal de la enfermedad es el virus de Mal de Río Cuarto (MRCV), perteneciente a la familia *Reoviridae*, género *Fijivirus* (Distéfano *et al.*, 2002), sus partículas son de forma icosaédrica, de aproximadamente 70 nm de diámetro y contienen 10 segmentos de doble cadena de RNA y doble capa proteica. Se transmite en la naturaleza por medio del insecto *Delphacodes kuscheli* Fennah (Homóptera: *Delphacidae*) (Remes Lenicov *et al.*, 1985). La modalidad de transmisión de los *Fijivirus*, como el *Maize rough dwarf virus* (MRDV) y demás miembros del género, es persistente propagativa es decir que el virus se multiplica dentro del cuerpo del insecto vector, el cual permanece infectivo durante toda su vida (Nome *et al.*, 1981, Distéfano *et al.*, 2003). Se informó que las poblaciones de *Toya propinqua* Fieber y *Delphacodes haywardi* Muir también pueden adquirir el virus y transmitirlo, tanto en condiciones experimentales como naturales (Ornaghi *et al.*, 1993).

*D. kuscheli* está presente durante todo el año en el área en donde la enfermedad es endémica sobre una serie de hospedantes (cultivados y silvestres) que le permiten mantenerse, multiplicarse y adquirir el virus para luego transmitirlo al cultivo de maíz. Estos hospedantes, que actúan como reservorios naturales del virus y hospedantes del vector, tienen gran importancia ya que el MRC es una enfermedad monocíclica, de modo tal que el maíz no juega ningún papel como fuente de inóculo (Remes Lenicov *et al.*, 1991).

El MRCV infecta numerosas especies de la familia Poaceae, además del maíz, ha sido detectado en un amplio rango de gramíneas, de las cuales las más importantes desde el punto de vista epidemiológico son el trigo (*Triticum aestivum* L.), la avena (*Avena sativa* L.), la cebada (*Hordeum vulgare* L.), el centeno (*Secale cereale* L.) y varias malezas y pasturas

estivales. Aunque el virus no causa daños de importancia en los cereales de invierno, éstos cumplen un rol clave en el ciclo de la enfermedad al actuar como hospedantes de *D. kuscheli* y constituir una importante fuente de inóculo para la transmisión al maíz (Remes Lenicov *et al.*, 1985, 1991; Ornaghi *et al.*, 1993, 1999; Laguna *et al.*, 2000).

Los síntomas que ocasiona la enfermedad pueden ser severos o leves: muerte prematura de plantas severamente enanizadas cuando la infección ocurre al estado de coleoptilo-primer hoja; plantas de distintas alturas, tallos achatados con entrenudos cortos, hojas del tercio superior con marcada disminución de la superficie foliar, panojas atrofiadas, una o varias mazorcas pobremente desarrolladas y con escasa o nula producción de granos, sistema radicular reducido con escasas raíces secundarias y terciarias. Síntomas que se observan en todas las plantas enfermas: enaciones o verrugas sobre las nervaduras del envés de las hojas (proliferación anormal de células en los tejidos vasculares) (Lenardón *et al.*, 1999). En el caso de síntomas leves, no son perceptibles a simple vista para aquellos poco familiarizados con la enfermedad, aunque también provocan daños económicos. Toda aquella condición que provoque estrés en el maíz, como el viento, el planchado del suelo por las lluvias intensas y la sequía después de la siembra, pueden favorecer el desarrollo de la enfermedad, porque predisponen al cultivo a ser más susceptible. En el caso del planchado del suelo, incluso en los maíces más tolerantes han favorecido el ataque del virus. Estudios experimentales han permitido comprobar que independientemente del genotipo usado (susceptible o tolerante al MRC) cuando la infección se produce entre la emergencia de cultivo y la tercera hoja, mayor es la cantidad de plantas con síntomas severos, ocasionando mayores pérdidas en el rendimiento (Ornaghi *et al.*, 1999).

Una de las causas de la aparición del MRC, a mediados de la década del '60, en la región centro sur de la provincia de Córdoba fue el cambio de las variedades tolerantes utilizadas hasta entonces, por híbridos de mayor producción, provenientes de Estados Unidos, susceptibles a la enfermedad. A partir de la severa epidemia ocurrida en la campaña agrícola 1981/1982 en maíz se ha trabajado en el mejoramiento genético y se han obtenido híbridos con mejor comportamiento frente a esta virosis, en el área en donde la enfermedad es endémica (Ornaghi, 2007).

Para reducir la severidad de la enfermedad se recurre a la siembra en fechas tempranas y al control del insecto vector con agroquímicos. El tratamiento químico proporciona un efectivo control del vector y favorece el incremento de los rendimientos (March *et al.*, 2002). Sin embargo, el modo más eficaz de controlar enfermedades producidas por patógenos biotróficos como los virus en cultivos extensivos es por medio de la utilización de tolerancia genética, siendo la medida más eficiente desde un punto de vista práctico y ambiental (Bonamico *et al.*, 2012; Di Renzo *et al.*, 2004; Lenardón, 2007). Si bien

en la Argentina no se han descripto líneas de maíz resistentes a MRC, se han detectado materiales con tolerancia, entre ellos, algunos híbridos comerciales (Lenardón, 2007, Pérez *et al.*, 2005)

Cuando la enfermedad fue detectada en nuestro país, el INTA comenzó la identificación de fuentes de tolerancia y los estudios genéticos para determinar el modo de herencia de la misma. Estos trabajos indicaron que las fuentes disponibles presentaban un elevado nivel de tolerancia a la enfermedad y que ésta es heredable con efectos génicos aditivos (Presello *et al.*, 1995) así como no aditivos (Di Renzo *et al.*, 2002; 2004) de modo que puede ser utilizada en el desarrollo de cultivares menos susceptibles a la virosis. En algunos casos, las fuentes de tolerancia fueron identificadas a partir de variedades locales o de líneas endocriadas derivadas de variedades locales (Presello *et al.*, 1996), pero la mayoría presentaron problemas agronómicos, principalmente susceptibilidad a vuelco y quebrado de tallo. Consecuentemente, estas fuentes de tolerancia fueron introducidas a germoplasma mejorado para proceder a la posterior selección, intentando elegir líneas tolerantes y con características agronómicas adecuadas. Este germoplasma debe ser caracterizado por su comportamiento heterótico y caracteres agronómicos para conocer su uso potencial en la formación de híbridos (Morata *et al.*, 2006).

Diversos programas de mejoramiento incluyen la evaluación de genotipos en el área en donde la enfermedad es endémica para seleccionar eficazmente genotipos resistentes a MRC. El método tradicional de evaluación de los genotipos en estudio consiste en evaluar parcelas asignándoles a cada planta un grado correspondiente a una escala de severidad para luego estimar la incidencia y severidad de la enfermedad (Bonamico *et al.*, 2012; Di Renzo *et al.*, 2004; Ferreyra *et al.*, 2010; Ornaghi *et al.*, 1999).



## **HIPÓTESIS**

En poblaciones de maíz originadas de la cruce entre un padre tolerante y uno susceptible a la enfermedad Mal de Río Cuarto, existe variabilidad suficiente para seleccionar líneas de maíz tolerantes con capacidad de generar híbridos con comportamiento similar frente a la enfermedad.

## **OBJETIVO GENERAL**

Evaluar el comportamiento de genotipos experimentales de maíz frente a la enfermedad MRC.

## **OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

- Evaluar el comportamiento frente a MRC de líneas doble haploides de maíz provenientes de híbridos obtenidos del cruzamiento entre una línea tolerante y otra susceptible.
- Evaluar el comportamiento frente a la enfermedad MRC de híbridos obtenidos a partir del cruzamiento entre líneas doble haploides de maíz con dos líneas endocriadas usadas como probadores, una tolerante y otra susceptible a MRC.
- Evaluar si el comportamiento frente a MRC de las líneas es transmitido a los híbridos que generan.
- Determinar la heterosis que existe para caracteres relacionados a MRC.

## **MATERIALES Y MÉTODOS**

### **Ubicación**

El experimento se realizó en el Campo Experimental del criadero Dow Agrosiences ubicado en la localidad de Sampacho, Ruta 8 KM 629, Provincia de Córdoba. La siembra se realizó el 23 de noviembre del año 2009.

### **Características edáficas**

El ensayo se implantó sobre un suelo Haplustol que posee materiales originarios franco-arenosos a arenosos-francos.

### **Características climáticas**

La región se caracteriza por tener un clima templado subhúmedo con invierno seco. El régimen de precipitaciones es monzónico con una concentración de lluvias entre los meses de octubre y abril. El volumen de evapotranspiración potencial medio anual de la región es de 832,5 mm. La precipitación durante 2009/10 fue de 746 mm.

### **Material genético**

El material genético en estudio se constituyó de un conjunto de 97 líneas doble haploides y 194 híbridos, provenientes de los cruzamientos entre estas líneas, y dos líneas endocriadas, utilizadas como probadores, una susceptible (S) y otra tolerante (T) al MRC. Testigos tolerantes y susceptibles se incluyeron en las parcelas del ensayo. Todos los genotipos son propiedad de Dow Agrosiences Argentina. El patrón heterótico de las líneas responde al tipo BSSS (Stiff Stalk Synthetic) y el de los probadores al tipo NBSSS (non Stiff Stalk Synthetic).

La población Iowa Stiff Stalk Synthetic (BSSS) fue desarrollada en 1934 por el apareamiento de 16 líneas endogámicas con antecedentes de maíz dentado amarillo de comportamiento superior en calidad de los tallos. La población BSSS ha tenido 50 años de selección recurrente y ha sido la base para dos programas de selección independientes. Los dos programas incluyen selección recurrente de medio hermanos y selección recurrente

recíproca utilizando el incremento de rendimiento en grano y la disminución de humedad en la cosecha como criterios de selección. El programa de selección de medio hermanos se llevó a cabo utilizando siete ciclos con doble cruzamiento con el probador Iowa 13. La población pasó a denominarse BSSS(HT)C7, las mejores 29 líneas se seleccionaron y crearon la población BS13(S)C0, la cual se sometió a cinco ciclos de selección de medio hermanos usando B97 como probador para crear la población BS13(HI)C5. El programa de selección recurrente recíproca usó BSSS y el sintético de Iowa de barrenador del maíz como base en las poblaciones para la selección; y se utiliza simultáneamente para mejorar ambos programas en la selección consanguínea manteniendo la variabilidad genética. Las líneas públicas de BSSS, han jugado un papel importante en el mejoramiento de maíz. La población BSSS ha contribuido con muchas líneas endocriadas para híbridos de maíz incluyendo B14, B37, B73 y B84.

### **Manejo Agronómico**

En el mes de mayo de 2009 se realizó un barbecho químico, en el cual se aplicaron 3 l.ha<sup>-1</sup> de glifosato, 125 g.ha<sup>-1</sup> de dicamba y 40 g.ha<sup>-1</sup> de clorimuron etil.

Para favorecer la transmisión natural del virus e insecto vector de la enfermedad, se decidió establecer el ensayo sobre un cultivo de avena sembrado en el mes de junio de 2009. El sistema de laboreo seleccionado en el ensayo fue siembra directa, el cual estuvo acompañado por el manejo agronómico que se consideró el más adecuado, de manera tal de poder expresar el potencial de los genotipos, sin limitantes de nutrientes, competencia de malezas, etc. La densidad poblacional que se utilizó fue 70.000 pl.ha<sup>-1</sup> en surcos de 15 m distanciados a 0,52 m. El modelo de fertilización empleado en el ensayo consistió en la aplicación de nutrientes a la siembra y posteriormente una refertilización, se aplicó 150 kg.ha<sup>-1</sup> de fosfato diamónico a la siembra y 150 kg.ha<sup>-1</sup> de urea en estado V5 del cultivo (5 hojas desarrolladas), de acuerdo a recomendaciones que surgieron del análisis de suelo.

El control químico de malezas efectuado en el ensayo consistió en una aplicación en presiembra de glifosato y atrazina al 90% a razón de 1,15 l.ha<sup>-1</sup> y 2 kg.ha<sup>-1</sup> respectivamente, posteriormente en preemergencia se aplicó S-Metolacoloro al 96% y glifosato a una dosis de 1,20 l.ha<sup>-1</sup> y 2,13 l.ha<sup>-1</sup>.

