

UNIVERSIDAD NACIONAL DE RIO CUARTO
FACULTAD DE AGRONOMIA Y VETERINARIA

“Proyecto de Trabajo Final presentado para optar al Grado de Ingeniero
Agrónomo”

Modalidad: Proyecto

**CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE LÍNEAS ENDOCRIADAS
DE MAÍZ**

Alumno: **SÁNCHEZ, MARÍA AGUSTINA**

DNI: 35.915.410

Directora: **MÉD. VET. MSc. ORTIZ, MARÍA EUGENIA**

Co-Director: **ING. AGR. MSc. ROSSI, EZEQUIEL ALEJANDRO**

Río Cuarto – Córdoba

Agosto de 2018

UNIVERSIDAD NACIONAL DE RÍO CUARTO
FACULTAD DE AGRONOMÍA Y VETERINARIA

CERTIFICADO DE APROBACIÓN

Título del Trabajo Final: Caracterización fenotípica de líneas endocriadas de maíz.

Autor: Sánchez, María Agustina

DNI: 35.915.410

Directora: Méd. Vet. MSc. Ortiz, María Eugenia

Co-Director: Ing. Agr. MSc. Rossi, Ezequiel Alejandro

Aprobado y corregido de acuerdo con las sugerencias del Jurado

Evaluador:

Fecha de Presentación: ____ / ____ / ____.

Aprobado por Secretaria Académica: ____ / ____ / ____.

Secretario Académico

DEDICATORIA

El presente trabajo se lo dedico a mi familia por haberme apoyado de forma incondicional en cada momento, brindándome su cariño, comprensión y amor.

A mi padre y a mi madre, a quienes admiro, porque siempre hicieron todo lo que estuvo a su alcance para que pudiera estudiar y siempre estuvieron ahí para mí.

A mi hermano, por alentarme siempre y celebrar conmigo cada logro.

A mi novio, por ayudarme en todo y brindarme su amor permanente.

A mis abuelos, que a pesar de que algunos viven lejos y otros ya no están, me hicieron pasar momentos hermosos, y fueron mi guía.

A mis compañeros y amigos que conocí en el transcurso de la carrera, con los que compartí conocimientos, alegrías y tristezas durante estos últimos años.

AGRADECIMIENTOS

Les agradezco a mis padres que con mucho esfuerzo me dieron la posibilidad de estudiar y obtener el tan ansiado título universitario.

A Natalia Bonamico, Ezequiel Rossi y Marcos Ruiz, integrantes de la cátedra de mejoramiento genético, por su compañía, ayuda y apoyo para la realización del presente trabajo.

A Eugenia Ortiz y Valeria Coniglio, integrantes de la cátedra de nutrición animal, por su gran colaboración en la etapa de toma de muestras a campo, siempre con alegría y mates de por medio.

INDICE

RESUMEN.....	VIII
ABSTRACT.....	IX
INTRODUCCIÓN.....	1
HIPÓTESIS.....	4
OBJETIVOS.....	4
MATERIALES Y METODOS.....	5
RESULTADOS.....	11
DISCUSIÓN.....	20
CONCLUSIONES.....	23
BIBLIOGRAFÍA.....	24

INDICE DE CUADROS

Cuadro 1	Número e identificación de cada una de las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en la localidad de Río Cuarto, ubicada al sur de la provincia de Córdoba, Argentina.	6
Cuadro 2	Precipitación pluvial (pp) mensual en milímetros (mm), durante el ciclo agrícola 2015/2016 en la localidad de Río Cuarto, provincia de Córdoba, Argentina.	11
Cuadro 3	Media, error estándar (EE), valor mínimo (Mín.) y máximo (Máx.) para los nueve caracteres agromorfológicos cuantitativos medidos en las 123 líneas de maíz de CIMMYT evaluadas en el campo experimental de la UNRC, durante el ciclo agrícola 2015-2016.	12
Cuadro 4	Autovectores (e1 y e2) de cada carácter en el análisis de componentes principales.	19

INDICE DE FIGURAS

Figura 1	Áreas productoras de maíz en Argentina.	1
Figura 2	Evolución del área sembrada de maíz en la provincia de Córdoba, Argentina, desde el año 1969 hasta el año 2016.	2
Figura 3	Siembra del ensayo, con bastón sembrador, en el campo experimental de la UNRC durante el ciclo agrícola 2015-2016.	7
Figura 4	Posición de la línea de leche en los granos de maíz recomendada para el momento de la determinación del peso seco.	8
Figura 5	Categorías del tipo de panoja observado en la población de las 123 líneas de maíz de CIMMYT, evaluadas en el campo experimental de la UNRC durante el ciclo agrícola 2015-2016.	9
Figura 6	Tipo de grano y color de grano observado en la población de las 123 líneas de maíz de CIMMYT, evaluadas en el campo experimental de la UNRC durante el ciclo agrícola 2015-2016.	9
Figura 7	Distribución de la frecuencia del carácter categórico forma de panoja en las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en el campo experimental de la UNRC, durante el ciclo agrícola 2015-2016.	12
Figura 8	Distribución de la frecuencia del carácter categórico tipo de grano en las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en el campo experimental de la UNRC, durante el ciclo agrícola 2015-2016.	13
Figura 9	Distribución de la frecuencia del carácter categórico color de grano en las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en el campo experimental de la UNRC, durante el ciclo agrícola 2015-2016.	13
Figura 10	Distribución de la frecuencia relativa de los caracteres ángulo de la primer hoja sobre la espiga (A) y ángulo de la segunda hoja sobre la espiga (B) en las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en el campo experimental de la UNRC durante el ciclo agrícola 2015-2016.	14
Figura 11	Distribución de la frecuencia relativa de los caracteres altura de planta (A), altura de espiga (B) y relación entre altura de planta y altura de espiga (C) en las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en el campo experimental de la UNRC, durante el ciclo agrícola 2015-2016.	15
Figura 12	Distribución de la frecuencia relativa de los caracteres días a floración masculina (A) y días a floración femenina (B) en las 123	16

líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en el campo experimental de la UNRC, durante el ciclo agrícola 2015-2016.

- Figura 13 Distribución de la frecuencia relativa de los caracteres peso verde (A) y peso seco (B) en las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en el campo experimental de la UNRC, durante el ciclo agrícola 2015-2016. 16
- Figura 14 Gráfico biplot obtenido del análisis de correspondencia múltiple de los caracteres forma de panoja, tipo de grano y color de grano en las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en el campo experimental de la UNRC durante el ciclo agrícola 2015-2016. 17
- Figura 15 Gráfico biplot del análisis de componentes principales de nueve caracteres agromorfológicos en las 123 líneas de maíz de CIMMYT evaluadas en el campo experimental de la UNRC durante el ciclo agrícola 2015-2016. 18

RESUMEN

El maíz (*Zea mays* L.), uno de los cereales cultivados más importante en el mundo, posee una amplia variabilidad genética. Su genoma es complejo y posee un alto nivel de diversidad, por lo que es usado como especie modelo en estudios genéticos sobre caracteres cuantitativos de interés agronómico. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar fenotípicamente un grupo diverso de 123 líneas endocriadas de maíz desarrolladas en el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT). El ensayo se implantó en el sur de la provincia de Córdoba, Argentina, en la localidad de Río Cuarto, durante el ciclo agrícola 2015-2016, utilizando un diseño completamente al azar. La caracterización fenotípica se realizó por medio de 12 caracteres agromorfológicos, nueve de ellos cuantitativos y tres categorizados. Los caracteres se analizaron mediante estadística descriptiva (medidas de resumen). Además, se realizaron histogramas de frecuencias para los caracteres cuantitativos y gráficos de sectores para los caracteres categorizados. El rango de variación para todos los caracteres agromorfológicos medidos, indica que las líneas de maíz evaluadas en este estudio presentan amplia variabilidad fenotípica. Mediante el enfoque estadístico multivariado se realizó el análisis de correspondencia múltiple para los caracteres categorizados y el análisis de componentes principales (ACP) para los caracteres cuantitativos. El ACP permitió reducir la información provista por los nueve caracteres agromorfológicos cuantitativos, a dos componentes principales que explicaron el 56% de la variabilidad total. La evaluación de la variabilidad fenotípica genera información valiosa para realizar estudios genéticos, es trascendental para la utilización de los recursos genéticos disponibles y permite establecer la relación entre genotipo y fenotipo.

