

CARACTERIZACIÓN MORFO-FENOLÓGICA DE POBLACIONES NATIVAS DE MAÍZ Y SU COMPORTAMIENTO FRENTE AL CARBÓN COMÚN (*USTILAGO MAYDIS*)

Plan de Trabajo Final de Grado
del alumno



**Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales.
Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires.**

Pergamino, 6 de noviembre de 2020.

**Caracterización morfo-fenológica de poblaciones nativas de maíz y su
comportamiento frente al Carbón Común (*Ustilago maydis*)**

Plan de Trabajo Final de Grado

del alumno

PAREJAS, LIONEL OSCAR

Aprobada por el Tribunal Evaluador

Marcelo Ferrer
EVALUADOR

Miguel Lavilla
EVALUADOR

Cristina Palacios
EVALUADOR

Raquel A. Defacio
Directora

Juliana Iglesias
Co- Directora

**Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales,
Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires**

Pergamino, 6 de noviembre de 2020.

AGRADECIMIENTOS

- ✓ A mi familia, en especial a mis padres por darme la posibilidad de estudiar, sostenerme y acompañarme en todo este largo camino.
- ✓ A mi novia Noelia por su apoyo en todo momento y por darme el aliento de llegar a este objetivo.
- ✓ A mi directora y docente Dra. Raquel A. Defacio por su ayuda constante, su vocación, el tiempo disponible, su calidad humana y por sobre todo la motivación permanente que me brindó en todo momento para lograr este objetivo.
- ✓ A mi co-directora Dra Juliana Iglesias que en forma conjunta realizamos la toma de datos, brindándome siempre sus conocimientos, buena predisposición y aliento para la realización del trabajo.
- ✓ Al personal de apoyo de la sección Banco Germoplasma del INTA-EEA Pergamino por recibirme tan amablemente y en especial a Lorena y Fabián que colaboraron en todo momento.
- ✓ A mis amigos y compañeros de facultad, en especial a Leandro Pisani quien fue mi gran compañero y sostén en este camino recorrido.

ÍNDICE.

RESUMEN.....	1
INTRODUCCIÓN.....	3
El cultivo del maíz.....	3
Carbón del maíz.....	5
Fuentes de resistencia.....	7
HIPÓTESIS.....	12
OBJETIVO GENERAL.....	12
OBJETIVO ESPECÍFICO.....	12
MATERIALES Y MÉTODOS.....	13
Material genético y diseño del experimento.....	13
Fenotipado de las poblaciones.....	13
Análisis estadístico.....	15
Variables fenológicas y morfológicas.....	15
Carbón del maíz.....	16
RESULTADOS	18
DISCUSIÓN.....	24
CONCLUSIÓN.....	29
BIBLIOGRAFÍA.....	30
ANEXO.....	35

RESUMEN

El maíz (*Zea mays* L.) es una especie anual que pertenece a la familia de las Poaceas. Según la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura actualmente, el maíz se encuentra junto al trigo y al arroz entre los cereales de mayor producción a nivel mundial. El presente trabajo tuvo como objetivo fenotipar 200 poblaciones locales de maíz conservadas en el Banco Activo de Germoplasma de la EEA Pergamino teniendo cuenta características morfo-fenológicas y carbón de la espiga del maíz. El ensayo se implantó en la Estación Experimental Agropecuaria Pergamino del INTA en 2017. Se midieron las siguientes variables: días a floración masculina (GDUM) y femenina (GDUF), sincronía en la floración (ASI), altura de planta (ALTPL), altura hasta la hoja bandera (ALTHB) y de inserción de espiga (ALTMZ), largo y ancho de la hoja bandera (LHB y AHB) y de la hoja de la espiga (LHMZ y AHMZ), número de hojas senescentes (NHSENESEC), número de hojas hasta la primer espiga (NHMZ) y hasta la hoja bandera (NHTOTAL) e incidencia del carbón de la espiga. Para realizar la comparación entre las poblaciones frente a la enfermedad se utilizaron modelos lineales generalizados y mixtos, determinando la diferencia entre las poblaciones a través de los predictores lineales insesgados (BLUPs *del inglés Best Linear Unbiased Predictor*). Para evaluar la relación entre las variables estudiadas se realizó el análisis de correlación de Pearson y a partir de dicha matriz se aplicó un Análisis de Componentes Principales (ACP). Mediante los predictores BLUPs, se pudo determinar que las poblaciones ARZM06061, ARZM13106, ARZM13170, ARZM14002, ARZM14074, ARZM16001, ARZM19026, y los testigos 510WP, NEX20.6PW, Calendaria INTA, DK7010VT3P y P2089 resultaron ser los genotipos de mejor comportamiento frente a la enfermedad en esas condiciones del experimento. La mayores correlaciones de Pearson se dieron entre las variables ALTPL y ALTHB ($r = 0,98$), GDUF y GDUM ($r = 0,97$) y ALTHB y ALTMZ ($r = 0,91$). Otras correlaciones importantes fueron NHTOTAL y NHMZ ($r = 0,89$), ALTPL y ALTMZ ($r = 0,88$), ALTMZ y NHMZ ($r = 0,8$), GDUM y NHMZ ($r = 0,79$) y GDUF y NHMZ ($r = 0,77$). El ACP explica a través de las dos primeras componentes (CP), el 60% de la variabilidad registrada para las variables y poblaciones estudiadas. La primer CP explica el 45 % de variabilidad observada y está representada en mayor proporción por las variables ALTHB, NHMZ, GDUM, GDUF, NHTOTAL, ALTPL y NHSENESEC. La segunda CP explica el 15 % de la variabilidad total observada y está explicada por las variables ALTHB, NHSENESEC, LHMZ, LHB y AHB. El presente estudio permitió evidenciar que las poblaciones evaluadas presentan una gran variabilidad genética. Además, se detectaron poblaciones locales con buen comportamiento al carbón de la espiga. Estos resultados indicarían que las poblaciones locales podrían ser incorporadas a un programa de mejoramiento genético, contribuyendo a ampliar la base genética de dicho programa.

INTRODUCCIÓN

El cultivo de maíz

El maíz (*Zea mays* L.) es una especie anual que pertenece a la familia de las *Poaceas* (Acosta, 2009). Según la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) actualmente, el maíz se encuentra junto al trigo y al arroz entre los cereales de mayor producción a nivel mundial (FAO, 2020).

La variabilidad genética en el maíz permite su cultivo en diversos ambientes. Este cereal puede crecer desde 58° N a 40° S de latitud, desarrollándose desde el nivel del mar hasta 3.800 m de altitud (Hallauer *et al.*, 2010). La diversidad de los ambientes en los cuales es cultivado dicho cereal es mucho mayor que la de cualquier otro cultivo (Paliwal, 1996).

Esta especie es de gran importancia económica a nivel mundial ya sea como alimento humano, como alimento para el ganado o como fuente de un gran número de productos industriales (FAO, 2020). Para la economía nacional constituye uno de los rubros productivos más importantes, y su trama productiva e industrial asociada genera valor agregado, empleo y riqueza (Eyhérbide, 2012).

El avance tecnológico sobre la genética del maíz, condujo a que sea el cultivo con mayor aumento de rendimiento en los últimos 30 años (FAO, 2020). Eyhérbide (2004) plantea que en Argentina, el mejoramiento genético contribuyó al aumento del rendimiento nacional por hectárea y que la tasa de ganancia genética durante los años '90 fue superior a la década de los 80. Esto se debió, principalmente, a que en la década del 90 se reemplazaron los híbridos dobles y de tres líneas, por híbridos simples. Por otra parte, la

oferta y variedad de los insumos utilizados en su producción, también provocaron profundos cambios, permitiendo un aumento de forma continua del rendimiento (Gear, 2006).

El área sembrada en el país durante la campaña 2018/19 fue de 6 millones de hectáreas, con una producción de 48 millones de toneladas. El rendimiento promedio a nivel nacional fue de 82,8 qq/ha superando ampliamente la campaña anterior que fue de 64,4 qq/ha debido a la favorable oferta hídrica durante el ciclo del cultivo (Cereales, 2019).

El cultivo de maíz es muy sensible a las heladas durante todo su ciclo, con lo cual, la estación de crecimiento para esta especie está definida por la época de ocurrencia de las mismas. No obstante el efecto de temperaturas próximas a 0°C varía según los cultivares, la duración y la oportunidad del fenómeno (Satorre *et al.*, 2003). Por los motivos mencionados, la fecha de siembra tradicional se ubica de mediados a fines del mes de septiembre. En zonas de clima templado, los niveles de radiación, los registros térmicos y la longitud del día varían marcadamente durante el año. La modificación de la fecha de siembra del cultivo en estas zonas, altera la combinación de dichas variables ambientales a lo largo de toda su estación de crecimiento. Tales factores tienen una marcada influencia sobre el desarrollo y crecimiento del cultivo y sobre su rendimiento (Otegui *et al.*, 2000). Cuando la siembra se retrasa, las mayores temperaturas que experimenta el cultivo durante las etapas iniciales de su ciclo de crecimiento provocan la aceleración de su desarrollo fenológico, acortándose el período entre la siembra y la floración (Cirilo *et al.*, 2000). Al atrasar la siembra, las mayores temperaturas aceleran la velocidad de aparición y despliegue de las hojas determinando el rápido establecimiento de un canopeo eficiente para capturar radiación (Andrade *et al.*, 1996).