## Tratamientos y diseño experimental

Los distintos genotipos, líneas doble haploides e híbridos provenientes de los cruzamientos entre estas líneas y dos probadores (T y S), se usaron como tratamientos. La unidad experimental utilizada fue una parcela de 2 surcos de ancho, distanciados a 0,52 m y 3 m de longitud. El diseño que se utilizó fue el de bloques completos al azar con 2 repeticiones y el modelo de análisis estadístico fue el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$$

donde  $Y_{ij}$  es la observación de la variable dependiente obtenida en la unidad experimental perteneciente al bloque  $j$  a la que se aplicó el tratamiento  $i$ ;  $\mu$  es la media poblacional de la variable dependiente;  $\alpha_i$  es el efecto del  $i$ -ésimo tratamiento ;  $\beta_j$  es el efecto del  $j$ -ésimo bloque y  $\varepsilon_{ij}$  es la variable aleatoria debida a diferencias entre unidades experimentales con el mismo tratamiento.







## Variables evaluadas

Las variables (o caracteres) medidas para evaluar la reacción al MRC fueron grado medio (MDG) y severidad (SEV) de enfermedad, con una escala de 0 a 5 grados (Cuadro 1).

$$\text{MDG} = \frac{[\sum (\text{grado} \times \text{número de plantas en cada clase})]}{\text{Número total de plantas en la parcela.}}$$

Los datos fueron tomados por planta individual. De esta manera se pudieron establecer los caracteres relacionados a síntomas de la enfermedad MRC en las líneas doble haploides y en los híbridos.

**Cuadro 1.** Escala para la evaluación de la enfermedad Mal de Río Cuarto (Sanguinetti *et al.*, 1984).

		
<p>Grado 0= Planta sana sin sintomatología.</p>	<p>Grado 1= Plantas con síntomas muy leves, disminución del nudo de la panoja, sin afectar el rendimiento, enaciones pequeñas.</p>	<p>Grado 2= Plantas con síntomas leves, reducción de la altura, enaciones conspicuas, reducción en el tamaño de la espiga.</p>
		
<p>Grado 3= Plantas con síntomas moderados a severos, enaciones, reducción importante de altura, espiga característica tipo “pico de loro”, gran disminución del rendimiento.</p>	<p>Grado 4= Plantas con síntomas severos, enaciones, reducción muy importante de la altura, espigas pequeñas, numerosas y algunas sin granos.</p>	<p>Grado 5= Plantas con síntomas muy severos, enaciones, plantas enanas, con numerosas espigas generalmente sin granos o bien plantas tan reducidas en tamaño que no producen granos.</p>

El carácter severidad (SEV) se calculó de la misma manera que MDG pero sin tener en cuenta las plantas sanas. El carácter incidencia (INC), se expresó como porcentaje de plantas enfermas con la enfermedad MRC en las parcelas.

Otro carácter que se midió fue rendimiento en grano (RTO) expresado en  $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ , con un porcentaje de merma según la humedad a cosecha de los híbridos, medida con un equipo Harvestmaster en una cosechadora mecánica New Holland.

## Análisis estadístico

Cada carácter fue inicialmente analizado con un enfoque estadístico univariado con un análisis de varianza en un diseño en bloques completos al azar (Cuadro 2). Las medias se compararon utilizando la prueba LSD de Fisher con un nivel de significación del 5%.

**Cuadro 2.** ANAVA correspondiente al modelo estadístico utilizado.

Fuentes de variación	Grados de libertad	E(CM)
Tratamientos	$n - 1$	$\sigma_e^2 + b\sigma_g^2$
Bloques	$b - 1$	$\sigma_e^2 + n\sigma_f^2$
Error	$(n - 1)(b - 1)$	$\sigma_e^2$
Total	$n.b - 1$	

n: n° de genotipos; b: n° de bloques

Las variables que no se pudieron analizar con un ANAVA paramétrico, fueron analizadas con la prueba de Friedman, el cual permite realizar un análisis de la varianza no paramétrico a dos vías de clasificación. Este ANAVA permite comparar las esperanzas de 2 o más distribuciones cuando el diseño de la experiencia ha sido en bloques completos aleatorizados, sin necesidad de verificar el cumplimiento del supuesto de normalidad.

Las distintas variables fueron utilizadas para estimar las correlaciones entre todos los caracteres a través del coeficiente de correlación de Pearson. Estos coeficientes de correlación permitieron describir la magnitud de la asociación lineal entre variables.

Posteriormente, las variables fueron analizadas con un enfoque multivariado como el análisis de componentes principales (Johnson, 2000). Este método de análisis permite hallar un gráfico o biplot que representa la variabilidad de los caracteres estandarizados, lo que facilita la interpretación del comportamiento de los híbridos y las líneas doble haploides respecto a las variables y la interrelación entre variables e híbridos y las líneas doble haploides, obtenida sobre la base del patrón total de los datos.

En el biplot, se grafican los genotipos como puntos y las variables como vectores desde el origen. Los genotipos que se grafican en una misma dirección que un carácter tienen valores relativamente altos para ese carácter y valores bajos en caracteres que se grafican en dirección opuesta. Por otro lado, los ángulos entre los vectores que representan a los caracteres, pueden ser interpretados en términos de correlaciones entre ellos. Un ángulo próximo a 90° indica que dos caracteres no se encuentran correlacionados. Alejamientos de

este valor tanto sea en valores menores como mayores a 90° implican correlaciones positivas o negativas, respectivamente. Es decir, un ángulo cercano a cero implica que ambos caracteres están fuertemente correlacionados en forma positiva y un ángulo llano indica que dos caracteres muestran fuerte correlación negativa. Los datos fueron estandarizados, por estar en distintas escalas.

Los análisis univariados y multivariados fueron realizados con el programa InfoStat (Di Rienzo *et al.*, 2011).

La siguiente fórmula se utilizó para el cálculo de la heterosis:

$$H = \left( \frac{F_1 - \bar{P}}{\bar{P}} \right) \times 100$$

donde  $F_1$ : expresión del carácter en la progenie, para la cual se calcula la heterosis;  $\bar{P}$ : expresión promedio del carácter en los padres de la cruce para la cual se calcula la heterosis.

## RESULTADOS

En el Cuadro 3 se muestran las medidas de resumen correspondientes a las 97 líneas doble haploides de maíz evaluadas por su comportamiento frente a la enfermedad Mal de Río Cuarto en la localidad de Sampacho, provincia de Córdoba, durante el ciclo agrícola 2009/2010. Para el carácter grado medio de enfermedad (MDG) el valor mínimo fue 0,7 y el máximo fue 5, en el caso de severidad (SEV) el valor mínimo fue 1,7 y el máximo 5, y para el carácter incidencia (INC) el valor mínimo fue 38% y el máximo 100%. En los híbridos derivados de las mencionadas líneas (Cuadro 4), se evaluó el rendimiento con un mínimo de 3.055,7 kg.ha<sup>-1</sup> y un máximo de 9.809,7 kg.ha<sup>-1</sup>. El valor mínimo en estos genotipos para los caracteres MDG y SEV fue 0, y el valor máximo fue 1,9 y 4,13, respectivamente. El carácter incidencia alcanzó un máximo de 50% en los híbridos mientras que en el caso de las líneas, como se mencionó llegó a valores de 100% de plantas afectadas.

**Cuadro 3.** Valor medio ( $\pm$ EE), mínimo y máximo de los caracteres grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto, evaluados en líneas doble haploides de maíz durante el ciclo agrícola 2009/10 en la localidad de Sampacho, provincia de Córdoba.

Carácter	n	Media	EE	Mínimo	Máximo
MDG (0-5)	194	3,23	0,07	0,7	5
SEV (0-5)	194	3,52	0,05	1,7	5
INC (%)	194	89,78	0,99	38	100

n: número de observaciones; EE: error estándar; MDG: grado medio de enfermedad de MRC; SEV: severidad de la enfermedad MRC; INC: incidencia de la enfermedad MRC.

**Cuadro 4.** Valor medio ( $\pm$ EE), mínimo y máximo de rendimiento, y de los caracteres grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto, evaluados en genotipos híbridos durante el ciclo agrícola 2009/10 en la localidad de Sampacho, provincia de Córdoba.

Carácter	n	Media	EE	Mínimo	Máximo
RTO (kg.ha <sup>-1</sup> )	388	7.026,54	49,52	3.055,7	9.809,7
MDG(0-5)	388	0,1	0,01	0	1,9
SEV(0-5)	388	1,11	0,06	0	4,13
INC (%)	388	3,87	0,28	0	50

n: número de observaciones; EE: error estándar; RTO: rendimiento; MDG: grado medio de enfermedad MRC; SEV: severidad de la enfermedad MRC; INC: incidencia de la enfermedad MRC.



Los resultados de los análisis de varianza de las 97 líneas doble haploides evaluadas se muestran en el Cuadro 5. Las líneas manifestaron diferencias significativas para los caracteres MDG y SEV de la enfermedad MRC ( $p=0,0014$  y  $p=0,0003$ , respectivamente). El carácter incidencia no se pudo analizar con un análisis de la varianza paramétrico, debido a que el supuesto que implica errores normalmente distribuidos no se cumplió, aún luego de probar diferentes transformaciones, y por ello se realizó un análisis de la varianza no paramétrico, por medio de la prueba de Friedman. Los resultados de este análisis indicaron que existen diferencias estadísticamente significativas entre las líneas para la variable incidencia de la enfermedad ( $p=0,05$ ).

**Cuadro 5.** Cuadrados medios de los análisis de varianza de los caracteres grado medio y severidad de la enfermedad MRC, evaluados en 97 líneas doble haploides de maíz durante el ciclo agrícola 2009/10 en la localidad de Sampacho, provincia de Córdoba.

Fuente de variación	gl	CM		p-valor	
		MDG (0-5)	SEV (0-5)	MDG (0-5)	SEV (0-5)
Bloque	1	0,66	0,3	0,3422	0,3819
Líneas	96	1,34	0,78	0,0014	0,0003
Error	96	0,72	0,39		
Total	193				

CM: cuadrado medio; MDG: grado medio de enfermedad MRC; SEV: severidad de la enfermedad MRC; gl: grados de libertad.

Los resultados de los análisis de la varianza para los caracteres evaluados en los 194 híbridos se muestran en el Cuadro 6. Los distintos híbridos mostraron diferencias estadísticamente significativas ( $p<0,0001$ ) para el carácter rendimiento (RTO), carácter en el que se realizó una corrección según el porcentaje de humedad al momento de cosecha y además se transformó a la segunda potencia para someterlo a un análisis de varianza paramétrico. En los caracteres severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto también fueron observadas diferencias estadísticamente significativas ( $p<0,05$ ). Al igual que en el caso de incidencia en las líneas doble haploides, en los híbridos se usó el análisis de la varianza no paramétrico para el carácter MDG mediante la prueba de Friedman debido a que los supuestos del análisis paramétrico de la varianza no se cumplieron, aunque se realizaron diferentes transformaciones a los datos originales. En esta variable los genotipos híbridos mostraron diferencias estadísticamente significativas entre ellos ( $p=0,0026$ ).

**Cuadro 6.** Cuadrados medios de los análisis de varianza de los caracteres rendimiento, y severidad e incidencia evaluados en los 194 híbridos de maíz durante el ciclo agrícola 2009/10 en la localidad de Sampacho, provincia de Córdoba.

Fuente de variación	gl	CM			p-valor		
		RTO (Kg.ha <sup>-1</sup> )	SEV (0-5)	INC (%)	RTO (Kg.ha <sup>-1</sup> )	SEV (0-5)	INC (%)
Bloque	1	15732886535748	0,01	1,63	0,7218	0,9509	0,8052
Híbridos	194	229076354424048	1,84	35,48	<0,0001	0,0376	0,024
Error	194	123733842589279	1,43	26,71			
Total	389						

CM: cuadrado medio; RTO: rendimiento; SEV: severidad de la enfermedad MRC; INC: incidencia de la enfermedad MRC; gl: grados de libertad.