Palabras clave: *maíz, genoma, líneas endocriadas, caracteres agromorfológicos, variabilidad fenotípica.*

MAIZE INBRED LINES PHENOTYPIC CHARACTERIZATION

The maize genome is complex, and has a very high level of diversity, compared with other crops and model plant species, so it is used as model specie in genetic studies on quantitative traits of agronomic interest. The present study was conducted to characterize phenotypically a diverse group of 123 inbred maize lines developed in the International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT). The trial was perform in the experimental field of UNRC during the summer 2015/2016. The experimental design was a randomized complete design. The phenotypic characterization was carried out by 12 agromorphological traits. The traits were analyzed by descriptive statistics, frequency histograms and distribution graphics. The range of variation for the measured agromorphological traits indicate that the maize inbred lines evaluated show a wide phenotypic variability in this environment. The multiple correspondence analysis was performed for the categorical traits and the principal components analysis for the quantitative traits. Phenotypic data matrix was reduced to two main components that explained 56% of the total variability. Phenotypic variability evaluation allows the generation of valuable information for genetic studies. This information is important for the use of genetic resources available to establish the relationship between genotype and phenotype.

Keywords: *maize, genome, inbred lines, agromorphological traits, phenotypic variability.*

INTRODUCCION

El maíz es uno de los cultivos más importantes y extendidos a nivel mundial. Se trata de una de las primeras plantas que se domesticaron y se difundieron por todo el mundo (Sánchez Ortega, 2014). El maíz, pertenece a la familia de las Poáceas (Gramíneas), tribu Maydeas, y es la única especie cultivada de este género (Paliwal, et. al. 2001).

Según las proyecciones del USDA (2017), la producción de maíz en Argentina se estima en 42 millones de toneladas, un 54% más que en 2013-2014. Las principales regiones productoras de maíz son el centro de la provincia de Córdoba que produjo en la última campaña el 31% del total, la provincia de Buenos Aires con el 27% de participación y Santa Fe con el 9% (Agrofy news, 2016). En la provincia de Córdoba, la superficie sembrada con este cereal se incrementó hasta alcanzar 1.940.000 ha (Figuras 1 y 2).

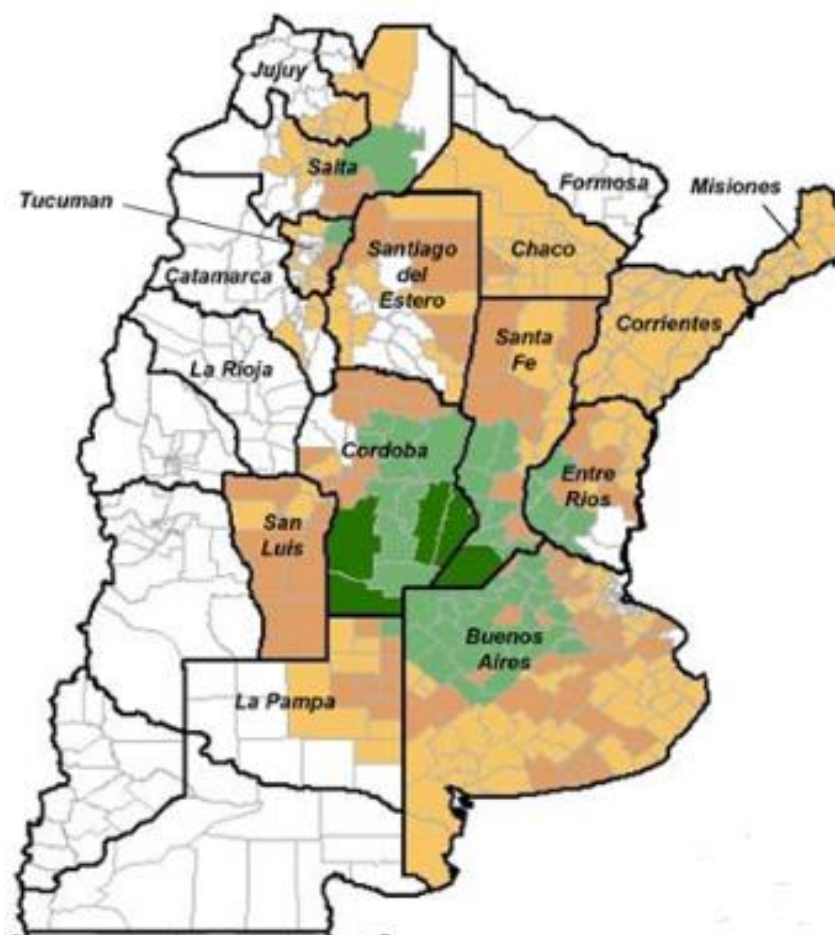


Figura 1: Áreas productoras de maíz en Argentina. Fuente: Agrofy news 2016.

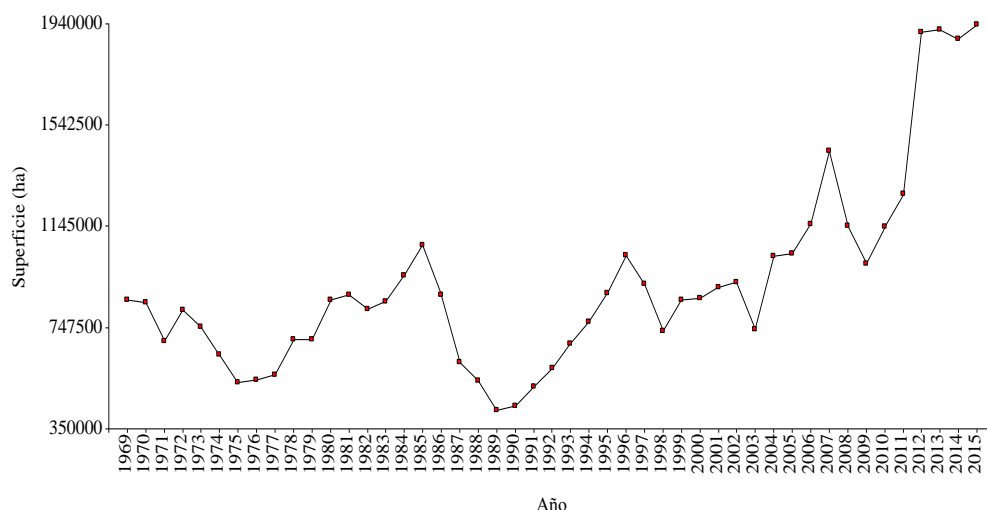


Figura 2: Evolución del área sembrada de maíz en la provincia de Córdoba, desde el año 1969 hasta el año 2016. Elaborado a partir de estadísticas del Ministerio de Agroindustria de la Presidencia de la Nación (2017). Fuente: Ruiz (2017).

Debido a la variabilidad genética disponible, el maíz es un excelente modelo para comprender la variación natural (Wallace *et al.*, 2014). El genoma es complejo y posee un alto nivel de diversidad en comparación con otros cultivos y especies de plantas (Romay *et al.*, 2013). El maíz es usado como especie modelo en estudios genéticos sobre caracteres cuantitativos de interés agronómico (Liu *et al.*, 2014).

El estudio de estos caracteres es importante para mejorar la eficiencia de los programas de mejoramiento genético y como herramienta para entender procesos básicos del desarrollo, fisiología y bioquímica en plantas (Hansey *et al.*, 2011). Alrededor de dos tercios del total de genes tienen una función bioquímica conocida, y solo una fracción de ellos están asociados con un fenotipo determinado (Xu, 2010). La variación fenotípica se produce según una compleja red de interacciones entre el genotipo y el ambiente, tal mapa genotipo-fenotipo es inaccesible sin los datos fenotípicos detallados que permitan el estudio de dichas interacciones (Houle *et al.*, 2010).

Con la creciente disponibilidad de datos genómicos polimórficos y el potencial de explorar los eventos de recombinación que han ocurrido en la historia evolutiva de un germoplasma específico, los estudios de mapeo por asociación se han convertido en una alternativa de gran alcance para la disección de caracteres cuantitativos en plantas (Hao *et al.*, 2015). El mapeo por asociación es un método alternativo para la identificación de variantes genéticas que contribuyen a caracteres cuantitativos (Warburton *et al.*, 2015). Esta estrategia de mapeo utiliza poblaciones con desequilibrio por ligamiento (DL), el cual consiste en asociaciones no al azar entre alelos de diferentes *loci* (Würschum, 2012). Permite explorar la variabilidad genética en líneas que no forman parte de un esquema de cruzamiento específico (Zhao *et al.*, 2014). Por ello, las

colecciones de germoplasma como las líneas de maíz desarrolladas por el Centro Internacional de Mejoramiento del Maíz y Trigo (CIMMYT), podrían ser materiales adecuados para estudios de este tipo.

La evaluación de la variabilidad fenotípica es trascendental para la utilización de los recursos genéticos disponibles en colecciones de germoplasma (Franco *et al.*, 2001). La caracterización fenotípica puede ser utilizada para identificar diversos subgrupos en el germoplasma (Flint-García *et al.*, 2005). La elección de germoplasma es fundamental en los análisis de asociación y debe abarcar tanta variación fenotípica como sea posible. Genotipos de maíz como las líneas endocriadas son un recurso fundamental para estudios de genética y mejoramiento vegetal (Liu *et al.*, 2003).

