

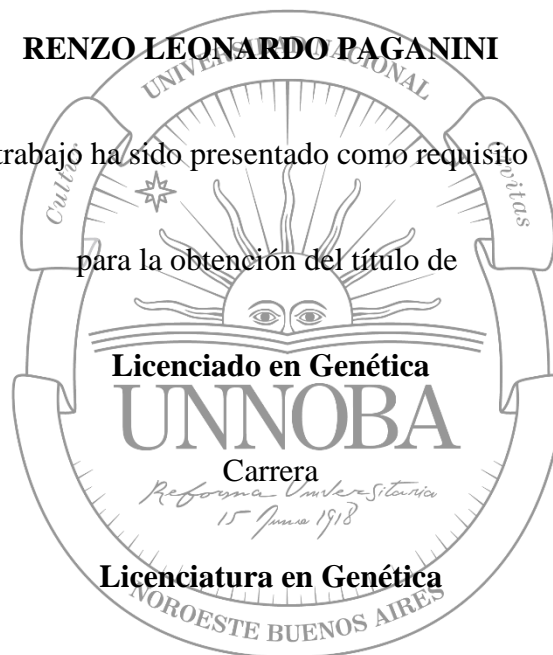
**COMPONENTES GENÉTICOS INVOLUCRADOS EN LA ASOCIACIÓN DE LAS
RAÍCES DE MAÍZ (*Zea mays*, L.) CON HONGOS MICORRÍMICOS ARBUSCULARES
EN AMBIENTES CON DIFERENTES CONTENIDOS DE NITRÓGENO**

Trabajo final de grado

del alumno

RENZO LEONARDO PAGANINI

Este trabajo ha sido presentado como requisito
para la obtención del título de



Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales.

Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires.

Pergamino, 24 de noviembre de 2023

**COMPONENTES GENÉTICOS INVOLUCRADOS EN LA ASOCIACIÓN DE LAS
RAÍCES DE MAÍZ (*Zea mays*, L.) CON HONGOS MICORRÍCICOS ARBUSCULARES
EN AMBIENTES CON DIFERENTES CONTENIDOS DE NITRÓGENO**

Trabajo Final de Grado

del alumno

RENZO LEONARDO PAGANINI

Aprobada por el Tribunal Evaluador

Pablo Antonio Copia

María José Beribé

Roberto Daniel Lorea

Co-Director

Co-Directora

Director

Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales,

Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires

Pergamino, 24 de noviembre de 2023

Contenido

Resumen.....	5
Introducción	7
Hipótesis	16
Objetivos.....	16
Objetivo general.....	16
Objetivos específicos	16
Palabras clave.....	17
Materiales y métodos	18
Lugar de estudio y tratamientos.....	18
Evaluación micorrítica	19
Evaluación fenotípica.....	20
Análisis estadísticos	21
Resultados.....	25
Experimento I: Evaluación de las líneas	25
Experimento II: Evaluación de los Híbridos.....	26
Rendimiento de las líneas en el experimento I:	26
Rendimiento de los híbridos en el experimento II:	27
Biomasa de las líneas en el experimento I:.....	28
Biomasa de los híbridos en el experimento II:.....	29

Índice de cosecha de las líneas en el experimento I:	30
Índice de cosecha de los híbridos en el experimento II:	31
Porcentaje de arbúsculos en las líneas en el experimento I:	32
Porcentaje de arbúsculos en los híbridos en el experimento II:	34
Correlaciones entre variables dentro de líneas en el experimento I:	35
Correlaciones entre variables dentro de Híbridos en el experimento II:	36
Análisis de componentes principales	36
Estudio de los componentes genéticos.....	39
Aptitud Combinatoria General.....	39
Aptitud Combinatoria Específica.....	40
Discusión.....	42
Conclusiones	47
Bibliografía:	48
Anexos	59
Estadística líneas:	59
Rendimiento.....	59
Índice de cosecha	59
Biomasa.....	60
Arbúsculos	60
Estadística híbridos:	61

Rendimiento:.....	61
Índice de cosecha	61
Biomasa.....	62
Arbúsculos	63
Análisis de componentes principales	63
Líneas	63
Híbridos.....	64

Resumen

El maíz desempeña un papel crucial en la economía mundial al ser utilizado para alimentación humana y animal, productos industriales y biocombustibles. El aumento de su producción mediante mejoramiento genético y fertilizantes químicos plantea desafíos para los microorganismos del suelo, como las micorrizas arbusculares (MA), que son esenciales para la absorción de nutrientes.

En el presente estudio se propuso evaluar diferentes genotipos de maíz en su interacción con las MA, analizar el impacto de la fertilización nitrogenada en la colonización micorrícica, estudiar la influencia en la productividad del maíz y explorar los componentes genéticos en la respuesta a la colonización micorrícica.

Se sembraron cinco líneas (experimento 1) y los 10 híbridos simples posibles entre ellas (experimento 2) en dos tratamientos: con y sin nitrógeno agregado, utilizando un fertilizante químico como arrancador. Se evaluó la colonización micorrícica, así como características fenotípicas y se estimaron componentes genéticos. Se realizaron análisis estadísticos uni y multivariados.

Los resultados muestran diferencias significativas en la colonización micorrícica entre líneas e híbridos. La línea LP122-2 mostró la mayor colonización y el híbrido LP923XLP122-2 fue el más colonizado. Las variables fenotípicas presentaron diferencias entre genotipos, pero no se encontraron correlaciones con la colonización micorrícica. La aptitud combinatoria general indicó una contribución positiva de la línea LP122-2, mientras que la aptitud combinatoria específica no mostró combinaciones consistentemente positivas.

La conclusión principal es que la línea LP122-2, la más antigua, contribuye significativamente a la colonización micorrícica y transmite estas características a sus híbridos. Se sugiere que las líneas más antiguas, menos afectadas por la selección basada en productividad y fertilizantes, son más propensas a tener altos porcentajes de colonización por micorrizas.

Introducción

El cultivo de maíz (*Zea mays*) tiene gran importancia económica a nivel mundial debido a su utilización como alimento humano, como alimento para el ganado o como fuente de un gran número de productos industriales. Además, en los últimos años se ha convertido en una fuente importante de energía renovable, ya que, a partir de este cultivo, junto con la caña de azúcar, se produce el etanol, que representa el 90 % del suministro mundial de biocombustibles líquidos (Simón y Golik, 2018).

Según cifras de la División de Estadística de la Organización de las Naciones Unidas (FAOSTAT, por sus siglas en inglés), se observó un aumento en la producción de maíz en la última década, alcanzando los 1200 millones de toneladas en el año 2021 (FAO, 2023), atribuibles al continuo aumento en el rendimiento y en el área cosechada (Figura 1). Además, debido a la alta demanda del cultivo, principalmente para el uso industrial de subproductos, biocombustibles y el suministro de alimentos para la población en crecimiento (Ranum *et al.*, 2014), en Argentina, en los últimos años aumentó la producción (Figura 2).

Entre los mayores productores de maíz a nivel mundial entre los años 2018 y 2021, se encuentran, Estados Unidos, China, Brasil, Argentina y Ucrania (Figura 3), siendo China el que muestra una mayor área cosechada y Estados Unidos el mayor rendimiento.

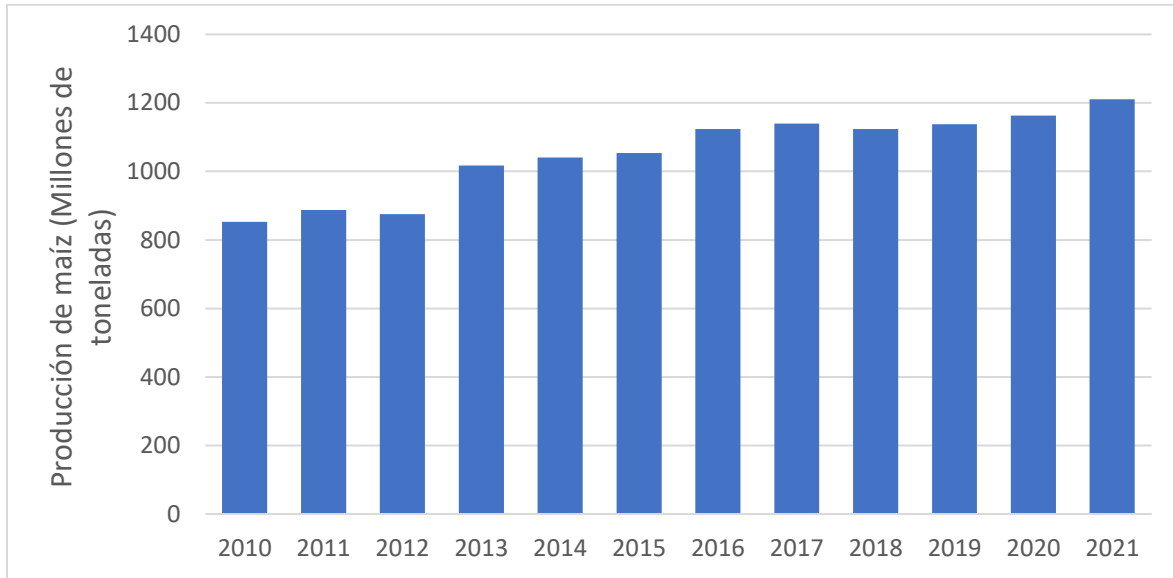


Figura 1

Producción mundial de maíz entre 2010 y 2021 (en millones de toneladas).

Nota: Elaboración propia a partir de Production/Yield quantities of Maize (corn) in World + (Total), de FAOSTAT (FAO, 2023) <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>

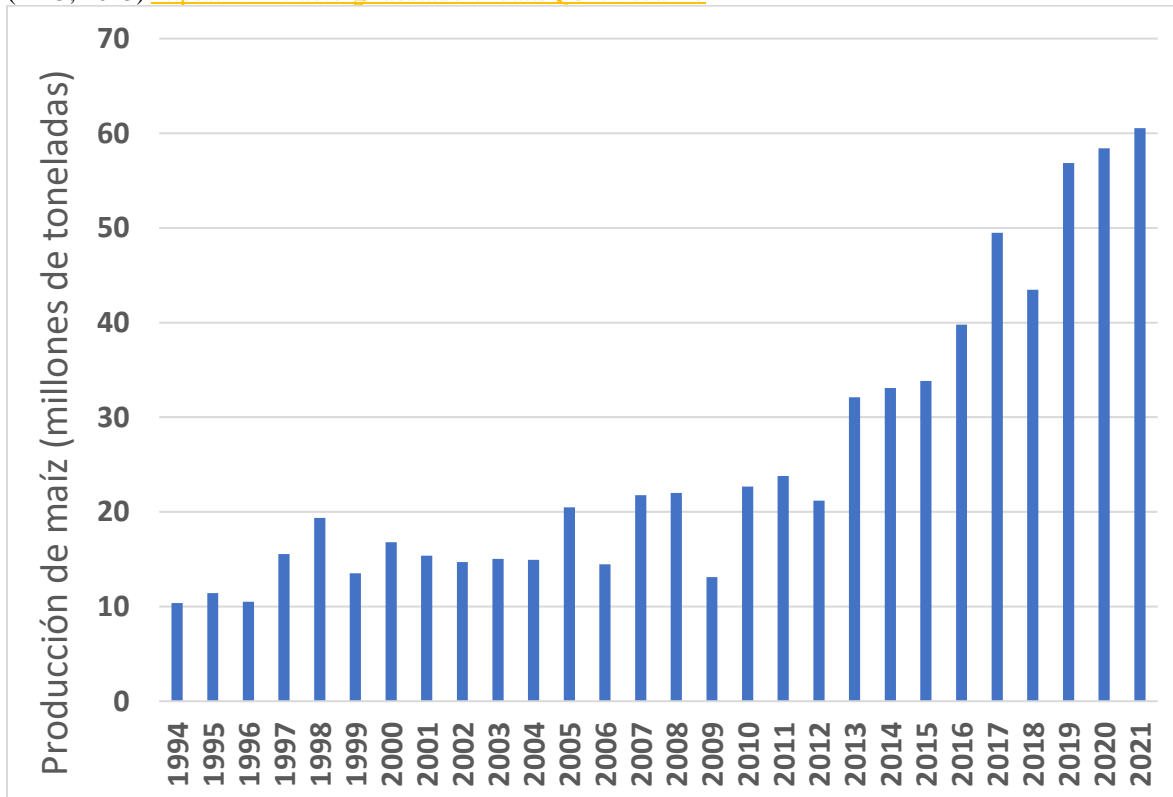


Figura 2

Producción de maíz en Argentina desde 1994 -2021

Nota: Elaboración propia a partir de Production/Yield quantities of Maize (corn) in Argentina 1994 - 2021, de FAOSTAT, (FAO, 2023) <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>

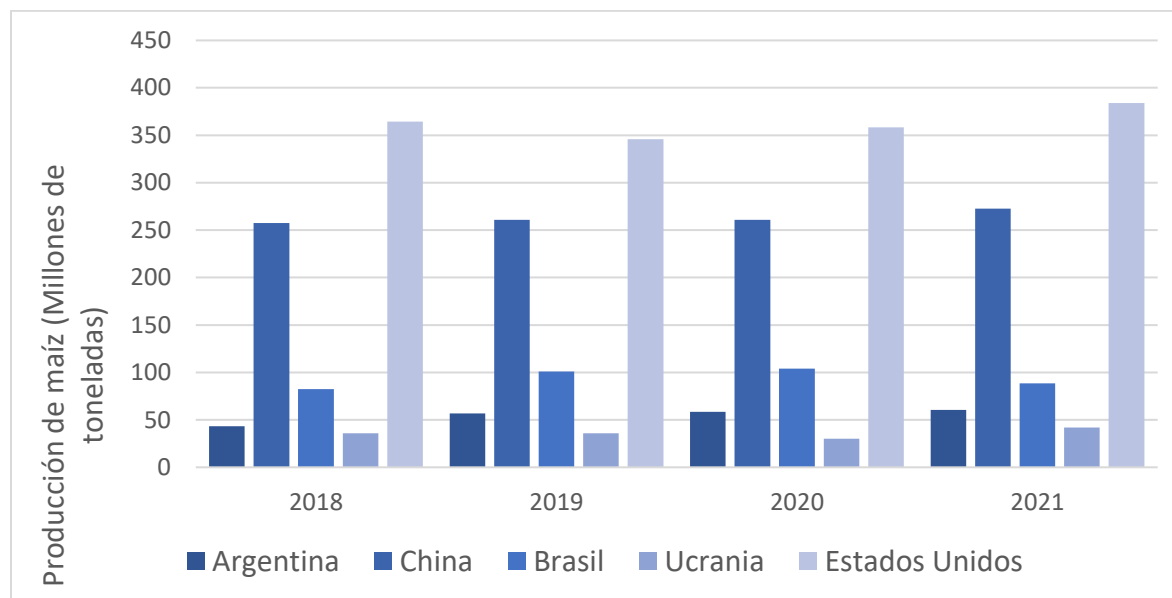


Figura 3

Producción de maíz según los países mayores productores de maíz (millones de toneladas) entre 2018 y 2021.

Nota: Elaboración propia a partir de Timeseries on selected data, de FAOSTAT, (FAO, 2023). <https://www.fao.org/faostat/en/#compare>

El aumento de la producción de maíz se logró principalmente a través de la mejora en el rendimiento por hectárea cultivada, superando las 7 toneladas por hectárea en 2021 (Figura 4). La producción del cultivo depende de agroquímicos externos (Gliessman, 2014). Estos, aumentan los rendimientos, pero a su vez degradan los suelos y provocan pérdidas de servicios ecosistémicos (Matson *et al.*, 1997; Tilman *et al.*, 2002).