Para continuar con el análisis se tomaron como referencia las quince líneas y los quince híbridos con el mejor o superior comportamiento así como con el peor o inferior comportamiento para los caracteres considerados (Cuadros 7, 8, 9 y 10). Los genotipos están ordenados según la prueba LSD de Fisher ( $p \leq 0,05$ ), para MDG y severidad en las líneas, y para rendimiento, severidad e incidencia en los híbridos. Los caracteres incidencia en las líneas y MDG en los híbridos, están ordenados según la prueba de Friedman ( $p \leq 0,05$ ).

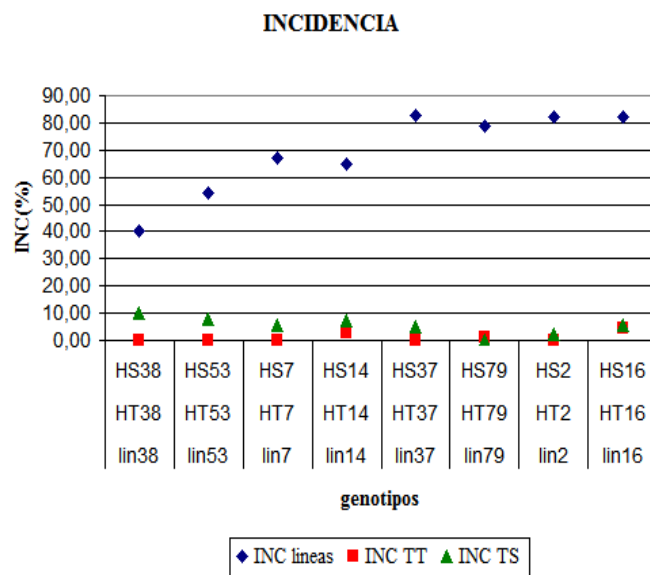
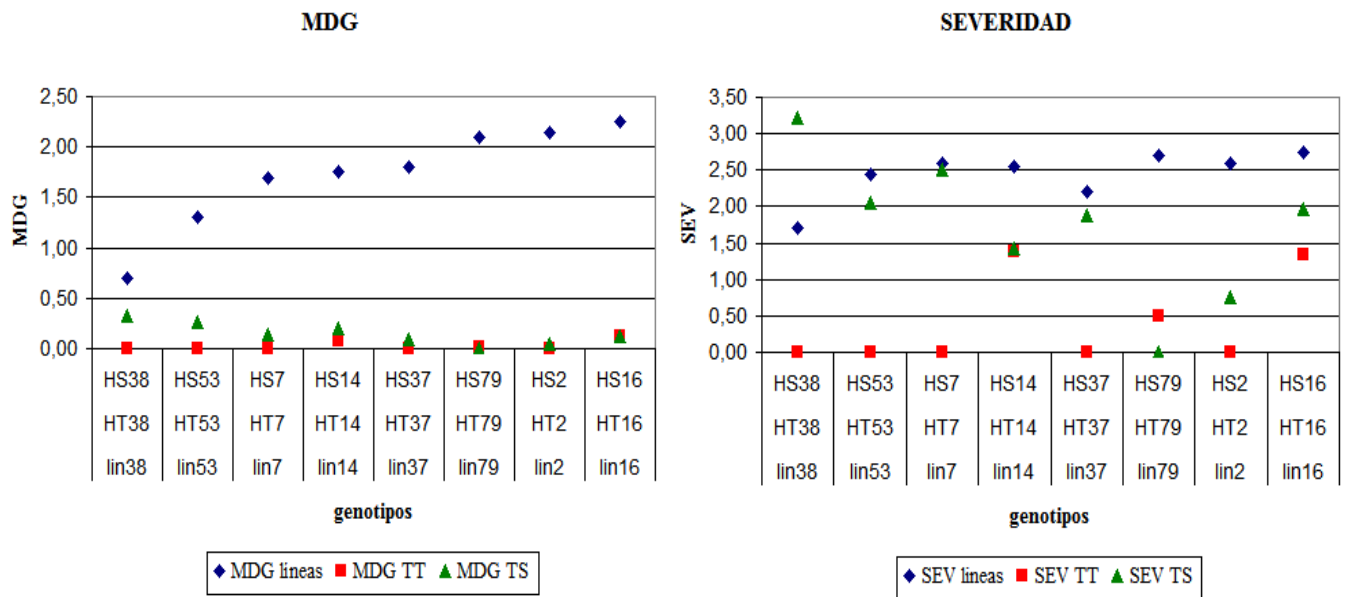
Las líneas doble haploides de maíz que tuvieron buen comportamiento en los caracteres evaluados con valores menores al grado 2 para MDG fueron siete, con valores promedio entre 0,70 y 1,90 representando el 7,2% del total de las líneas (Cuadro 7). Para el carácter SEV solo dos de las líneas doble haploides, la 38 y la 99, mostraron valores menores al grado 2 siendo el 2,1% del total de las líneas, en donde las plantas presentaron síntomas muy leves y no se registran pérdidas significativas. Para INC, únicamente la línea 38 obtuvo un valor menor al 50%. Si bien la misma, tuvo el mejor comportamiento *per se* para las variables medidas, en la cruce con una línea susceptible el híbrido resultante (HS38) se comportó como uno de los quince con performance más baja (Cuadro 10). En cambio, la línea 2 que mostró un buen comportamiento para todos los caracteres, en el cruzamiento por un probador susceptible generó un híbrido (HS2) que se encontró entre los quince mejores para el carácter rendimiento y que presentó buen comportamiento para los demás caracteres aunque no estuvo representado entre los mejores quince híbridos mencionados en el Cuadro 9. Por otra parte, la línea 16 con buen comportamiento para los caracteres medidos, al ser cruzada con una línea tolerante (HT16), mostró una mala performance para RTO en el híbrido formado.

**Cuadro 7.** Líneas doble haploides de maíz con superior comportamiento para los caracteres grado medio (MGD), severidad (SEV) e incidencia (INC) de la enfermedad Mal de Río Cuarto.

Línea	MDG (0-5)	Línea	SEV (0-5)	Línea	INC (%)
<u>38</u>	0,70	<u>38</u>	1,70	<u>38</u>	40,0
<u>53</u>	1,30	99	1,95	<u>53</u>	54,5
99	1,45	<u>37</u>	2,20	<u>14</u>	65,0
<u>7</u>	1,70	85	2,40	<u>7</u>	67,0
<u>14</u>	1,75	<u>53</u>	2,45	104	77,0
<u>37</u>	1,80	<u>14</u>	2,55	<u>79</u>	79,0
85	1,90	<u>2</u>	2,60	145	76,0
<u>79</u>	2,10	<u>7</u>	2,60	4	76,5
<u>2</u>	2,15	133	2,65	<u>2</u>	82,0
145	2,20	80	2,65	36	73,5
<u>16</u>	2,25	91	2,65	<u>37</u>	83,0
91	2,30	<u>79</u>	2,70	<u>16</u>	82,0
36	2,35	15	2,75	102	83,0
133	2,35	<u>16</u>	2,75	27	80,5
4	2,45	55	2,90	88	84,5

Subrayado: líneas con buen comportamiento para todos los caracteres.

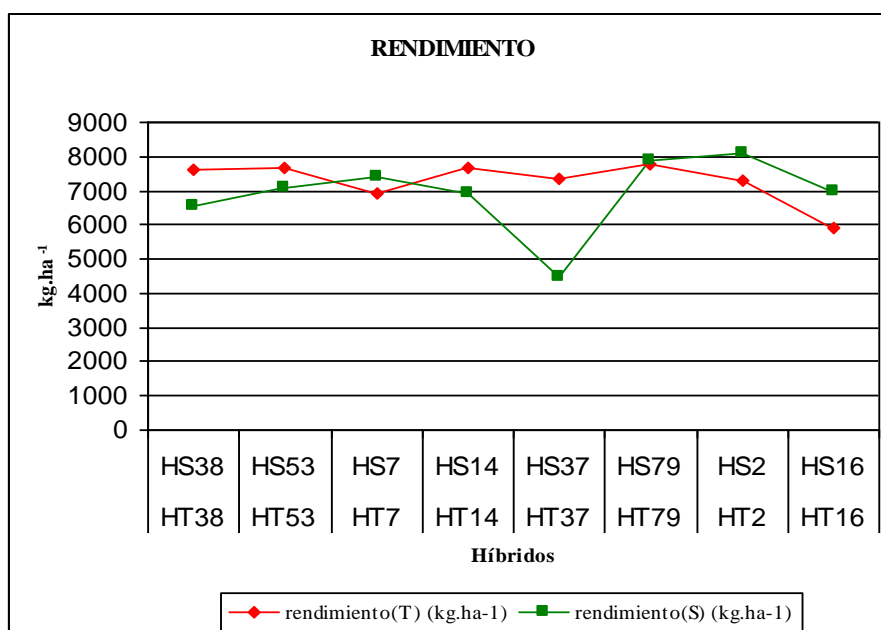
Algunas otras líneas de maíz que mostraron buen comportamiento para todos los caracteres son las líneas 53, 7, 14, 37 y 79. Las mismas fueron representadas en la Figura 2, en donde se puede observar que las líneas al ser cruzadas, ya sea con el probador tolerante o con el susceptible, forman híbridos que también presentaron buen comportamiento para los caracteres medidos. Los híbridos resultantes tuvieron mejor comportamiento que las líneas que les dieron origen, a su vez, los híbridos formados con la línea susceptible mostraron una tendencia a valores más altos en todos los caracteres que en aquellos que fueron formados con la línea tolerante.



**Figura 2.** Representación de los caracteres grado medio (MDG), severidad (SEV) e incidencia (INC) de la enfermedad Mal de Río Cuarto, en las líneas doble haploides de maíz con superior comportamiento y en los híbridos formados a partir de ellas y el probador tolerante (TT) o el susceptible (TS), evaluadas en la localidad de Sampacho, en el ciclo agrícola 2009/2010.

El rendimiento de los híbridos que fueron originados a partir de las líneas con destacado comportamiento para todos los caracteres está representado en la Figura 3. Se

observó, en general que los híbridos formados con la línea susceptible tienen mayor variación que los formados con la línea tolerante, éstos últimos se comportaron con menor variación en los valores del carácter rendimiento.



**Figura 3.** Rendimiento de los híbridos de maíz formados por las líneas con buen comportamiento frente a la enfermedad Mal de Río Cuarto y el probador tolerante (T) o susceptible (S), evaluados en la localidad de Sampacho, en el ciclo agrícola 2009/2010.