Conocer la relación entre las líneas podría ayudar a identificar un conjunto de las mismas que tengan la máxima diversidad (Liu *et al.*, 2003). Para ello es imprescindible medir caracteres fenotípicos de un conjunto de líneas endocriadas de maíz y evaluar la relación entre caracteres, entre genotipos y entre caracteres y genotipos. La diversidad genética entre genotipos ha sido generalmente estimada a partir de caracteres fenotípicos, aunque existen limitaciones debido a la interacción que presentan estos caracteres con el ambiente (Mienie and Fourie, 2013).

HIPOTESIS

La caracterización de la variabilidad fenotípica presente en un grupo diverso de líneas endocriadas de maíz, proporciona información valiosa para estudios de mapeo por asociación.

OBJETIVO GENERAL

Caracterizar fenotípicamente un grupo diverso de líneas endocriadas de maíz provenientes del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT).

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- I. Analizar la variabilidad fenotípica de un grupo diverso de líneas endocriadas de maíz.
- II. Identificar y describir correlaciones entre caracteres medidos en el grupo diverso de líneas endocriadas de maíz.
- III. Generar información para ser usada en estudios genéticos.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material Vegetal y Ensayo de Campo

Un grupo diverso de 123 líneas de maíz desarrolladas en el Centro Internacional Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) de México, fue caracterizado por su fenotipo (Cuadro 1). La evaluación de las líneas de maíz se realizó en el campo experimental de la Facultad de Agronomía y Veterinaria de la Universidad Nacional de Río Cuarto (CAMDOCEX, UNRC; 33° 06' S; 64° 17' O). El diseño utilizado fue un diseño completamente al azar. Cada genotipo se estableció en parcelas de un surco de 2,0 m de largo espaciados a 0,52 m, contemplando el uso de cuatro surcos de maíz híbrido como bordura. La siembra de cada genotipo se realizó de forma manual con bastón sembrador durante la primera semana de noviembre del 2015 (Figura 1). La densidad usada, de cinco semillas por metro lineal, fue la considerada normal cuando se siembran maíces híbridos en la zona y se controló el establecimiento de un mismo número de plantas, ya que variaciones en la densidad modifican determinadas características del cultivo como, peso por planta, desarrollo, altura (Cisint *et al.*, 2007).

Cuadro 1. Número e identificación de cada una de las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en la localidad de Río Cuarto, provincia de Córdoba, Argentina.

A	B	A	B	A	B	A	B	A	B
2	CML2	61	CML102	99	CML267	145	CML320	269	CML533
6	CML6	62	CML103	101	CML269	148	CML359	270	CML534
11	CML11	63	CML104	102	CML270	157	CML380	276	CML543
12	CML12	64	CML105	103	CML271	158	CML381		
13	CML13	65	CML106	104	CML272	159	CML382		
14	CML14	66	CML107	105	CML273	160	CML383		
16	CML16	67	CML108	106	CML274	161	CML384		
17	CML17	68	CML109	107	CML275	162	CML385		
27	CML42	69	CML110	109	CML277	163	CML386		
28	CML43	72	CML124	110	CML278	164	CML387		
33	CML59	73	CML125	111	CML279	167	CML391		
39	CML71	74	CML126	114	CML282	170	CML394		
40	CML72	75	CML127	120	CML288	172	CML402		
41	CML76	77	CML133	122	CML290	174	CML408		
42	CML77	80	CML137	125	CML293	175	CML409		
44	CML79	81	CML177	128	CML296	181	CML429		
45	CML80	82	CML178	129	CML297	195	CML444		
47	CML82	83	CML179	130	CML298	197	CML446		
48	CML83	84	CML180	131	CML299	199	CML448		
49	CML84	86	CML184	132	CML300	202	CML451		
50	CML91	87	CML223	133	CML301	223	CML474		
51	CML92	88	CML224	134	CML302	229	CML480		
52	CML93	91	CML227	135	CML303	245	CML498		
53	CML94	92	CML228	136	CML304	249	CML502		
55	CML96	93	CML229	137	CML305	260	CML516		
56	CML97	94	CML235	138	CML306	261	CML517		
57	CML98	95	CML247	140	CML308	263	CML521		
58	CML99	96	CML248	141	CML311	265	CML523		
59	CML100	97	CML249	142	CML312	267	CML531		
60	CML101	98	CML266	143	CML315	268	CML532		

A: identificación utilizada en este estudio. B: Identificación provista por CIMMYT.



Figura 3. Siembra del ensayo, con bastón sembrador, en el campo experimental de la UNRC durante el ciclo agrícola 2015/2016.

Caracterización del fenotipo

El grupo diverso de 123 líneas de maíz fue caracterizado fenotípicamente mediante los caracteres agromorfológicos forma de panoja (FP), tipo de grano (TP), color de grano (CG), días a floración femenina (DFF), días a floración masculina (DFM), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), relación AP/AE, ángulo de la primera (AH1) y de la segunda hoja (AH2) superior a la espiga, peso de la materia seca (PS) y peso de la materia verde (PV). Para el carácter forma de panoja se establecieron tres categorías: laxa (L), intermedia (I) y compacta (C) (Figura 5). Además, el carácter tipo de grano se clasificó en dentado (D), intermedio (I) y flint (F), y se identificaron las categorías anaranjado (A) y blanco (B), para el carácter color de grano (Figura 6).

Los caracteres DFF y DFM, se definieron cuando el 50% de las plantas de cada surco alcanzó ese estadio. El carácter AP se midió desde la base del suelo hasta el extremo de la panoja y el carácter AE se midió desde la base del suelo hasta la inserción de la primera espiga, siendo ambos expresados en la unidad de medida centímetros. Los caracteres AH1 y AH2, se midieron mediante un transportador, registrando el ángulo entre el tallo principal y la nervadura central de la hoja, siendo ambos expresados en la unidad de medida grado sexagesimal ($^{\circ}$).

Posteriormente se realizó el seguimiento del cultivo. La cosecha de la planta entera para la determinación del peso seco (PS) y peso verde (PV), se efectuó entre el 24 de marzo y el 15 de abril, al estado de $\frac{1}{4}$ de línea de leche, teniendo en cuenta las siguientes características sugeridas por Filya (2004) y Romero (2005):

1. Consistencia del grano (se tiene una aproximación al presionar con la uña).
2. Color amarillo en el total de las brácteas y de las hojas del tercio superior.
3. Relación peso del grano y peso de la planta entera (aproximadamente 0,3-0,33).
4. Posición de la línea de leche (1/3 desde la parte inferior del grano, es decir de la que tiene contacto con el marlo) (Figura 4).

Se tomaron dos muestras, cada una constituida por una planta entera, las cuales fueron extraídas realizando un corte a 5 cm del suelo con tijera de podar de mango largo. En la determinación de la materia seca total, las muestras se secaron en estufa con circulación forzada de aire a 105 °C para eliminar el agua libre. Esta muestra no puede ser usada para los análisis químicos debido a que a una temperatura mayor a 65 °C ocurre la reacción de Maillard alterando la estructura original de la muestra (AOAC, 1990).

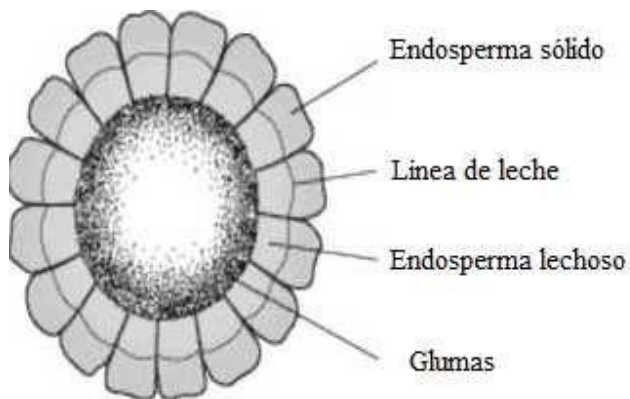


Figura 4. Posición de la línea de leche en los granos de maíz recomendada para el momento de la determinación del peso seco.



Figura 5. Categorías del tipo de panoja observado en el grupo diverso de 123 líneas de maíz de CIMMYT, evaluadas en el campo experimental de la UNRC durante el ciclo agrícola 2016-2017.