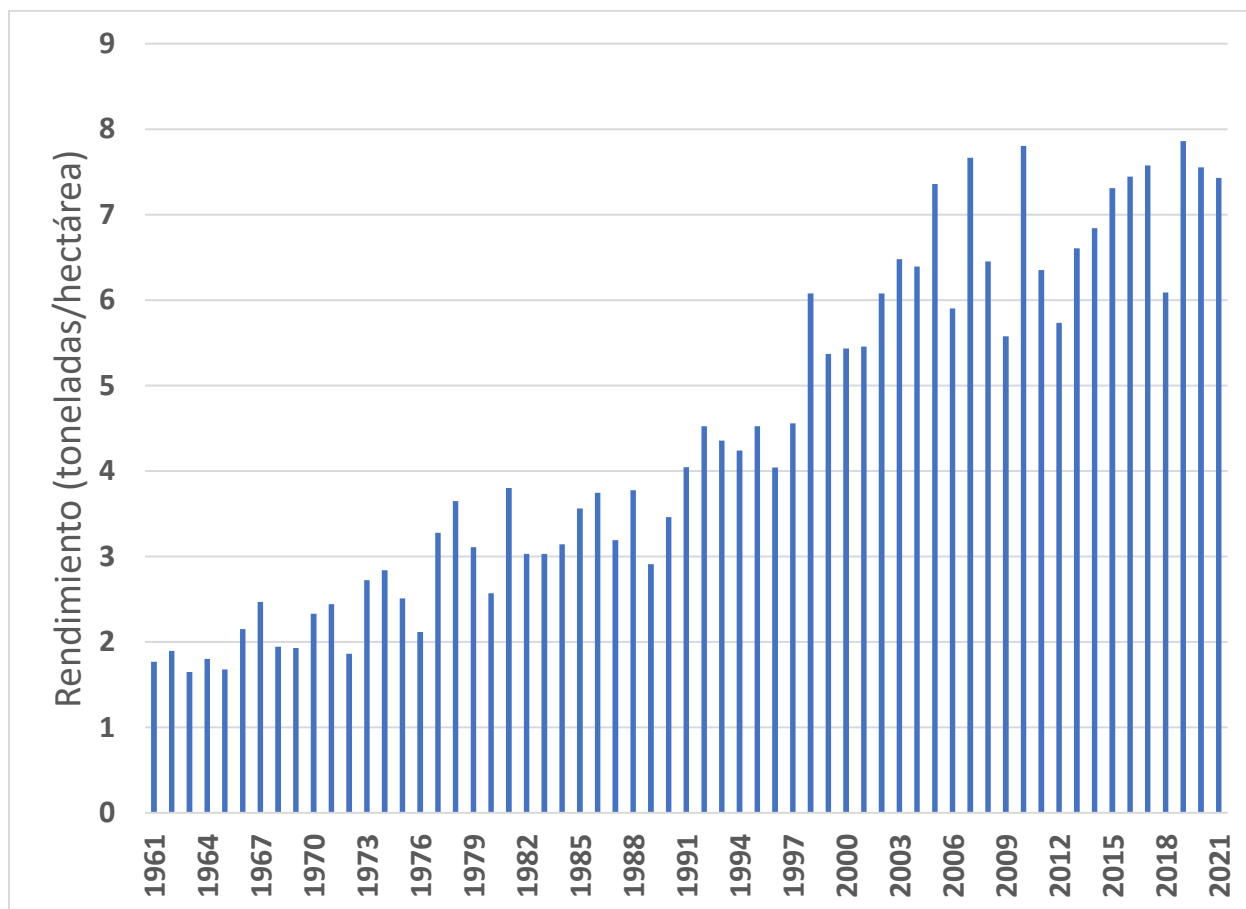


Figura 4

Rendimiento histórico de maíz en Argentina

Nota: Elaboración propia a partir de datos de FAOSTAT (FAO, 2023).

<https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>

Dentro de varios aspectos de manejo vinculados a este cultivo, uno de los más importantes es su variabilidad genética. A partir de esto se pueden seleccionar características deseables en la producción, como tolerancia a enfermedades, tolerancia a la sequía, mayor rendimiento, entre otras. El mejoramiento genético del cultivo, combinado con el manejo, particularmente asociado a la aplicación de fertilizantes, llevaron a incrementar los rendimientos potenciales (Eyhérbide & Damilano, 2001).

En este contexto debemos citar al suelo, ya que es la base del abastecimiento de los alimentos y es el soporte principal de las actividades humanas (Burbano-Orjuela, 2016). Un suelo sano es un ecosistema vivo y dinámico, lleno de organismos microscópicos y de mayor tamaño que cumplen muchas funciones vitales, entre ellas transformar la materia inerte y en descomposición, así como los minerales, en nutrientes para las plantas (ciclo de los elementos nutritivos); controlar las enfermedades de las plantas, los insectos y malas hierbas; mejorar la estructura de los suelos con efectos positivos para la capacidad de retención de agua y nutrientes de los suelos y, por último, mejorar la producción de cultivos. Además, los suelos sanos contribuyen a mitigar el cambio climático al mantener o aumentar su contenido de carbono (FAO, 2015).

Con respecto a la sustentabilidad de los sistemas agrícolas, la inclusión del cultivo de maíz proporciona estabilidad en la producción mientras que aumenta la materia orgánica del suelo, la eficiencia en el uso del agua y mejora la estructura edáfica (Mazzilli *et al.*, 2015).

En la década de 1980 surgió el paradigma de la agricultura “ecológica”, es decir, desarrollar sistemas de producción de alimentos basados en procesos impulsados biológicamente, reducir los insumos externos y lograr rendimientos adecuados (Lowrance *et al.*, 1984). Para esto, se pensó en un modelo conceptual con una característica clave, un sistema de cultivo que mantenga estable los rendimientos y las reservas del suelo tengan aportes de nutrientes aproximadamente iguales a las exportaciones mediante la cosecha. Esto requerirá un amplio abanico de procesos ecosistémicos como la descomposición, asimilación microbiana, la meteorización mediada biológicamente, las transformaciones de nitrógeno (N) y fósforo (P) mediadas microbiológicamente y la formación de agregados de suelo. La mejora de los reservorios de estos nutrientes mediados biológicamente tendrá repercusiones a largo plazo y en cascada sobre la capacidad de ciclado interno de los agroecosistemas (Drinkwater & Snapp, 2007).

Los fertilizantes químicos en altas dosis pueden afectar la biodiversidad y la abundancia de los microorganismos responsables de los ciclos biogeoquímicos naturales, reduciendo así, la fertilidad del suelo (Thiele-Bruhn *et al.*, 2012). Gran parte de los fertilizantes nitrogenados y fosforados aplicados en los agroecosistemas se pierden en el ambiente pudiendo causar eutrofización y reduciendo los recursos hídricos para el uso agrícola y humano (Daniel *et al.*, 1998; Conley *et al.*, 2009).

Uno de los microorganismos que podrían estar afectados por los insumos químicos son las micorrizas arbusculares (MA), hongos del filo *Glomeromycotina*, los cuales establecen una simbiosis con las raíces de las plantas y exploran el suelo de manera más eficiente a través de su red de hifas extrarradiculares finas y extendidas, con las cuales toman minerales como fósforo, amonio, nitrato, sulfato y potasio y la proveen a la planta a cambio de carbohidratos y lípidos (Roth & Paszkowski, 2017; Liu *et al.*, 2019).

El 70-90 % de las plantas terrestres tienen en sus raíces una asociación simbiótica con MA y se encuentran en dos formas infectivas, como esporas y como hifas (Rillig & Mummy, 2006). Asimismo, presentan crecimiento intra e intercelular en la corteza radical pudiendo formar estructuras como arbuscúlos y vesículas (Quilambo, 2003).

Como puede observarse en la Figura 5, el hongo crece de manera asimbiótica hasta que hace contacto con el hospedero y forma una estructura llamada apresorio, por donde penetran las hifas para formar los arbuscúlos e incrementar el área de contacto entre la planta y el hongo (Bago *et al.*, 2000). Ante la ausencia de una raíz hospedera y ante la falta de señales por parte de la planta, las hifas se retraen (Akiyama *et al.*, 2005). El crecimiento de las hifas antes de la infección de la raíz requiere de exudados de las raíces que participan en la vía de señalización en la fase

presimbiótica, estos incluyen a las estrigolactonas (Parniske, 2008). Cuando las plantas se encuentran en un ambiente con escasez de nutrientes aumentan la producción y liberación de estrigolactona, es ahí cuando el hongo micorrízico percibe la señal y responde con un incremento en la actividad fisiológica y en el desarrollo de hifas (Yoneyama *et al.*, 2007).

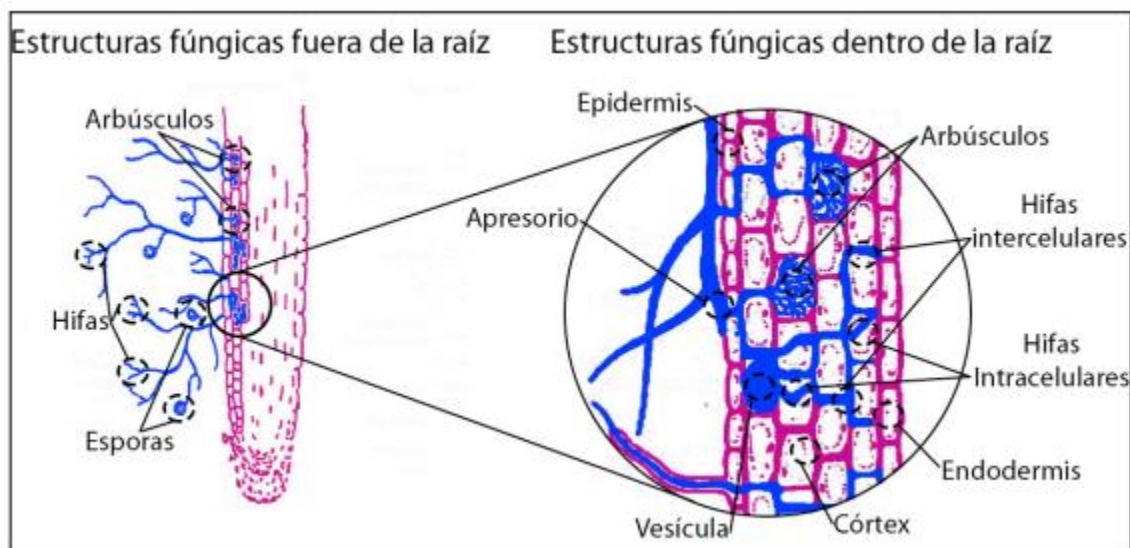


Figura 5:
Representación esquemática del desarrollo del micelio dentro y fuera de la raíz de la planta hospedante

Nota: Adaptado de Saparrat *et al.*, (2020).

La importancia de estos hongos en la agricultura radica en el vínculo entre el micelio extra radical, la planta y el suelo, ya que al darse esa asociación planta-hongo, las plantas micorrizadas presentan ventajas en la absorción de nutrientes de poca movilidad respecto a las no micorrizadas, esto se debe a que el micelio se extiende a una mayor distancia en el suelo que los pelos radicales de las plantas no micorrizadas (Blanco & Salas, 1997).

La capacidad de respuesta a la asociación de MA depende del genotipo de la planta y del hongo, así como de las condiciones ambientales. Encontrar polimorfismos genéticos que expliquen las diferencias en la capacidad de respuesta, especialmente del lado de la planta, y caracterizar su

efecto en diferentes entornos, será importante para obtener el máximo beneficio de la simbiosis para la agricultura (Janos, 2007; Sawers *et al*, 2009; Ramírez-Flores *et al*, 2020). Cuando la respuesta está influenciada por el ambiente, puede, por ejemplo, ser positiva en condiciones de bajo fósforo y volverse negativa con una fertilización alta en fósforo dependiendo del genotipo de la planta (Kaeppler *et al*, 2000). La respuesta está sujeta a la “interacción genotipo x ambiente (GxE)”, que describe el fenómeno de que diferentes genotipos responden a diferentes ambientes de maneras distintas (Falconer, 1990).

Se observaron resultados positivos en estudios desarrollados en invernaderos y viveros que contrastan con los resultados en el campo, debido a las condiciones en los agroecosistemas (Sylvia, 1999). Esto ha relegado el uso de las micorrizas en campo, por lo cual es importante conocer la diversidad y la distribución de MA en zonas agroecológicas determinadas para de esta forma, evaluar el estatus de los hongos MA encontrados en la región (Khanam *et al.*, 2006).

Dos genotipos de maíz (B73 y W22) tuvieron respuestas a MA en sus sistemas radicales; la densidad y ramificación aumentó más en W22 que en B73. Hubo una correlación entre estas variables mencionadas y el contenido mineral en la parte aérea para varios nutrientes (Ramírez-Flores *et al.*, 2019). La concentración de boro, calcio, magnesio, fósforo, azufre y estroncio en la parte aérea superó la expectativa basada en la correlación con el tamaño de las raíces, lo que indica una transferencia directa a través del hongo. Esto nos permite suponer que la MA puede promover la absorción de algunos nutrientes por transferencia directa además de por la estimulación del desarrollo del sistema de raíces (Gutjahr & Paszkowski, 2013).

Tapia-Goné *et al.*, (2008), mencionan que por el momento existe una clara certeza de que la germinación de esporas y el desarrollo de las hifas de algunas especies de hongos micorrízicos

arbúsculares, están reducidas por la presencia de las sales en los suelos. La capacidad de hacer simbiosis con hongos MA que tienen la mayoría de las plantas, se ha conservado en las principales especies de cultivos a lo largo de los procesos de domesticación y mejora (Koide *et al.*, 1988; Hetrick *et al.*, 1992; Kaeppeler *et al.*, 2000; Sawers *et al.*, 2008). Al mismo tiempo, estos mismos cultivos han conservado una maquinaria molecular necesaria para el establecimiento simbiótico y el intercambio de nutrientes (Paszkowski *et al.*, 2002; Gutjahr *et al.*, 2008; Yang *et al.*, 2012; Willmann *et al.*, 2013).

La asociación entre las micorrizas y las diversas especies vegetales aumenta bajo condiciones de estrés al ambiente como: sequía, baja fertilidad, salinidad y altas temperaturas. La pérdida de la capacidad de colonización micorrícica por las plantas puede resultar en una pérdida de los importantes beneficios que proporcionan estos hongos y reduce la capacidad de las poblaciones para colonizar otros cultivos en las secuencias (Riera & Medina, 2005). Esto podría conducir a una reducción de la dependencia de la aplicación de fertilizantes para alcanzar rendimientos competitivos, o a una mejora de los rendimientos actuales sin el aporte de fertilizantes (Bender & van der Heijden, 2014; Menge, 1983).

El propósito de este estudio fue identificar líneas del programa de mejoramiento genético del INTA que posean una alta propensión a la colonización por MA del suelo, al mismo tiempo que puedan transmitir esta característica a los híbridos resultantes. Esto permitirá su aplicación en programas de mejora genética, con el objetivo de alcanzar rendimientos óptimos mediante el uso reducido de fertilizantes químicos.

Hipótesis

Los ambientes enriquecidos con N provenientes del fertilizante químico disminuyen la colonización de los hongos micorrícicos arbusculares (HMA) a las raíces de los genotipos de maíz del programa de mejoramiento genético del INTA.

Los HMA se asocian de forma diferencial con los distintos genotipos de maíz del programa de mejoramiento genético del INTA, lo cual impacta en sus características agronómicas.

Objetivos

Objetivo general

Identificar líneas del programa de mejoramiento genético del INTA que posean una alta propensión a la colonización por MA del suelo, al mismo tiempo que puedan transmitir esta característica a los híbridos resultantes.

Objetivos específicos

- Evaluar el comportamiento de diferentes genotipos de maíz en su asociación con los HMA.
- Determinar si la fertilización nitrogenada influye en la colonización micorrícica de distintos genotipos de maíz.
- Analizar el efecto de la colonización micorrícica de raíces en la productividad de diferentes genotipos de maíz.
- Estudiar los componentes genéticos involucrados en la respuesta diferencial del maíz a la colonización por hongos micorrícicos.

Palabras clave

Maíz, micorriza, línea, híbrido.

Materiales y métodos

Lugar de estudio y tratamientos

Se sembraron 15 genotipos de maíz bajo dos tratamientos: con y sin fertilización nitrogenada adicional en la Estación Experimental Agropecuaria (EEA) INTA Pergamino, en el lote con las coordenadas: -33,958508,-60,563877.