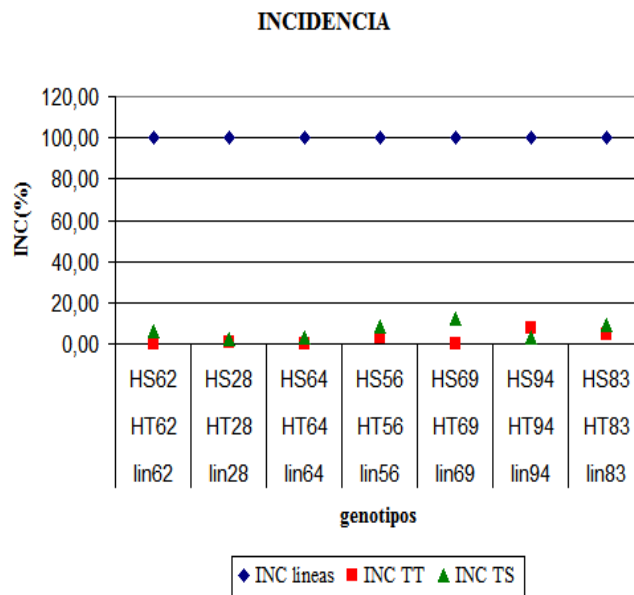
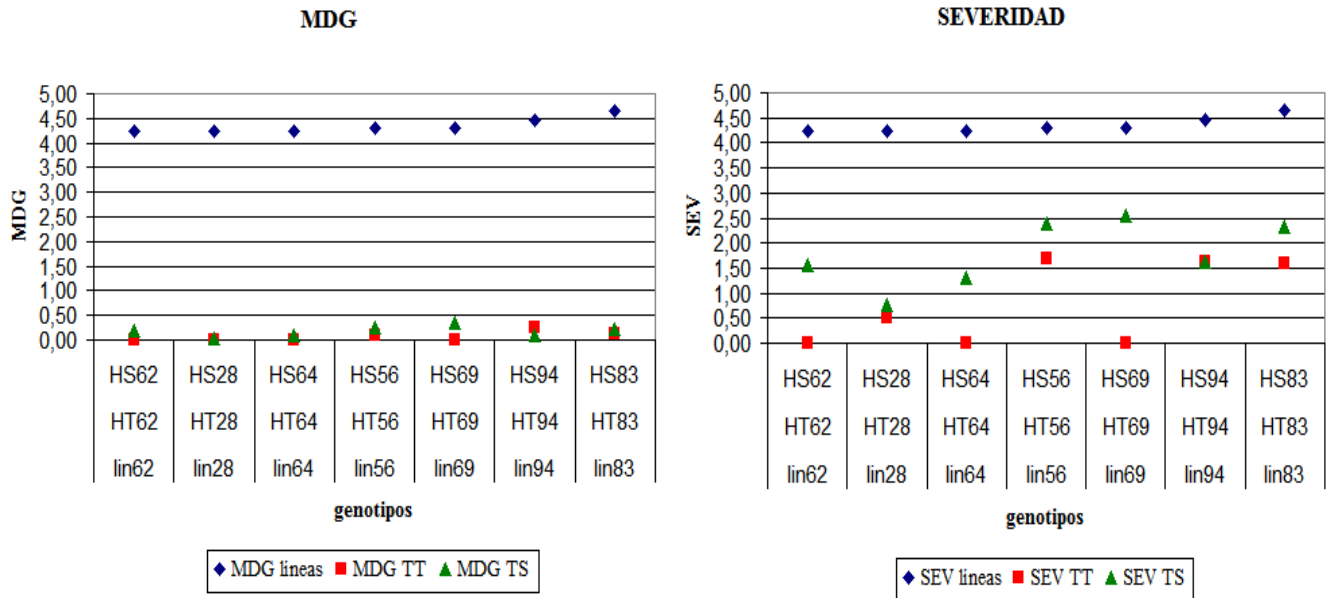
Las líneas 69, 62, 64, 83, 56, 94 y 28 se encontraron entre las quince con inferior comportamiento para los caracteres analizados (Cuadro 8). El híbrido proveniente del cruzamiento de la línea 69 con el probador susceptible (HS69), se ordenó entre los de menor aptitud para todos los caracteres y el híbrido obtenido de la misma línea pero cruzada con el probador tolerante (HT69) se ubicó entre los quince con mejor performance para la variable MDG, con valores cero para SEV e INC. Una situación similar se observó para las líneas 62 y 64. Algo semejante se vio en el caso de la cruce de la línea 83 por el probador susceptible, ya que el híbrido HS83 se halló entre los quince inferiores para MDG y presentó valores promedio de 2,33 y 9,25 para severidad e incidencia, respectivamente. Por otra parte el híbrido HT83 mostró valores promedio de 0,14, 1,58 y 4,35 para MDG, SEV e INC, respectivamente. Los híbridos formados por las líneas 56 y 94, presentaron un comportamiento intermedio para los caracteres evaluados. La línea 28 en el cruzamiento con el probador tolerante formó el híbrido HT28, el cual se comportó como el genotipo híbrido con mayor rendimiento obtenido en el presente estudio (Cuadro 10).

**Cuadro 8.** Líneas doble haploides de maíz con inferior comportamiento para los caracteres grado medio (MDG), severidad (SEV) e incidencia (INC) de la enfermedad Mal de Río Cuarto.

Línea	MDG (0-5)	Línea	SEV (0-5)	Línea	INC (%)
24	4,15	17	4,20	76	100
17	4,20	<u>64</u>	4,25	<u>69</u>	100
<u>62</u>	4,25	42	4,25	<u>64</u>	100
<u>28</u>	4,25	51	4,25	<u>62</u>	100
51	4,25	<u>28</u>	4,25	57	100
<u>64</u>	4,25	<u>62</u>	4,25	100	100
<u>56</u>	4,30	<u>56</u>	4,30	<u>94</u>	100
<u>69</u>	4,30	<u>69</u>	4,30	90	100
<u>94</u>	4,45	<u>94</u>	4,45	<u>83</u>	100
151	4,50	151	4,50	80	100
106	4,50	106	4,50	<u>56</u>	100
52	4,55	52	4,55	<u>28</u>	100
120	4,60	120	4,60	24	100
31	4,60	31	4,60	23	100
<u>83</u>	4,65	<u>83</u>	4,65	22	100

Subrayado: líneas con inferior comportamiento para todos los caracteres.

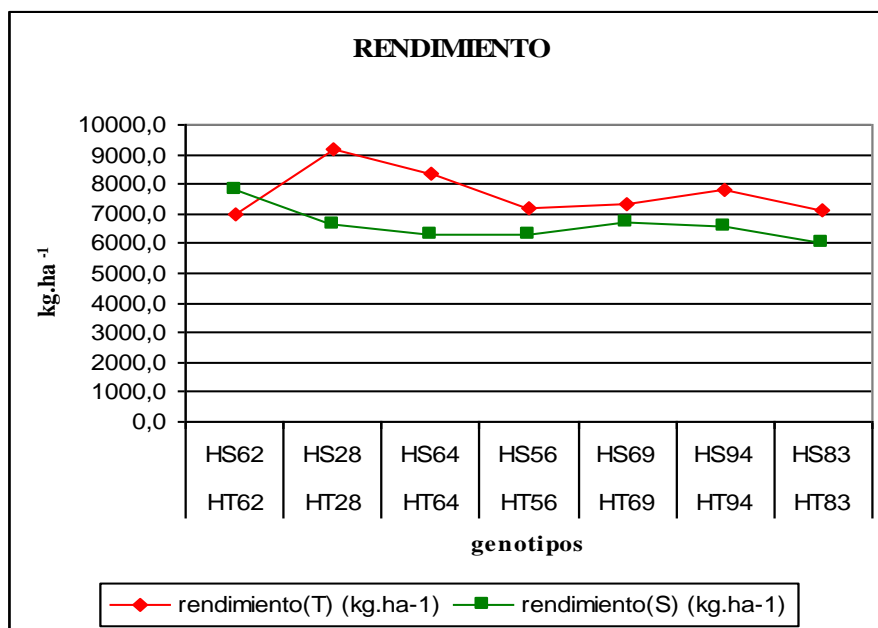
En la Figura 4 están representadas las líneas con inferior comportamiento para los caracteres medidos, así como los híbridos formados entre estas mismas líneas y los probadores (S y T). Los valores de MDG, SEV e INC de las líneas respecto a los híbridos fueron más altos y hubo mayor diferencia que lo observado para las líneas e híbridos en relación al carácter rendimiento según se muestra en las Figuras 3 y 5. En el gráfico de incidencia las líneas presentaron el valor máximo de 100%, mientras que los híbridos no superaron el 20%.



**Figura 4.** Representación de los caracteres grado medio (MDG), severidad (SEV) e incidencia (INC) de la enfermedad Mal de Río Cuarto, en las líneas doble haploides de maíz con inferior comportamiento y en los híbridos formados a partir de ellas y el probador tolerante (TT) o el susceptible (TS), evaluadas en la localidad de Sampacho, en el ciclo agrícola 2009/2010.

En la Figura 5, se representa el rendimiento de los genotipos híbridos formados con los probadores y las líneas con menor aptitud para todos los caracteres. Se observa que

los híbridos que fueron formados a partir de la línea tolerante presentan mayor rendimiento que los que derivan de la línea susceptible, excepto el híbrido HS62.



**Figura 5.** Rendimiento de los híbridos de maíz formados por las líneas con inferior comportamiento frente a la enfermedad Mal de Río Cuarto y el probador tolerante (T) o susceptible (S), evaluados en la localidad de Sampacho, en el ciclo agrícola 2009/2010.

Con respecto al cruzamiento de la línea 120, ubicada entre las de inferior comportamiento, cruzada con un probador susceptible o tolerante los híbridos obtenidos (HT120 y HS120) mostraron un buen comportamiento en la variable incidencia de la enfermedad. En las líneas de maíz 52 y 51 ubicadas dentro de las quince con peor performance para MDG (Cuadro 8), el cruzamiento de éstas con el probador tolerante generó híbridos (HT52 y HT51) dentro de los quince destacados para el carácter MDG, y con valores iguales a cero para los otros caracteres, mientras que el cruzamiento de las mismas con la línea susceptible generó híbridos (HS52 y HS51) con valores distintos de cero para MDG, severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto.

En los Cuadros 9 y 10 están representados los genotipos híbridos con superior e inferior comportamiento, respectivamente. El testigo tolerante se mostró en segundo lugar en rendimiento promedio con 9.123,9 kg.ha<sup>-1</sup>, luego del híbrido HT28 con 9.162,4 kg.ha<sup>-1</sup>. El híbrido HS100 presentó el menor rendimiento, 4.605,3 kg.ha<sup>-1</sup>, y la peor performance para los caracteres MDG y severidad.



**Cuadro 9.** Híbridos de maíz con superior comportamiento para rendimiento (RTO) y grado medio (MDG), severidad (SEV) e incidencia (INC) de la enfermedad Mal de Río Cuarto.

Híbrido	RTO (Kg.ha <sup>-1</sup> )	Híbrido	MDG (0-5)	Híbrido	SEV (0-5)	Híbrido	INC (%)
HT28	9162,4	HT74	0,00	HT32	0,00	HS128	0,00
TT	9123,9	HT71	0,00	HT152	0,00	HT111	0,00
HT111	8476,6	HT70	0,00	HT147	0,00	HS120	0,00
HS15	8467,6	HT69	0,00	HT20	0,00	HT32	0,00
HT64	8343,6	HT147	0,00	HT19	0,00	HS65	0,00
HT137	8330,6	HT82	0,00	HT18	0,00	HT120	0,00
HS65	8252,1	HT152	0,00	HT137	0,00	HT117	0,00
HT54	8230,3	HS9	0,00	HT117	0,00	HT13	0,00
HT110	8188,9	HT64	0,00	HT115	0,00	HS41	0,00
HS2	8098,7	HT54	0,00	HS41	0,00	HT128	0,00
HT129	8069,8	HT53	0,00	HT13	0,00	HT123	0,00
HT122	8068,7	HT52	0,00	HT128	0,00	HT115	0,00
HS13	8028,9	HT51	0,00	HT123	0,00	HT102	0,00
HS91	8051,5	HT62	0,00	HT22	0,00	HS23	0,00
HT107	8042,4	HS23	0,00	HT29	0,00	HS76	0,00

**Cuadro 10.** Híbridos de maíz con inferior comportamiento para rendimiento (RTO) y grado medio (MDG), severidad (SEV) e incidencia (INC) de la enfermedad Mal de Río Cuarto.

Híbrido	RTO (Kg.ha <sup>-1</sup> )	Híbrido	MDG (0-5)	Híbrido	SEV (0-5)	Híbrido	INC (%)
HS152	5757,6	HS73	0,23	HS69	2,54	HS104	9,50
HT16	5916,8	HS147	0,27	HS29	2,54	HS27	9,67
HS4	5899,7	HS61	0,24	HS55	2,57	HS98	10,12
HS29	5654,3	HS83	0,22	HT103	2,58	HS38	10,23
HS71	5684,3	HS29	0,27	HS42	2,59	HS147	10,28
HS9	5616,7	HS137	0,23	TS	2,60	HS29	10,34
HS50	5576,5	HS22	0,24	HS73	2,63	HS3	10,42
HS81	5543,6	HS104	0,24	HS22	2,64	HS103	10,93
HS102	5396,6	HS100	0,25	HS18	2,75	HS69	12,06
HT18	5353,3	HS123	0,39	HS32	2,80	TS	14,03
HS114	5291,6	HS69	0,34	HS100	2,84	HS123	15,20
HT4	4738,0	HS77	0,30	HS61	2,85	HS55	16,11
HS31	4715,4	HS38	0,33	HS81	3,12	HS81	18,69
HS37	4451,2	TS	0,37	HS38	3,22	HS31	19,89
HS100	4605,3	HS81	0,59	HS77	3,30	HS111	27,63

Los híbridos HT32, HT22, HT18 y HT29, se ubicaron entre los quince mejores para la variable severidad. Los híbridos HS32, HS22, HS18 y HS29, estuvieron entre los quince peores para ese carácter. Para la variable MDG, los híbridos HT69 y HT147 se presentaron con buen comportamiento y los híbridos HS69 y HS147, de manera inferior en

cuanto a su performance. Por último cabe aclarar que los híbridos HS81 y HS29, fueron los que tuvieron inferior aptitud para todos los caracteres considerados en el presente estudio.