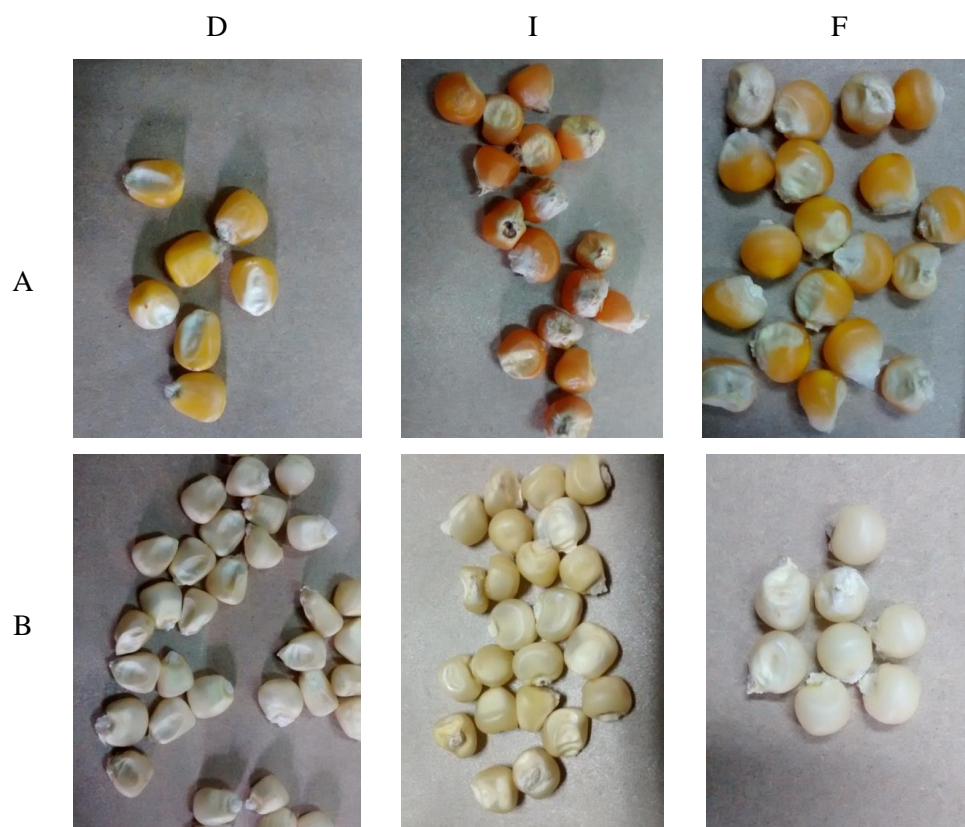


Figura 6. Tipo de grano y color de grano observado en el grupo diverso de 123 líneas de maíz de CIMMYT, evaluadas en el campo experimental de la UNRC durante el ciclo agrícola 2015-2016.
D: dentado; I: intermedio; F: Flint. A: anaranjado; B: blanco

Análisis estadístico del fenotipo

La descripción de los datos fenotípicos medidos en el grupo diverso de líneas de maíz, se realizó mediante estadística descriptiva (medidas de resumen). Para los caracteres categorizados FP, TG y CG, se realizaron gráficos de sectores para analizar la distribución de frecuencias y representar contribuciones porcentuales a un total. Para el resto de los caracteres, se graficaron histogramas de frecuencias con la finalidad de aproximar las distribuciones teóricas subyacentes en cada carácter.

Los caracteres agromorfológicos fueron analizados con un enfoque multivariado como, el análisis de correspondencia múltiple (ACM) y el análisis de componentes principales (ACP). El ACM realizado para los caracteres FP, TG y CG, es una técnica exploratoria que permitió representar gráficamente filas y columnas de una tabla de contingencia e identificar, a través de su correspondiente gráfico biplot, las asociaciones de mayor peso entre las categorías de cada uno de los tres caracteres cualitativos. El ACP, fue utilizado para analizar la interdependencia entre los caracteres DFF, DFM, AP, AE, AP/AE, AH1, AH2, PS, PV y encontrar una representación gráfica de la variabilidad presente. El gráfico biplot generado a partir de éste último análisis, permitió visualizar los genotipos y los caracteres en un mismo espacio, también hizo posible identificar asociaciones entre genotipos, entre caracteres y entre caracteres y genotipos. Los análisis se realizaron mediante el programa estadístico INFOSTAT (Di Rienzo et al., 2017).

RESULTADOS

Condiciones climáticas

El total de precipitaciones durante el ciclo del cultivo fue de 324 mm, las cuales presentaron la distribución que se muestra en el Cuadro 2. Como se puede observar, las precipitaciones no fueron uniformes, registrándose los valores más altos en los meses de enero y febrero, y el valor más bajo durante el mes de marzo.

Cuadro 2. Precipitación pluvial (pp) mensual en milímetros (mm), durante el ciclo agrícola 2015/2016 en la localidad de Río Cuarto, provincia de Córdoba.

	Diciembre 2015	Enero 2016	Febrero 2016	Marzo 2016
pp (mm)	111	157	167	85

Medidas de resumen de los caracteres medidos

Para describir los caracteres cuantitativos, se aplicó estadística descriptiva. Las medidas de resumen para los nueve caracteres agromorfológicos cuantitativos se presentan en el Cuadro 3.

Se puede observar que la media del ángulo de la primera y segunda hoja fue de 24.20 y 24.77 cm respectivamente, mientras que la media de los días a floración masculina fue de 76.51 días y 80.85 días los correspondientes a la floración femenina.

La altura de planta varió entre 160 y 265 cm con una media de 201.10 cm. En altura de la espiga se observó una media de 99.86 cm con un mínimo de 50 y un máximo de 145 cm. En general la AP fue el doble de la AE. El peso verde osciló entre 220 y 1310 gramos y el peso seco entre 60 y 570 gramos, con una media de 640 y 210 gramos, respectivamente.

Cuadro 3. Media, error estándar (EE), valor mínimo (Mín.) y máximo (Máx.) para los nueve caracteres agromorfológicos cuantitativos medidos en las 123 líneas de maíz de CIMMYT evaluadas en el sur de la provincia de Córdoba, Argentina, durante el ciclo agrícola 2015-2016.

Carácter	Media	EE	Mín.	Máx.
DFF	80.85	0.41	69.00	94.00
DFM	76.51	0.36	67.00	91.00
AP	201.10	1.37	160.00	265.00
AE	99.86	1.22	50.00	145.00
AP/AE	2.06	0.02	1.52	3.74
AH1	24.20	0.52	10.00	51.00
AH2	24.77	0.48	10.00	50.00
PS	0.21	0.01	0.06	0.57
PV	0.64	0.01	0.22	1.31

DFF: días a floración femenina; DFM: días a floración masculina; AP: altura de planta; AE: altura de espiga; AP/AE: relación AP/AE; AH1: ángulo de la primera hoja superior a la espiga; AH2: ángulo de la segunda hoja superior a la espiga; PS: peso seco; PV: peso verde.

Estadística descriptiva univariada

En la Figura 7 se representa un gráfico de sectores para el carácter forma de panoja. Esto permite ver la cantidad de genotipos que poseen una determinada forma de panoja.

El 73% de los genotipos evaluados poseen panoja laxa, mientras que un 21 % posee panoja de forma intermedia. Un menor porcentaje de genotipos posee forma compacta (6%).

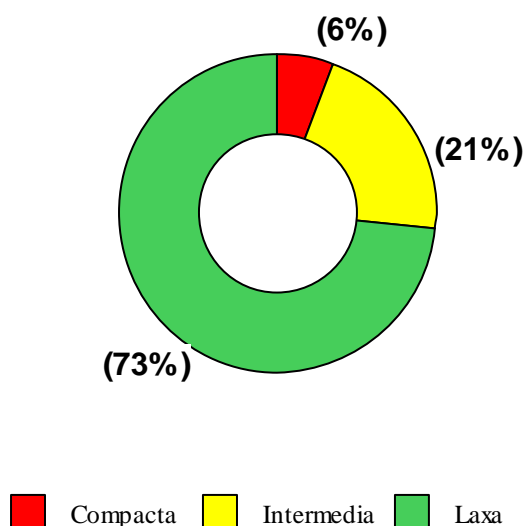


Figura 7. Distribución de la frecuencia del carácter forma de panoja en las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en el sur de la provincia de Córdoba, Argentina, durante el ciclo agrícola 2015-2016.

En la Figura 8 se presenta un gráfico de sectores que permite ver la cantidad de genotipos que poseen un determinado tipo de grano.

El 41% de los genotipos evaluados poseen tipo de grano intermedio, mientras que el 34 % poseen grano de tipo dentado. Las categorías de grano dentado solo está presente en un menor número de genotipos (24%).

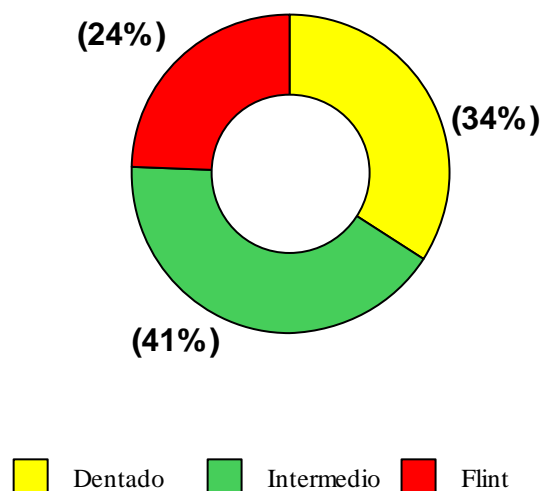


Figura 8. Distribución de la frecuencia del carácter tipo de grano en las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en el sur de la provincia de Córdoba, Argentina, durante el ciclo agrícola 2015-2016.