Los genotipos que se sembraron conformaron un diseño dialélico parcial con 5 líneas endocriadas pertenecientes al programa de maíz templado de la EEA Pergamino de INTA y sus cruzamientos simples en una sola dirección. Por las características de las líneas e híbridos (vigor y porte) se evaluaron en experimentos contiguos pero diferentes. Así los experimentos fueron:

Experimento I: se evaluaron 5 las líneas endocriadas (genotipos) LP122-2, LP923, LP4703, LP29 y LP2542 en 4 repeticiones (bloques). En la Tabla 1 se muestran las características de estas.

Tabla 1. *Características de las 5 líneas endocriadas utilizadas en el experimento I.*

Pedigree	Origen	Año	Grano	Ciclo
LP122-2	Comp Argentino-Caribe (L3178xL196)F2	1997	Flint	Completo
LP2542	BSSS - FAM BS13	2005	Dent	Completo
LP29	Comp Colorado Precoz	2004	Semident	Intermedio
LP4703	Comp Prolífico Flint x Microsperma	2006	Flint	Completo
LP923	Sintética de híbridos comerciales varios	2011	Semident	Intermedio

Se decidió incluir estas líneas para tener variabilidad en los materiales y así poder realizar un estudio exploratorio, ya que, nunca se habían realizado estudios de este tipo con estos materiales.

Experimento II: se evaluaron 10 híbridos experimentales en 2 repeticiones (bloques). Los híbridos surgen de la combinación entre las líneas endocriadas antes detalladas y son los siguientes: LP2542xLP4703, LP2542xLP122-2, LP122-2xLP4703, LP29xLP923, LP122-2xLP29, LP923xLP122-2, LP2542xLP29, LP4703xLP29, LP2542xLP923 y LP4703xLP923.

Cada experimento consistió en un diseño en parcelas divididas en bloques completos aleatorizados en donde el factor principal (ubicado en las parcelas) fue el **tratamiento** (con nitrógeno (N+) y sin nitrógeno (N0)) y el factor secundario (ubicado en las subparcelas) fue el **genotipo** (líneas para el experimento I e híbridos para el experimento II). Los genotipos fueron sembrados en parcelas de 2 surcos de 5 metros de largo y 0,70 metros de separación entre ellos (7 m²). Los experimentos fueron implantados en un suelo Argiudol típico, serie Pergamino, bajo el sistema de siembra directa con una densidad de 65000 plantas por hectárea. El control de malezas y plagas se realizó según las necesidades para mantener los experimentos libres de ellas.

Al momento de la siembra, las dos parcelas recibieron, como arrancador, una fertilización en línea utilizando una dosis de 150 kg/ha de una mezcla química que contiene N, P y S (7, 40, 5 por ciento respectivamente). Adicionalmente, a la parcela con fertilización nitrogenada adicional se le aplicó 180 kg N ha⁻¹ como UREA a la siembra y en el entresurco.

Evaluación micorrítica

En el estadio V4-V5 se realizó la toma de muestras de raíces de dos plantas representativas de cada parcela, las cuales se lavaron bajo agua corriente, se seleccionaron las raíces más finas y luego se realizó la tinción por el método de Phillips & Hayman (1970) modificado.

La evaluación se realizó en microscopio óptico bajo el objetivo 20x se cuantificó el porcentaje de colonización micorrícica (A, %), observando hifas, vesículas y arbuscúlos, siendo estos los únicos evaluados (Figura 6) de acuerdo con la metodología propuesta por McGonigle *et al.* (1990).

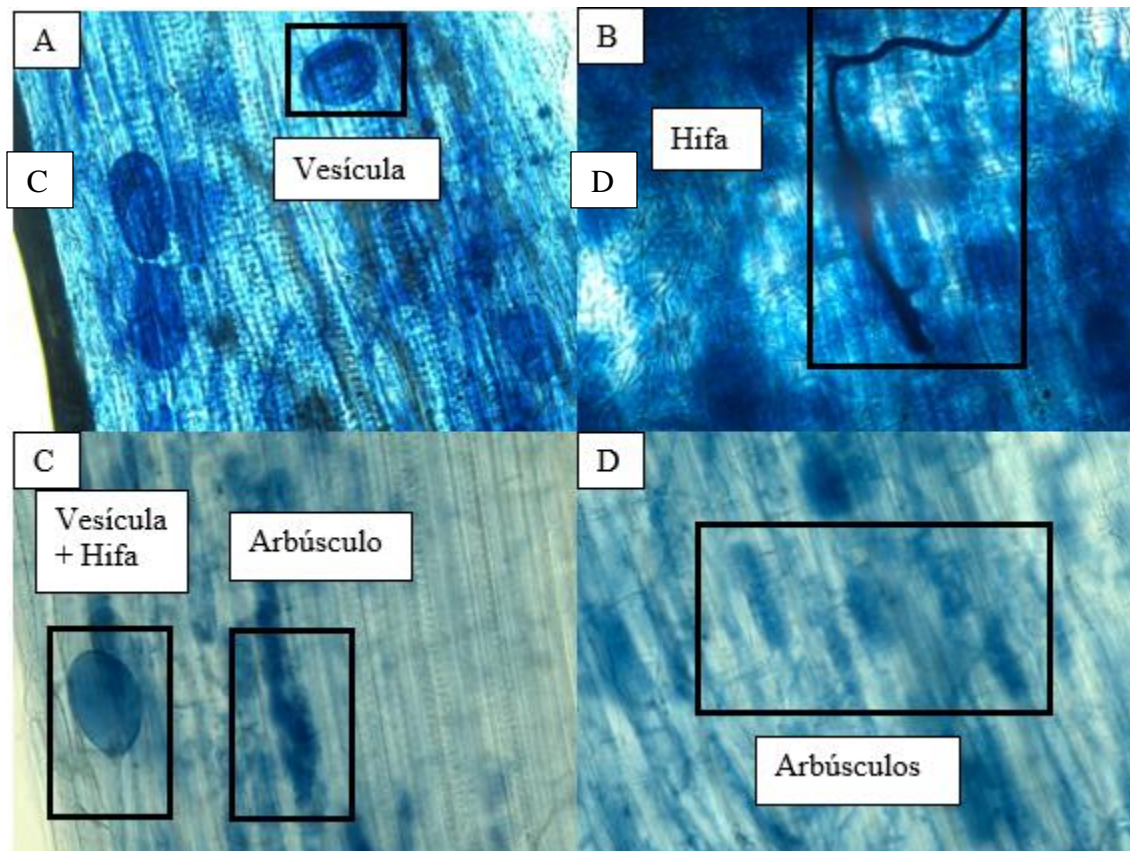


Figura 6:
 Imágenes tomadas desde el microscopio con el objetivo 40x A) Vesícula; B) Hifa; C) Vesícula + Hifa; Arbúsculo; D) Arbúsculos

Evaluación fenotípica

Se marcaron 5 plantas de cada parcela, representativas del genotipo y en competencia perfecta según la densidad sembrada (25 cm entre plantas aproximadamente).

Luego de 30 días de la madurez fisiológica se cosecharon manualmente las plantas marcadas y se midieron los siguientes caracteres (Tabla 2):

Tabla 2: Caracteres evaluados en el período 2020/21 en la EEA INTA Pergamino

Carácter	Unidad de medición	Forma de medición	Observaciones
Peso seco granos (PS_GRAN)	g/m ²	se secaron en estufa a 60 °C durante una semana las plantas cosechadas, se separaron las espigas del resto de la planta y se pesaron los granos	Se corrigió a 15 % de humedad y se expresó en kg/ha para establecer el rendimiento.
Peso seco de la planta (PS_PTA)	Kg/m ²	se secaron en estufa a 60 °C durante una semana las plantas cosechadas, se separaron las espigas del resto de la planta y se pesó el resto de la planta	Se utilizó para establecer la Biomasa por metro cuadrado.
Índice de cosecha	PS_GRAN/PS_PTA		

Análisis estadísticos

La evaluación del efecto del genotipo y el tratamiento (junto a la interacción entre ambos) sobre las variables observadas (Rendimiento, biomasa, índice de cosecha y porcentaje de arbusculos) se realizó mediante modelos lineales mixtos, donde el error es aleatorio, y cuando el supuesto de

varianza constante no se cumple, permiten modelar la matriz de varianza-covarianza. El modelo del análisis de la varianza para todas las variables evaluadas se muestra a continuación:

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + \gamma_k + (\alpha\gamma)_{ik} + \varepsilon_{ijk}$$

y_{ijk} : es la j-ésima observación en el k-ésimo genotipo bajo el i-ésimo tratamiento

μ : promedio general

α_i : efecto del i-ésimo tratamiento

β_j : efecto del j-ésimo bloque

$(\alpha\beta)_{ij}$: error asociado a la parcela principal

γ_k : efecto del k-ésimo genotipo

ε_{ijk} : error asociado a la subparcela

$\varepsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma^2)$ o modelando la matriz de varianza covarianza cuando no se cumplió el supuesto de normalidad, independencia y varianza constante.

Cuando algún efecto de la interacción o de los factores, resultó significativo se realizó la comparación de medias correspondiente mediante la prueba LSD de Fisher.

Por otro lado, para evaluar una posible relación lineal entre las variables productivas y la colonización micorrícica encontrada evaluada a través del porcentaje de arbusculos, se realizó un análisis de correlación de Pearson entre las variables evaluadas.

Se realizó un análisis de componentes principales para observar la asociación entre genotipos y las variables fenotípicas.

Para los análisis estadísticos realizados hasta aquí se utilizó el software Infostat (Di Rienzo *et al.*, 2020).

Para determinar los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) se utilizó el software GENES (Cruz, 2016), en el cual se empleó un diseño dialélico balanceado propuesto por Griffing (1956), en donde son incluidas $p(p-1)$ combinaciones, faltando los híbridos F_1 recíprocos.

El modelo (II), estadístico utilizado es el siguiente:

$$y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

donde:

y_{ij} : valor medio de la combinación híbrida ($i \neq j$) o del progenitor ($i=j$);

μ : media general;

g_i, g_j : efectos de capacidad general de combinación del i -ésimo y del j -ésimo progenitor, respectivamente;

s_{ij} : efecto de la capacidad específica de combinación para los cruzamientos entre los progenitores de orden i y j ;

ε_{ij} : error experimental medio.

Para la interpretación de los valores obtenidos en el cálculo de los efectos de ACG, se tuvo en cuenta que, cuando uno de los padres posee un valor bajo de g_i , positivo o negativo, indicaría que su respectivo valor de ACG, calculado en base a su cruzamiento con los demás padres, no diferirá mucho de la media general de los cruzamientos del dialelo. Caso contrario, altos valores de g_i ,

positivos o negativos, indicarían que el padre en cuestión sería muy superior o inferior a los demás progenitores incluidos en el dialelo, en relación con el comportamiento medio de los cruzamientos (Cosme Damiao Cruz & Adair Jose Regazzi, 1994). Por lo tanto, para la determinación de la significancia en la selección de las mejores líneas se utilizaron dos desvíos con respecto a la media (De la Cruz-Lázaro *et al.*, 2010). Esta significancia nos da un 95 % de probabilidad de que el valor seleccionado difiera de cero.

Para la interpretación de los valores obtenidos en el cálculo de los efectos de ACE, debemos tener en cuenta que las mejores combinaciones híbridas deben ser aquellas con mayor s_{ij} (mayores a 2 desvíos), cuyos padres presenten alta ACG (Sprague *et al.*, 1988).

Resultados

Experimento I: Evaluación de las líneas

Tabla 3: Resumen de los Análisis de la varianza de la evaluación de líneas de maíz bajo diferente nivel de fertilización nitrogenada en el Norte de la provincia de Buenos Aires.

Fuente de variación	Rendimiento (kg/ha)	IC	Biomasa (kg/m²)	A (%)
Tratamiento	0,250 ^{ns}	0,709 ^{ns}	0,873 ^{ns}	0,031**
Genotipo	0,001**	<0,0001**	0,054*	0,026**
Tratamiento*Genotipo	0,562 ^{ns}	0,354 ^{ns}	0,463 ^{ns}	0,052*

Nota: *p*-valor encontrado para las diferentes variables. IC: Índice de cosecha, A: Porcentaje de Arbusculos. **: *p*-valor significativo al 0,05%, *: *p*-valor significativo al 0,06%, ns: *p*-valor no significativo.

Como se observa en la tabla 3, para las variables productivas: Rendimiento, Índice de cosecha y Biomasa no se encontró efecto significativo de la interacción. Se encontró efecto significativo del genotipo para las variables productivas: Rendimiento e índice de cosecha. Para la variable biomasa se encontró un efecto significativo del genotipo considerando un nivel de significación del 6 %, se utilizó este criterio porque se consideró que no era necesario utilizar un nivel de significación del 10 % cuando algunas variables no eran significativas con un 5 %.

Para las tres variables productivas no se observaron diferencias significativas ni tendencia a comportamiento diferencial con o sin agregado de nitrógeno.

Para la variable de colonización de MA en la raíz evaluado a través del porcentaje de arbusculos (A) se encontró un efecto significativo de la interacción Genotipo*Tratamiento considerando un nivel de significación del 6 %, es decir, los genotipos de maíz evaluados se asocian de forma diferente con las MA en presencia o ausencia de Nitrógeno agregado como fertilizante en el suelo (Tabla 2).

Experimento II: Evaluación de los Híbridos

Tabla 4: Resumen de los Análisis de la varianza de la evaluación de los híbridos de maíz bajo diferente nivel de fertilización nitrogenada en el Norte de la provincia de Buenos Aires.

Fuente de variación	Rendimiento (kg/ha)	IC	Biomasa (kg/m²)	A (%)
Tratamiento	0,910 ^{ns}	0,299 ^{ns}	0,475 ^{ns}	0,409 ^{ns}
Genotipo	0,003**	0,029**	<0,0001**	0,042**
Tratamiento*Genotipo	0,814 ^{ns}	0,835 ^{ns}	0,177 ^{ns}	0,519 ^{ns}

Nota: *p*-valor encontrado para las diferentes variables: IC: Índice de cosecha, A: Porcentaje de Arbusculos. **: Es *p*-valor significativo al 0,05%, *: Es *p*-valor significativo al 0,06%, ns: *p*-valor no significativo.

Como se observa en la tabla 4, no hubo efecto significativo de la interacción entre ambos factores para ninguna de las variables. Por el contrario, se encontró efecto significativo de los genotipos para las variables productivas y para la variable de colonización de MA en la raíz evaluado a través del porcentaje de arbusculos. Es decir, existen diferencias entre genotipos en su asociación con los hongos. En este caso, para todas las variables evaluadas no se observaron diferencias significativas ni tendencia a comportarse diferente con o sin agregado de nitrógeno.

Rendimiento de las líneas en el experimento I:

Tal como lo muestra la figura 7, el genotipo LP923 fue el que mayor rendimiento promedio entre tratamientos obtuvo, con aproximadamente 4700 kg/ha, lo siguieron LP29 y LP4703, 4575 kg/ha y 3925 kg/ha, respectivamente, sin tener diferencias significativas entre sí. Mientras que el genotipo LP122-2 presentó el menor rendimiento, apenas superando los 2100 kg/ha.