Adicionalmente, las condiciones ambientales que alteran el desempeño del cultivo al modificar la fecha de siembra controlan el comportamiento de las plagas y enfermedades que lo atacan, modificando sus dinámicas poblacionales. Es de suma importancia destacar

que la fecha de siembra ejerce un alto grado de incidencia en enfermedades y malezas. (Parisi y Couretot, 2014; Couretot *et al.*, 2014)

Las enfermedades forman parte del conjunto de adversidades responsables de importantes mermas en los cultivos de grano. Las afecciones de este cultivo dañan el rendimiento y la calidad de los granos creando una brecha entre la productividad potencial y la real (Eyhéabide, 2012).

En la zona maicera núcleo de Argentina, las enfermedades más significativas son roya común, tizón foliar, podredumbres de raíz, tallo y espiga, carbón de la espiga y más recientemente, enfermedades emergentes como bacteriosis y cercosporiosis (Parisi *et al.*, 2013).

Dichas enfermedades causan severas epifitias e importantes pérdidas económicas a la agricultura (Fischer y Holton, 1957). Por tal motivo este estudio se concentrará en una de estas enfermedades: el carbón de la espiga del maíz.

Carbón común

Esta enfermedad es causada por *Ustilago maydis* (Persoon) Roussel. Es de fácil diagnóstico y el síntoma más evidente es el desarrollo de ampollas, tumores o agallas, principalmente en las espigas y ocasionalmente en las hojas u otros órganos (Figura 1). Estas agallas inicialmente son grisáceas o blanco-grisáceas cerradas, muy conspicuas y sustituyen a los granos individuales.

Cuando el hospedante madura, todo el interior de la agalla se transforma totalmente en una masa negra pulverulenta de teliosporas (Carmona *et al.*, 2014).

La enfermedad es favorecida en condiciones de sequía y temperaturas entre 26 ° y 34°, siendo más severa en plantas jóvenes en estado activo de crecimiento, a las que puede producirles enanismo o matarlas (De León, 1984).



Figura 1: Agallas del carbón de la espiga. INTA Pergamino. 2017.

El hongo sobrevive al invierno como teliosporas diploides en el rastrojo o sobre el suelo. Se estima que una sola agalla contiene más de 200 billones de esporas, éstas pueden permanecer viables por varios años y pueden ser diseminadas por viento o gotas de lluvia, asimismo pueden germinar para formar esporidias haploides (también llamadas basidiosporas) que además se esparcen por el aire o gotas de lluvia (Covas, 2016). El ciclo de vida de *U. maydis* se muestra en la Figura 2.

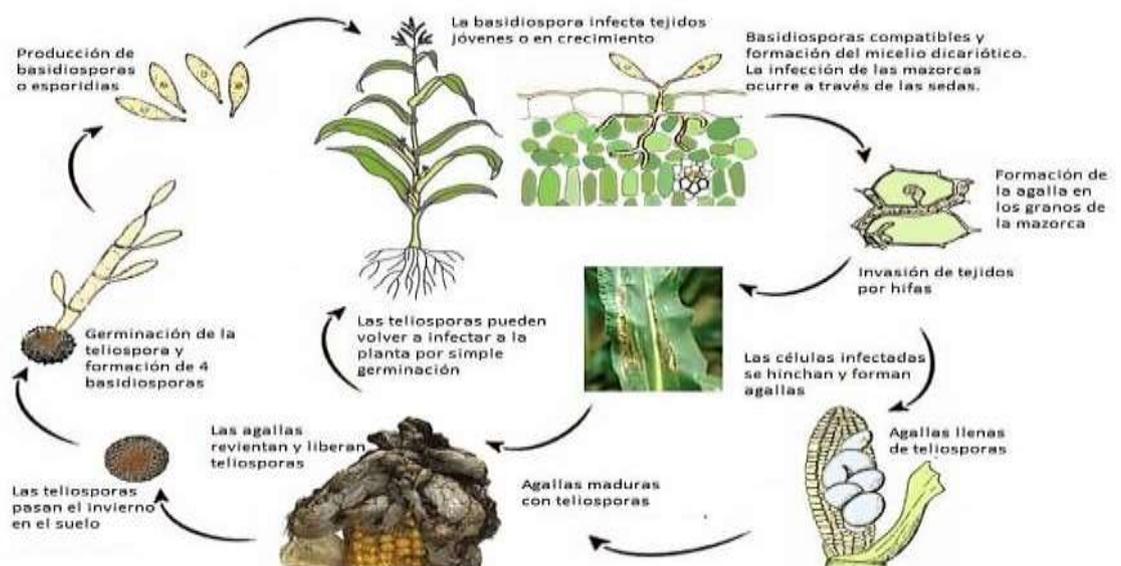


Figura 2: Ciclo de vida de *Ustilago maydis* en el cultivo de maíz y desarrollo del carbón común. Chamonts (INRA), 2013; Adaptado de Intagri, 2017.

En la mayor parte del mundo, el carbón común se considera una enfermedad problemática del maíz, pero en el centro de México, las agallas en las mazorcas se consideran un manjar comestible conocido como cuitlacoche (Syn. Huitlacoche) (Pataky y Snetselaar, 2006).

Fuentes de resistencia

El desarrollo de resistencia genética a través del mejoramiento es una opción de manejo sustentable y durable en el control de las enfermedades que contribuye no solo a disminuir el uso de agroquímicos sino en prevenir la aparición de epifitias severas (Ali y Yan, 2012; Mesterházy *et al.*, 2012). Muchas veces no existen o no se conocen genotipos de buen comportamiento ante enfermedades presentes o emergentes. Para la búsqueda de fuentes de resistencia, puede apelarse al germoplasma nativo conservado por ejemplo, en los Bancos de germoplasma.

En el caso de maíz en Argentina la conservación *ex situ* de este cereal se realiza en el Banco Activo de Germoplasma de la EEA Pergamino (BAP) de INTA. Evaluaciones previas realizadas por investigadores de INTA Pergamino permitieron encontrar genotipos resistentes a enfermedades en las poblaciones locales conservadas en el BAP.

Se ha encontrado resistencia al Virus del Mal de Río Cuarto (Presello *et al.*, 1996) y a podredumbres de espiga con bajo contenido de micotoxinas (fumonisinas, deoxinivalenol y zearalenona) (Presello *et al.*, 2006; Iglesias, 2005).

En 2018, Defacio *et al.*, evaluaron 200 entradas locales de 26 formas raciales de maíz colectadas en 14 provincias por su comportamiento a enfermedades. Como testigos, se utilizaron híbridos comerciales y variedades de INTA con diferente grado de susceptibilidad y resistencia a las enfermedades consideradas. Los experimentos se evaluaron bajo infección natural en ambientes con alta presión de diferentes patógenos.

Los autores determinaron en primera medida, el agrupamiento conjunto de patógenos biótrofos por un lado (*P. sorghi* y *U. maydis*), y de patógenos con fases necrotróficas dominantes por el otro lado (*E. turcicum* y *C. zea-maydis*). Además, para cada uno de los patógenos considerados se encontraron poblaciones resistentes y susceptibles, observando un comportamiento opuesto entre las respuestas de resistencia frente a biótrofos versus hemibiótrofos- necrótrofos. Adicionalmente se detectaron poblaciones con resistencia a múltiples enfermedades.

Hay que destacar la importancia de poder realizar una evaluación de las poblaciones que, además de contener genes de resistencia a una o varias enfermedades, aportarían variabilidad a los programas de mejoramiento. Una vez que se cuenta con los datos de las evaluaciones, es fundamental organizar la información para que la misma sea fácilmente utilizada. Para ello, se cuenta con varias pruebas estadísticas en las que se puede incluir el análisis de varianza (ANAVA) y el Análisis de Componentes Principales (ACP).

El ANAVA permite determinar la variabilidad entre los genotipos y establecer si diferentes tratamientos muestran diferencias significativas o por el contrario, puede suponerse que sus medias poblacionales no difieren.

Los supuestos tradicionales del ANAVA implican errores independientes, normalmente distribuidos y con varianzas homogéneas para todas las observaciones. La verificación de los supuestos se realiza en la práctica a través de los predictores de los términos de error aleatorio que son los residuos aleatorios asociados a cada observación. En caso de que haya evidencia de faltas de cumplimiento de los supuestos, el modelo y/o la estrategia de análisis podrían no ser adecuado.

Maruti *et al.* (2018), utilizaron ANAVA para evaluar 17 características agromorfológicas cuantitativas y 20 cualitativas en 19 razas de maíz. La mayoría de las variables evaluadas presentaron diferencias altamente significativas entre las variedades locales. Salinas *et al.* (2014), desarrollaron un método de inoculación con teliosporas del hongo

Sporisorium reilianum f. sp. Zeae en semillas de maíz que impliquen un alto y sólido porcentaje de infección de plántulas. Mediante ANAVA detectaron grandes diferencias entre los tratamientos de inoculación, evaluados mediante el porcentaje de plántulas infectadas con micelio de *S. reilianum f. sp. Zeae* a 25 días posterior a la siembra.

En caso del no cumplimiento de los supuestos, puede recurrirse al análisis utilizando modelos lineales generalizados mixtos (MLGM) los cuales permiten ampliar las variables que por su naturaleza no se ajustan a una distribución normal y sus datos se encuentran correlacionados. Dentro de estos modelos, los Restricted Maximum Likelihood (REML) y Best Linear Unbiased Predictor (BLUP) son procedimientos que permiten mayor flexibilidad en el modelado (Robinson, 1991). La utilización de modelos eficientes para adquirir las estimaciones y las predicciones son fundamentales en la búsqueda de los genotipos más prometedores para un programa de mejoramiento.