La distribución de frecuencias para el carácter color de grano se presenta en la Figura 9. Se puede apreciar que el 72% de los genotipos tienen granos blancos, mientras que el resto (28%) posee grano color anaranjado.

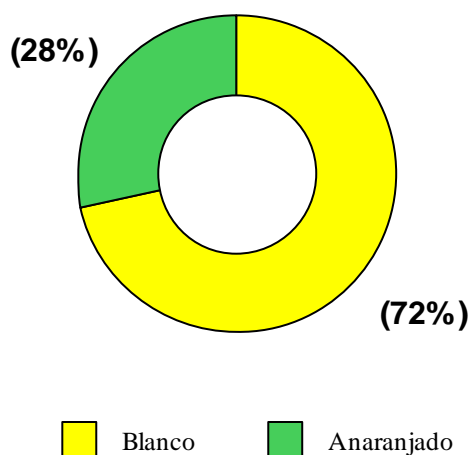


Figura 9. Distribución de la frecuencia del carácter color de grano en las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en el sur de la provincia de Córdoba, Argentina, durante el ciclo agrícola 2015-2016.

Los histogramas de frecuencias permiten aproximar la distribución teórica subyacente en cada carácter. En la Figura 10 se muestran los gráficos de distribución de frecuencias de los

caracteres ángulo de la primera hoja sobre la espiga (A) y ángulo de la segunda hoja sobre la espiga (B). En el gráfico A se puede observar una distribución sesgada hacia la derecha en la cual, aproximadamente el 80% de los genotipos presentaron un ángulo de la primera hoja sobre la espiga, menor a 30°, mientras que los genotipos restantes tuvieron un ángulo mayor a 30°. Observando el gráfico B se puede apreciar una asimetría menos acentuada que en el gráfico A, y que el 85% de los genotipos presentaron un ángulo de la segunda hoja sobre la espiga menor a 30° y el resto, mayor a 30°.

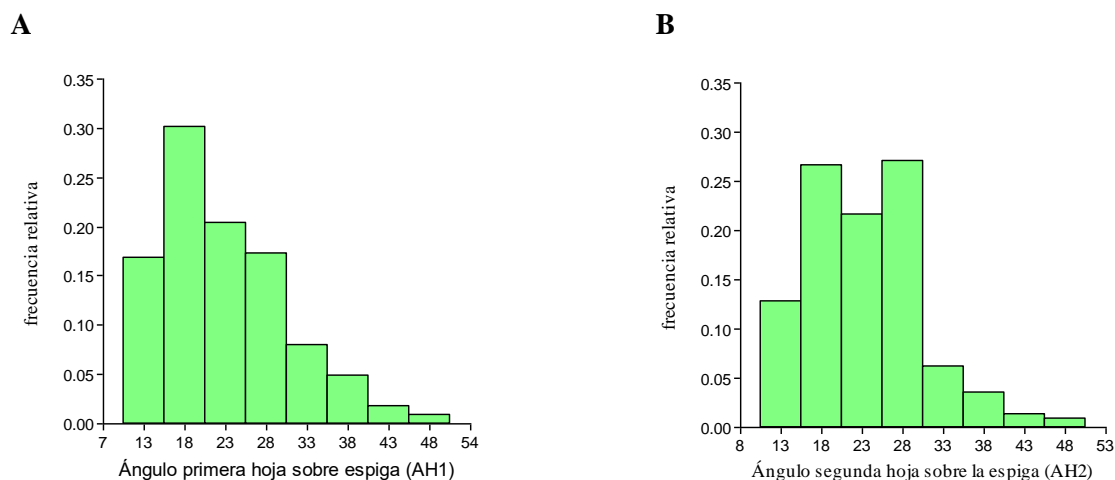


Figura 10. Distribución de la frecuencia relativa de los caracteres ángulo de la primer hoja sobre la espiga (A) y ángulo de la segunda hoja sobre la espiga (B) en las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en el sur de la provincia de Córdoba, Argentina, durante el ciclo agrícola 2015-2016.

Las distribuciones para los caracteres altura de planta, altura de espiga y la relación entre altura de planta y altura de espiga se presentan en la Figura 11. La distribución para ambos caracteres se asemeja a una distribución normal. El 80% de las líneas de maíz tiene una altura de planta que varía entre 175 y 235 cm (Figura 11 A). Para el carácter altura de espiga, el 95% de los genotipos presentan entre 66 y 129 cm (Figura 11 B). En la Figura 11 C se observa que en la mayoría de los genotipos la altura de planta duplica a la altura de espiga.

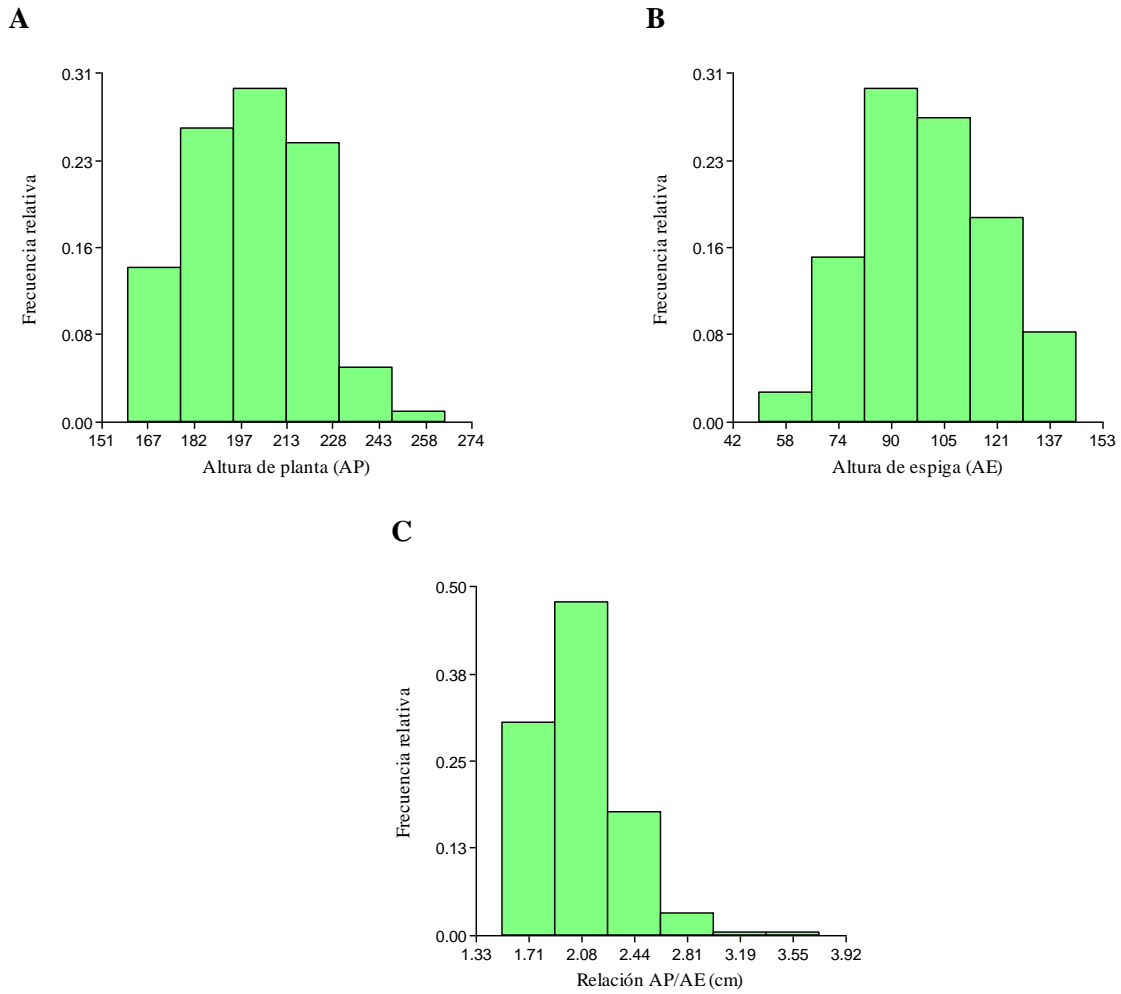


Figura 11. Distribución de la frecuencia relativa de los caracteres altura de planta (A), altura de espiga (B) y relación entre altura de planta y altura de espiga (C) en las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en el sur de la provincia de Córdoba, Argentina, durante el ciclo agrícola 2015-2016.