### **Análisis de correlación**

En el Cuadro 11 se muestran las correlaciones fenotípicas obtenidas entre los caracteres grado medio (MDG), severidad (SEV) e incidencia (INC) de la enfermedad Mal de Río Cuarto evaluados en las 97 líneas doble haploides (LIN) y los 194 híbridos (HIB) formados a partir de ellas con los probadores tolerante (T) y susceptible (S).

Los caracteres SEV-LIN/MDG-LIN, SEV-LIN/INC-LIN, MDG-LIN/INC-LIN, SEVHIBT/MDG-HIBT, SEVHIBT/INC-HIBT, MDG-HIBT/INC-HIBT, SEVHIBS/MDG-HIBS, SEVHIBS/INC-HIBS y MDG-HIBS/INC-HIBS estuvieron positiva y significativamente correlacionados ( $p < 0,0001$ ) entre sí. A su vez, SEV-HIBS, MDG-HIBS e INC-HIBS presentaron una correlación negativa baja y estadísticamente significativa ( $p < 0,05$ ) con rendimiento de los híbridos que derivaron del probador susceptible (RTO-HIBS). Entre los caracteres RTO-HIBT y RTO-HIBS se observó una correlación baja, positiva y significativa ( $p < 0,05$ ).

**Cuadro 11.** Correlaciones fenotípicas entre los caracteres evaluados de la enfermedad Mal de Río Cuarto en las 97 líneas doble haploides y los 194 híbridos.

Carácter	SEV-LIN	MDG-LIN	INC-LIN	SEV-HIBT	MDG-HIBT	INC-HIBT	RTO-HIBT	SEV-HIBS	MDG-HIBS	INC-HIBS
MDG-LIN	0,96***									
INC-LIN	0,69***	0,84***								
SEV-HIBT	-0,07 n.s.	-0,06 n.s.	-0,01 n.s.							
MDG-HIBT	-0,07 n.s.	-0,05 n.s.	0,01 n.s.	0,93***						
INC-HIBT	-0,08 n.s.	-0,05 n.s.	2,20E-04 n.s.	0,94***	0,96***					
RTO-HIBT	0,03 n.s.	0,03 n.s.	0,01 n.s.	-0,03 n.s.	-0,06 n.s.	-0,09 n.s.				
SEV-HIBS	-0,02 n.s.	-0,04 n.s.	-0,09 n.s.	-0,09 n.s.	-0,13	-0,12 n.s.	0,03 n.s.			
MDG-HIBS	0,04 n.s.	0,03 n.s.	-0,03 n.s.	-0,07 n.s.	-0,09 n.s.	-0,08 n.s.	0,12 n.s.	0,7***		
INC-HIBS	0,04 n.s.	0,02 n.s.	-0,05 n.s.	-0,1 n.s.	-0,12 n.s.	-0,11n.s.	0,1 n.s.	0,76***	0,98***	
RTO-HIBS	-0,01 n.s.	-0,04 n.s.	-0,09 n.s.	-0,01 n.s.	0,04 n.s.	0,02 n.s.	0,13*	-0,16*	-0,21*	-0,21*

\*\*\*, \*: diferencias estadísticas con  $p < 0,0001$  y  $p < 0,05$ . n.s.: efecto no significativo.

SEV-LIN, MDG-LIN y INC-LIN: severidad, grado medio e incidencia de la enfermedad MRC en las líneas doble haploides.

SEV-HIBT, MDG-HIBT, INC-HIBT y RTO-HIBT: severidad, grado medio, incidencia de la enfermedad MRC y rendimiento en los híbridos que provienen del probador tolerante.

SEV-HIBS, MDG-HIBS, INC-HIBS y RTO-HIBS: severidad, grado medio, incidencia de la enfermedad MRC y rendimiento en los híbridos que provienen del probador susceptible.

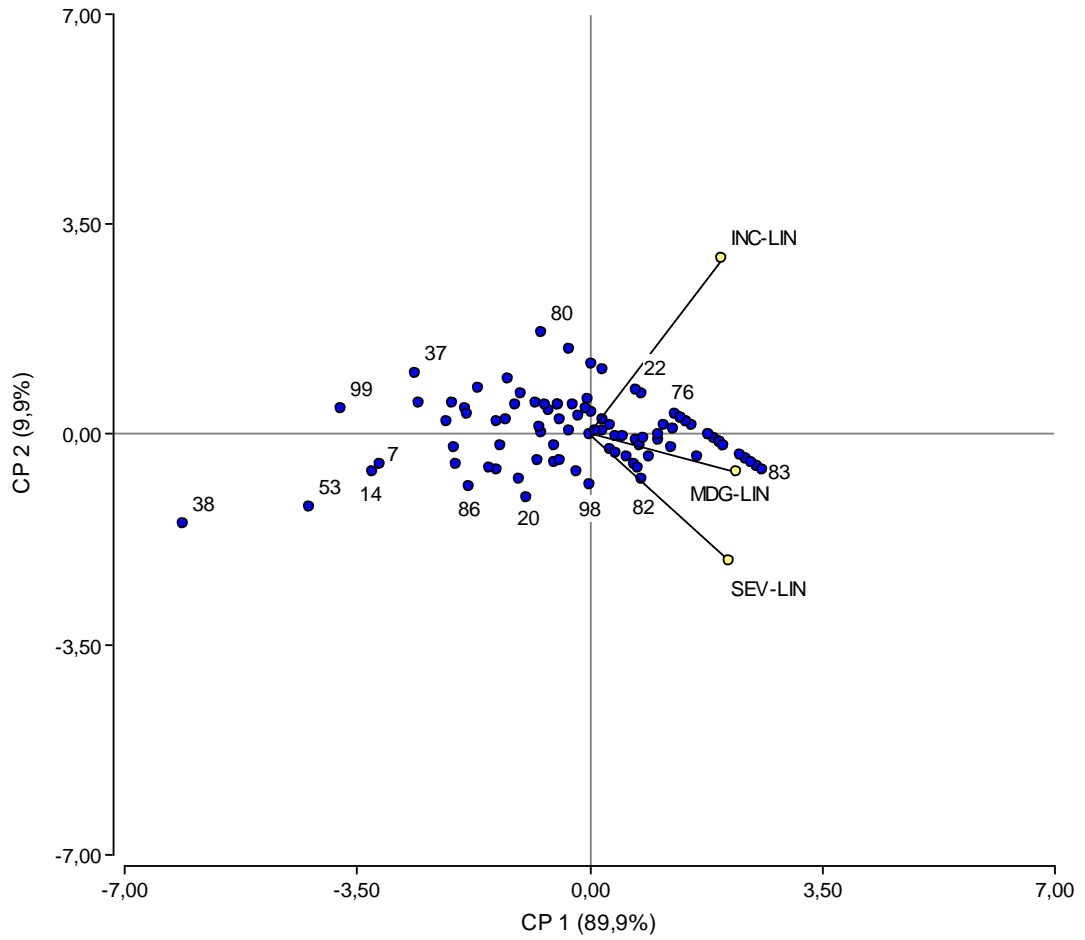
## Análisis de componentes principales

El gráfico de análisis de componentes principales (CP) para los caracteres grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto en las líneas doble haploides está representado en la Figura 6. Las dos primeras CP explicaron el 100% de la variabilidad total. Los caracteres que contribuyeron a la CP1 en forma positiva fueron INC-LIN, SEV-LIN y MDG-LIN. En la CP1 ninguna variable contribuyó en forma negativa. En la CP2 las variables MDG-LIN y SEV-LIN se ubicaron en direcciones contrarias al vector de INC-LIN. De acuerdo con la separación angular, la mayor asociación positiva está dada entre los caracteres MDG-LIN y SEV-LIN, si bien MDG-LIN e INC-LIN también presentan una asociación positiva, esta es menor. Entre incidencia y severidad, no hay una asociación, ya que el ángulo que forman es aproximado a  $90^\circ$ , esto se puede explicar debido a que sólo se consideraron las plantas enfermas en la variable severidad.

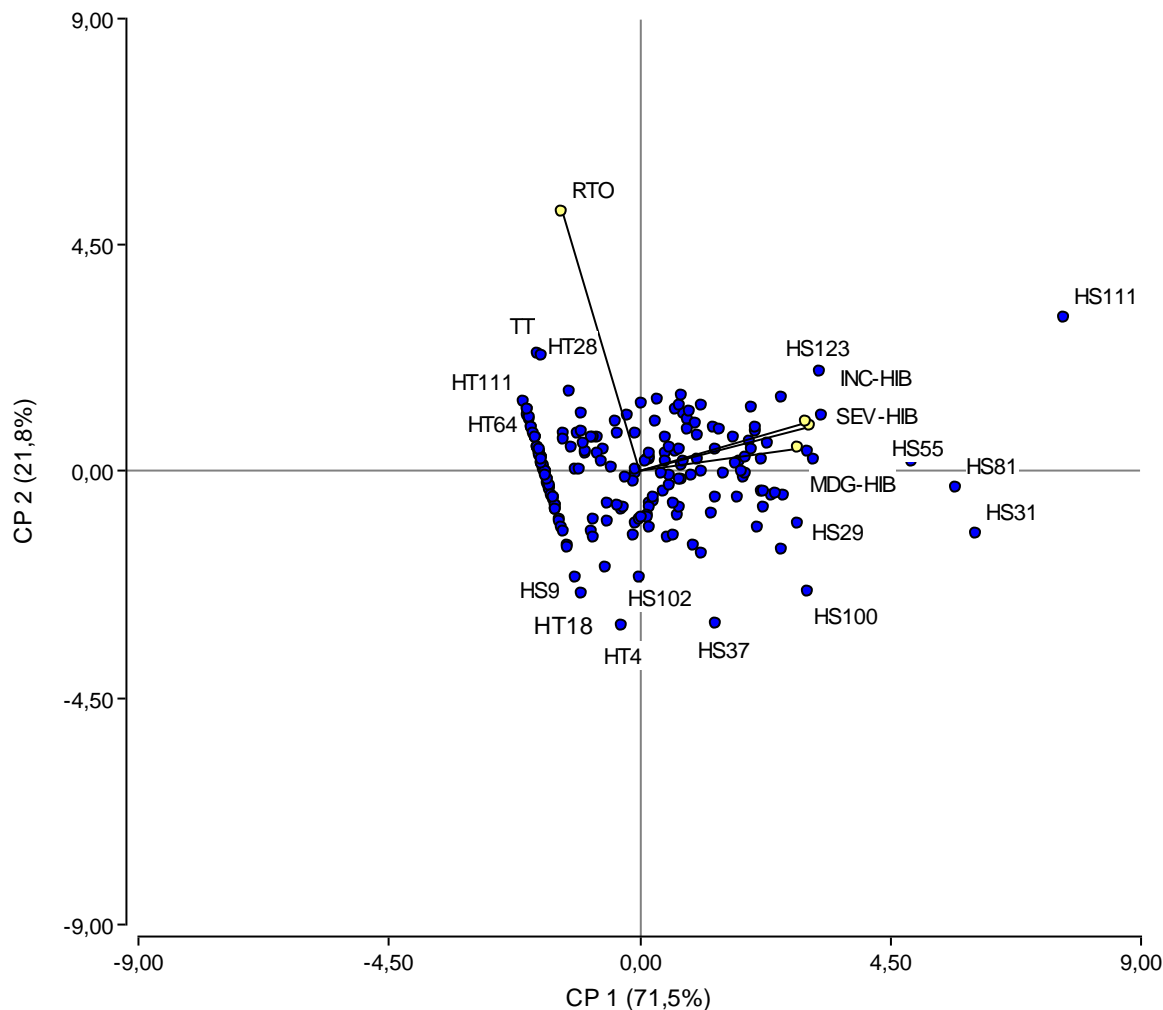
En cuanto a los grupos formados las líneas 38, 53, 14, 7 y 99 no presentaron valores altos para los caracteres evaluados (Cuadro 7), ya que fueron graficados en dirección opuesta a los vectores incidencia, severidad y MDG. Las líneas 83, 76 y 22 ilustradas en oposición a las anteriores, presentaron valores de 100% de incidencia de la enfermedad MRC (Cuadro 8).