Los modelos mixtos son utilizados con frecuencia en plantas perennes como Castaño brasileño, Aroeira, Eucalipto, Café y fructífero (Baretta *et al.*, 2016). También se han efectuado investigaciones relacionadas al rendimiento de genotipos de maíz aplicando modelos mixtos. Baretta *et al.* (2016), utilizaron el método de modelos mixtos (REML / BLUP) para las mediciones de parámetros genéticos y evaluación agronómica en híbridos comerciales y en variedades locales de maíz para verificar el potencial de estas para fines de reproducción y / o cultivo por pequeños agricultores en la región de Pelotas-RS (Capão do Leão-RS, Brasil). Dicha investigación definió que la metodología REML / BLUP demostró ser eficaz para lograr resultados en la evaluación genética.

Utilizando MLGM, Fabietti y Gribaudo (2018), evaluaron mediante marcadores moleculares, una base de datos genética de 42 líneas estables de maíz para establecer la susceptibilidad o resistencia de las líneas al ataque de virus Mal de Río Cuarto. Algunas de las líneas evaluadas fueron estadísticamente distintas a las demás, siendo las más susceptibles al virus. Las autoras destacan que para el análisis de la varianza, el modelo

lineal generalizado mixto es más adecuado que los demás modelos empleados porque incluye efectos aleatorios y predictores de BLUPs para el análisis de los datos.

El Análisis de Componentes Principales (ACP) es un análisis multivariado siendo el más utilizado para analizar un conjunto de variables en una gran cantidad de genotipos. Permite ver el agrupamiento entre las poblaciones utilizando paralelamente todas las variables evaluadas.

El ACP busca la proyección según la cual, los datos queden mejor simbolizados en términos de mínimos cuadrados. Esta técnica convierte un conjunto de observaciones de variables posiblemente correlacionadas en un conjunto de nuevas variables sin correlación lineal llamadas Componentes Principales. Esta técnica es útil para reducir la dimensionalidad de un conjunto de datos (Pérez *et al.*, 2018). La varianza de mayor tamaño del conjunto de datos es capturada en el primer eje (llamado Primer Componente Principal), la segunda varianza más grande es el segundo eje, y así sucesivamente. Esta transformación lineal se basa en la matriz de varianza/ covarianza o matriz de coeficientes de correlación (Fernández, 2011). Existen diferentes técnicas para estimar el número de componentes principales que son relevantes; la técnica más apropiada dependerá de la estructura de correlaciones en los datos originales (Fernández, 2011).

Utilizando esta metodología Reyes-Méndez *et al.* (2017), evaluaron el comportamiento agronómico y la interacción genotipo-ambiente de ocho híbridos de maíz sembrados en cuatro fechas de siembra y tres años de cultivo. Las variables con mayor asociación al rendimiento de grano fueron peso de la mazorca, altura de la planta, relación de altura de planta/mazorca y número de mazorcas sanas que explicaron 86 % de variabilidad.

Santa Rosa *et al.* (2012), realizaron un estudio de investigación con el fin de evaluar el grado de diversidad fenotípica de los diferentes maíces existente en el distrito de Puebla

(México). Se registraron 22 variables fenológicas de espiga, mazorca y granos. Utilizando ACP demostraron que existen diferencias morfológicas en cuanto a la raza para la región y se evidenció que la precocidad, el porte de planta y los componentes de rendimiento del grano conducen al desarrollo de distintos grupos de poblaciones.

Defacio (2009), evaluó 145 poblaciones locales de maíz conservadas en el BAP teniendo en cuenta aspectos morfológicos, fenológicos y agronómicos. Utilizando ACP se obtuvieron cinco grupos de poblaciones con características diferenciales.

Defacio *et al.*, 2018, aplicaron ACP a un conjunto de 200 poblaciones evaluadas ante diferentes enfermedades, observando dos grandes grupos de patógenos, los biótropos y los necrótrofos. Además, esta metodología permitió detectar un grupo de poblaciones con resistencia múltiple a enfermedades.

Los estudios realizados mediante ACP permiten evaluar las poblaciones detectando aquellas que presentan características diferenciales con el fin de incorporarlas a un programa de mejoramiento.

En el presente estudio se buscarán fuentes resistentes a carbón en las poblaciones conservadas en el BAP. Mediante análisis con MLGM se examinarán aquellas poblaciones que puedan incorporarse a un programa de mejoramiento. Paralelamente, se registraron datos fenológicos y morfológicos determinando la variabilidad de las poblaciones locales. La misma podrá aportar genes que permitan ampliar la base genética del material elite utilizado en los programas de mejoramiento.

HIPÓTESIS

Las poblaciones de maíz conservadas en el Banco Activo de Germoplasma de la EEA Pergamino incluyen materiales colectados en diferentes regiones eco-geográficas que pueden aportar variabilidad a los programas de mejoramiento genéticos y ser fuentes potenciales de resistencia a carbón del maíz.

OBJETIVO GENERAL

Fenotipar en 200 poblaciones de maíz conservadas en el Banco Activo de Germoplasma de la EEA Pergamino por características morfo-fenológicas y carbón de la espiga del maíz.

OBJETIVOS ESPECIFICOS

- Realizar evaluación morfológica y fenológica de un grupo de poblaciones locales de maíz.
- Determinar la prevalencia e incidencia de carbón común en las poblaciones locales de maíz.
- Detectar poblaciones con características positivas que presenten resistencia carbón común.

PALABRAS CLAVES

Resistencia, Banco de Germoplasma, Variabilidad.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético y diseño del experimento

Se evaluaron 200 poblaciones locales de maíz conservadas en el BAP, las cuales corresponden a diferentes formas raciales y fueron colectadas en diferentes regiones de Argentina. Se utilizaron como genotipos testigos, diversos híbridos comerciales.

El ensayo se implantó bajo riego en la Estación Experimental Agropecuaria Pergamino del INTA. La siembra se realizó el 17/12/2017 en forma manual colocando la semilla en el surco, y se aplicaron las técnicas agronómicas correspondientes a una siembra tardía. La unidad experimental consistió en una parcela de dos surcos de 5 m de longitud, distanciados a 0,7 m entre sí. La densidad de siembra fue de 5 pl/m lineal de surco y se utilizó un diseño en bloques completamente aleatorizados con dos repeticiones.

Fenotipado de las poblaciones

Se registraron variables fenológicas y morfológicas según el listado de descriptores del IPGRI (*Internacional Plant Genetic Resource Intitute*) actualmente denominado *Bioversity International* (Cervantes *et al.*, 1991):

- Número de plantas emergidas: se contabilizó en forma manual el número de plantas de cada parcela.
- Floración femenina: se registró el número de días en que el 50% de las plantas de la parcela presentaba estigmas visibles.
- Floración masculina: se registró el número de días en que el 50% de las plantas de cada parcela presentaba polen en su panoja.
- Sincronía entre floración femenina y masculina (ASI): se calculó como la diferencia entre la floración femenina y la masculina.

Las variables fenológicas se expresaron en tiempo térmico según la fórmula:

$$TT = (T_m - T_b) * D, \text{ donde:}$$

TT: Tiempo Térmico

T_b: Temperatura base de la especie

T_m: Temperatura media del ambiente

D: Días

Para llevar a cabo la evaluación de los caracteres morfológicos se tomaron 10 plantas al azar de cada parcela. Se registraron las variables que se detallan a continuación:

- Altura de la mazorca (ALTMZ): se registró con una regla la distancia en cm desde la base de la planta hasta la inserción de la mazorca superior.
- Altura de hoja bandera (ALTHB): se tomó registro de cada planta en cm desde la base de la misma hasta la inserción de la hoja bandera.
- Altura total de la planta (ALTPL): se midió de cada planta la altura total de la misma en cm desde la base hasta el ápice de la panoja.
- Número de hojas senescentes (NHSENESEC): se contabilizó el número de hojas con pérdida de turgencia (muerte de tejido vegetal) en la base de cada planta.
- Número de hojas hasta la mazorca (NHMZ): se contaron la cantidad de hojas desde la base de la planta hasta la mazorca superior.
- Número de hojas totales (NHTOTAL): se registró la cantidad de hojas que poseía cada planta, contabilizando desde la base hasta la hoja bandera inclusive.
- Largo de la hoja de la mazorca (LHMZ): se tomó en cm la longitud de la hoja donde se ubica la mazorca superior de cada planta. La longitud se tomó desde la inserción con la lígula hasta la punta de la misma.

- Ancho de la hoja de la mazorca (AHMZ): se midió con un cm la distancia en la parte central de cada hoja correspondiente a la mazorca superior, registrando el valor de la misma.
- Largo de la hoja bandera (LHB): se registró en cm el largo de la hoja bandera de cada una de las plantas. La misma se tomó desde la base de la hoja hasta el extremo.
- Ancho de la hoja bandera (AHB): se registró el valor en cm de la parte central de la última hoja de cada planta.

Para los datos morfológicos se utilizaron los promedios de los mismos a través de las 10 mediciones para cada una de las variables y de acuerdo a esto se realizaron los análisis estadísticos.

En el estadio fenológico R6 (Ritchie *et al.*, 1986) se contabilizaron las plantas infectadas con carbón de la espiga. La información recolectada se utilizó para calcular la “incidencia” de la enfermedad por parcela, dividiendo el número de plantas afectadas sobre el número total de plantas de cada parcela (Montenegro *et al.*, 2018; Videla *et al.*, 2018).