Los gráficos de distribución de frecuencias para los caracteres días a floración masculina (A) y días a floración femenina (B), se muestran en la Figura 12. En el gráfico A se puede observar que la floración masculina, presentó una distribución parcialmente sesgada hacia la derecha y que en el 98% de los genotipos, osciló entre 68 y 84 días. Mientras que la floración femenina, ocurrió entre los 76 y 87 días en aproximadamente el 70% de los genotipos (Figura 12 B).

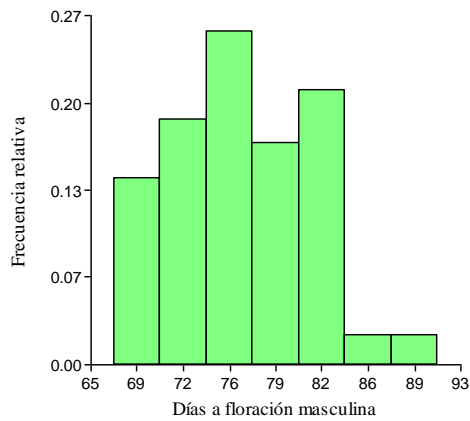
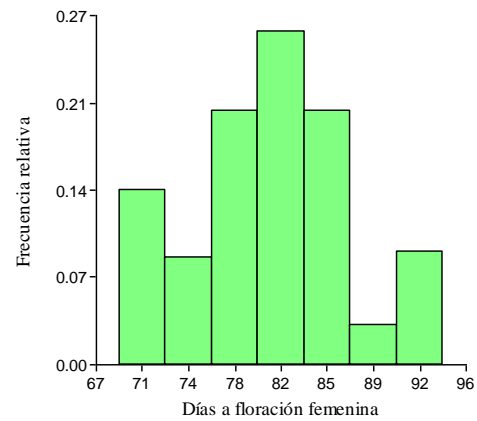
A**B**

Figura 12. Distribución de la frecuencia relativa de los caracteres días a floración masculina (A) y días a floración femenina (B) en las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en el sur de la provincia de Córdoba, Argentina, durante el ciclo agrícola 2015-2016.

En la Figura 13 se muestran los gráficos de distribución de los caracteres peso verde (A) y peso seco (B). Para ambos caracteres se puede observar una distribución parcialmente normal, ligeramente sesgada hacia la derecha. El carácter peso verde, osciló entre 380 y 1000 gr, para el 95% de los genotipos. En cuanto al peso seco, el 82% de los genotipos presentaron un peso que varió entre 65 y 325 gr.

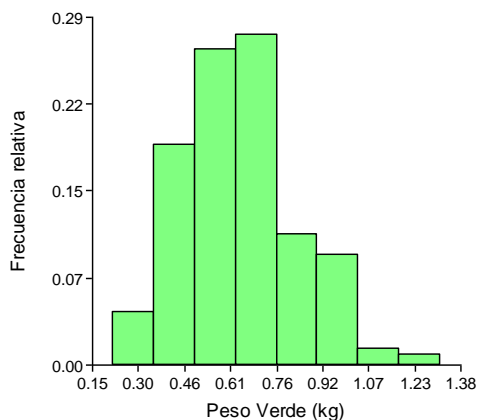
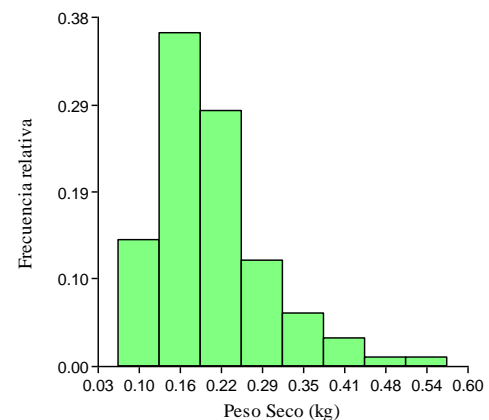
A**B**

Figura 13. Distribución de los caracteres peso verde (A) y peso seco (B) en las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en el sur de la provincia de Córdoba, Argentina, durante el ciclo agrícola 2015-2016.

Análisis estadístico multivariado

Análisis de correspondencia múltiple

En la Figura 14 se visualizan las dos primeras dimensiones del análisis de correspondencia múltiple de los caracteres tipo de grano, color de grano y forma de panoja. El gráfico sugiere, que los genotipos con tipo de grano flint son generalmente de color anaranjado, mientras que los genotipos de grano dentado son blancos. Los genotipos con tipo de grano intermedio se correlacionaron de forma negativa con forma de panoja compacta. Mientras que los genotipos con tipo de grano dentado, color de grano blanco y forma de panoja intermedia y laxa, se presentaron aislados en el gráfico.

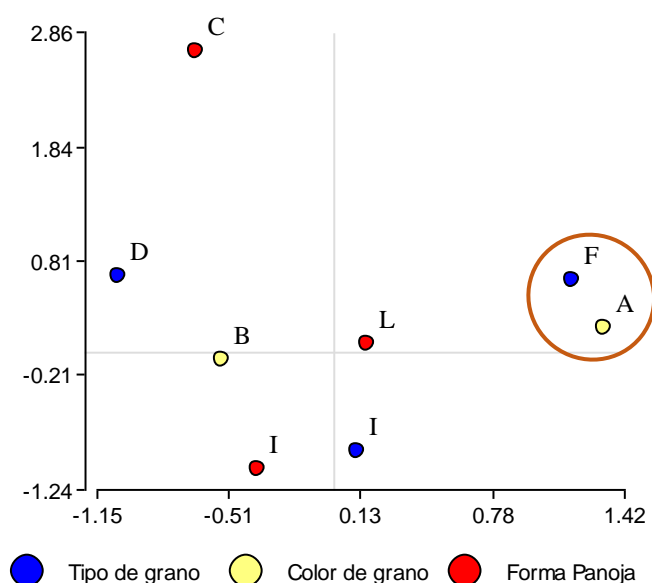


Figura 14. Gráfico obtenido del análisis de correspondencia múltiple de los caracteres forma de panoja, tipo de grano y color de grano en las 123 líneas de maíz del CIMMYT evaluadas en el sur de la provincia de Córdoba, Argentina, durante el ciclo agrícola 2015-2016.

C: panoja compacta, I: panoja intermedia, L: panoja laxa; D: grano dentado, I: grano intermedio, F: grano flint; B: grano blanco, A: grano anaranjado.

Análisis de componentes principales

En la Figura 15 se presenta el gráfico biplot generado a partir de las dos primeras componentes principales (CP) obtenidas del análisis de componentes principales (ACP) con nueve caracteres agromorfológicos. Las dos primeras CP explicaron el 56% de la variabilidad total. En el gráfico se observa que los caracteres que más contribuyen a la CP1 son altura de planta, altura de espiga, días a floración masculina y días a floración femenina, que se encuentran asociados positivamente entre ellos. A su vez se observa asociación negativa entre altura de espiga y la relación AP/AE. La asociación negativa entre estos caracteres indica que en los

genotipos con una altura de espiga mayor, esto no se debe, necesariamente, a una mayor altura de planta, a pesar de que en los gráficos anteriores se observaba que generalmente la altura de planta era el doble que la altura de la espiga. Los caracteres que más contribuyen a la CP2 son el ángulo de la primera y segunda hoja sobre la espiga, peso verde y peso seco, que presentan asociación positiva entre ellos. También se observa la asociación positiva entre los caracteres altura de planta y peso verde. Respecto a la distribución de los genotipos en el gráfico se observa que las líneas 96, 99, 195, 260 y 267 se asociaron con AP y AE y las líneas 27, 160, 161 y 276 con los caracteres DFM y DFF. Por otro lado, las líneas 84 y 132 se asociaron con el carácter AP/AE. Además, las líneas 80 y 131 se asociaron con AH1 y AH2. Por último los genotipos 92, 93 y 107 se presentaron asociados a PV y PS.