En la Figura 7 se presenta el gráfico de análisis de componentes principales (CP) con las variables grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto y el rendimiento de los híbridos evaluados. Las dos primeras CP explicaron el 93% de la variabilidad total. Las variables que contribuyeron a la CP1 en forma positiva fueron INC-HIB, SEV-HIB y MDG-HIB. Mientras que RTO fue el carácter que más contribuyó en forma negativa. De acuerdo con la separación angular de los vectores, la mayor asociación positiva está dada entre los caracteres MDG-HIB, SEV-HIB e INC-HIB. Entre estas variables y rendimiento no existe asociación, porque el ángulo que forman es cercano a  $90^\circ$ .

Con respecto a los grupos formados en la Figura 7, los híbridos testigos tolerantes (TT), HT28, HT111 y HT64, presentan valores altos para el carácter rendimiento ya que fueron ilustrados en la misma dirección y valores bajos en los caracteres que se graficaron en dirección opuesta. Los híbridos obtenidos con el probador susceptible HS123, HS55, HS81, HS31 y HS29, muestran valores altos para grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad MRC. El híbrido HS111 se comportó de manera opuesta al híbrido HT111, y fue el híbrido con mayor incidencia de la enfermedad MRC según se mostró en el Cuadro 10.



**Figura 6.** Biplot de las dos primeras componentes principales para los caracteres grado medio (MDG-LIN), severidad (SEV-LIN) e incidencia (INC-LIN) de la enfermedad MRC evaluados en las líneas doble haploides en la localidad de Sampacho, en el ciclo agrícola 2009/10.

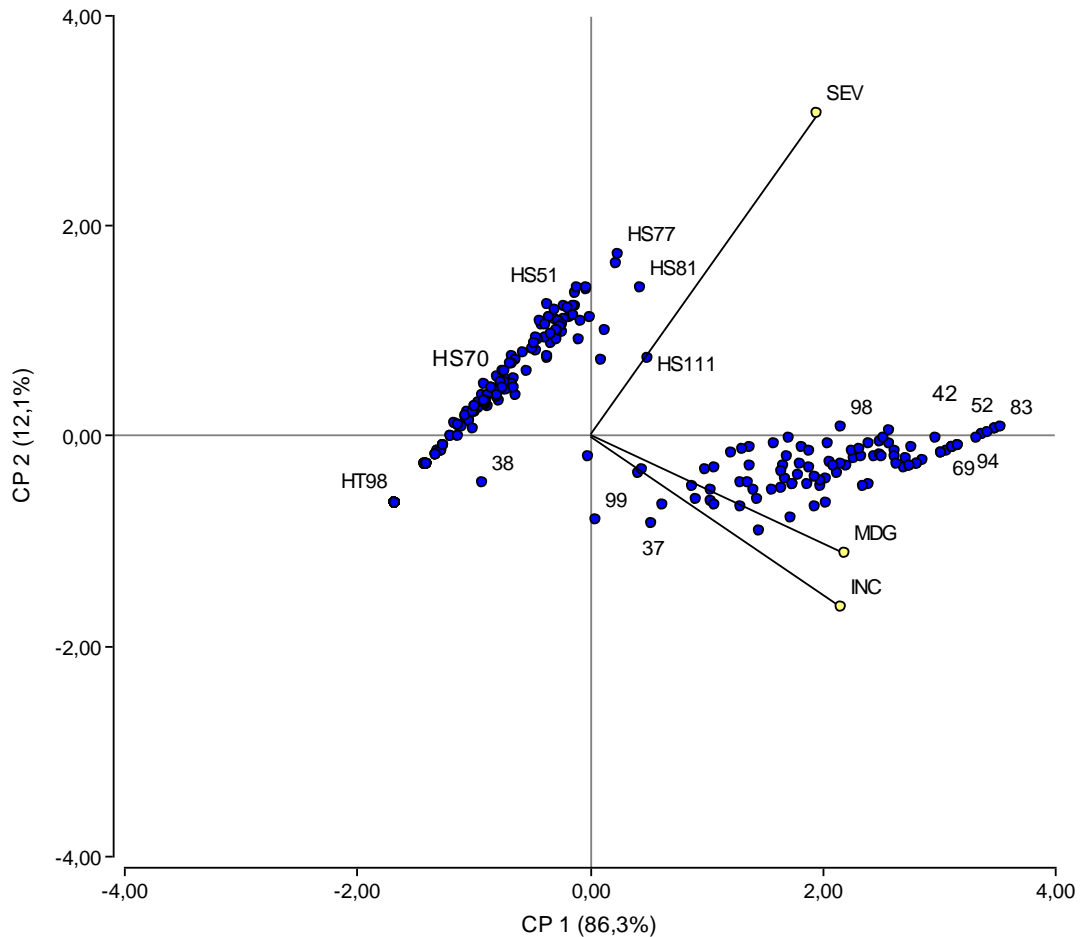


**Figura 7.** Biplot de las dos primeras componentes principales para rendimiento (RTO) y para los caracteres grado medio (MDG-HIB), severidad (SEV-HIB) e incidencia (INC-HIB) de la enfermedad MRC en los genotipos híbridos evaluados en la localidad de Sampacho, en el ciclo agrícola 2009/10.

En la Figura 8 se presenta el gráfico de análisis de componentes principales (CP) con las variables grado medio, severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto en todos los genotipos evaluados. Las dos primeras CP explicaron el 98% de la variabilidad total. Todos los caracteres contribuyeron a la CP1 en forma positiva. De acuerdo con la separación angular, existe una asociación positiva entre severidad y grado medio de la enfermedad MRC. Mientras que entre severidad e incidencia no existe asociación, del mismo modo que se observó cuando se analizan las líneas doble haploides separadamente de los genotipos híbridos, ya que en el carácter severidad no se tuvieron en cuenta las plantas sanas.

En cuanto a los grupos formados, los híbridos se encuentran ilustrados de manera opuesta a las líneas doble haploides de las cuales derivan, siguiendo una dirección similar al

vector SEV. Los híbridos HS77, HS81, HS111, HS51, se comportaron como algunos de los más susceptibles a la enfermedad. Las líneas presentan una mayor asociación con los vectores de MDG e INC, y algunas de las que tuvieron valores más altos en estos caracteres fueron las líneas 83, 94, 69, 52 y 42.



**Figura 8.** Biplot de las dos primeras componentes principales para los caracteres grado medio (MDG), severidad (SEV) e incidencia (INC) de la enfermedad MRC evaluados en líneas doble haploides y en los genotipos híbridos derivados de éstas, en la localidad de Sampacho, en el ciclo agrícola 2009/10.

## Heterosis

En el Anexo 1 se presentan los valores estimados de heterosis de los genotipos híbridos ( $F_1$ ), formados por una línea doble haploide y por un probador, ya sea el tolerante o el susceptible.

En general se observaron valores negativos para los tres caracteres, MDG, severidad e incidencia de la enfermedad MRC. Es decir que los híbridos no tuvieron valores más elevados que sus padres en promedio para las variables ya que estuvieron menos afectados por la enfermedad Mal de Río Cuarto. No obstante, algunos de los híbridos formados con el probador tolerante entre los que se pueden mencionar HT14, HT76, HT80, HT87, HT99, HT103, HT118, HT119 y HT133 presentaron valores positivos para severidad. El híbrido HT103 tuvo un valor de severidad 31% mayor que el promedio de los padres, siendo el porcentaje más alto observado. Por otra parte, el híbrido HT129 obtuvo un valor de cero. Sólo el 5,15% de los híbridos presentó más severidad que sus progenitores. Los híbridos formados con el probador susceptible y que presentaron valores positivos para severidad fueron HS7, HS18, HS22, HS27, HS29, HS32, HS36, HS37, HS38, HS53, HS55, HS61, HS77, HS81, HS91, HS100, HS104, HS105 y HS122. El porcentaje más alto que se puede apreciar fue para el híbrido HS38 con un 65% más de severidad que el promedio de los padres. El híbrido HS96 obtuvo un valor de heterosis de cero, y únicamente el 10,30% de los híbridos presentó mayor severidad que sus progenitores.



## DISCUSIÓN

El ensayo se sembró de manera de hacer coincidir el estado de mayor susceptibilidad del maíz con el pico poblacional del vector a mediados del mes de noviembre. Esta práctica fue utilizada en otros estudios que evaluaron genotipos de maíz frente a MRC (Morata *et al.*, 2003; Di Renzo *et al.*, 2004; Bonamico *et al.*, 2012). Existen estudios que informan acerca del incremento en la expresión de la severidad de la enfermedad MRC entre las fechas de siembra que van desde la segunda quincena de octubre hasta las realizadas los primeros días de diciembre, con valores máximos para siembras efectuadas alrededor de mediados de noviembre (Pérez *et al.*, 2005), es decir con la fecha correspondiente al presente trabajo.

Las líneas doble haploides de maíz utilizadas de igual manera que los híbridos generados con los probadores tolerante y susceptible, mostraron diferencias estadísticas significativas para todos los caracteres evaluados. Los datos analizados en este estudio corresponden a un solo año de evaluación y a un solo ambiente, no obstante los resultados concuerdan en parte con los obtenidos por Morata *et al.* (2003). Ensayos en diferentes años y localidades del área en donde la enfermedad es endémica podrían contribuir a mejorar la selección de líneas de maíz por su reacción frente a MRC (Bonamico *et al.*, 2012, Morata *et al.*, 2003, 2006)

Se identificaron líneas con buen comportamiento frente a la enfermedad, pero en todos los casos presentaron incidencia de MRC, sin embargo no todos los híbridos fueron afectados. El comportamiento promedio de los genotipos híbridos del experimento fue en general muy bueno, ya que el 49% de los híbridos afectados no alcanzaron el grado medio 2 de enfermedad. Una situación similar fue informada por Morata *et al.* (2003) en un estudio previo realizado en las localidades de Sampacho y Holmberg en la campaña 1997/98.

La línea que mejor comportamiento mostró, en el análisis univariado, para todos los caracteres analizados fue la línea 38. El mismo resultado se dio de manera coincidente en el análisis multivariado, siendo ésta una línea destacada que presentó un comportamiento cercano al de los híbridos. Entre las líneas con buen comportamiento *per se* es posible elegir progenitores que aporten resistencia o buen comportamiento frente a la enfermedad MRC en las cruzas que intervengan tal como fue sugerido por otros autores (Morata *et al.*, 2003, 2006). Las líneas con comportamiento superior, en la población del presente estudio, al mostrar diferencias en su comportamiento *per se*, podrían ser utilizadas para la producción de híbridos y por ello deberían ser evaluadas en pruebas para determinar la aptitud combinatoria tal como recomiendan Cubero (1999) y De la Cruz-Lázaro *et al.* (2010).

Las correlaciones entre los caracteres evaluados para MRC en todos los genotipos, fueron significativas y positivas, lo que indica que si aumenta el valor de alguna de ellas, también lo hace el valor de la otra. Con respecto a los genotipos, cuanto mayor sea la presión de enfermedad, mayor va a ser la diferencia entre los mismos, y se distinguirán con mayor facilidad en tolerantes y susceptibles (Morata *et al.*, 2003, 2006), aunque algunos híbridos catalogados como "tolerantes/resistentes", presentan valores elevados de MRC con marcada disminución en la producción. Estos resultados muestran que la tolerancia/resistencia puede ser modificada si la presión de inóculo es elevada (Lenardón, 2007). En un ensayo realizado por Ferreyra *et al.* (2010) en la misma campaña del presente estudio, se encontró que hay una débil asociación entre la presencia del virus en las plantas y la manifestación de enaciones y hubo plantas enfermas que no desarrollaron síntomas, por lo que es conveniente complementar la caracterización visual con algún método de diagnóstico serológico. Dichos autores mencionan que un conjunto de síntomas debe ser analizado simultáneamente para evaluar el grado de resistencia a la enfermedad y que una misma escala de severidad de síntomas podría ser usada en diferentes genotipos.