Análisis estadístico

a) Variables fenológicas y morfológicas

Se realizó un análisis descriptivo de las variables evaluadas, calculando media, desvío estándar, mínimo, máximo y Coeficiente de Variación (CV) de cada una de ellas a través de las dos repeticiones.

Para determinar la relación entre las variables, se calcularon con todas las variables evaluadas, los coeficientes de correlación de Pearson.

A partir de la matriz de correlación antes calculada, se realizó un ACP para ver la similitud entre las poblaciones y determinar qué variables contribuyen a su agrupamiento. Para facilitar la interpretación de los resultados, este análisis se representó en el plano, utilizando las dos primeras Componentes Principales (CP).

Dichos análisis se llevaron a cabo utilizando el software estadístico INFOSTAT (Di Rienzo *et al.*, 2017)

b) Carbón común

Dado que los datos de incidencia del carbón del maíz son de naturaleza discreta (Sanas=0; Enfermas=1), los mismos no se distribuyen como una función Normal, sino que pueden hacerlo como una distribución Binomial, Poisson o una mezcla entre ambas.

VARIABLES de este tipo tienen también la característica importante de contar con gran cantidad de ceros. Estos ceros pueden corresponder tanto a plantas sanas (ceros verdaderos o auténticos) como a plantas que se “escaparon” del patógeno y que son tomadas erróneamente como sanas (llamados falsos ceros). En este sentido, fue de gran importancia encontrar el modelo que mejor ajustara a la distribución de los datos de incidencia de carbón aquí presentados, considerando los detalles mencionados. Por ello y para este análisis no sólo se consideraron modelos de conteo sino que también, se incluyeron los llamados modelos inflados en ceros (i.e que consideran ceros verdaderos y falsos) y que también se conocen como modelos mezcla (Videla *et al.*, 2018).

Los modelos que se probaron fueron:

- MLGM Poisson (MP)
- MLGM Binomial Negativa 1 y Binomial Negativa 2 (MNB1 y MNB2, respectivamente),
- Modelo Poisson Inflado en Cero (ZIP)
- Modelo Binomial Negativa Inflado en Cero (ZINB).

Los criterios que se utilizaron para elegir el mejor modelo fueron: AIC (Criterio de información Akaike), BIC (Criterio de información Bayesiano), Loglik (log-likelihood) y Deviance.

Para obtener los predictores BLUPs de cada modelo se contempló el efecto de repetición como fijo y el efecto de genotipo como aleatorio.

Esta metodología se basó íntegramente en los trabajos desarrollados por Videla *et al.*, 2018 y se utilizaron los software estadísticos INFOSTAT (Di Rienzo *et al.*, 2017) y RStudio (R Core Team, 2020).

RESULTADOS

En la tabla 1 se muestran los valores medios, la desviación estándar, el coeficiente de variación, los mínimos y máximos de las variables evaluadas en este estudio.

Tabla 1: Análisis descriptivo de las variables evaluadas para 200 poblaciones locales de maíz conservadas en el BAP en la EEA INTA Pergamino en la campaña 2017/2018.

VARIABLE	N	MEDIA	D.E	C.V	MÍN.	MÁX.
ALTMZ	410	137,77	33,02	23,97	39,70	241,00
ALTHB	410	212,69	34,64	16,29	99,30	309,00
ALTPL	410	253,16	37,40	14,77	131,50	350,50
NHMZ	410	16,19	1,69	10,42	10,50	20,90
NHTOTAL	410	21,58	1,84	8,51	15,00	27,40
NHSENESEC	410	8,22	<1,41	17,14	6,00	14,60
LHMZ	410	83,03	5,18	6,24	63,50	96,50
AHMZ	410	8,75	0,74	8,40	6,50	11,60
LHB	410	34,94	4,02	11,51	25,10	48,60
AHB	410	5,25	0,44	8,41	3,75	7,00
GDUM	416	1071,99	102,16	9,53	746,8	1267,15
GDUF	416	1117,63	108,64	9,72	782,00	1355,90
ASI	416	45,64	26,73	58,57	-22,85	123,50
CARBÓN	416	2,19	1,75	79,75	0,00	11,00

Referencias: N: número de muestra; D.E: desviación estándar; C.V: coeficiente de variación; Mín.: mínimo; Máx.: máximo; ALTMZ: altura de la mazorca; ALTHB: altura de la hoja bandera; ALTPL: altura de la planta; NHMZ: número de hoja hasta la mazorca; NHTOTAL: número de hoja total; NHSENESEC: número de hoja senescente; LHMZ: largo de la hoja de la mazorca; AHMZ: ancho de la hoja de la mazorca; LHB: largo de hoja bandera; AHB: ancho de hoja bandera; GDUM: grado día de la flor masculina; GDUF: grado día de la flor femenina; ASI: Sincronía entre floración femenina y masculina, D.E.: , C.V.: , Mín.: , Máx.:

Para la variable carbón el modelo que mejor ajustó fue el Binomial (Tabla 2) ya que, dicho modelo es una distribución de probabilidad discreta que describe el número de éxitos al realizar n experimentos independientes entre sí, acerca de una variable aleatoria.

A los fines de establecer comparaciones entre las poblaciones se estimaron los predictores BLUP (Anexo 1). En este sentido las poblaciones ARZM06061, ARZM13106, ARZM13170, ARZM14002, ARZM14074, ARZM16001, ARZM19026, junto a los testigos

Dow Agrosciences (510WP, NEX20.6PW), Calendaria INTA, Dekalb (DK7010VT3P y Pioneer (P2089) resultaron ser los genotipos de mejor comportamiento frente a la enfermedad.

Tabla 2: Criterio de Akaike (AIC), BIC (Criterio de información Bayesiano), Loglik (log-likelihood), Deviance y grados de libertad (GL) para modelos ajustados a carbón de la espiga del maíz. Valores más pequeños señalan el mejor modelo.

<u>MODELO</u>	<u>GL</u>	<u>AIC</u>	<u>BIC</u>	<u>loglik</u>	<u>deviance</u>
MB	3	1.371,3	1.383,4	-682,7	1.365,3
MP	3	1.372,3	1.384,3	-683,1	1.366,3
MBN1	4	1374,3	1390,4	-683,1	1366,3
MBN2	4	1374,3	1.390,0	-683,0	1366,3
ZIP	5	1376,3	1396,4	-683,1	1366,3
ZINB2	6	1378,3	1402,0	-683,1	1366,3

Referencias: MB: Modelo Binomial, MP: Modelo Poisson, MBN1: Modelo Binomial con relación lineal media-varianza, MBN2: Modelo Binomial con relación cuadrática media-varianza, ZIP: Modelo Inflado en ceros con conteo Poisson, ZINB2: Modelo inflado en ceros con conteo Binomial negativo.

Posteriormente, con todas las variables consideradas en este trabajo se realizó un análisis de correlación de Pearson (Tabla 3) para medir el grado de relación entre las mismas.

La mayores correlaciones se dieron entre ALTLP y ALTHB ($r = 0,98$), GDUF y GDUM ($r = 0,97$) y ALTHB y ALTMZ ($r = 0,91$). Otras correlaciones importantes fueron NHTOTAL y NHMZ ($r = 0,89$), ALTPL y ALTMZ ($r = 0,88$), ALTMZ NHMZ ($r = 0,8$), GDUM y NHMZ ($r = 0,79$) y GDUF y NHMZ ($r = 0,77$).

Para estudiar la similitud entre las poblaciones se realizó un ACP con todas las variables evaluadas.

En la tabla 4 se visualizan los autovalores indicando la variabilidad explicada por cada Componente Principal (CP). La primer CP explica el 45% de la variabilidad observada para las variables y poblaciones estudiadas y la segunda CP explica el 15 %; alcanzando entre ambos un 60% de variabilidad.

En la primer componente las variables que presentan mayor importancia son: ALTMZ, ALTHB, NHMZ, GDUM, GDUF, NHTOTAL, ALTPL y NHSENESEC (Tabla 5). En el segundo componente presentan mayor carga las variables: ALTHB, ALTPL, NHSENESEC, LHMZ, LHB y AHB (Tabla 5).

Para una mejor interpretación del ACP se realizó un gráfico bidimensional con las dos primeras CP (gráfico 1). Este gráfico muestra el agrupamiento observado entre las poblaciones en base a su similitud.

Tabla 3: Estudio de correlación de Pearson entre los caracteres morfológicos, fenológicos y agronómicos evaluados. Los valores en negrita indican las correlaciones más significativas.