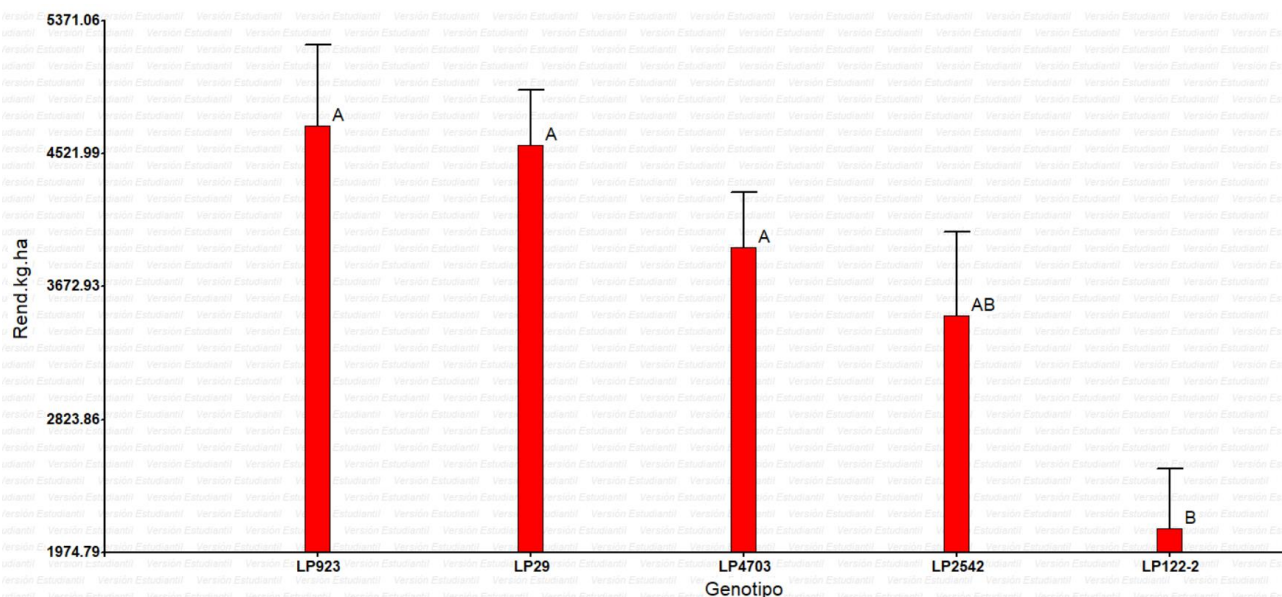


Figura 7: Rendimiento en grano (kg/ha) promedio de líneas de maíz evaluadas bajo diferente nivel de fertilización nitrogenada en el Norte de la provincia de Buenos Aires.

Nota: Letras diferentes indican que hay diferencias significativas para los rendimientos (Rend: kg/ha) en los diferentes genotipos evaluados en el experimento 1.

Rendimiento de los híbridos en el experimento II:

En la figura 8 se puede observar que el genotipo que más rendimiento obtuvo fue el híbrido LP122-2xLP29, con un promedio entre tratamientos de 11126,5 kg/ha, lo siguen los híbridos LP2542xLP122-2, LP2542xLP923, LP923xLP122-2 y LP2542xLP4703, que rindieron 9873,5 kg/ha, 9208,5 kg/ha, 8757 kg/ha y 8717,33 kg/ha respectivamente; cabe destacar que dentro de los cuatro mayores rendimientos tres de los genotipos tienen en común a la línea LP122-2 como uno de los padres. El genotipo que obtuvo el peor resultado fue LP4703xLP923 con 6384 kg/ha. El promedio general de todos los híbridos fue de 8558,06 kg/ha, superando ampliamente a las líneas, las cuales obtuvieron en promedio 3773 kg/ha.

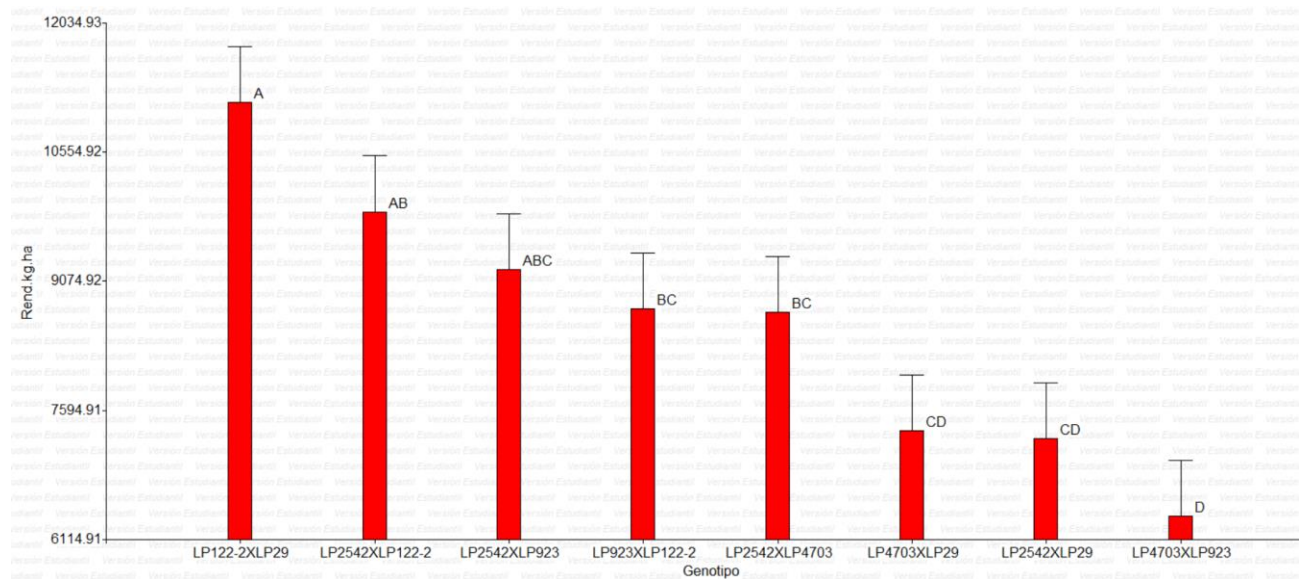


Figura 8: Rendimiento en grano (kg/ha) promedio de híbridos de maíz evaluados bajo diferente nivel de fertilización nitrogenada en el Norte de la provincia de Buenos Aires.

Nota: letras diferentes indican que hay diferencias significativas para los rendimientos (Rend.kg.ha) en los diferentes genotipos evaluados en el experimento 2.

Biomasa de las líneas en el experimento I:

La figura 9, muestra que, en las líneas, el genotipo LP122-2 fue el que produjo mayor cantidad de biomasa promedio entre tratamientos, superando los 1500 kg/m², mientras que LP4703 fue el que menor biomasa produjo 1165.80 kg/m².

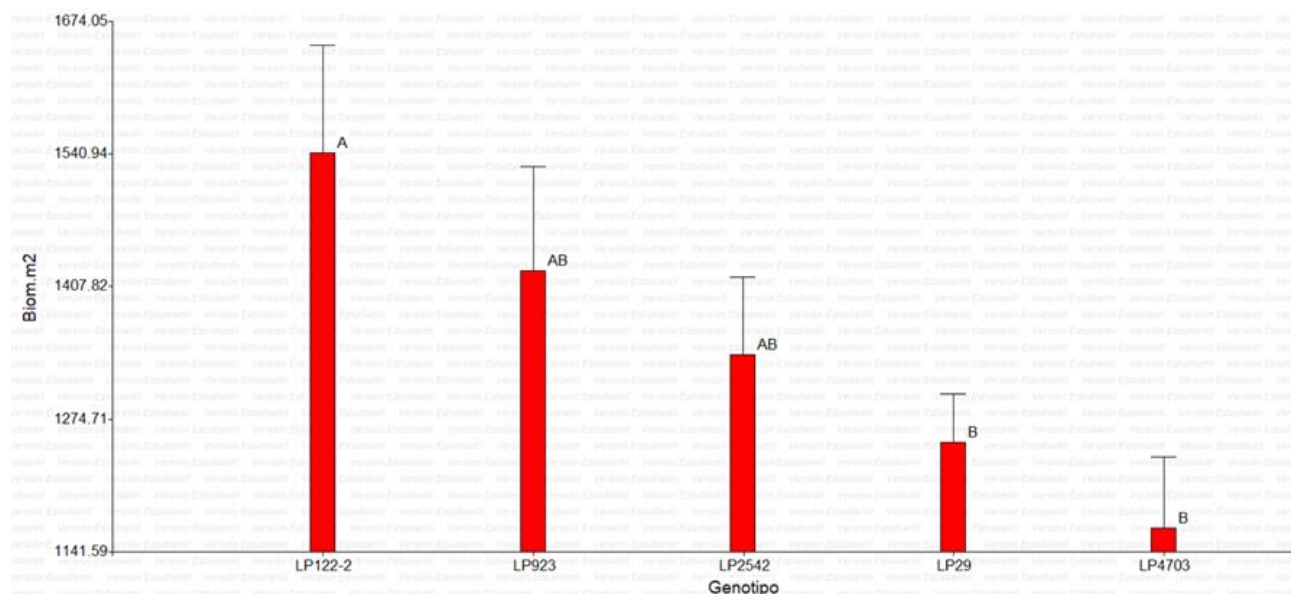


Figura 9: Biomasa (kg/m^2) promedio de las líneas de maíz evaluadas bajo diferente nivel de fertilización nitrogenada en el Norte de la provincia de Buenos Aires.

Nota: Letras diferentes indican que hay diferencias significativas para la biomasa (Biom.m2 en kg/m^2) en los diferentes genotipos evaluados en el experimento 1.

Biomasa de los híbridos en el experimento II:

En la figura 10 se observa que los genotipos híbridos LP2542xLP122-2, LP122-2xLP29, LP923xLP122-2 y LP2542xLP923, fueron los que mayor cantidad de biomasa por metro cuadrado promedio entre tratamientos produjeron, sin tener diferencias significativas entre sí, con valores en un rango de entre 2000 y 2300 kg/m^2 , mientras que el genotipo LP4703xLP923, con una producción de aproximadamente 1500 kg/m^2 , fue el que menos biomasa generó. Además, se puede decir, que dentro de los genotipos que mayor biomasa produjeron se encuentra a la línea LP122-2 como uno de sus padres.

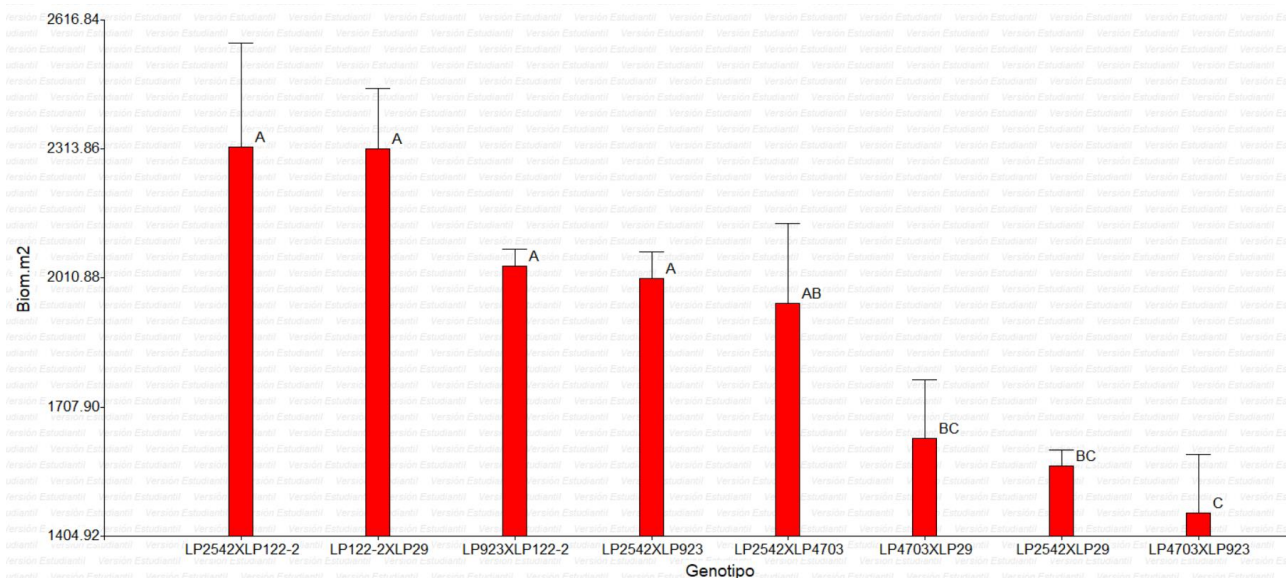


Figura 10: Biomasa (kg/m^2) promedio de los híbridos de maíz evaluados bajo diferente nivel de fertilización nitrogenada en el Norte de la provincia de Buenos Aires.

Nota: letras diferentes indican que hay diferencias significativas para la biomasa (Biom.m2 en kg/m^2) en los diferentes genotipos evaluados en el experimento 2.

Índice de cosecha de las líneas en el experimento I:

En cuanto al índice de cosecha, es decir, la cantidad de biomasa que se transformó en grano, las líneas LP29, LP4703 y LP923 fueron las que mayor índice de cosecha promedio entre tratamientos tuvieron, mientras que la línea LP122-2 fue la menor, tal como se muestra en la figura 11.

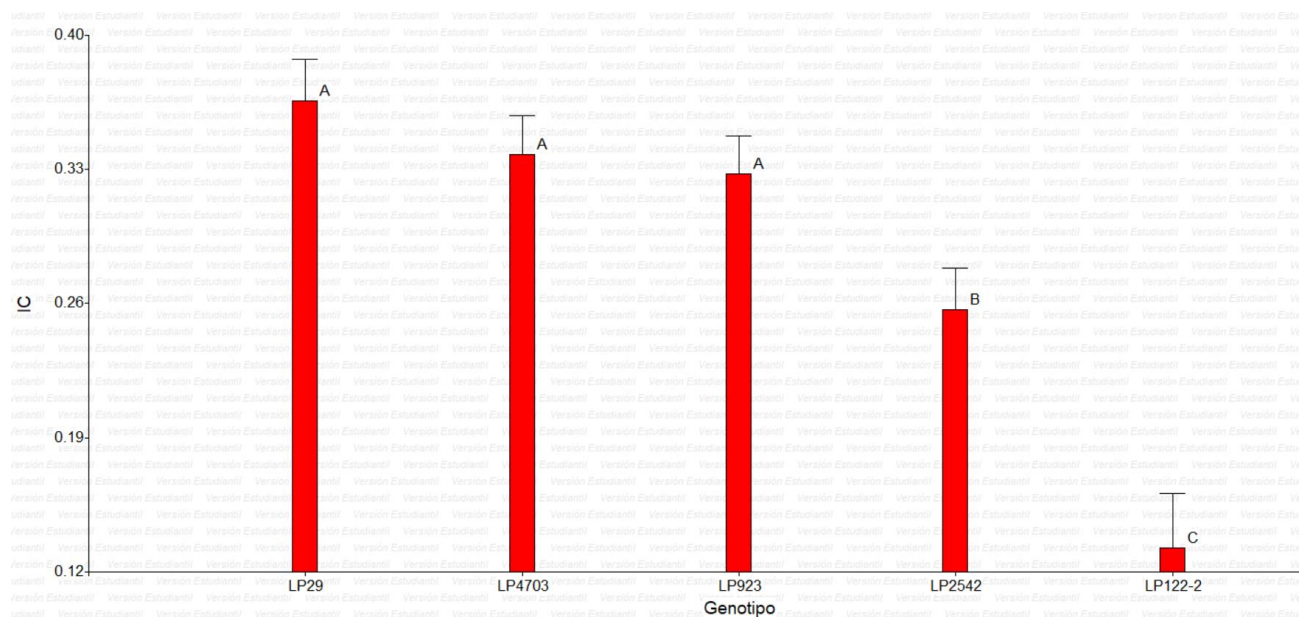


Figura 11: Índice de cosecha promedio de las líneas de maíz evaluadas bajo diferente nivel de fertilización nitrogenada en el Norte de la provincia de Buenos Aires.

Nota: letras diferentes indican que hay diferencias significativas para el Índice de cosecha (IC) en los diferentes genotipos evaluados en el experimento 1.

Índice de cosecha de los híbridos en el experimento II:

Por su parte en la figura 12 se puede observar que el híbrido LP122-2xLP29 fue el que mayor índice de cosecha promedio entre tratamientos tuvo mientras que el menor índice lo presentó el genotipo LP4703xLP923.