En el rendimiento de los genotipos híbridos se observaron variaciones asociadas a la severidad e incidencia de la enfermedad MRC. Las progenies obtenidas al cruzar las líneas doble haploides con el probador tolerante y con el probador susceptible, en general se comportan para todos los caracteres considerados de manera mejor e inferior, respectivamente. Esto muestra que hay gran influencia de los probadores en determinar el comportamiento de los híbridos. Si bien, la producción de híbridos simples requiere el uso de líneas vigorosas y productivas, y aunque se le de gran énfasis en el comportamiento *per se* de las líneas endocriadas, éstas también requieren evaluaciones en combinación para determinar su utilidad en la formación de híbridos, ya que existe una pobre relación entre el comportamiento *per se* y en combinaciones híbridas. Esta escasa relación ha sido demostrada en forma teórica (Smith, 1986) y en forma empírica (Hallauer y López-Pérez, 1979) y concuerda con lo mencionado por Paliwal *et al.* (2001). Por ello, aunque los mejoradores consideran importante la selección fenotípica en el desarrollo de líneas, el valor último de una línea está dado por su comportamiento en sus cruzamientos. Tal es así que el mayor rendimiento en grano lo dieron los cruzamientos entre las líneas con inferior comportamiento para todas las variables (más susceptibles) y el probador tolerante (Castañón Nájera *et al.*, 2003). Estos híbridos rindieron entre 7.000 y 9.000 kg.ha<sup>-1</sup>, mientras que las líneas con mejor comportamiento frente a MRC cruzadas con el probador tolerante rindieron entre 6.000 y 7.500 kg.ha<sup>-1</sup>.

En general, en los análisis estadísticos realizados se pudo observar la influencia que presentan los genotipos tolerantes y susceptibles a la enfermedad MRC en los

cruzamientos; los híbridos que tienen el probador susceptible (MDG-HIBS, SEV-HIBS e INC-HIBS) tienen una correlación negativa y significativa con respecto al rendimiento (RTO-HIBS). Por el contrario, en las correlaciones de los caracteres evaluados en los híbridos tolerantes el efecto no es significativo con el rendimiento de los mismos. Dichas correlaciones explican la importancia de la expresión de la enfermedad MRC como determinante del rendimiento, lo cual ya fue mencionado por Morata *et al.* (2003), quienes indicaron que cuanto más es afectado un genotipo por la enfermedad, los rendimientos disminuyen en mayor proporción.

En un programa de obtención de híbridos los probadores pueden ser usados para varios propósitos y es necesario producir y usar los probadores adecuados dependiendo de los objetivos que se desea alcanzar. Así, en un programa de mejoramiento genético para tolerancia-resistencia a MRC resulta fundamental que los probadores muestren un comportamiento bien definido respecto al carácter, tal como en el presente estudio fue considerado. Los probadores son utilizados para establecer modelos heteróticos, mejoramiento entre poblaciones, formación y mejoramiento de nuevos grupos heteróticos, evaluación de la habilidad combinatoria de las líneas e identificación de las combinaciones específicas de híbridos. Una línea endocriada probadora es útil para evaluar la habilidad combinatoria y para la identificación de combinaciones de cruza simples específicas (Paliwal *et al.*, 2001).

Materiales experimentales con buen comportamiento en el presente ensayo pueden considerarse promisorios. La evaluación y selección de líneas es la etapa de mayor relevancia en el proceso de mejoramiento, ya que además de identificar las mejores líneas permite encontrar la mejor combinación híbrida para explotar la heterosis (Cubero, 1999). Además es importante que las líneas e híbridos se evalúen en diferentes ambientes (combinación año-localidad) para seleccionar los genotipos con mayor estabilidad (Coutiño y Vidal, 2003).

## CONCLUSIONES

Los resultados de las evaluaciones permitieron identificar y agrupar líneas e híbridos por su comportamiento en los caracteres analizados de la enfermedad MRC. Diferencias estadísticas significativas fueron encontradas entre los genotipos evaluados. Las distintas fuentes de tolerancia y susceptibilidad tuvieron efecto en las F<sub>1</sub> que formaron en cuanto a los valores de los caracteres evaluados.

Existió concordancia en los resultados obtenidos mediante análisis estadísticos univariado y multivariado, que permitieron identificar aquellos genotipos con comportamiento destacado frente a la enfermedad.

Los híbridos poseen una mayor tolerancia con respecto a las líneas, debido a la heterosis que presentan. Un mayor rendimiento en los genotipos híbridos está asociado a una menor severidad, grado medio e incidencia.

## BIBLIOGRAFÍA

- ALLARD, R.W. 1975. Principio de la Mejora Genética de las Plantas. Ediciones Omega S.A., Barcelona. 498 p.
- ASA (Asociación de Semilleros Argentinos). Maíz. Producción de Híbridos 2005. **En:** <http://www.asa.org.ar>. Consultado: Mayo de 2012
- BONAMICO, N.C., M.A. DI RENZO, M.A. IBAÑEZ, M.L. BORGHI, D.G. DÍAZ, J.C. SALERNO y M.G. BALZARINI. 2012. QTL analysis of resistance to Mal de Río Cuarto disease in maize using recombinant inbred lines. **Journal of Agricultural Science**, Available on CJO 2012 doi:10.1017/S0021859611000943
- CASTAÑÓN NÁJERA, G., H. HIDALGO CANO y D. JEFFERS. 2003. Heterosis en siete líneas de maíz para tolerancia al acaparamiento y rendimiento de grano. **Bioagro** 15(1):65-73.
- COUTIÑO E.B., V.A. VIDAL M. 2003. Grain yield stability of corn hybrids using best linear unbiased predictors. **Agrociencia** 37:605-616.
- CUBERO, J.I. 1999. Introducción a la Mejora Genética Vegetal. Ediciones Mundi-prensa, Madrid. 365 p.
- DE LA CRUZ-LÁZARO, E., G. CASTAÑÓN-NAJERA, N.P. BRITO-MANZANO, A. GÓMEZ-VÁZQUEZ, V. ROBLEDO-TORRES y A.J. LOZANO DEL RÍO. 2010. Heterosis y aptitud combinatoria de poblaciones de maíz tropical. **Phyton** 79: 11-17.
- DI RENZO, M.A., N.C. BONAMICO, D.D. DIAZ, J.C. SALERNO, M.A. IBAÑEZ y J.J. GESUMARIA. 2002. Inheritance of resistance to Mal de Río Cuarto (MRC) disease in *Zea mays* L. **Journal of Agricultural Science** 139:47-53.
- DI RENZO, M.A., N.C. BONAMICO, D.G. DIAZ, M.A. IBAÑEZ, M.E. FARICELLI, M.G. BALZARINI y J.C. SALERNO. 2004. Microsatellite markers linked to QTL for resistance to Mal de Río Cuarto disease in *Zea mays* L. **Journal of Agricultural Science** 142:289-295.
- DI RIENZO, J.A., F. CASANOVES, M.G. BALZARINI, L. GONZALEZ, M. TABLADA y C.W. ROBLEDO. 2011. **InfoStat, versión 2011**. Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.
- DISTÉFANO, A.J., L.R. CONCI, M. M. HIDALGO, F.A. GUZMÁN, H.E. HOPP y M. DEL VAS. 2002. Sequence analysis of genome segments S4 and S8 of *Mal de Río Cuarto virus* (MRCV): evidence that the virus should be a separate *Fijivirus* species. **Archives of Virology** 147:1699-1709.

- DISTÉFANO, A.J., L.R. CONCI, M. M. HIDALGO, F.A. GUZMÁN, H.E. HOPP; y M. DEL VAS. 2003. Sequence and phylogenetic analysis of genome segments S1, S2, S3 and S6 of Mal de Río Cuarto virus, a newly accepted *Fijivirus* species. **Virus Research** 92:113-121.
- DOWSWELL, C.D., R.L. PALIWAL y R.P. CANTRELL. 1996. **Maize in the third world**. Westview Press, Boulder Co., USA.
- FAOSTAT. 2011. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. **En:** <http://faostat.fao.org/site/567/default.aspx>. Consultado: Mayo de 2012
- FERREYRA, J., M.F. MAURINO, M.P. GIMÉNEZ PECCI y P. CARPANE. 2010. Análisis de la relación entre tipos de síntomas y concentración del virus del mal de Río Cuarto. **IX Congreso Nacional de Maíz y Simposio Nacional de Sorgo**. Rosario, Santa Fe. Argentina. p. 208-210.
- HALLAUER, A.R. y E. LÓPEZ PÉREZ. 1979. Comparisons among testers for evaluating lines of corn. **Proc. Corn and Sorghum Ind. Res. Conf.** 34:57-75.
- JOHNSON, D.E. 2000. **Métodos multivariados aplicados al análisis de datos**. International Thomson Editores, México.
- LAGUNA, I.G., M.P. GIMÉNEZ PECCI., P.S. HERRERA, C. BORGOGNO, J. ORNAGHI y P. RODRÍGUEZ PARDINA. 2000. Rol de los cereales de invierno y verano en la epidemiología del virus del Mal de Río Cuarto (Provincia de Córdoba, Argentina). **Fitopatología** 35: 41-49.
- LAGUNA, I.G. y M.P. GIMÉNEZ PECCI. 2004. Cultivo de maíz en la Argentina. Enfermedades causadas por virus. Revista **IDIA XXI** 6: 158-162.
- LENARDÓN, S.L., G.J. MARCH, S.F. NOME y J.A. ORNAGHI. 1998. Recent outbreak of 'Mal de Río Cuarto' Virus on Corn in Argentina. **Plant Disease** 82(4):448.
- LENARDÓN, S.L., G.J. MARCH y J.A. ORNAGHI. 1999. Virus del Mal de Río Cuarto en maíz. **En: Hoja Informativa: enfermedades de los cultivos extensivos e intensivos**. Ed. S.L. Lenardón. IFFIVE-INTA-JICA. Córdoba.
- LENARDÓN, S.L. 2002. Cómo disminuir la incidencia del Mal de Río Cuarto en maíz. Detectan híbridos tolerantes a la enfermedad. **INTA Informa** N°191.
- LENARDÓN, S.L. 2007. "Enfermedades causadas por virus y mollicutes en maíz" Disertación en las Jornadas sobre Manejo Integrado de Plagas, Enfermedades, Artrópodos y Malezas en soja, maíz y girasol (INTA - FAUBA). **En: Agronomía Informa** (<http://agro.fauga.info>). Consultado: diciembre de 2009

- MAGyP. 2011. Estimaciones Agrícolas, MAGyP. **En:** www.minagri.gob.ar. Consultado: Mayo de 2012.
- MARCH, G.J., J.A. ORNAGHI, J.E. BEVIACQUA, A. RAGO y S.L. LENARDÓN. 2002. Systemic insecticides for control of *Delphacodes kuscheli* and the Mal de Río Cuarto virus on maize. **International Journal of Pest Management** 48:127-132.
- MARCH, G. 2004. Pronóstico de intensidad del Mal de Río Cuarto en maíz para la región pampeana. **INTA. Trifolio**.
- MORATA, M.M., D.A. PRESELLO, M.P. GONZÁLEZ y E. FRUTOS. 2003. Aptitud combinatoria entrelíneas de maíz resistentes a mal de Río Cuarto. **Fitopatología Brasileira** 28:236-244.
- MORATA, M.M., D.A. PRESELLO, M.P. GONZÁLEZ y E. FRUTOS. 2006. Aptitud combinatoria para rendimiento entre líneas de maíz derivadas de nuevas fuentes de resistencia al Mal de Río Cuarto. **Revista Facultad de Agronomía. FAUBA** 106(1):69-83.
- NOME, S.F., S.L. LENARDÓN, B.C. RAJU, I.G. LAGUNA, S.K. LOWE y D. DOCAMPO. 1981. Association of Reovirus-like particles with "Enfermedad de Río Cuarto" of maize in Argentina. **Phytopathologische Zeitschrift** 101:7-15.
- ORDAS, A. 1991. Heterosis in crosses between American and Spanish populations of maize. **Crop Science** 31: 931-935.
- ORNAGHI, J.A., G. BOITO, G. SÁNCHEZ, G. MARCH y J.E. BEVIACQUA. 1993. Studies on the populations of *Delphacodes kuscheli* Fennah in different years and agricultural areas. **Journal of Genetics and Breeding** 47:277-282.
- ORNAGHI, J.A., G.J. MARCH, G.T. BOITO, A. MARINELLI, J.E. BEVIACQUA, J. GIUGGIA y S.L. LENARDÓN. 1999. Infectivity in natural populations of *Delphacodes kuscheli* vector of "mal de Río Cuarto" virus. **Maydica** 44:219-223.
- ORNAGHI, J.A. 2007. Mal de Río Cuarto. El enemigo del maíz. **En:** <http://www.engormix.com/MA-agricultura/maiz/articulos/mal-rio-cuarto-enemigo-t1254/417-p0.htm>. Consultado: Mayo de 2012
- ORTIZ, R., S. TABA, V.H. CHAVEZ TOVAR, M. MEZZALAMA, Y. XU, J. YAN y J.H. CROUCH. 2010. Conserving and Enhancing Maize Genetic Resources as Global Public Goods. A Perspective from CIMMYT. **Crop Science** 50:13-28.
- PALIWAL, R.L., G. GRANADOS, H.R. LAFITTE, A.D. VIOLIC y J.P. MARATHEE. 2001. **El maíz en los trópicos: mejoramiento y producción**. FAO 376 pp.