	ALTMZ	ALTHB	ALTPL	NHMZ	NHTOTAL	NHSENESEC	LHMZ	AHMZ	LHB	AHB	GDUM	GDUF	ASI	CARBON
ALTMZ	1	0	0	0	0	0	3,2E-11	0,76	0,02	0,12	0	0	0,01	6E-09
ALTHB	0,91	1	0	0	0	0,000045	0	0,11	0,0000021	0,02	0	0	0,24	0,0000052
ALTPL	0,88	0,98	1	0	0	0,0011	0	0,21	1,5E-08	0,01	0	0	0,22	0,000031
NHMZ	0,80	0,62	0,57	1	0	0	0,04	0,09	0,0021	0,35	0	0	0,02	0,00000034
NHTOTAL	0,72	0,60	0,56	0,89	1	0	0,00083	0,03	0,01	0,07	0	0	0,14	0,0019
NHSENESEC	0,38	0,20	0,16	0,60	0,54	1	0,08	0,0041	0,000016	0,0000097	0	0	0	0,00071
LHMZ	0,32	0,42	0,46	0,10	0,16	-0,09	1	0,0044	0	0,00087	0,5	0,43	0,55	0,15
AHMZ	0,02	0,08	0,06	0,08	0,11	-0,14	0,14	1	0,62	4,9E-12	0,16	0,02	0,0000078	0,89
LHB	0,12	0,23	0,28	-0,15	-0,13	-0,21	0,42	-0,02	1	0	0,19	0,52	0,02	0,01
AHB	0,08	0,12	0,12	-0,05	-0,09	-0,22	0,16	0,33	0,38	1	0,0023	0,0048	0,83	0,03
GDUM	0,73	0,55	0,51	0,79	0,73	0,58	0,03	-0,07	-0,06	-0,15	1	0	0,01	0,0000023
GDUF	0,72	0,54	0,50	0,77	0,70	0,65	0,04	-0,12	-0,03	-0,14	0,97	1	0	3,5E-08
ASI	0,12	0,06	0,06	0,11	0,07	0,41	0,03	-0,22	0,12	0,01	0,12	0,36	1	0,000022
CARBON	0,28	0,22	0,20	0,25	0,15	0,17	0,07	-0,01	0,12	0,10	0,23	0,27	0,21	1

Referencias: ALTMZ: altura de la mazorca; ALTHB: altura de la hoja bandera; ALTPL: altura de la planta; NHMZ: número de hoja hasta la mazorca; NHTOTAL: número de hoja total; NHSENESEC: número de hoja senescente; LHMZ: largo de la hoja de la mazorca; AHMZ: ancho de la hoja de la mazorca; LHB: largo de hoja bandera; AHB: ancho de hoja bandera; GDUM: grado día de la flor masculina; GDUF: grado día de la flor femenina; ASI: Sincronía entre floración femenina y masculina.

Tabla 4. Autovalores, proporción de variancia que explica cada autovalor y proporción de la variabilidad acumulada.

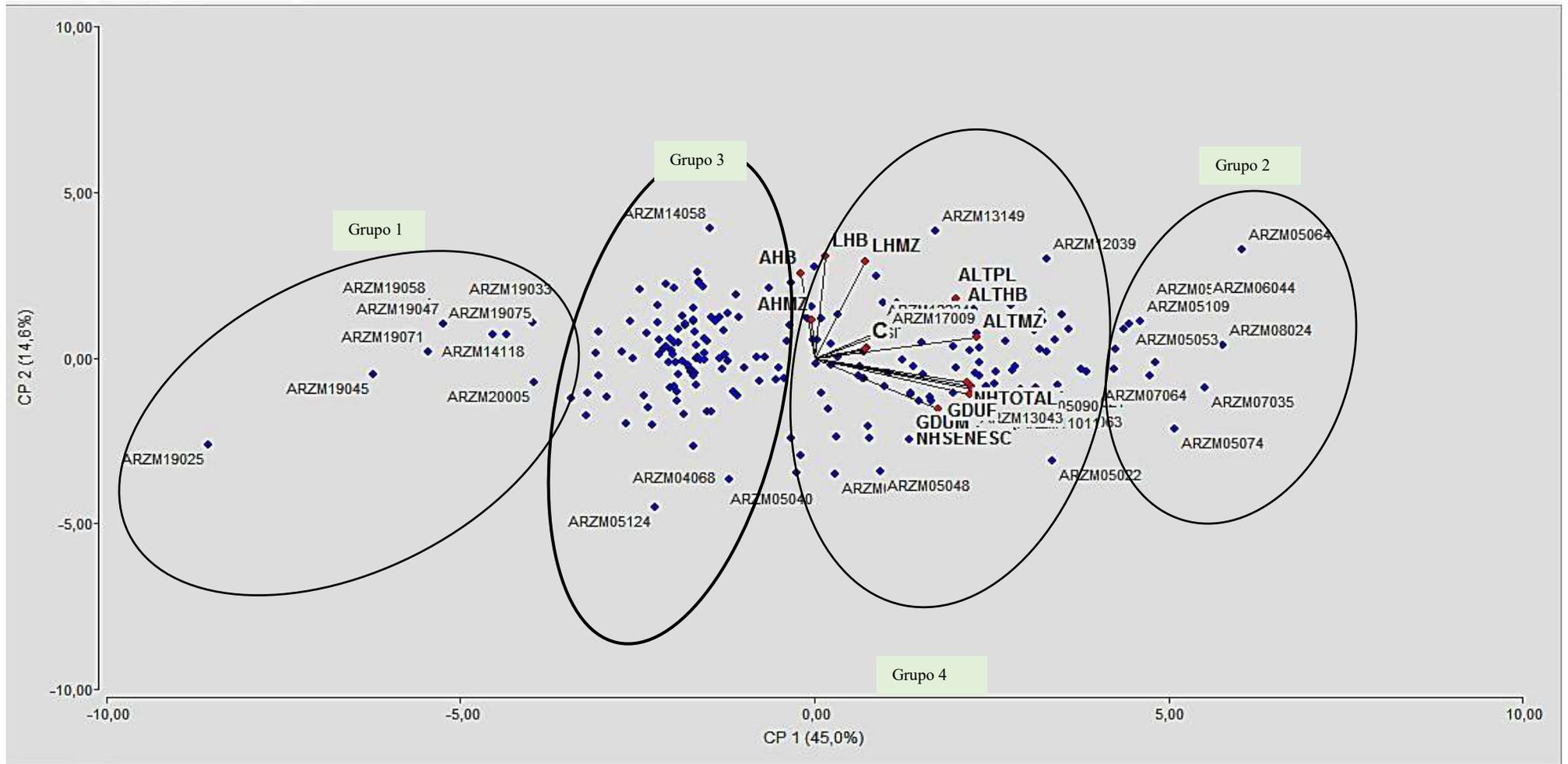
Lambda	Valor	Proporción	Prop. Acum.
1	6,35	0,45	0,45
2	2,04	0,15	0,60
3	1,58	0,11	0,71
4	1,17	0,08	0,80
5	0,71	0,05	0,85
6	0,65	0,05	0,89
7	0,53	0,04	0,93
8	0,40	0,03	0,96
9	0,26	0,02	0,98
10	0,18	0,01	0,99
11	0,08	0,01	1
12	0,03	2,00E-03	1
13	0,01	5,30E-04	1
14	0	0	1

Tabla 5. Autovectores correspondientes a la CP1 y a la CP2 para las variables analizadas.

VARIABLES	CP1	CP2
ALTMZ	0,37	0,11
ALTHB	0,34	0,26
ALTPL	0,32	0,30
NHMZ	0,36	-0,14
NHTOTAL	0,35	-0,12
NHSENESEC	0,29	-0,26
LHMZ	0,12	0,48
AHMZ	-0,01	0,19
LHB	0,02	0,49
AHB	-0,03	0,41
GDUM	0,36	-0,18
GDUF	0,36	-0,16
ASI	0,12	0,04
CARBON	0,15	0,01

Referencias: ALTMZ: altura de la mazorca; ALTHB: altura de la hoja bandera; ALTPL: altura de la planta; NHMZ: número de hoja hasta la mazorca; NHTOTAL: número de hoja total; NHSENESEC: número de hoja senescente; LHMZ: largo de la hoja de la mazorca; AHMZ: ancho de la hoja de la mazorca; LHB: largo de hoja bandera; AHB: ancho de hoja bandera; GDUM: grado día de la flor masculina; GDUF: grado día de la flor femenina; ASI: Sincronía entre floración femenina y masculina, CP1:componente principal 1;CP2:componente principal 2.

Gráfico 1. Biplot de las dos primeras componentes principales.



Referencias: CP1:componente principal 1; CP2: componente principal 2.

En el gráfico pueden diferenciarse 4 grupos.

Grupo 1: Contiene a las poblaciones con ciclos más cortos a floración, menor cantidad de hojas senescentes, menor altura y menor cantidad de hojas, con valores intermedios de tamaño de láminas.

Grupo 2: Son aquellas poblaciones que tienen las plantas más altas, presentan mayor cantidad de días a floración y mayor cantidad de hojas.

Grupo 3: Son las poblaciones que presentan valores intermedios a bajos para todas las variables relacionadas al primer CP y un amplio rango para aquellas variables relacionadas a la segunda CP.

Grupo 4: Se sitúan las poblaciones que tienen valores intermedios entre el grupo 2 y 3.

DISCUSION

Al realizar el estudio de poblaciones locales de maíz conservadas en el Banco de Germoplasma del INTA - Pergamino, las variables evaluadas muestran un amplio rango de variabilidad

Asimismo se observa un elevado CV para la mayoría de las variables, principalmente para carbón común y ASI. Esto podría deberse a que el ensayo fue realizado bajo infección natural, en un solo ambiente de evaluación y con dos repeticiones.

Por otra parte, al tratarse de poblaciones originarias de diferentes regiones geográficas de la Argentina no todas presentan el mismo ciclo lo cual, podría generar variabilidad entre las poblaciones no respondiendo todas de igual manera frente a la enfermedad. Por tal motivo sería interesante repetir dicho ensayo en mayor número de ambientes y/o efectuar ensayos bajo inoculación artificial.