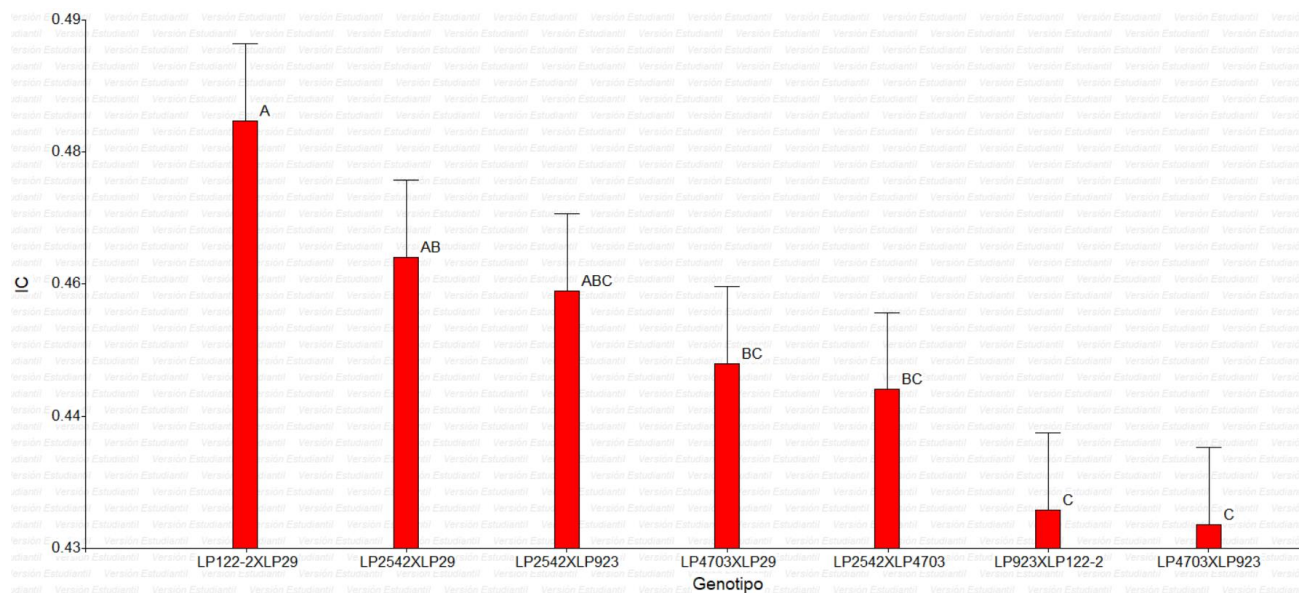


Figura 12: Índice de cosecha promedio de los híbridos de maíz evaluados bajo diferente nivel de fertilización nitrogenada en el Norte de la provincia de Buenos Aires.

Nota: letras diferentes indican diferencias significativas para el Índice de cosecha (IC) en los diferentes genotipos evaluados en el experimento 2.

Porcentaje de arbusculos en las líneas en el experimento I:

En las líneas, evaluaron las diferencias entre los tratamientos con nitrógeno (N+) y sin nitrógeno (N0). En general, los genotipos en el tratamiento en el que no se le agregó el nutriente mencionado como fertilizante, presentaron un mayor porcentaje de arbusculos que en el ambiente fertilizado, tal como puede observarse en la Tabla 5. En la figura 13 se muestran las comparaciones del porcentaje de colonización de las líneas en los diferentes tratamientos; las líneas LP122-2 y LP923, no presentaron diferencias en el porcentaje de arbusculos entre tratamientos, contrastando con el resto de las líneas, las cuales presentaron un porcentaje de colonización mayor en el tratamiento N0. Se puede observar, por ejemplo, que la línea LP4703 presenta 75 % de colonización en el tratamiento N0 y 36,5 % en el tratamiento N.

Tabla 5: Comparaciones de medias para las líneas de maíz evaluadas en ambientes enriquecido con Nitrógeno agregado como fertilizante (N+) y sin Nitrógeno agregado (N0)

Ambiente	Genotipo	Medias \pm E.E.			
N0	LP122-2	79,25 \pm 7,33	A		
N0	LP29	79,00 \pm 8,46	A	B	
N+	LP122-2	78,50 \pm 7,33	A	B	
N0	LP4703	75,00 \pm 7,33	A	B	
N0	LP2542	71,00 \pm 7,33	A	B	
N0	LP923	64,75 \pm 7,33	A	B	
N+	LP923	64,25 \pm 7,33	A	B	
N+	LP29	56,00 \pm 8,46		B	C
N+	LP2542	40,75 \pm 7,33			C
N+	LP4703	36,50 \pm 7,33			C

Nota: Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

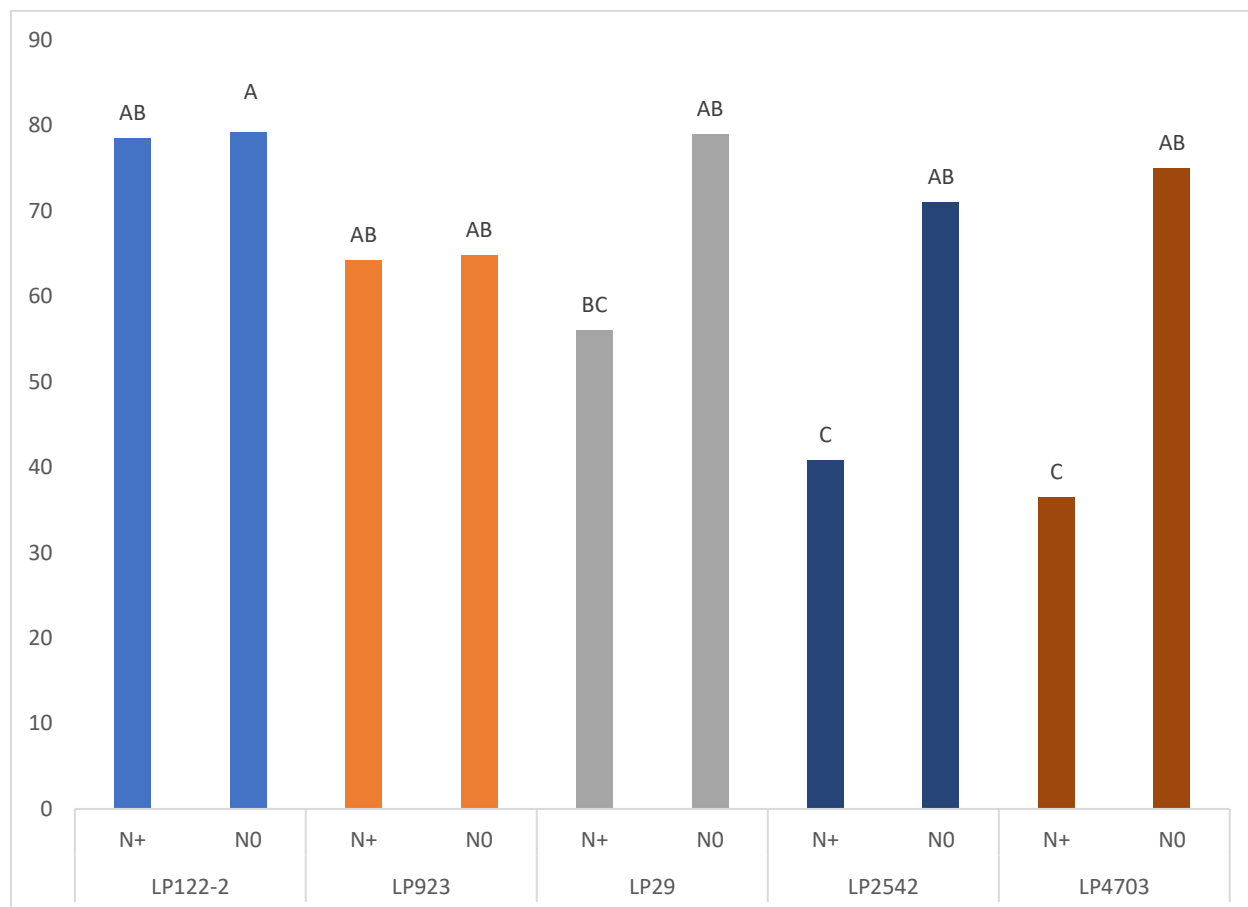


Figura 13: Porcentaje de arbúsculos en las líneas de maíz evaluados bajo diferente nivel de fertilización nitrogenada en el Norte de la provincia de Buenos Aires.

Nota: comparación de medias de los diferentes genotipos evaluados en los diferentes ambientes en el experimento 1

Porcentaje de arbúsculos en los híbridos en el experimento II:

Con respecto a los híbridos, no hubo interacción entre genotipo y tratamiento y, además, la media entre estos es de 47,39 %, mientras que en las líneas es de 65,92%. El p valor para genotipo es de 0,042, por lo tanto, se puede decir que hay algunos genotipos que van a relacionarse de una mejor manera con las MA, por ejemplo, la Figura 14 muestra que el híbrido LP923xLP122-2 presenta el mayor porcentaje de arbúsculos, con una media entre tratamientos de 71,75 % y otros, como el híbrido LP2542xLP923 presentó un 30,25 %, siendo el que tuvo menor capacidad de asociación hongo-planta. Además, se puede observar que los híbridos que

tienen como uno de sus padres a la línea LP122-2 presentan los mayores porcentajes de arbúsculos.

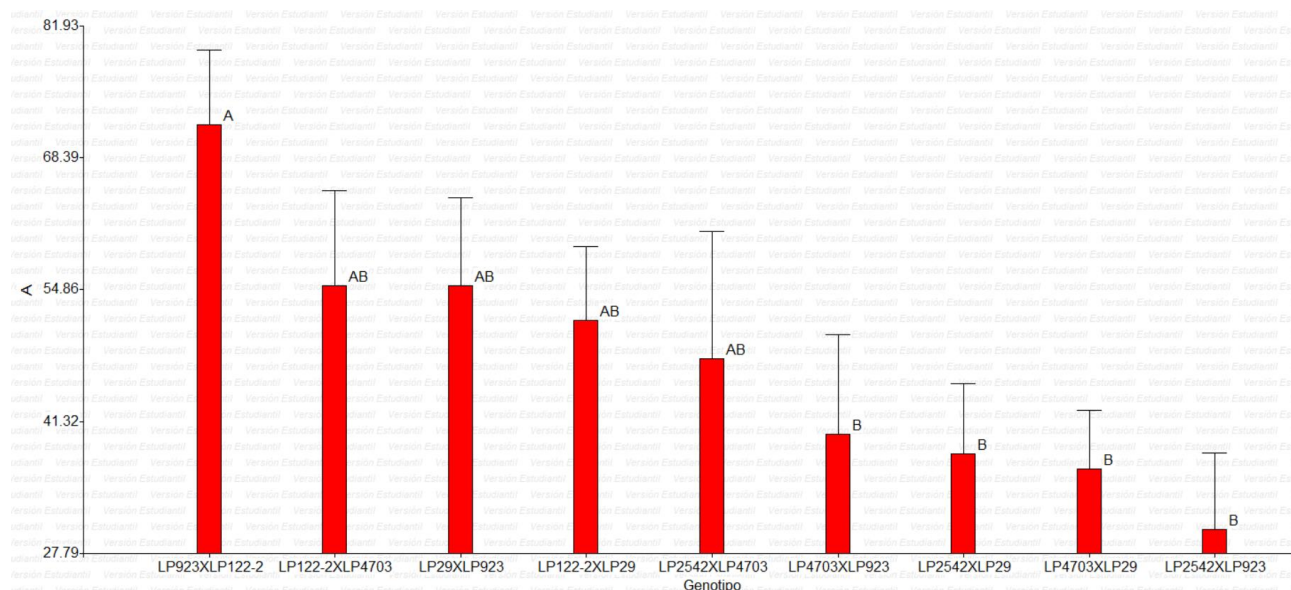


Figura 14: Porcentaje de arbúsculos en los híbridos de maíz evaluados bajo diferente nivel de fertilización nitrogenada en el Norte de la provincia de Buenos Aires.

Nota: letras diferentes indican diferencias significativas para el porcentaje de arbúsculos (A), en los diferentes genotipos evaluados en el experimento 2.

Correlaciones entre variables dentro de líneas en el experimento I:

Dentro de las líneas, el porcentaje de arbúsculos no tiene relación lineal con las variables productivas rendimiento, biomasa e índice de cosecha (Tabla 6).

Tabla 6: Coeficientes de correlación entre las variables analizadas en líneas de maíz evaluadas bajo diferente nivel de fertilización nitrogenada en el Norte de la provincia de Buenos Aires.

	A (%)	Rendimiento (kg/ha)	Biomasa (kg/m ²)	IC
A (%)		ns	ns	ns
Rendimiento (kg/ha)			**	**
Biomasa (kg/m ²)		0,41		ns
IC		0,84		

Nota: A: Arbúsculos. Por debajo de la diagonal se presentan los coeficientes de correlación de Pearson, por encima de la misma su significancia. **: Es *p*-valor significativo al 0,01% , *: Es *p*-valor significativo al 0.05%, ns: *p*-valor no significativo.

Dentro de los híbridos, el porcentaje de arbúsculos no tiene relación lineal con las variables productivas rendimiento, biomasa e índice de cosecha (Tabla 7).

Correlaciones entre variables dentro de Híbridos en el experimento II:

Tabla 7: Coeficientes de correlación entre las variables analizadas en híbridos de maíz evaluadas bajo diferente nivel de fertilización nitrogenada en el Norte de la provincia de Buenos Aires.

	A	Rendimiento (kg/ha)	Biomasa (kg/m ²)	IC
A		ns	ns	ns
Rendimiento (kg/ha)			**	**
Biomasa (kg/m ²)		0,96		ns
IC		0,54		

Nota: Rend: Rendimiento (kg/ha), IC: Índice de cosecha, A: Arbúsculos. Por debajo de la diagonal se presentan los coeficientes de correlación de Pearson, por encima de la misma su significancia. **: Es *p*-valor significativo al 0,01% , *: Es *p*-valor significativo al 0.05%, ns: *p*-valor no significativo.

Análisis de componentes principales

Los análisis de componentes principales nos permitieron observar la relación de las variables entre sí y como se asocian los genotipos utilizados en los experimentos con cada variable.

En la figura 15 se observa que, en el análisis de componentes principales realizado a partir del experimento con las líneas, la componente principal 1, en la cual se encuentran el Rendimiento (Rend(kg/ha)) y el Índice de cosecha (IC), y en la misma, pero en forma negativa, la Biomasa (Biom/m²), explica el 62,2 % de la variabilidad, mientras que la componente principal 2, en la cual se encuentra la variable arbúsculos (A), explica el 23% de la variabilidad. En este caso, la línea LP29 en ambos tratamientos estudiados, la línea LP923, en el tratamiento sin Nitrógeno y la línea LP4703, también sin nitrógeno, se relacionaron con las variables Rendimiento e Índice de cosecha, mientras que la línea LP122-2, en ambos tratamientos estudiado se encuentra relacionada con la variable Biomasa por metro cuadrado.

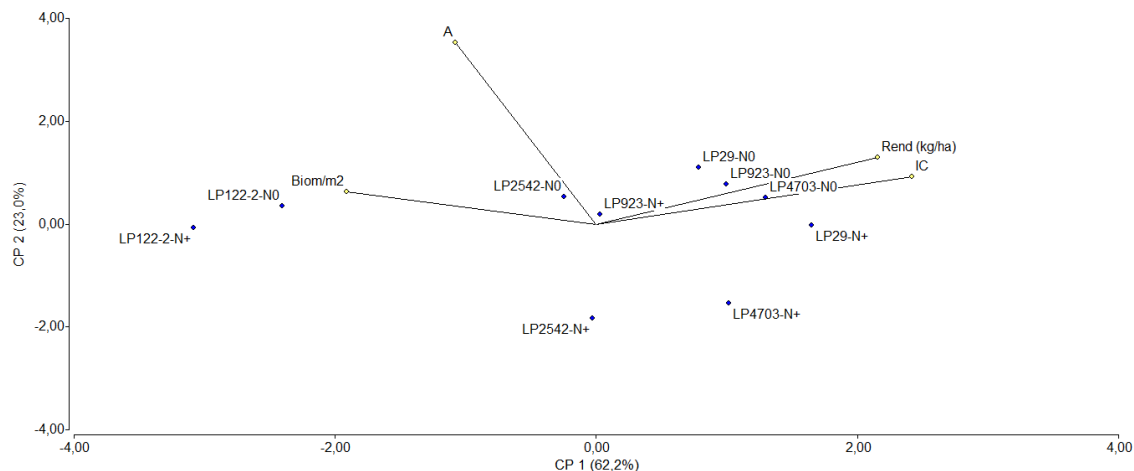


Figura 15: Análisis de componentes principales entre las variables analizadas en líneas de maíz evaluadas bajo diferente nivel de fertilización nitrogenada en el Norte de la provincia de Buenos Aires.