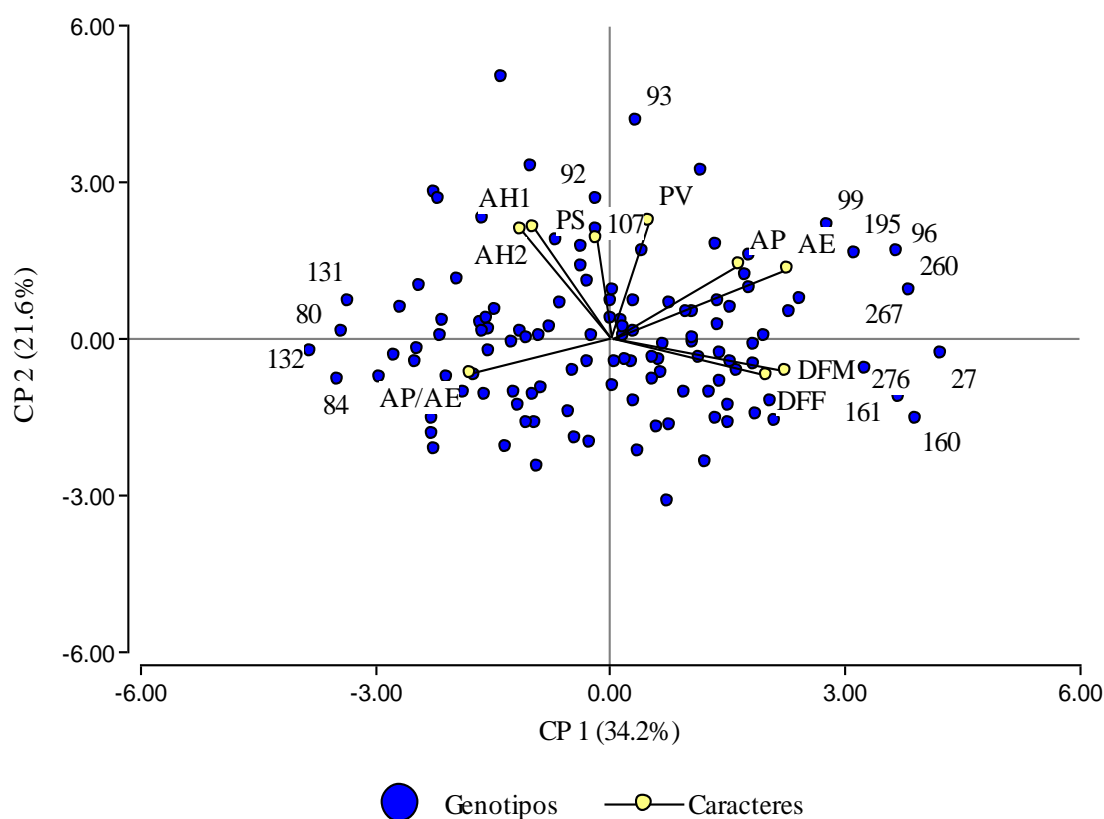


Figura 15. Gráfico biplot del análisis de componentes principales de nueve caracteres agromorfológicos en las 123 líneas de maíz de CIMMYT evaluadas en el sur de la provincia de Córdoba, Argentina, durante el ciclo agrícola 2015-2016.

AH1: ángulo de la primera hoja sobre la espiga; AH2: ángulo de la segunda hoja sobre la espiga; AP: altura de planta; AE: altura de espiga; AP/AE: relación altura de planta y altura de espiga; DFM: días a floración masculina; DFF: días a floración femenina; PV: peso verde y PS: peso seco.

Cuadro 4. Autovectores (e1 y e2) de cada carácter en el análisis de componentes principales.

Caracteres	e1	e2
DFF	0.42	-0.15
DFM	0.47	-0.13
AP	0.35	0.30
AE	0.47	0.28
AP/AE	-0.38	-0.14
AH1	-0.21	0.45
AH2	-0.24	0.44
PS	-0.04	0.40
PV	0.10	0.47

DFF: días a floración femenina; DFM: días a floración masculina; AP: altura de planta; AE: altura de inserción de espiga; AP/AE: relación altura de planta y altura de espiga; AH1: ángulo de la primera hoja superior a la espiga; AH2: ángulo de la segunda hoja superior a la espiga; PS: peso seco y PV: peso verde.

DISCUSION

El CIMMYT se dedica a la investigación y mejoramiento del maíz y trigo centrándose en mejorar los medios de vida de las personas y promover sistemas más productivos y sostenibles para ocuparse de problemas críticos, como la inseguridad alimentaria, la desnutrición, el cambio climático y la degradación del medioambiente (CIMMYT, 2018).

Conocer la variabilidad fenotípica existente entre diversos caracteres agromorfológicos y genotipos es imprescindible en los programas de mejoramiento genético (Beyene et al., 2005).

El grupo diverso de 123 líneas de maíz evaluadas en este estudio mostró estar sometidas a varios años de mejoramiento ya que la mayoría de las líneas presenta hojas erectas e intervalos antesis-estigma breves. Las hojas verticales mejoran la capacidad de la planta de capturar la luz solar para la fotosíntesis cuando la densidad de plantas es alta y el intervalo antesis estigma breve permite obtener mayor sincronía floral y grado de fecundación que por ende, deriva en un mayor número de granos. Estos caracteres permiten que los procesos que contribuyen a obtener mayor rendimiento, sean más eficientes. Históricamente, en los programas de mejoramiento no se aplicó selección específica para estos caracteres. Sin embargo, fueron seleccionados indirectamente, al seleccionar para mayor rendimiento durante un largo período de tiempo (Duvick, 2004).

El grado de adaptación de las plantas al ambiente se refleja en el tiempo a floración que presentan las distintas líneas evaluadas lo que permite observar cómo las plantas adecuan las fases de crecimiento vegetativo y reproductivo a los efectos climáticos locales. La asincronía entre la floración masculina y femenina en el maíz puede ser adaptativa y puede dar como resultado, importantes pérdidas en condiciones de sequía, especialmente en las uniformes variedades modernas (Buckler et al., 2009). En este trabajo se pudo observar que algunas de las líneas endocriadas de maíz evaluadas presentan asincronía floral, estrategia que les permitiría adaptarse a ambientes con diferentes condiciones, mientras que otro grupo de líneas, con menor diferencia entre los días a floración masculina y femenina, mostraron estar mejor adaptadas al ambiente de estudio evaluado.

Los histogramas mostraron la distribución de la población respecto a caracteres cuantitativos. También permitieron evidenciar comportamientos, como la homogeneidad entre los valores de los genotipos que componen la población y el grado de variabilidad. La distribución de los caracteres como altura de planta y altura de espiga para el ambiente de Rio Cuarto es semejante a la observada en la tesis de Ruiz (2017). En la mencionada tesis se evaluó la reacción de un conjunto de líneas de maíz del CIMMYT frente al Virus del Mal de Rio Cuarto, en diversos ambientes. Los resultados encontrados fueron concordantes, lo cual es de esperar ya que en el presente trabajo se utilizaron algunas líneas en común.

El análisis de componentes principales (ACP) y el de correspondencia múltiple (ACM) resultaron ser técnicas adecuadas para reducir dimensiones y facilitar la interpretación de la interrelación entre caracteres y líneas (ACP). Mientras que el ACM permitió evaluar la asociación entre las categorías de cada carácter (ACM), como mencionaron Balzarini et al. (2008).

El gráfico biplot del ACP permitió apreciar que los caracteres que más explicaron la variabilidad total fueron altura de planta, altura de espiga, días a floración masculina, días a floración femenina, ángulo de la primera y segunda hoja sobre la espiga, peso verde y peso seco. Los cuatro primeros caracteres contribuyeron a la CP1 mientras que los últimos cuatro lo hicieron para la CP2.

Rossi (2013) evaluó en Río Cuarto un conjunto de híbridos comerciales de maíz (*Zea mays* L.) por su aptitud para silaje, mediante caracteres agromorfológicos y parámetros de calidad. Para esto uno de los análisis utilizados fue el de componentes principales al igual que en este ensayo, y observando el análisis en ambos ensayos se pueden detectar ciertas similitudes y diferencias. La principal diferencia es que el autor mencionado realizó su trabajo sobre híbridos de maíz, midiendo similares características a las de este estudio, incluyendo además resultados de análisis de calidad, mientras que en el presente trabajo se midieron solamente caracteres fenotípicos, utilizando líneas endocriadas de maíz. Otra diferencia es que el autor llega a explicar un 80% de la variabilidad, mientras que aquí solo se explica el 60%, pero en ambos trabajos esa variabilidad se explica con sólo dos componentes principales.

Tal como establecen Franco et al. (2001) y Houle et al. (2010), la evaluación de la variabilidad fenotípica es trascendental para la utilización de los recursos genéticos disponibles cuando se quiere establecer cuál es la relación entre el genotipo y el fenotipo. La evaluación fenotípica del grupo diverso de líneas endocriadas estudiadas permitió identificar distintos grupos de genotipos. Los resultados obtenidos son de importancia ya que es posible utilizar este conjunto de líneas de maíz para realizar estudios de mapeo por asociación. Estos estudios son actualmente una alternativa de gran alcance para la disección de caracteres cuantitativos de interés agronómico en plantas (Hao et al., 2015).

En concordancia con lo expuesto por Flint-García (2005), los resultados mostraron una variación fenotípica importante para el ambiente de evaluación. Este estudio permite proporcionar información valiosa, aunque debería ser complementado con estudios en otros ambientes. La caracterización fenotípica del grupo diverso de líneas de maíz de CIMMYT permite identificar que existen subgrupos de líneas en este germoplasma.