- PÉREZ, F.J., A.M. FIGUERUELO y M.B. LEJARRAGA. 2005. Evaluación de la severidad del Mal de Río Cuarto en diferentes fechas de siembra y ECR. **Publicación técnica. EEA Anguil** 61: 17-20.
- PIPERNO, D.R. y K.V. FLANNERY. 2001. The earliest archaeological maize (*Zea mays* L.) from Highland Mexico: New accelerator mass spectrometry dates and their implications. **Proceedings of the National Academy of Sciences USA** 98:2101-2103.
- PIPERNO, D.R., A.J. RANERE, I. HOIST, R. DICKAU y J. IRIARTE. 2009. Starch grain and phytolith evidence for early ninth millennium B.p. maize from the Central Balsas River Valley, Mexico. **Proceedings of the National Academy of Sciences USA** 106:5019-5024.
- PRESELLO, D.A., E. FRUTOS y A.E. CELIZ. 1995. Efectos genéticos asociados con la resistencia genética a mal de Río Cuarto en líneas endocriadas de maíz. **Actas de la III reunión latinoamericana y XVI reunión de la zona andina de investigadores en maíz. CIMMYT. Bolivia. Tomo II:407-416.**
- PRESELLO, D.A., M.E. FERRER, L. SOLARI y A.E. CELIZ. 1996. Resistencia al virus del mal de Río Cuarto en variedades locales argentinas de maíz. **INTA - Revista de Investigaciones Agropecuarias** 27:97-104.
- REMES LENICOV, A.M.M. de, A. TESÓN, E. DAGOBERTO y N. HUGUET. 1985. Hallazgo de uno de los vectores del Mal de Río Cuarto en maíz. **Gaceta Agronómica** 5(25):251-258.
- REMES LENICOV, A.M.M. de, E. VIRLA y E. DAGOBERTO. 1991. Cambios estacionales en la población del vector del "Mal de Río Cuarto" del maíz (*Delphacodes kuscheli* Fennah, 1955) en cultivos de avena y sus malezas circundantes en Sampacho, Córdoba (Insecta-Homoptera-Fulgoroidea). **Actas Taller de Actualización sobre Mal de Río Cuarto. INTA, CIMMYT. pp. 116-129.**
- ROSEGRANT, M.W., S. MSANGI, C. RINGLER, T.B. SULSER, T. ZHU y S.A. CLINE. 2008. International Model for Policy Analysis of Agricultural Commodities and Trade (IMPACT): Model Description. International Food Policy Research Institute: Washington, D.C. **En:** [www.ifpri.org/themes/impact/impactwater.pdf](http://www.ifpri.org/themes/impact/impactwater.pdf). Consultado: Abril de 2012
- ROSSI, D.O. 1997. Mejoramiento de las plantas alógamas a través de la hibridación. **Departamento de Publicaciones. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. Monografía N° 002, 63 pp.**
- SANGUINETTI, A., A. DAMILANO, R. VAN BECELAERE y G. EYHÉRABIDE. 1984. Efectos genéticos que condicionan la herencia de la resistencia a Mal de Río Cuarto en Maíz. **III Congreso Nacional de Maíz. Pergamino, Buenos Aires. pp. 48-52.**



- SMITH, O.S. 1986. Covariance between lines “*per se*” and testcross performance. **Crop Science** 26:540-543.
- VALENTINUZ, O.R. y O.F. PAPANOTTI. 2004. Physiological traits in stable maize hybrids. **4th International Crop Science Congress**. Brisbane, Australia.
- WEBSTER, D., D. RUE y A. TRAVERSE. 2005. Early *Zea* cultivation in Honduras: Implications for the Iltis hypothesis. **Economic Botany** 59(2):101-111.

## ANEXOS

**Anexo 1.** Cálculo de heterosis en los genotipos híbridos (F<sub>1</sub>) formados por las líneas doble haploides y los probadores, tolerante (T) y susceptible (S), para los caracteres grado medio (MDG), severidad (SEV) e incidencia (INC) de la enfermedad Mal de Río Cuarto.

Híbridos	MDG	SEV	INC	Híbridos	MDG	SEV	INC
HT2	-51	-57	-100	HS2	-63	-42	-97
HT3	-57	-60	-100	HS3	-58	-5	-89
HT4	-54	-43	-98	HS4	-63	-31	-94
HT5	-55	-22	-94	HS5	-64	-5	-93
HT6	-64	-66	-100	HS6	-69	-42	-96
HT7	-45	-57	-100	<b>HS7</b>	-55	17	-93
HT9	-55	-25	-96	HS9	-68	-69	-100
HT13	-60	-63	-100	HS13	-64	-23	-95
<b>HT14</b>	-42	4	-97	HS14	-53	-19	-91
HT15	-49	-3	-95	HS15	-65	-47	-98
HT16	-47	-2	-95	HS16	-61	-4	-94
HT17	-62	-21	-95	HS17	-73	-56	-98
HT18	-60	-63	-100	<b>HS18</b>	-63	10	-93
HT19	-63	-65	-100	HS19	-67	-26	-96
HT20	-59	-64	-100	HS20	-67	-42	-97
HT22	-63	-64	-100	<b>HS22</b>	-64	6	-91
HT23	-63	-32	-96	HS23	-72	-72	-100
HT24	-67	-67	-100	HS24	-72	-44	-96
HT25	-65	-67	-100	HS25	-70	-41	-95
HT27	-54	-37	-97	<b>HS27</b>	-59	1	-89
HT28	-67	-52	-99	HS28	-73	-54	-98
HT29	-62	-64	-100	<b>HS29</b>	-62	3	-89
HT31	-69	-70	-100	HS31	-58	-18	-80
HT32	-61	-63	-100	<b>HS32</b>	-64	13	-93
HT33	-59	-18	-96	HS33	-70	-45	-97
HT35	-63	-25	-97	HS35	-71	-32	-96
HT36	-53	-39	-98	<b>HS36</b>	-61	4	-94
HT37	-47	-52	-100	<b>HS37</b>	-58	2	-95
HT38	-25	-46	-100	<b>HS38</b>	-35	65	-85
HT39	-56	-18	-98	HS39	-65	-30	-96
HT41	-59	-40	-97	HS41	-70	-72	-100
HT42	-63	-25	-96	HS42	-69	-6	-93
HT45	-59	-63	-100	HS45	-65	-34	-95
HT46	-63	-65	-100	HS46	-66	-28	-95
HT48	-66	-66	-100	HS48	-72	-46	-99
HT50	-65	-50	-99	HS50	-70	-9	-96
HT51	-68	-68	-100	HS51	-72	-8	-97
HT52	-69	-69	-100	HS52	-68	-14	-91
HT53	-39	-55	-100	<b>HS53</b>	-50	4	-90
HT54	-59	-62	-100	HS54	-67	-50	-98
HT55	-57	-59	-100	<b>HS55</b>	-47	13	-83
HT56	-65	-14	-97	HS56	-68	-12	-91
HT57	-64	-24	-96	HS57	-68	-30	-93
HT58	-60	-8	-97	HS58	-68	-31	-94
HT61	-62	-48	-98	<b>HS61</b>	-64	7	-91

Híbridos	MDG	SEV	INC	Híbridos	MDG	SEV	INC
HT62	-68	-68	-100	HS62	-69	-33	-94
HT64	-68	-68	-100	HS64	-72	-40	-97
HT65	-64	-49	-98	HS65	-72	-73	-100
HT69	-68	-68	-100	HS69	-65	-8	-88
HT70	-60	-64	-100	HS70	-68	-28	-99
HT71	-60	-63	-100	HS71	-65	-22	-95
HT72	-60	-39	-97	HS72	-69	-38	-98
HT73	-61	-27	-96	HS73	-65	-2	-91
HT74	-58	-62	-100	HS74	-64	-16	-96
<b>HT76</b>	-59	11	-91	HS76	-73	-73	-100
HT77	-56	-6	-95	<b>HS77</b>	-61	24	-90
HT79	-50	-36	-99	HS79	-64	-67	-100
<b>HT80</b>	-52	8	-97	HS80	-67	-67	-100
HT81	-64	-23	-96	<b>HS81</b>	-56	14	-81
HT82	-65	-67	-100	HS82	-68	-19	-92
HT83	-65	-22	-96	HS83	-70	-17	-91
HT85	-47	-26	-97	HS85	-55	-12	-93
HT86	-52	-13	-97	HS86	-56	-22	-89
<b>HT87</b>	-44	14	-92	HS87	-65	-41	-97
HT88	-54	-20	-97	HS88	-63	-22	-94
HT89	-59	-62	-100	HS89	-68	-70	-100
HT90	-59	-59	-100	HS90	-63	-22	-94
HT91	-51	-25	-97	<b>HS91</b>	-60	10	-94
HT94	-61	-19	-93	HS94	-72	-33	-97
HT96	-57	-38	-97	<b>HS96</b>	-60	0	-91
HT98	-62	-66	-100	HS98	-62	-11	-89
<b>HT99</b>	-31	29	-94	HS99	-59	-63	-100
HT100	-60	-61	-100	<b>HS100</b>	-62	18	-91
HT102	-59	-64	-100	HS102	-67	-46	-97
<b>HT103</b>	-49	31	-91	HS103	-58	-11	-88
HT104	-55	-62	-100	<b>HS104</b>	-58	5	-89
HT105	-59	-43	-99	<b>HS105</b>	-62	2	-92
HT106	-69	-54	-99	HS106	-73	-27	-96
HT107	-64	-66	-100	HS107	-67	-7	-93
HT110	-61	-62	-100	HS110	-68	-36	-97
HT111	-66	-66	-100	HS111	-46	-4	-72
HT114	-64	-64	-100	HS114	-64	-9	-91
HT115	-61	-62	-100	HS115	-64	-4	-92
HT117	-66	-67	-100	HS117	-69	-37	-95
<b>HT118</b>	-56	17	-94	HS118	-64	-21	-94
<b>HT119</b>	-56	12	-94	HS119	-68	-42	-97
HT120	-69	-70	-100	HS120	-75	-75	-100
HT122	-55	-60	-100	<b>HS122</b>	-62	8	-94
HT123	-66	-66	-100	HS123	-62	-9	-85
HT128	-64	-66	-100	HS128	-71	-72	-100
<b>HT129</b>	-58	0	-97	HS129	-65	-30	-94
<b>HT133</b>	-49	11	-94	HS133	-65	-50	-98
HT137	-63	-65	-100	HS137	-64	-3	-90
HT145	-52	-59	-100	HS145	-62	-29	-95
HT147	-66	-66	-100	HS147	-65	-8	-90
HT151	-69	-54	-99	HS151	-69	-34	-94
HT152	-66	-67	-100	HS152	-67	-8	-92

**En negrita:** híbridos mencionados en el texto.