Nota: Rend: Rendimiento (kg/ha), Biom/m2: Biomasa (kg/m²), A: Arbúsculos, IC: Índice de cosecha. CP 1 indica el porcentaje explicado por la primera componente principal y CP 2 indica el porcentaje explicado por la segunda componente principal.

En el caso de los híbridos, tal como se muestra en la Figura 16, se observa que la componente principal 1 explica el 53,3% de la variabilidad, en dicha componente se encuentran las variables Rendimiento (Rend (kg/ha) y Biomasa (Biom/m²), mientras que la componente principal 2 explica el 34,2% de la variabilidad, en la cual se encuentra la variable arbúsculos (A) e Índice de cosecha (IC). El genotipo LP122-2XLP29 que no fue enriquecido con nitrógeno como fertilizante se encuentra asociado a la variable rendimiento, a su vez, LP122-2XLP29 y LP2542XLP122-2, ambos genotipos fertilizados también se encuentran asociados a la variable rendimiento, estos genotipos fueron los que mayor rendimiento obtuvieron. Además, tanto la variable rendimiento como estos genotipos mencionados, están asociados con la variable Biomasa. Por otro lado, el genotipo LP923XLP122-2 se encuentra asociado a la variable arbúsculos, y este fue el híbrido que mayor porcentaje de asociación con los mismos presentó.

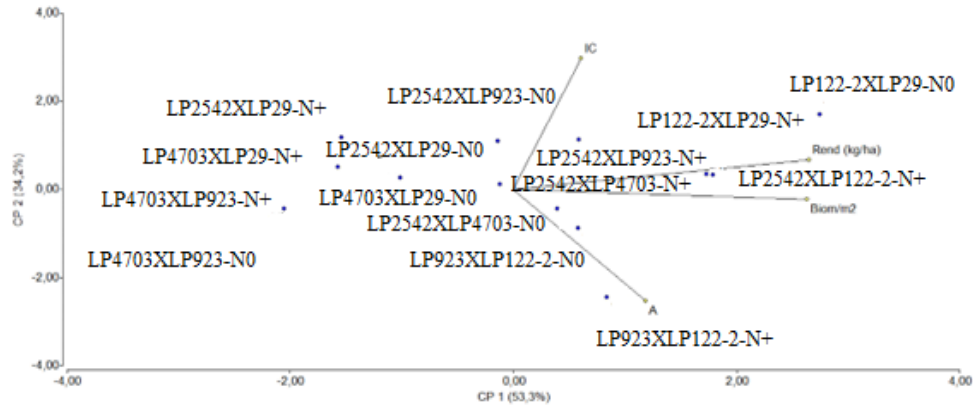


Figura 16: Análisis de componentes principales entre las variables analizadas en híbridos de maíz evaluados bajo diferente nivel de fertilización nitrogenada en el Norte de la provincia de Buenos Aires.

Nota: Rend: Rendimiento (kg/ha), Biom/m²: Biomasa (kg/m²), A: Arbusculos, IC: Índice de cosecha. CP 1 indica el porcentaje explicado por la primera componente principal y CP 2 indica el porcentaje explicado por la segunda componente principal.

Estudio de los componentes genéticos

En la Tabla 8 se muestra la alta significancia estadística presente para el porcentaje de arbúsculos mediante un análisis de ANOVA realizado con el software GENES para la Aptitud Combinatoria General (A.C.G) y para la Aptitud Combinatoria Específica (A.C.E) con una probabilidad de 0.0061 y 0.0074, respectivamente.

Tabla 8: ANOVA arrojado por el software Genes para la aptitud combinatoria general y específica utilizando un dialelo de Griffing para la variable arbúsculos (modelo II).

FV	GL	SQ	QM	F(fijo)	Probabilidad
Tratamiento	14	10753,88	768,13	3,58	0,0020
A.C.G	4	3883,48	970,87	4,52	0,0061
A.C.E	10	6870,39	687,04	3,20	0,0074
Residuo	28	6014,96	214,82		

Nota: FV: fuente de variación, GL: grados de libertad, SQ: suma de cuadrados, QM: cuadrado medio, A.C.G: aptitud combinatoria general, A.C.E: aptitud combinatoria específica.

Aptitud Combinatoria General

El análisis estadístico realizado indica que el desvío estándar de los efectos de ACG resultó 2,48 (Tabla 9). Valores positivos o negativos superiores a dos desvíos estándar, es decir, 4,96, indican efectos distintos a cero. En este caso, la línea LP122-2 contribuye positivamente con valores superiores a la media general (Tabla 9). Esta línea estaría aportando efectos aditivos en los cruzamientos en los que participa para generar mayor asociación con MA, lo que puede explicar que los híbridos en los que está presente la línea mencionada como progenitor son los que mayor asociación tienen. Por otro lado, la línea LP2542 contribuye negativamente para esta característica.

Tabla 9: Efectos de Aptitud combinatoria general para las líneas utilizadas en el Experimento 1.

Efecto de la C.G.C	
Variable: Arbúsculos	
Genotipo	Estimativa
LP122-2	9,78
LP2542	-5,76
LP29	-1,27
LP4703	-2,88
LP923	0,12
DP(Gi)	2,48

Nota: DP: desvío estándar.

Aptitud Combinatoria Específica

El análisis estadístico realizado indica que el desvío estándar de los efectos de ACE resultó 6,39 (Tabla 10). Valores positivos o negativos superiores a dos desvíos estándar, es decir, 12,79, indican efectos distintos a 0. En este caso, el híbrido LP122-2xLP923y el híbrido LP29xLP4703 son las peores combinaciones híbridas para la variable % de arbúsculos, y no se encontró una combinación que sea positiva y superior a la media general (Tabla 10). En el primer híbrido mencionado, el porcentaje de heterosis es -49,74 %, esto indica que hay una disminución en la colonización en ese porcentaje. En el segundo híbrido, el porcentaje de heterosis es -44 %, por lo tanto, también habría una disminución en la colonización del mismo porcentaje.

Tabla 10: Efecto de la aptitud combinatoria específica para las líneas utilizadas en el Experimento 1 y los híbridos generados con las diferentes combinaciones de estas utilizados en el Experimento 2.

Efecto de la C.E.C			
Variable: Arbúsculos			
Genotipo	Estimativa	Heterosis	Heterosis (%)
LP122-2	5,09	0	0
LP122-2xLP2542	-0,9243	-10,05	-14,915405
LP122-2xLP29	-10,9914	-21,44	-29,293619
LP122-2xLP4703	-5,88	-15,62	-22,040356
LP122-2xLP923	7,6157	0,06	0,083694
LP2542	13,1614	0	0
LP2542xLP29	-9,205714	-23,69	-38,401686
LP2542xLP4703	2,1557	-11,62	-19,572174
LP2542xLP923	-18,3486	-29,94	-49,742482
LP29	15,8071	0	0
LP29xLP4703	-13,5814	-28,68	-44,001227
LP29xLP923	2,1643	-10,75	-16,287879
LP4703	14,39	0	0
LP4703xLP923	-11,474286	-23,68	-37,18593
LP923	10,0214	0	0
DP(Sij)	6,396725		

Nota: DP: desvío estándar.

Discusión

En la presente investigación pudimos observar un comportamiento diferencial de los genotipos en ambos experimentos realizados. En el experimento 1 las líneas presentaron un promedio de asociación a micorrizas de 65 %, mientras que en el experimento 2, los híbridos presentaron un promedio de 47 %. Esto condice con los resultados de Barrales Gamez (2023), quien estudió una población de 76 líneas casi isogénicas de maíz, la línea elite CML312, el híbrido H-383 y *Teocintle parviglumis* silvestre. En su investigación, la mayor colonización por arbusculos fue para el Teocintle, con un promedio de 82 %, luego la línea casi isogénica con mayor valor presentó 64 %, mientras que la línea elite y el híbrido fueron colonizadas en aproximadamente 12 % y 10 %, respectivamente. Por su parte, los resultados presentados por Copia *et al.* (2022) fueron bajos para los cruzamientos. Se evaluaron 13 genotipos de maíz, híbridos simples, triples y variedades, obteniendo diferentes niveles de colonización que fueron entre 8 % y 27 %, lo cual según lo expuesto por estos investigadores podría deberse a que su ensayo se realizó fertilizando con Nitrógeno lo que podría haber condicionado el nivel de colonización. En nuestra investigación utilizando genotipos híbridos, no encontramos diferencias entre ambientes con y sin Nitrógeno agregado como fertilizante. De acuerdo con los estudios realizados por Lehman *et al.*, (2012), la domesticación puede disminuir la capacidad de las plantas para responder positivamente a los HMA. Por su parte, Brisson *et al.*, (2019), encontraron en sus resultados que las mayores diferencias en la comunidad microbiana en la rizosfera se producen en los híbridos modernos, esto sugiere que los avances en el desarrollo de híbridos afectan a las comunidades microbianas de la rizosfera.

Con relación al efecto de la fertilización nitrogenada sobre la asociación del maíz con los HMA en nuestro trabajo pudimos observar al estudiar las líneas endocriadas de maíz, que la

incorporación de Nitrógeno agregado como fertilizante al sistema de cultivo disminuyó el grado de asociación entre los MA y los genotipos. Sin embargo, existió comportamiento diferencial de los genotipos evaluados ante diferencias ambientales en su asociación a MA. Al evaluar el comportamiento de los híbridos no encontramos una situación similar a lo hallado en las líneas. La incorporación de la fertilización nitrogenada no produjo diferencias en el porcentaje de arbusculos encontrados, lo que indica que dicho nivel de asociación no fue afectado por el ambiente enriquecido en nitrógeno. Pero los niveles de asociación con los MA también en este caso fueron diferentes según el germoplasma involucrado en dicha asociación. Si bien en esta investigación se trabajó utilizando tratamientos en los que se aplicó y no se aplicó Nitrógeno como fertilizante, es interesante mencionar lo encontrado por Sawers *et al.* (2009) quienes compararon el peso seco de los brotes en respuesta a la MA de dos líneas de maíz con respuesta contrastante a lo largo de un gradiente de fosfato. Para una de las líneas, la respuesta a MA fue positiva entre 0 y 400 mM de fosfato y se volvió ligeramente negativa a partir de 600 mM. Por el contrario, la respuesta MA de la otra línea fue casi neutra en la mayoría de las concentraciones de fosfato y se volvió ligeramente positiva a 800 mM. Por su parte, Colina Navarrete *et al.*, (2020), encontraron en su trabajo que la cantidad de esporas por gramo de suelo seco y el porcentaje de colonización por micorrizas disminuye con dosis crecientes de fertilizante nitrogenado utilizando un híbrido de maíz. En nuestra investigación, las líneas LP122-2 y LP923, no presentaron diferencias en la asociación a MA en ambos ambientes estudiados; mientras las líneas LP29, LP4703 y LP2542 presentan una asociación mayor cuando no se le agrega Nitrógeno. Por otro lado, Montañó Arias *et al.* (2001), quienes utilizaron dos genotipos de maíz y aplicaron diferentes cantidad de fertilizantes nitrogenados y fosforados, encontraron una ligera disminución en el porcentaje de colonización que no fue significativa a dosis bajas de P ($P = 40 \text{ kg ha}^{-1}$) al variar la dosis de N de

60 a 120 kg ha⁻¹, lo que sugiere que a menor dosis de P el porcentaje de colonización por MA no es afectado por incremento en suministro de N; mientras que a un mayor suministro en P (P = 80 kg ha⁻¹) con variación de las mismas concentraciones en la dosis de N, se registró un marcado efecto sobre el porcentaje de colonización en muestras tomadas en edades más avanzadas en el ciclo del cultivo, los cuales disminuyen significativamente con aumento de la edad de la planta y en el momento de la floración. Además, el porcentaje de colonización se incrementó (respecto al testigo 0-0 kg ha⁻¹ N+P) significativamente ante la presencia de N y ausencia de P, lo que se asocia a que la aplicación o el suministro de N sin adicionar P acentúa en la planta la necesidad de adquirir el nutriente no suministrado, por lo que el porcentaje de colonización tiende a ser mayor.

En cuanto a la productividad, pudimos observar que no se encontraron diferencias en los rendimientos en los diferentes ambientes estudiados. Obtuvimos un rango de rendimientos entre 6384 kg/ha y 11126,5 kg/ha, mientras que en el ensayo de Melilli *et al.* (2021), el rango fue entre 6997 kg/ha y 12751 kg/ha. Este ensayo fue realizado en la EEA INTA Pergamino para híbridos comerciales en la misma fecha, es decir que, aunque en este ensayo no se utilizaron híbridos comerciales, bajo las mismas condiciones de cultivo, se obtuvieron rendimientos similares a los híbridos comerciales. Un aspecto a destacar es que la fertilización diferencial de nitrógeno no generó diferencias en el rendimiento de los híbridos, lo cual puede deberse a las condiciones de cultivo que se presentaron, donde los buenos niveles de disponibilidad hídrica y la potencial disponibilidad de nitrógeno aportada por la mineralización favorecida por las siembras tardías en función de la demanda del cultivo suplantaron las necesidades de este nutriente en los tratamientos sin fertilización nitrogenada.

Por otra parte, cabe destacar que en el experimento 2, tres de los genotipos de los cuatro con mayores rendimientos tienen en común a la línea LP122-2 como uno de los padres. Además, el

promedio general de todos los híbridos fue de 8558,06 kg/ha, superando ampliamente la productividad de las líneas, las cuales obtuvieron un promedio 3773 kg/ha. El rendimiento diferencial de los híbridos con respecto a las líneas es evidencia de la heterosis presente, en el caso de los híbridos los análisis realizados evidencian una relación entre la biomasa lograda y el rendimiento, mientras que en el estudio de las líneas endocriadas la relación entre las variables es menor.

Cuando estudiamos la asociación entre la colonización por micorrizas y las variables productivas, tanto en líneas como en híbridos, no se encontró relación entre dichas variables tanto en el análisis de correlación ni en el análisis de componentes principales realizados. Esto podría deberse a la fecha de siembra utilizada, la cual fue una siembra tardía, en el mes de diciembre, por lo tanto, tal como lo expresan Melilli *et al.* (2021), debido a la mineralización del nitrógeno y la mayor oferta de este, los maíces tardíos se encuentran con una ventaja ambiental. Si bien en nuestra investigación no encontramos asociación entre colonización por MA y rendimiento, es interesante destacar el trabajo de Ramirez-flores *et al.* (2020), quienes mediante mutación genética generaron familias de maíz resistentes a HMA y las compararon con familias susceptibles a la colonización por HMA. Las familias resistentes redujeron su estatura y retrasaron la formación de estigmas (floración femenina), lo que resultó en una extensión del intervalo de antesis (floración masculina-formación de estigmas), un síntoma clásico de estrés abiótico en maíz. El tamaño de la mazorca se redujo en estas familias, junto con el peso total de la mazorca y del grano. Los granos individuales no fueron significativamente diferentes en peso o tamaño entre las familias susceptibles y resistentes. Sin embargo, el número total de granos por mazorca se redujo en las familias resistentes, lo que indica una producción deficiente de semillas.