Esta información, en conjunto con información fenotípica de caracteres de interés, obtenidos en múltiples ambientes de evaluación, permitiría identificar QTL para realizar selección asistida por marcadores en programas locales de mejoramiento genético de maíz. Esto brindaría numerosas ventajas a los mejoradores genéticos de instituciones tanto públicas como

privadas. La selección asistida por marcadores permite evaluar genotipos en estadios juveniles aun cuando se trata de caracteres que se expresan al final de la vida del organismo. Tiene la capacidad de permitir seleccionar para caracteres de interés agronómico que son difíciles de evaluar fenotípicamente e insumen importantes costos y tiempo. Además, permite distinguir individuos homocigotos de los heterocigotos en una sola generación, sin necesidad de realizar pruebas de progenie.

CONCLUSIONES

La población de 123 líneas endocriadas de maíz del CIMMYT presenta amplia variabilidad fenotípica para los 12 caracteres agromorfológicos medidos.

Existen asociaciones entre caracteres cualitativos, entre caracteres cuantitativos, así como también entre algunas líneas de maíz y caracteres cuantitativos.

Los resultados obtenidos, constituyen información valiosa en estudios de mapeo por asociación para identificar QTL a ser utilizados en selección asistida por marcadores.

BIBLIOGRAFIA

- Agrofy News. 2016. Estimaciones de siembra. En: <https://news.agrofy.com.ar/especiales/maiz16-17/siembra-maiz>. Consultado: 17/10/2017.
- AOAC. 1990. *Official Methods of Analysis*. Association of Official Analytical Chemists. 15th Edition. Washington, DC, USA. p: 70-76.
- Balzarini M, L Gonzalez, M Tablada, F Casanoves, J Di Rienzo, C Robledo. 2008. Infostat. Manual del Usuario, Editorial Brujas, Córdoba, Argentina. 336 p.
- Beyene T, A Botha, A Myburg. 2005. Phenotypic diversity for morphological and agronomic traits in traditional Ethiopian highland maize accessions. *S Afri. J. Plant and Soil*. 22: 100-105.
- Buckler E, J Holland, P Bradbury, C Acharya, P Brown, C Browne, E Ersoz, S Flint-Garcia, A Garcia, J Glaubitz, M Goodman, C Harjes, K Guill, D Koon, S Larsson, N Lepak, H Li, S Mitchell, G Pressoir, J Peiffer, M Oropeza Rosas, T Rocheford, M Cinta Romay, S Romero, S Salvo, H Sanchez Villeda, H da Silva, Q Sun, F Tian, N Upadyayula, D Ware, H Yates, J Yu, Z Zhang, S Kresovich, M McMullen. 2009. The genetic architecture of maize flowering time. *Science* 325: 714-718.
- CIMMYT. 2018. CIMMYT Research Data Dataverse. En: <http://data.cimmyt.org/dvn/faces/study/TermsOfUsePage.xhtml?studyId=145&versionNumber=6&redirectPage=%2FFileDownload%2F%3FfileId%3D2279%26vdcId%3D1%26xff%3D0%26versionNumber%3D6&tou=download&vdcId=1>. Consultado: 30/01/2018.
- Cisint, J.C., G.O. Martin, M. Fernandez, A. Karlen, J. Toll Vera, M.G. Nicosia, M.B. Pellegrino y O. Arce. 2007. "Caracterización agronómica-productiva-nutricional de híbridos de maíz para silaje en la Cuenca Tampera de Trancas, Tucumán: I. Parámetros agronómicos y productivos". **Vº Reunión de Producción Vegetal y IIIº de Producción Animal del NOA**, Tucumán: p: 471-477.
- Di Rienzo J, F Casanoves, M Balzarini, L Gonzalez, M Tablada y C Robledo. InfoStat versión 2017. Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. En: <http://www.infostat.com.ar>. Consultado: 17/10/2017.
- Duvick D. 2004. Long-term selection in a commercial hybrid maize breeding program. *Plant Breed. Rev.* 24, Part 2. 109-151 In J. Janick (eds.) John Wiley & Sons, Inc., Hoboken, NJ.
- Filya, I. 2004. Nutritive value and aerobic stability of whole crop maize silage harvested at four stages of maturity. *Anim. Feed Sci. Technol.* 116: 141-150.

- Flint-Garcia S, A Thuillet, J Yu, G Pressoir, S Romero, S Mitchell, J Doebley, S Kresovich, M Goodman, E Buckler. 2005. Maize association population: a high-resolution platform for quantitative trait locus dissection. *Plant J.* 44: 1054-1064.
- Franco J, J Crossa, J Ribaut, J Betran, M Warburton y M Khairallah. 2001. A method for combining molecular markers and phenotypic attributes for classifying plant genotypes. *Theor. Appl. Genet.* 103: 944-952.
- Hansey C, J Johnson, R Sekhon, S Kaepler, N de Leon. 2011. Genetic diversity of a maize association population with restricted phenology. *Crop Sci.* 51: 704-715.
- Hao D, Y Cheng, G Chen, H Lu, M Shi, Z Zhang, X Huang, Y Mao, L Xue. 2015. Identification of significant single nucleotide polymorphisms for resistance to maize rough dwarf disease in elite maize (*Zea mays* L.) inbred lines. *Euphytica* 203: 109-120.
- Houle D, D Govindaraju, S Omholt. 2010. Phenomics: The next challenge. *Nat. Rev. Genet.* 11(12): 855-66.
- Liu K, M Goodman, S Muse, J Smith, E Buckler, J Doebley. 2003. Genetic structure and diversity among maize inbred lines as inferred from DNA microsatellites. *Genetics* 165: 2117-2128.
- Liu Y, J Guo, D Zhang, Y Zhao, L Zhu, Y Huang, J Chen. 2014. Genetic diversity and linkage disequilibrium estimation among the maize breeding germplasm for association mapping. *Int. J. Agric. Biol.* 16: 851-861.
- Mienie C, A Fourie. 2013. Genetic diversity in South African maize (*Zea mays* L.) genotypes as determined with microsatellite markers. *Afr. J. Biotechnol.* 12: 123-133.
- Paliwal R L, G Granados, H R Lafitte, y A D Violic. 2001. El maíz en los trópicos: Mejoramiento y Producción. FAO. Ed. FAO, Roma, p: 371.
- Romay M, M Millard, J Glaubitz, J Peiffer, K Swarts, T Casstevens, R Elshire, C Acharya, S Mitchell, S Flint-Garcia, M McMullen, J Holland, E Buckler, C Gardner. 2013. Comprehensive genotyping of the USA national maize inbred seed bank. *Genome Biol.* 14: R55.
- Romero, L A. 2005. Producción Animal. Maíz para silo, el momento de corte. En: <http://produccionanimal.com.ar/produccionymanejoreservas/reservassilos/maizparasilomomentocorte.htm>. Consultado: 30-07-2012.
- Rossi E. 2013. *Evaluación de híbridos de maíz por su aptitud para silaje*. Tesis de Grado. Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Río Cuarto, Argentina. 55 p.
- Ruiz M. 2017. *Reacción de Líneas de Maíz al Virus del Mal de Río Cuarto*. Tesis de Grado. Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Río Cuarto, Argentina. 39 p.

- Sánchez Ortega I. 2014. Maíz I (*Zea mays*). *Reduca* 7 (2): 151-171
- USDA. Foreign Agricultural Service. Grain: World trades and markets. Diciembre 2017. En: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/grain-corn-coarsegrains.pdf>. Consultado: 15/12/2017.
- Wallace J, P Bradbury, N Zhang, Y Gibon, M Stitt, E Buckler. 2014. Association mapping across numerous traits reveals patterns of functional variation in maize. *PLOS Genet.* 31 p. doi.org/10.1101/010207
- Warburton M, J Tang, G Windham, L Hawkins, S Murray, W Xu, D Boykin, A Perkins, W Williams. 2015. Genome-Wide Association Mapping of *Aspergillus flavus* and Aflatoxin Accumulation Resistance in Maize. *Crop Sci.* 55: 1-11.
- Würschum T. 2012. Mapping QTL for agronomic traits in breeding populations. *Theor. Appl. Genet.* 125: 201-210.
- Xu S, J Yan, T Shah, M Warburton, Q Li, L Li, Y Gao, Y Chai, Z Fu, Y Zhou, X Yang, S Xu, G Bai, Y Meng, Y Zheng, J Li. 2010. Genetic analysis and characterization of a new maize association mapping panel for quantitative trait loci dissection. *Theor. Appl. Genet.* 121: 417-431. doi:10.1007/s00122-010-1320-y
- Zhao Y, H Wang, W Chen, Y Li. 2014. Genetic structure, linkage disequilibrium and association mapping of *Verticillium* wilt resistance in elite cotton (*Gossypium hirsutum* L.) germplasm population. *PLOS ONE.* 15 p. doi:10.1371/journal.pone.0086308