Aquino Martínez *et al.* (2011), compararon la incidencia del carbón en semillas de

maíz sin inocular e inoculando con *Sporisorium reilianum* (agente causal del carbón) en el grano. Al no inocular observaron que el 94,4% de los genotipos evaluados no presentaban la enfermedad. En cambio, en el experimento inoculado el 77,8% es altamente resistentes, el 13,9% moderadamente resistentes y 8,3% de los genotipos fueron inmunes al carbón de la espiga. Los autores remarcan que aquellos genotipos susceptibles se comportaron de manera similar en ambos ensayos (con y sin inoculación).

En el presente trabajo, se determinaron los BLUPs para realizar la comparación entre las poblaciones frente a la enfermedad lo cual indicó que las poblaciones ARZM06061, ARZM13106, ARZM13170, ARZM14002, ARZM14074, ARZM16001, ARZM19026, y los testigos Dow Agrosociencias (510WP, NEX20.6PW), Calendaria INTA, Dekalb (DK7010VT3P y Pioneer (P2089) resultaron ser las de mejor comportamiento. En oposición a ello, las poblaciones ARZM01081, ARZM12039, ARZM14058, ARZM07080 y ARMZ05043 resultaron ser las más susceptibles frente a la enfermedad. Esta metodología es utilizada cada vez con mayor frecuencia en ensayos con datos que no cumplen los supuestos del ANAVA.

Biasutti y Balzarini (2012), analizaron los rendimientos de 49 híbridos de maíz en 4 campañas distintas donde detectaron mediante el análisis de varianza diferencias altamente significativas. Para la correcta discriminación de híbridos emplearon los BLUPs incluyendo ambientes de evaluación donde los cultivares experimentales podían expresar su potencial de rendimiento. Estos análisis les permitieron determinar los híbridos de maíz que presentaron valores positivos y significativos, superiores a la media general. Por otro lado Montenegro *et al.* (2018), evaluaron 79 líneas endocriadas de maíz bajo la infección natural de *Ustilago maydis*, obtuvieron los BLUPs de los genotipos para ordenarlos de mayor a menor susceptibilidad. Se determinaron diferentes genotipos de buen comportamiento al agente causal de la enfermedad, mientras que otras líneas fueron muy afectadas.

Para determinar la relación entre las variables se calcularon, los coeficientes de correlación de Pearson. Las mayores correlación se entre las variables ALTLP y ALTHB ($r = 0,98$) y ALTHB y ALTMZ ($r = 0,91$) lo cual demuestra que aquellas poblaciones con mayor longitud hasta la espiga, presenta mayor altura hasta la hoja bandera y mayor altura total de planta. Otra correlación elevada se registró entre las variables GDUF y GDUM ($r = 0,97$) indicando que aquellas poblaciones que tardaron más en llegar a la floración masculina también lo hicieron para la floración femenina. Otras correlaciones importantes fueron NHTOTAL y NHMZ ($r = 0,89$), ALTPL y ALTMZ ($r = 0,88$), ALTMZ y NHMZ ($r = 0,8$), GDUM y NHMZ ($r = 0,79$) y GDUF y NHMZ ($r = 0,77$). Esto determina que las variables relacionadas a desarrollo vegetativo y ciclo a floración estarían relacionadas, indicando que las poblaciones que tienen mayor ciclo a floración en general presentan mayor desarrollo vegetativo registrando mayores alturas y más número de hojas.

Santa Rosa *et al.* (2012), determinaron al evaluar 22 variables que la mayor correlación se evidenció en días a floración masculina con días a floración femenina ($r=0,87$) y el índice altura de planta/altura de mazorca con altura de mazorca ($r=0,85$). Ari y Nexis (2016), al evaluar 93 poblaciones de maíz con el objetivo de describir variación fenotípica y correlación de rendimiento con características morfo-agronómicas encontraron una correlación positiva y significativa en altura de la planta con altura de la mazorca ($r=0,74$) y diámetro del tallo con ancho de la hoja ($r=0,39$).

A partir de la matriz de correlación antes calculada, se realiza un ACP para ver la similitud entre las poblaciones y determinar que variables contribuyen a su agrupamiento.

El primer componente explica el 45 % de variabilidad observada y está representada en mayor proporción por las variables ALTHB, NHMZ, GDUM, GDUF, NHTOTAL, ALTPL y NHSENEESC. El segundo CP explica el 15 % y está explicada por las variables ALTHB, NHSENEESC, LHMZ, LHB y AHB (Tabla 5), alcanzando entre ambas un 60% de variabilidad explicada para las variables y poblaciones analizadas.

Las poblaciones pertenecientes al grupo 1 son de ciclos a floración más cortos, menor cantidad de hojas senescentes, menor altura y menor cantidad de hojas. Entre ellas, se destaca la población ARZM19058 que presentó un menor desarrollo morfológico frente a las demás del grupo y por ende, a todas las poblaciones evaluadas. Las poblaciones del grupo 2 son aquellas poblaciones que tienen las plantas más altas, con ciclos más largos, presentando mayor cantidad de días a floración y mayor cantidad de hojas. La población ARZM05064 es la que presenta mayor ALTHB y ALTPL de todas las poblaciones estudiadas.

Las poblaciones que conforman el grupo 3 son las que presentan valores intermedios a bajos para todas las variables tanto en altura, en los ciclos como en la cantidad de hojas, pero no tanto como las del Grupo 1. Dentro del grupo 3 se destacó la población ARZM14058 ya que presenta un mayor tamaño de hoja. También se puede distinguir a las poblaciones ARZM04068 y ARZM05124 que presentan una relación negativa con las variables que componen la CP2. Dentro del grupo 4 se sitúan las poblaciones que tienen valores intermedios entre el grupo 2 y 3 donde la población ARZM13149 presenta los mayores valores para las variables longitud de hoja de la mazorca y bandera.

Defacio (2009), detectó el 53,1% de la variabilidad utilizando las dos primeras CP para evaluar poblaciones locales de maíz originarias de la provincia de Buenos Aires, Argentina. Montenegro *et al.* (2018), obtuvieron un 90% de la variabilidad utilizando las dos primeras CP con las cuales pudieron discriminar a las líneas por el nivel de resistencia/susceptibilidad frente a los patógenos evaluados. Defacio *et al.* (2018), aplicando la misma metodología observaron un 59,4 % de variabilidad utilizando las dos primeras CP. Reyes-Méndez *et al.* (2017), utilizando ACP evaluaron el comportamiento agronómico de ocho híbridos de maíz sembrados en cuatro fechas de siembra y tres años de cultivo. Los dos primeros componentes (CP) contribuyeron con 76% de la varianza total (PC1= 20 y PC2= 56%). Por otro lado Santa Rosa *et al.* (2012), registraron 22 variables fenológicas de espiga, mazorca y granos, demostraron mediante ACP que existen

diferencias morfológicas en cuanto a la raza para la región de Puebla (México), siendo la precocidad, el porte de planta y los componentes de rendimiento del grano las variables que más contribuyen al agrupamiento de las poblaciones. Gouesnard *et al.* (1997), evaluaron en Francia 262 poblaciones locales de maíz mediante caracteres morfológicos, detectando en las cuatro primeras CP el 77% de variabilidad. En el primer CP, los rasgos más significativos fueron la precocidad, el número de ramas primarias, la altura de la mazorca y la forma del grano. El segundo CP describió variaciones en los rasgos de las espigas, mostrando una oposición entre espigas cilíndricas largas y espigas cónicas cortas.

Montenegro *et al.* (2018), realizaron una evaluación de líneas endocriadas de maíz frente a podredumbres de espigas causada por *Fusarium spp* y *Ustilago maydis* con la finalidad de encontrar genotipos resistentes a estas enfermedades. Mediante el uso de un biplot determinaron agrupamientos de genotipos en función de las enfermedades evaluadas. En este sentido, el ACP permitió detectar genotipos tanto susceptibles como resistentes a la enfermedad.

En los resultados obtenidos a partir del biplot del ensayo realizado por Aquino Martínez *et al.* (2011), se encontraron variedades e híbridos comerciales de maíz con resistencia a *S. reilianum*, baja incidencia de pudrición de la mazorca por *Fusarium spp.* y buen rendimiento de grano. Los genotipos sobresalientes podrían recomendarse para la siembra comercial, iniciar un programa de mejoramiento genético o para generar tecnología en el área de estudio. Defacio (2009), evaluó 145 poblaciones locales de maíz teniendo en cuenta aspectos morfológicos, fenológicos y agronómicos obteniéndose al aplicar ACP cinco grupos de poblaciones con características diferenciales. Cervantes *et al.* (2016), evaluaron el nivel de variación morfológica entre poblaciones nativas maíz identificando en los cinco primeros CP el 83 % de variación. El análisis de grupos demostró el alto grado de discrepancia genética entre las poblaciones nativas.

El presente estudio permitió determinar poblaciones que resultaron de mejor

comportamiento al carbón que podrían incorporarse a un programa de mejoramiento de maíz que haga énfasis en el desarrollo de la resistencia a esta enfermedad. Por otra parte se verificó una importante cantidad de variabilidad genética para los caracteres evaluados. En este sentido, si bien se sabe que las variedades locales muestran un pobre comportamiento agronómico en comparación con los materiales avanzados de programas de mejoramiento, Eyherabide (2004) menciona que la variabilidad genética es uno de los factores más determinantes a la hora de lograr el máximo de progreso genético.

No caben dudas lo importante que son los recursos genéticos, su conservación y su aprovechamiento en la búsqueda de nuevas fuentes genéticas. No obstante una de las mayores limitaciones actuales para su uso se debe a la insuficiente documentación disponible que existe sobre el mérito de dichas poblaciones.