El estudio de los componentes genéticos involucrados en la asociación diferencial de los genotipos de maíz aquí evaluados y los HMA permitió identificar efectos aditivos involucrados en la expresión de esta característica. La línea LP122-2 fue la que mayor porcentaje de colonización presentó. La misma fue liberada en el año 1997, siendo la más antigua dentro de los genotipos utilizados en este trabajo. Una explicación a este resultado puede ser que las líneas y los híbridos se han mejorado en condiciones óptimas de fertilizantes, seleccionando por altos rendimientos. Por lo tanto, en comparación con las razas de maíz y sus parientes silvestres, los cultivares modernos pueden haber perdido cierta capacidad para reclutar microorganismos (Pérez-Jaramillo *et al.*, 2015). Las modificaciones en las comunidades simbióticas en plantas actuales y sus parientes silvestres siguen sin estar claras (Sawers *et al.*, 2018). Es posible que los hongos se propaguen en las raíces, pero el genotipo controla la formación de arbusculos (Montero *et al.*, 2018; Sawers *et al.*, 2008). Szoboszlay *et al.*, (2015), han encontrado diferencias en los microbios alrededor del maíz y las raíces de teocintle. El maíz dulce tiene menos microbios que el teocintle y menos tipos de bacterias y hongos simbióticos. En base a estos resultados, la línea LP122-2, podría ser utilizada como padre para obtener híbridos que se asocien mejor a micorrizas debido a que es la que mejor aptitud combinatoria general presenta.

En cuanto a la aptitud combinatoria específica y a la heterosis producida entre las líneas utilizadas, en este caso no se encontró ninguna combinación híbrida que tenga un nivel de heterosis tal que supere a las líneas en cuanto a colonización por micorrizas. Picard *et al.* (2008), quienes estudiaron dos líneas puras de maíz (Lo964 y Lo1016) y su híbrido (Lo964xLo1016), observaron en sus resultados que cada genotipo de maíz estimula la población de MA de manera diferente. El híbrido seleccionó el grupo de micorrizas arbusculares *Glomus*, mientras que la línea Lo964, al grupo *Archeospora*. La línea Lo1016 no hizo selección, lo que ocasionó diferencias en las

estructuras de los hongos. Esto sugiere que la selección de MA está controlada por la herencia dominante en lugar de la heterosis, tal como lo verificamos en nuestro trabajo, en el cual los efectos aditivos fueron importantes, por lo cual debemos seleccionar las líneas que presenten mayor asociación con micorrizas.

Es importante destacar que este fue un ensayo preliminar y se realizó en condiciones de campo, lo que es muy beneficioso para obtener conclusiones sobre el crecimiento de los HMA y el rendimiento de los cultivos en condiciones reales de uso, como es habitual en otras áreas de investigación agronómica, como el mejoramiento genético (Dreccer *et al.*, 2018). En este contexto debemos destacar que es prácticamente imposible hallar plantas no colonizadas por micorrizas, por lo tanto, para futuras investigaciones podrían realizarse experimentos complementarios en invernadero, ya que, según lo expuesto por Smith y Read (2008), se pueden obtener muchos conocimientos útiles, en particular sobre la fisiología de la simbiosis y luego volver a verificar a campo en diferentes ambientes. Sin lugar a duda, será necesario realizar una mayor cantidad de ensayos para poder seguir estudiando este tema, involucrando un número mayor de genotipos y otras combinaciones de fertilizantes químicos pudiendo evaluar un mayor rango de respuestas.

Conclusiones

En nuestro trabajo encontramos asociación entre las micorrizas arbusculares nativas y las líneas e híbridos de maíz utilizados, dicha asociación mostró un comportamiento diferente en las líneas y los híbridos, con valores diferentes de asociación.

En el caso de las líneas, algunos genotipos fueron afectados por el aporte de Nitrógeno agregado como fertilizante químico, mientras que en los híbridos no se encontraron diferencias en la asociación según el nivel de fertilización.

Se encontró asociación diferencial con hongos micorrícicos arbusculares de acuerdo con el genotipo de maíz involucrado. Tanto entre las líneas como entre los híbridos se pudieron detectar diferencias en los niveles de asociación. Cabe destacar a la línea LP122-2 y el híbrido LP122-2xLP923, fueron los que mayores niveles de asociación presentaron en cada experimento.

Por otro lado, no encontramos relación entre las variables de productividad de los genotipos y el nivel de asociación de las micorrizas.

Finalmente, los efectos aditivos son los más importantes de acuerdo con nuestra investigación, por lo tanto, en la selección de líneas endocriadas sería importante elegir aquellas que presenten mayor nivel de asociación con micorrizas, ya que sus híbridos resultantes también expresarán esta característica.

Bibliografía:

- Akiyama, K., Matsuzaki, K., & Hayashi, H. (2005). Plant sesquiterpenes induce hyphal branching in arbuscular mycorrhizal fungi. *Nature*, 435(7043), 824–827.
<https://doi.org/10.1038/nature03608>
- Bago, B., Pfeffer, P. E., & Shachar-Hill, Y. (2000). Carbon Metabolism and Transport in Arbuscular Mycorrhizas. *Plant Physiology*, 124(3), 949–958.
<https://doi.org/10.1104/pp.124.3.949>
- Barrales Gamez, B. (2023). Variación en la colonización de hongos micorrícicos arbusculares en una población de líneas casi isogénicas de maíz. Institución de enseñanza e investigación en ciencias agrícolas- Campus Montecillo- Postgrado de Recursos Genéticos y Productividad Genética.

http://colposdigital.colpos.mx:8080/jspui/bitstream/handle/10521/5088/Barraloes_Gamez_B_M_C_RGP_Genetica_2023.pdf;jsessionid=6282BEDA9CD638F806C8BD0FFB530A53?sequence=1

-Bender, S. F., & van der Heijden, M. G. A. (2014). Soil biota enhance agricultural sustainability by improving crop yield, nutrient uptake and reducing nitrogen leaching losses. *Journal of Applied Ecology*, 52(1), 228–239. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.12351>

-Blanco Rojas, F. A., & Salas Alvarado, E. (1997) Micorrizas en la agricultura: Contexto mundial e investigación realizada en Costa Rica.

-Brisson, V. L., Schmidt, J. E., Northen, T. R., Vogel, J. P., & Gaudin, A. C. M. (2019). Impacts of Maize Domestication and Breeding on Rhizosphere Microbial Community Recruitment from a Nutrient Depleted Agricultural Soil. *Scientific Reports*, 9(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-019-52148-y>

-Burbano-Orjuela, H. (2016). El suelo y su relación con los servicios ecosistémicos y la seguridad alimentaria. *Revista de Ciencias Agrícolas*, 33(2), 117. <https://doi.org/10.22267/rcia.163302.58>

-Colina Navarrete, E., Paredes Acosta, E., Gutiérrez Mora, X., & Vera Suarez, M. (2020). Efecto de fertilización nitrogenada en maíz (*Zea mays* L.) sobre poblaciones de hongos micorrízicos, en Babahoyo. <https://doi.org/10.5281/zenodo.4424768>

-Conley, D. J., Paerl, H. W., Howarth, R. W., Boesch, D. F., Seitzinger, S. P., Havens, K. E., Lancelot, C., & Likens, G. E. (2009). Ecology: Controlling Eutrophication: Nitrogen and Phosphorus. *Science*, 323(5917), 1014–1015. <https://doi.org/10.1126/science.1167755>

-Copia, P., Lorea, R., Farroni, A., Galizia, L., Beribe, M. J., Restovich, S., & Garcia P, P. (2022). Genotipos de maíz: colonización de la raíz por hongos micorrízicos arbusculares. Maizficando conciencia. https://congresonacionaldemaiz.aianba.org.ar/f_trabajos/0021_D_q5bamc.pdf

-Cruz, C. D.; Regazzi, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 1994. 390 p.

-Cruz, C. D. (2016). Genes Software - extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 38, 547–552. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>

-Daniel, T. C., Sharpley, A. N., & Lemunyon, J. L. (1998). Agricultural Phosphorus and Eutrophication: A Symposium Overview. *Journal of Environment Quality*, 27(2), 251. <https://doi.org/10.2134/jeq1998.00472425002700020002x>

-De la Cruz-Lázaro, E, Castañón-Najera, G, Brito-Manzano, NP, Gómez-Vázquez, A, Robledo-Torres, V, & Lozano del Río, AJ. (2010). Heterosis y aptitud combinatoria de poblaciones de maíz tropical. *Phyton (Buenos Aires)*, 79(1), 11-17. Recuperado en 18 de diciembre de 2023, de http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1851-56572010000100003&lng=es&tlng=pt.

-Di Rienzo J.A., Casanoves F., Balzarini M.G., Gonzalez L., Tablada M., Robledo C.W. (2020). InfoStat versión 2020. Centro de Transferencia InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. URL <http://www.infostat.com.ar>

-Dreccer, M. F., Fainges, J., Whish, J., Ogonnaya, F. C., & Sadras, V. O. (2018). Comparison of sensitive stages of wheat, barley, canola, chickpea and field pea to temperature and water stress

across Australia. *Agricultural and Forest Meteorology*, 248, 275–294.
<https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2017.10.006>

-Drinkwater, L. E., & Snapp, S. S. (2007). Nutrients in Agroecosystems: Rethinking the Management Paradigm. *Advances in Agronomy*, 163–186. [https://doi.org/10.1016/s0065-2113\(04\)92003-2](https://doi.org/10.1016/s0065-2113(04)92003-2)

-Eyherabide, GH; Damilano, AL. 2001. Comparison of genetic gain for grain yield of maize between the 1980s and 1990s in Argentina. *Maydica*, 46(4): 277-281.

-FAO (2015) Food and Agriculture Organization of the United Nations. <https://www.fao.org/soils-2015/news/news-detail/es/c/277721/>

-FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations). (2023). FAOSTAT. <https://www.fao.org/faostat/en/#data>

-Falconer, D. S. (1990). Selection in different environments: effects on environmental sensitivity (reaction norm) and on mean performance. 56(1), 57–70.
<https://doi.org/10.1017/s0016672300028883>

-Gliessman, S. R. (2014). *Agroecology*. CRC Press. <https://doi.org/10.1201/b17881>

-Griffing, B. (1956). Concept of General and Specific Combining Ability in Relation to Diallel Crossing Systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, 9(4), 463.
<https://doi.org/10.1071/bi9560463>

-Gutjahr, C., & Paszkowski, U. (2013). Multiple control levels of root system remodeling in arbuscular mycorrhizal symbiosis. *Frontiers in Plant Science*, 4.
<https://doi.org/10.3389/fpls.2013.00204>

- Gutjahr, C., Banba, M., Croset, V., An, K., Miyao, A., An, G., Hirochika, H., Imaizumi-Anraku, H., & Paszkowski, U. (2008). Arbuscular Mycorrhiza–Specific Signaling in Rice Transcends the Common Symbiosis Signaling Pathway. *The Plant Cell*, 20(11), 2989–3005. <https://doi.org/10.1105/tpc.108.062414>
- Hetrick, B. A. D., Wilson, G. W. T., & Cox, T. S. (1992). Mycorrhizal dependence of modern wheat varieties, landraces, and ancestors. *Canadian Journal of Botany*, 70(10), 2032–2040. <https://doi.org/10.1139/b92-253>
- Janos, D. P. (2007). Plant responsiveness to mycorrhizas differs from dependence upon mycorrhizas. *Mycorrhiza*, 17(2), 75–91. <https://doi.org/10.1007/s00572-006-0094-1>
- Kaepler, S. M., Parke, J. L., Mueller, S. S., Senior, L., Stuber, C. W., & Tracy, W. F. (2000). Variation among Maize Inbred Lines and Detection of Quantitative Trait Loci for Growth at Low Phosphorus and Responsiveness to Arbuscular Mycorrhizal Fungi. 40(2), 358–364. <https://doi.org/10.2135/cropsci2000.402358x>
- Khanam, D., M. A. U. Mridha, Solaiman, M., & Hossain, T. (2006). Effect of edaphic factors on root colonization and spore population of arbuscular mycorrhizal fungi. *Bulletin of the Institute of Tropical Agriculture, Kyushu University*, 29(1), 97–104. <https://doi.org/10.11189/bit.29.97>
- Koide, R., Li, M., Lewis, J., & Irby, C. (1988). Role of mycorrhizal infection in the growth and reproduction of wild vs. cultivated plants. *Oecologia*, 77(4), 537–543. <https://doi.org/10.1007/bf00377271>

- Lehmann, A., Barto, E. K., Powell, J. R., & Rillig, M. C. (2012). Mycorrhizal responsiveness trends in annual crop plants and their wild relatives—a meta-analysis on studies from 1981 to 2010. *Plant and Soil*, 355(1-2), 231–250. <https://doi.org/10.1007/s11104-011-1095-1>
- Liu, J., Liu, J., Liu, J., Cui, M., Huang, Y., Tian, Y., Chen, A., & Xu, G. (2019). The Potassium Transporter SIHAK10 Is Involved in Mycorrhizal Potassium Uptake. *Plant Physiology*, 180(1), 465–479. <https://doi.org/10.1104/pp.18.01533>
- Lowrance, R., Stinner, B. R., & House, G. J. (1984). *Agricultural Ecosystems*. Wiley-Interscience.
- Matson, P. A., Parton, W. J., Power, A. G., & Swift, M. J. (1997). Agricultural Intensification and Ecosystem Properties. *Science*, 277(5325), 504–509. <https://doi.org/10.1126/science.277.5325.504>
- Mazzilli, SR; Kemanian, AR; Ernst, OR; Jackson, RB; Pineiro, G. 2015. Mayor humificación del carbono de la biomasa subterránea que aérea en materia orgánica del suelo particulado en cultivos de maíz y soja sin labranza. *Biología y bioquímica del suelo*. 85: 22-30.
- McGonigle, T. P., Miller, M. H., Evans, D. G., Fairchild, G. L., & Swan, J. A. (1990). A new method which gives an objective measure of colonization of roots by vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi. *New Phytologist*, 115(3), 495–501. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.1990.tb00476.x>
- Melilli, M. P., Telleria, M. G., Miranda, W., & Presello, D. A. (2021). Red de ensayos Comparativos de rendimiento de maíz del norte de la Provincia de Buenos Aires, fecha tardía 2020/2021. Web: <https://repositorio.inta.gob.ar/handle/20.500.12123/12556>

- Menge, J. A. (1983). Utilization of vesicular–arbuscular mycorrhizal fungi in agriculture. *Canadian Journal of Botany*, 61(3), 1015–1024. <https://doi.org/10.1139/b83-109>
- Montaño Arias, N. M., Quiroz García, V., & Cruz Flores, G. (2001). Colonización micorrízica arbuscular y fertilización mineral de genotipos de maíz y trigo cultivados en un Andisol. *Terra Latinoamericana*, 19(4), 337-344.
- Montero, H., Choi, J., & Paszkowski, U. (2018). Arbuscular mycorrhizal phenotyping: the dos and don'ts. *New Phytologist*, 221(3), 1182–1186. <https://doi.org/10.1111/nph.15489>
- Quilambo, O. A. (2003). The vesicular-arbuscular mycorrhizal symbiosis. *African Journal of Biotechnology*, 2(12), 539-546.
- Parniske, M. (2008). Arbuscular mycorrhiza: the mother of plant root endosymbioses. *Nature Reviews Microbiology*, 6(10), 763–775. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1987>
- Paszkowski, U., Kroken, S., Roux, C., & Briggs, S. P. (2002). Rice phosphate transporters include an evolutionarily divergent gene specifically activated in arbuscular mycorrhizal symbiosis. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 99(20), 13324–13329. <https://doi.org/10.1073/pnas.202474599>
- Pérez-Jaramillo, J. E., Mendes, R., & Raaijmakers, J. M. (2015). Impact of plant domestication on rhizosphere microbiome assembly and functions. *Plant Molecular Biology*, 90(6), 635–644. <https://doi.org/10.1007/s11103-015-0337-7>
- Phillips, J. M., & Hayman, D. S. (1970). Improved procedures for clearing roots and staining parasitic and vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi for rapid assessment of infection.