Se destaca la relevancia que reviste para el BAP disponer de esta información agromorfológica y de resistencia a enfermedades, para llevar adelante un registro meritorio del potencial genético de cada población.

A futuro se espera poder consolidar esta base de datos incluyendo más ambientes de evaluación y más enfermedades.

CONCLUSIÓN

Se ha realizado la evaluación de características morfológicas y fenológicas, lo cual permitió determinar que las poblaciones evaluadas presentan una gran variabilidad, pudiendo contribuir a ampliar la estrecha base genética de los programas de mejoramiento de la especie.

Se determinó la incidencia de carbón de la espiga en 200 poblaciones locales de maíz conservadas en el Banco de Germoplasma del INTA – Pergamino. Las poblaciones ARZM06061, ARZM13106, ARZM13170, ARZM14002, ARZM14074, ARZM16001, ARZM19026 presentaron características positivas, con mejor comportamiento a dicha enfermedad. Estas poblaciones podrían ser potenciales fuentes de alelos de resistencia al carbón de la espiga.

BIBLIOGRAFIA.

- Acosta, R. (2009). El cultivo del maíz, su origen y clasificación. El maíz en Cuba . Cuba: Cultivos tropicales .
- Ali, F., & Yan, F. (2012). Disease resistance in maize and the role of molecular breeding in defending against global threat. *Journal of Integrative Plant Biology*, 134–151.
- Andrade, F., Cirilo, A., Uhart, S., & Otegui, M. (1996). Ecofisiología del cultivo de maíz. En F. Andrade, A. Cirilo, S. Uhart, & M. Otegui, Ecofisiología del cultivo de maíz. (pág. 292). Dekalb Press: La Barrosa.
- Aquino Martínez, J. G., Sánchez Flores, A., A., G. H., & Sánchez Pale, J. (2011). Resistencia de variedades e híbridos de maíz (*Zea mays*) a *Sporisorium reilianum* y su rendimiento de grano. *Revista Mexicana de Fitopatología*, 29.
- Ari, E., & Nexis, D. (2016). Variación fenotípica y correlación de rendimiento con características morfo-agronómicas en una población de maíz (*Zea mays* L.)variedad NB-6 en la época de primera. Sábana Grande, Managua.
- Baretta Diego Nardino, M., Carvalho, I., Olivera, A., Souza, V., & Maia, L. (2016). Performance of maize genotypes of Rio Grande do Sul using mixed models .Desempenho de genótipos de milho do Rio Grande do Sul utilizando modelos mistos. Jaboticaba, 403–411.
- Biasutti, C., & M., B. (2012). Estimación del comportamiento de híbridos de maíz mediante modelos mixtos. *Agriscientia.*, 59-68.
- Carmona, M., Formento, A., & Scandiani, M. (2014). El carbón común del maíz. . FAUBA, 36-38.
- Bolsa de cereales. (3 de octubre de 2019). Obtenido de Panorama agrícola semanal.Departamento de estimaciones agrícolas.: <https://www.bolsadecereales.com/ver-acerca-del-panorama-agricola-semanal-78>.
- Cervantes, Y., Gutiérrez, A., Ruiz, V., Rodríguez, M., Valdés, M., Torres, O., Santillán, J. (1991). Descriptores de maíz. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas CIMMYT/IBPGR*,

88.

-Cirilo, A. G., Andrade, F., Otegui, M., Maddoni, G., Vega, C., & Valentinuz, O. (2000). Ecofisiología del cultivo de maíz. En Bases para el manejo del cultivo de maíz. INTA, 25-56.

- Couretot, L. (2011). Principales enfermedades del cultivo de maíz. Actas de VI Jornada de Actualización Técnica de Maíz. Pergamino.

- Covas, G. (2016). Carbón común del maíz. INTA

- Defacio, R. A. (2009). Caracterización y evaluación de la variabilidad genética en poblaciones nativas de maíz (*zea mays* L.) de la provincia de buenos aires en base a descriptores morfológicos y agronómicos . Pergamino.

- Defacio, R., Iglesias, J., M., K., Canteros, F., Parrado, J., & M., F. (2018). Las poblaciones locales de maíz como fuente para la resistencia a enfermedades. INTA, Vol. 10 / N°38.

- De León, C. (1984). Enfermedades del maíz: una guía para su identificación en el campo. CIMMYT.

-Di Rienzo, J.; Casanoves F.; Balzarini, González L.; Tablada M.; Robledo, C.(2017). Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.

-Eyherabide, G. (2004). Incorporación de Germoplasma Indígena de Maíz en Materiales Elite. Editor: Guillermo Eyherabide. Pergamino Buenos Aires. Ediciones INTA. Pag 105.

-Eyherabide, G. (2012). Bases para el manejo del cultivo de maíz. Editor: Guillermo Eyherabide. Pergamino Buenos Aires. Ediciones INTA. Pag 297.

- Fabietti, V., & Gribaudo, E. (2018). Mapeo asociativo para virus en líneas endocriadas de maíz. Área de Consolidación: Métodos Cuantitativos para la Investigación Agropecuaria. Buenos Aires: Tesis Facultad de Ciencias Agropecuarias.

- FAO. (junio de 2020). Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y Agricultura. Obtenido de <http://www.fao.org/worldfoodsituation/csdb/es/>

- Fernandez, S. (2011). Componentes Principales. Facultad de ciencias económicas y empresariales. Obtenido de <http://www.fuenterrebollo.com/Economicas/ECONOMETRIA/MULTIVARIANTE/ACP/ACP.pdf>

- Fischer G.W., H. C. (1957). Biology and control of the smut fungi. The Ronald Company New York, 622.

- Gear, J. (2006). Maíz y Nutrición. Informe sobre los usos y las propiedades nutricionales del maíz para la alimentación humana y animal. El cultivo del maíz en la Argentina. ILSI Argentina.

- Gouesnard, B., Dallard, J., Panouillé, A. A., & Boyat, A. (1997). Classification of French maize populations based on morphological traits. Agronomie, EDP Sciences, 491-498.

- Hallauer, A.; Carena, M.; Miranda Filho J. 2010. Genética cuantitativa en mejoramiento de maíz. Saltador. pag. 663

-Iglesias, J. 2008. Potencial de germoplasma nativo de maíz como donante de genes de resistencia a *Fusarium* asociado a bajo contenido de micotoxinas. Tesis de maestría. Facultad de Cs. Agrarias. Universidad de Rosario, Santa Fe, Argentina / EEA INTA Pergamino, Buenos Aires, Argentina.

- INTAGRI. (2017). El Huitlacoche en el Maíz: Organismo Patógeno o Benéfico. Serie Fitosanidad , México 3p .

- Maruti, S., Chavan, L., & Kauthale, V. N. (2018). Agro-Morphological Characterization of Maize (*Zea mays* L.) Landraces from Tribal Block of Nandurbar District in Maharashtra (India). IJPAB, 266-270.

-Mesterházy, A.; Lemmens, M.; Reid, L. (2012). Breeding for resistance to ear rots caused by *Fusarium* spp. in maize - A review. *Plant Breeding*, 1-19.

- Montenegro L., B. G. (2018). Evaluación de líneas endocriadas de maíz frente a podredumbres de espiga, causadas por *Fusarium* spp y *Ustilago maydis*. En actas del XI Congreso Nacional de Maíz. Pergamino .

-Otegui, M; Andrade, F; Sadras, V. (2000). Efectos de la sequía sobre el crecimiento y rendimiento de los cultivos. En Bases para el Mejoramiento del Maíz. Editorial Médica Panamericana, Buenos Aires. Argentina, pag. 173-206.

- Paliwal, R. (1996). Introducción al maíz y su importancia. El maíz en los trópicos: Mejoramiento y producción. Obtenido de <http://www.fao.org/docrep/003/x7650s/x7650s02.htm>

-Couretot L., Presello D., Suarez L., Magnone G., Ferraris G., Parisi L., (2013). INTA Pergamino. Obtenido de Evaluación de enfermedades de maíz en R4: <https://inta.gob.ar/documentos/maiz-evaluacion-de-enfermedades-en-r4>

-Pataky J; Snetselaar K. 2006. Common smut of corn. Ediciones APS. Obtenido de <http://www.apsnet.org/edcenter/intropp/lessons/fungi/Basidiomycetes/Pages/CornSmut.aspx> . Visitado el 04/06/2018.

-Pérez, N; Pedro R.; Jackson, D.; Somers, K. 2018. Análisis de componentes principales. Obtenido de https://es.wikipedia.org/wiki/An%C3%A1lisis_de_componentes_principales#cite_note-1

-Presello, D.; Celiz, A. 1996. Comportamiento de cultivares de maíz bajo infección natural de Mal de Río Cuarto. Campaña 1995/96. Ediciones: INTA. Revista Tecnológica agropecuaria N° 2. Pergamino, Buenos Aires. Argentina.

-Presello, D.; Botta, G.; Iglesias, J.; Eyherabide, G.2005. Efecto de la severidad de síntomas de podredumbre de espiga causada por *Fusarium verticillioides* sobre el rendimiento y la concentración de fumonisinas en grano de maíz. Congreso Nacional de

Maíz. Rosario, Santa Fe. AR.

- Reyes-Méndez, C., Cantú-Almaguer, M., Gill-Langarica, H., García-Olivares, J., & Pérez, N. (2017). Interacción genotipo-ambiente en maíz cultivado en Tamaulipas, México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 571-582.

-Ritchie, S.; Hanway, J.; Benson, G. (1986). How a corn plant develops. Ames, Iowa State University. Special report no. 48. 21 p

-Robinson, G.K. (1991). "That BLUP is a Good Thing: The Estimation of Random Effects". *Statistical Science*, pag 15–32.

-Salinas, A; García, C; Hernandez, A; Díaz, C. (2014). Evaluación de métodos de inoculación de semillas de maíz con *Sporisorium reilianum* f. sp. *Zea*. México. *Revista Mexicana Fitopatol* vol.31 no.2.

-Santa Rosa, R.; Muñoz, A.; Varela, A.; Sánchez, H.; López, P.; Colín, S. (2012). Diversidad fenotípica de maíces nativos del altiplano centro-oriente del estado de Puebla. México. *Rev. Fitotec. Mex.* Pag 97-109.

- Satorre, E.; Benech, R.; Arnold, G.; Slafer, E.; Miralles, D.; Otegui, M.; Savin, R. (2003). Producción de Granos, Bases funcionales para su manejo. Compilador y editor: Antonio Pascale. Ediciones UBA. Capítulo N°9 y 12. Identificación y jerarquización de los factores que condicionan la elección de la fecha de siembra. Buenos Aires, Argentina.

- Videla M.E., K. M. (2018). Evaluación del carbón de la espiga del maíz (*Ustilago maydis*) con modelos estadísticos inflados en cero. En actas del XI Congreso Nacional de Maíz. Pergamino .

Anexo 1: Resultados de los BLUPs obtenidos para el carbón del maíz para cada población.

Población	Blup
ARZM01081	0,9338248042
ARZM12039	0,8877482860
ARZM14058	0,8233799775
ARZM07080	0,8102023526
ARZM05043	0,8066277872
ARZM19045	0,7437514128
ARZM13018	0,6817561137
ARZM04072	0,6718243508
ARZM05064	0,6080678172
ARZM07111	0,5973316276
ARZM05022	0,5467140747
ARZM05046	0,5236265998
ARZM13164	0,5110663397
ARZM05059	0,4951933310
ARZM09154	0,4786742573
ARZM14055	0,4451572074
ARZM07063	0,4284911897
ARZM05124	0,4193137876
ARZM02012	0,4154593297
ARZM14018	0,4075542874
ARZM05063	0,3922094323
ARZM05069	0,3847672074
ARZM01076	0,3790605356
ARZM07051	0,3531844579
ARZM04047	0,3493597407
ARZM02001	0,3489978757
ARZM07015	0,3369300204
ARZM05100	0,3264316407
ARZM04005	0,3227940376
ARZM05056	0,3135104243
ARZM01093	0,3127935524
ARZM13151	0,2916157260
ARZM05053	0,2760198589
ARZM07104	0,2690807122
ARZM05024	0,2663062870
ARZM06044	0,2636115542
ARZM14097	0,2481542445
ARZM14016	0,2423630349
ARZM05090	0,2339838962

ARZM13172	0,2323361181
ARZM07035	0,2315987755
ARZM05065	0,2192095746
ARZM19025	0,2192095746
ARZM13043	0,2106789667
ARZM07139	0,2040501929
ARZM12090	0,2001383679
ARZM17003	0,1967318488
ARZM13137	0,1913525649
ARZM04009	0,1908434299
ARZM04014	0,1835969617
ARZM13049	0,1722462769
ARZM08025	0,1720859350
ARZM08024	0,1410729306
ARZM07001	0,1408932127
ARZM06100	0,1353739994
ARZM11018	0,1353739994
ARZM04068	0,1347759038
ARZM05048	0,1338312818
ARZM19047	0,1263577414
ARZM06052	0,1241238223
ARZM13116	0,1238808639
ARZM13165	0,1223025759
ARZM01037	0,1133259228
ARZM01125	0,1118191627
ARZM19003	0,1090538067
ARZM04061	0,1052111529
ARZM07121	0,1045009175
ARZM07010	0,1007616298
PIONNER(P1845)	0,1002702193
ARZM05085	0,0933181726
ARZM01044	0,0922471142
ARZM08096	0,0901457766
ARZM04025	0,0899098946
ARZM14030	0,0848101084
ARZM05017	0,0842366349
ARZM07064	0,0833301157
ARZM03044	0,0803619561
ARZM14022	0,0791611026
ARZM12234	0,0779146894
ARZM06096	0,0729935498
ARZM07076	0,0697289010

PAYAGUÁ	0,0662638201
ARZM17013	0,0653390919
ARZM13115	0,0641163857
ARZM19033	0,0635812882
ARZM01033	0,0600501437
ARZM07114	0,0568467388
ARZM13068	0,0568467388
ARZM06003	0,0563243521
ARZM09020	0,0563133278
ARZM05040	0,0557380030
ARZM14023	0,0520216899
ARZM03018	0,0491856020
ARZM05021	0,0388589108
ARZM02010	0,0356226653
ARZM13119	0,0340803297
ARZM04030	0,0326452240
ARZM13108	0,0255276045
ARZM19058	0,0204116853
ARZM17046	0,0154445604
ARZM05019	0,0120904053
ARZM14013	0,0116192715
ARZM14052	0,0112828265
ARZM02024	-0,0014281242
ARZM14118	-0,0028171407
ARZM01046	-0,0028171407
ARZM14095	-0,0095407754
ARZM04044	-0,0214403508
ARZM08082	-0,0284020647
ARZM13153	-0,0297593990
ARZM18040	-0,0313470292
ARZM13149	-0,0363192348
ARZM04053	-0,0371050734
ARZM04039	-0,0385463116
ARZM12040	-0,0396677526
ARZM01082	-0,0398249692
ARZM05074	-0,0420493401
ARZM03027	-0,0458910426
ARZM02004	-0,0506952613
ARZM05060	-0,0538659788
ARZM12175	-0,0586643958
ARZM14007	-0,0622041308
ARZM01054	-0,0757041485
ARZM16033	-0,0777524721
ARZM01144	-0,0827706399
ARZM01026	-0,0911966565
ARZM11014	-0,0967251583
ARZM19071	-0,0967251583
ARZM14112	-0,0976907298

ARZM06103	-0,1009407768
ARZM03015	-0,1060031980
ARZM17026	-0,1071143877
ARZM14091	-0,1090596770
ARZM04063	-0,1167308912
ARZM06032	-0,1205128809
ARZM19075	-0,1205128809
ARZM12135	-0,1225446181
ARZM01047	-0,1241508757
ARZM05003	-0,1321722712
ARZM13057	-0,1342408971
ARZM14044	-0,1343992775
AX7822VT3P	-0,1345684878
ARZM04024	-0,1367532981
ARZM02006	-0,1410222993
ARZM08035	-0,1410222993
ARZM11011	-0,1436904223
ARZM18046	-0,1474010642
ARZM06023	-0,1494019359
ARZM08081	-0,1637982555
ARZM01104	-0,1646841444
ARZM02026	-0,1681441765
ARZM14032	-0,1699838430
ARZM14034	-0,1733094676
ARZM13077	-0,1742654345
ARZM13032	-0,1745528948
ARZM14110	-0,1750754871
ARZM12187	-0,1778328302
ARZM14043	-0,1846817165
SYNGENTA (SYN900VIPTERA)	-0,1892176757
ARZM06030	-0,1914231563
ARZM03014	-0,2038495480
ARZM11044	-0,2038495480
ARZM01079	-0,2095882372
ARZM01121	-0,2095882372
CORTEVA AGRISCIENCE(NEXT22.6 PW)	-0,2095882372
ARZM13176	-0,2181861325
ARZM08018	-0,2202314531
ARZM04085	-0,2240644183
ARZM14094	-0,2251754109
ARZM01099	-0,2298908565
ARZM03002	-0,2298908565
ARZM05109	-0,2298908565
ARZM18023	-0,2342908687
ARZM01068	-0,2386967429

ARZM14009	-0,2386967429
ARZM03001	-0,2428141829
ARZM17009	-0,2428141829
Dekalb (DK72-10VT3P)	-0,2428141829
ARZM20005	-0,2528349577
ARZM12232	-0,2541634964
ARZM13177	-0,2576455068
ARZM14004	-0,2576455068
ARZM14001	-0,2609916476
ARZM14019	-0,2731649833
ARZM05115	-0,2928922527
CALENDARIA – INTA(BS13P)	-0,3009955644
ARZM13055	-0,3046960956
ARZM12053	-0,3114907738
ARZM18037	-0,3203963777
ARZM11005	-0,3230725363
ARZM10036	-0,3303646399
(SYNGENTA)SYN875VIPT ERA	-0,3303646399
ARZM01094	-0,3346931080
ARZM14021	-0,3405179508
(DON AGROSCIENCIAS)507WP	-0,3472509841
LINEAL POBLACIONAL – SINTETICA(SINT, 1234)	-0,3472509841
Dow Agrosciences (510WP)	-0,4290553991
ARZM06061	-0,4290553991
ARZM13106	-0,4290553991
ARZM13170	-0,4290553991
ARZM14002	-0,4290553991
ARZM14074	-0,4290553991

ARZM16001	-0,4290553991
ARZM19026	-0,4290553991
CANDELARIA INTA	-0,4290553991
Dekalb (DK7010VT3P)	-0,4290553991
Dow Agrosciences (NEX20.6PW)	-0,4290553991
Pioneer (P2089)	-0,4290553991