Transactions of the British Mycological Society, 55(1), 158-IN18. [https://doi.org/10.1016/s0007-1536\(70\)80110-3](https://doi.org/10.1016/s0007-1536(70)80110-3)

-Picard, C., Baruffa, E., & Bosco, M. (2008). Enrichment and diversity of plant-probiotic microorganisms in the rhizosphere of hybrid maize during four growth cycles. *Soil Biology and Biochemistry*, 40(1), 106–115. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2007.07.011>

-Ramírez-Flores, M. R., Bello-Bello, E., Rellán-Álvarez, R., Sawers, R. J. H., & Olalde-Portugal, V. (2019). Inoculation with the mycorrhizal fungus *Rhizophagus irregularis* modulates the relationship between root growth and nutrient content in maize (*Zea mays* ssp. *mays* L.). *Plant Direct*, 3(12). <https://doi.org/10.1002/pld3.192>

-Ramírez-Flores, M. R., Perez-Limon, S., Li, M., Barrales-Gamez, B., Albinsky, D., Paszkowski, U., Olalde-Portugal, V., & Sawers, R. J. (2020). The genetic architecture of host response reveals the importance of arbuscular mycorrhizae to maize cultivation. *ELife*, 9. <https://doi.org/10.7554/elife.61701>

-Ranum, P., Peña-Rosas, J. P., & Garcia-Casal, M. N. (2014). Global maize production, utilization, and consumption. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1312(1), 105–112. <https://doi.org/10.1111/nyas.12396>

-Rillig, MC; Mummey, DL. 2006. Mycorrhizas and soil structure. *New Phytologist*. 171(1): 41-53.

-Roth, R., & Paszkowski, U. (2017). Plant carbon nourishment of arbuscular mycorrhizal fungi. *Current Opinion in Plant Biology*, 39, 50–56. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2017.05.008>

-Saparrat, M. C. N., Ruscitti, M. F., & Arango, M. C. (2020). Micorrizas arbusculares: Biología y aplicaciones en el sector agro-forestal. Web: [CONICET_Digital_Nro.657c0263-2a97-4141-94b5-9f206f996a15_L.pdf](https://doi.org/10.24245/CONICET_Digital_Nro.657c0263-2a97-4141-94b5-9f206f996a15_L.pdf)

-Sawers, H., M. Rosario Ramírez-Flores, Víctor Olalde-Portugal, & Paszkowski, U. (2018). The impact of domestication and crop improvement on arbuscular mycorrhizal symbiosis in cereals: insights from genetics and genomics. *New Phytologist*, 220(4), 1135–1140. <https://doi.org/10.1111/nph.15152>

-Sawers, R. J. H., Gebreselassie, M. N., Janos, D. P., & Paszkowski, U. (2009). Characterizing variation in mycorrhiza effect among diverse plant varieties. *Theoretical and Applied Genetics*, 120(5), 1029–1039. <https://doi.org/10.1007/s00122-009-1231-y>

-Sawers, R. J. H., Gutjahr, C., & Paszkowski, U. (2008). Cereal mycorrhiza: an ancient symbiosis in modern agriculture. *Trends in Plant Science*, 13(2), 93–97. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2007.11.006>

-Simón, M. R., & Golik, S. I. (2018). Cereales de verano [Review of Cereales de verano]. Universidad Nacional de La Plata. <https://libros.unlp.edu.ar/index.php/unlp/catalog/view/935/923/3067-1>

-Smith, S.E., & Read, D. (2008). Mycorrhizal Symbiosis. Mycorrhizal Symbiosis. 10.1016/B978-012652840-4/50001-2.

-Sprague, G. F., Dudley, J. W., Hallauer, A. R., Russell, W. A., & Lamkey, K. R. (1988). Corn Breeding. Corn and Corn Improvement. <https://doi.org/10.2134/agronmonogr18.3ed.c8>

-Sylvia, D. M. (1999). Fundamentals and applications of arbuscular mycorrhizae: A “biofertilizer” perspective. *Inter-relação Fertilidade, Biologia de solo e Nutrição de plantas*. SBCS, UFLA, DCS, Lavras, 705-723.

-Szoboszlay, M., Lambers, J., Chappell, J., Kupper, J. V., Moe, L. A., & McNear, D. H. (2015). Comparison of root system architecture and rhizosphere microbial communities of Balsas teosinte and domesticated corn cultivars. *Soil Biology and Biochemistry*, 80, 34–44. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2014.09.001>

-Tapia-Goné, J., Ferrera-Cerrato, R., Varela-Fregoso, L., Rodríguez Ortiz, J. C., Lara Mireles, J., Soria Colunga, J. C., Cuellar Torres, H., Tiscareño Iracheta, M. A., & Cisneros Almazán, R. (2008). Caracterización e identificación morfológica de hongos formadores de micorriza arbuscular, en cinco suelos salinos del estado de San Luis Potosí, México. *Revista Mexicana de Micología*, 26, 1-7.

-Thiele-Bruhn, S., Bloem, J., de Vries, F. T., Kalbitz, K., & Wagg, C. (2012). Linking soil biodiversity and agricultural soil management. *Current Opinion in Environmental Sustainability*, 4(5), 523–528. <https://doi.org/10.1016/j.cosust.2012.06.004>

-Tilman, D., Cassman, K. G., Matson, P. A., Naylor, R., & Polasky, S. (2002). Agricultural sustainability and intensive production practices. *Nature*, 418(6898), 671–677. <https://doi.org/10.1038/nature01014>

-Willmann, M., Gerlach, N., Buer, B., Aleksandra Polatajko, Nagy, R., Koebke, E., Jansa, J., R. Flisch, & Bucher, M. (2013). Mycorrhizal phosphate uptake pathway in maize: vital for growth and cob development on nutrient poor agricultural and greenhouse soils. *Frontiers in Plant Science*, 4. <https://doi.org/10.3389/fpls.2013.00533>

-Yang, S.-Y., Grønlund, M., Jakobsen, I., Grotemeyer, M. S., Rentsch, D., Miyao, A., Hirochika, H., Kumar, C. S., Sundaresan, V., Salamin, N., Catausan, S., Mattes, N., Heuer, S., & Paszkowski, U. (2012). Nonredundant Regulation of Rice Arbuscular Mycorrhizal Symbiosis by Two Members of the Phosphate Transporter1 Gene Family. *The Plant Cell*, 24(10), 4236–4251. <https://doi.org/10.1105/tpc.112.104901>

Yoneyama, K., Xie, X., Kusumoto, D., Sekimoto, H., Sugimoto, Y., Takeuchi, Y., & Yoneyama, K. (2007). Nitrogen deficiency as well as phosphorus deficiency in sorghum promotes the production and exudation of 5-deoxystrigol, the host recognition signal for arbuscular mycorrhizal fungi and root parasites. *Planta*, 227(1), 125–132. <https://doi.org/10.1007/s00425-007-0600-5>

Anexos

Estadística líneas:

Rendimiento

Modelos lineales generales y mixtos ->Especificación del modelo en R

```
mlm.modelo.002_Rend.kg.ha_REML<-
```

```
lme(Rend.kg.ha~1+Ensayo+Genotipo+Ensayo:Genotipo,random=list(Rep=pdIdent(~1),Ensayo
=pdIdent(~1)),weights=varComb(varIdent(form=~1|Genotipo)),method="REML",control=lme
Control(niterEM=150,msMaxIter=200,na.action=na.omit,data=mlm.modeloR.data02,keep.data
=FALSE)
```

Resultados para el modelo: mlm.modelo.002_Rend.kg.ha_REML

Variable dependiente: Rend.kg.ha

Medidas de ajuste del modelo

N	AIC	BIC	logLik	Sigma	R2_0	R2_1	R2_2
34	451.61	471.64	-208.80	1409.73	0.44	0.44	0.44

Nota: AIC y BIC menores implica mejor

Pruebas de hipótesis secuenciales

	numDF	denDF	F-value	p-value
(Intercept)	1	18	425.80	<0.0001
Ensayo	1	3	0.87	0.4208
Genotipo	4	18	6.77	0.0017
Ensayo:Genotipo	4	18	0.76	0.5624

Índice de cosecha

Modelos lineales generales y mixtos -> Especificación del modelo en R

```
mlm.modelo.008_IC_REML<-
```

```
lme(IC~1+Ensayo+Genotipo+Ensayo:Genotipo,random=list(Rep=pdIdent(~1),Ensayo=pdIden
t(~1)),weights=varComb(varIdent(form=~1|Genotipo)),method="REML",control=lmeControl(n
iterEM=150,msMaxIter=200),na.action=na.omit,data=mlm.modeloR.data08,keep.data=FALSE
)
```

Resultados para el modelo: mlm.modelo.008_IC_REML

Variable dependiente: IC

Medidas de ajuste del modelo

N	AIC	BIC	logLik	Sigma	R2_0	R2_1	R2_2
34	-29.74	-9.71	31.87	0.08	0.72	0.72	0.72

Nota: AIC y BIC menores implica mejor

Pruebas de hipótesis secuenciales

	numDF	denDF	F-value	p-value
(Intercept)	1	18	1328.24	<0.0001
Ensayo	1	3	7.80	0.0682
Genotipo	4	18	30.03	<0.0001
Ensayo:Genotipo	4	18	1.29	0.3099

Biomasa

Modelos lineales generales y mixtos -> Especificación del modelo en R

```
mlm.modelo.013_Biom.m2_REML<-
```

```
lme(Biom.m2~1+Ensayo+Genotipo+Ensayo:Genotipo,random=list(Rep=pdIdent(~1),Ensayo=
pdIdent(~1)),weights=varComb(varIdent(form=~1/Genotipo)),method="REML",control=lmeCo
ntrol(niterEM=150,msMaxIter=200),na.action=na.omit,data=mlm.modeloR.data13,keep.data=
FALSE)
```

Resultados para el modelo: mlm.modelo.013_Biom.m2_REML

Variable dependiente: Biom.m2

Medidas de ajuste del modelo

N	AIC	BIC	logLik	Sigma	R2_0	R2_1	R2_2
34	369.01	389.04	-167.51	204.74	0.37	0.37	0.37

Nota: AIC y BIC menores implica mejor

Pruebas de hipótesis secuenciales

	numDF	denDF	F-value	p-value
(Intercept)	1	18	1639.82	<0.0001
Ensayo	1	3	0.03	0.8731
Genotipo	4	18	2.85	0.0544
Ensayo:Genotipo	4	18	0.94	0.4630

Arbúsculos

Modelos lineales generales y mixtos -> Especificación del modelo en R

```
mlm.modelo.006_A_REML<-
```

```
lme(A~1+Ensayo+Genotipo+Ensayo:Genotipo,random=list(Rep=pdIdent(~1),Ensayo=pdIdent(
~1)),method="REML",control=lmeControl(niterEM=150,msMaxIter=200),na.action=na.omit,d
ata=mlm.modeloR.data06,keep.data=FALSE)
```

Resultados para el modelo: mlm.modelo.006_A_REML

Variable dependiente: A

Medidas de ajuste del modelo

N	AIC	BIC	logLik	Sigma	R2_0	R2_1	R2_2
38	269.10	286.42	-121.55	14.66	0.59	0.59	0.59

Nota: AIC y BIC menores implica mejor

Pruebas de hipótesis secuenciales

	numDF	denDF	F-value	p-value
(Intercept)	1	22	732.31	<0.0001
Ensayo	1	3	14.92	0.0307
Genotipo	4	22	3.39	0.0264
Ensayo:Genotipo	4	22	2.77	0.0524

Estadística híbridos:

Rendimiento:

Modelos lineales generales y mixtos -> Especificación del modelo en R

```
mlm.modelo.021_Rend.kg.ha_REML<-
```

```
lme(Rend.kg.ha~1+Ensayo+Genotipo+Ensayo:Genotipo,random=list(Rep=pdIdent(~1),Ensayo
=pdIdent(~1)),method="REML",control=lmeControl(niterEM=150,msMaxIter=200),na.action
=na.omit,data=mlm.modeloR.data21,keep.data=FALSE)
```

Resultados para el modelo: mlm.modelo.021_Rend.kg.ha_REML

Variable dependiente: Rend.kg.ha

Medidas de ajuste del modelo

N	AIC	BIC	logLik	Sigma	R2_0	R2_1	R2_2
32	323.41	338.09	-142.71	1278.67	0.73	0.73	0.73

Nota: AIC y BIC menores implica mejor

Pruebas de hipótesis secuenciales

	numDF	denDF	F-value	p-value
(Intercept)	1	14	1443.35	<0.0001
Ensayo	1	1	0.02	0.9102
Genotipo	7	14	5.81	0.0026
Ensayo:Genotipo	7	14	0.51	0.8138

Índice de cosecha

Modelos lineales generales y mixtos -> Especificación del modelo en R

```
mlm.modelo.004_IC_REML<-
```

```
lme(IC~1+Genotipo+Ensayo+Genotipo:Ensayo,random=list(Rep=pdIdent(~1),Ensayo=pdIden
```

```
t(~1)),method="REML",control=lmeControl(niterEM=150,msMaxIter=200),na.action=na.omit,
data=mlm.modeloR.data04,keep.data=FALSE)
```

Resultados para el modelo: mlm.modelo.004_IC_REML

Variable dependiente: IC

Medidas de ajuste del modelo

N	AIC	BIC	logLik	Sigma	R2_0	R2_1	R2_2
28	-26.93	-16.07	30.47	0.02	0.67	0.67	0.68

Nota: AIC y BIC menores implica mejor

Pruebas de hipótesis secuenciales

	numDF	denDF	F-value	p-value
(Intercept)	1	12	12906.49	<0.0001
Genotipo	6	12	3.53	0.0298
Ensayo	1	1	3.89	0.2986
Genotipo:Ensayo	6	12	0.44	0.8352

Biomasa

Modelos lineales generales y mixtos -> Especificación del modelo en R

```
mlm.modelo.002_Biom.m2_REML<-
```

```
lme(Biom.m2~1+Ensayo+Genotipo+Ensayo:Genotipo,random=list(Rep=pdIdent(~1),Ensayo=
pdIdent(~1)),weights=varComb(varIdent(form=~1|Genotipo)),method="REML",control=lmeCo
ntrol(niterEM=150,msMaxIter=200),na.action=na.omit,data=mlm.modeloR.data02,keep.data=
FALSE)
```

Resultados para el modelo: mlm.modelo.002_Biom.m2_REML

Variable dependiente: Biom.m2

Medidas de ajuste del modelo

N	AIC	BIC	logLik	Sigma	R2_0	R2_1	R2_2
32	275.03	295.12	-111.52	277.47	0.76	0.76	0.71

Nota: AIC y BIC menores implica mejor

Pruebas de hipótesis secuenciales

	numDF	denDF	F-value	p-value
(Intercept)	1	14	2088.10	<0.0001
Ensayo	1	1	1.17	0.4749
Genotipo	7	14	73.62	<0.0001
Ensayo:Genotipo	7	14	1.75	0.1773

Arbúsculos

Modelos lineales generales y mixtos -> Especificación del modelo en R

```
mlm.modelo.006_A_REML<-
```

```
lme(A~1+Ensayo+Genotipo+Ensayo:Genotipo,random=list(Rep=pdIdent(~1),Ensayo=pdIdent(~1)),weights=varComb(varIdent(form=~1|Genotipo)),method="REML",control=lmeControl(niter EM=150,msMaxIter=200),na.action=na.omit,data=mlm.modeloR.data06,keep.data=FALSE)
```

Resultados para el modelo: mlm.modelo.006_A_REML

Variable dependiente: A

Medidas de ajuste del modelo

N	AIC	BIC	logLik	Sigma	R2_0	R2_1	R2_2
36	223.65	249.47	-82.83	15.07	0.59	0.59	0.59

Nota: *AIC* y *BIC* menores implica mejor

Pruebas de hipótesis secuenciales

	numDF	denDF	F-value	p-value
(Intercept)	1	16	288.56	<0.0001
Ensayo	1	1	1.79	0.4090
Genotipo	8	16	2.71	0.0425
Ensayo:Genotipo	8	16	0.93	0.5199

Análisis de componentes principales

Líneas

Análisis de componentes principales

Datos estandarizados

Casos leídos 10

Casos omitidos 0

Variables de clasificación

Genotipo-Ensayo

Autovalores

Lambda	Valor	Proporción	Prop	Acum
1	2,49	0,62		0,62
2	0,92	0,23		0,85
3	0,59	0,15		1,00
4	9,9E-04	2,5E-04		1,00

Autovectores

Variables	e1	e2
A	-0,28	0,90
Biom/m2	-0,49	0,16
IC	0,62	0,24
Rend (kg/ha)	0,55	0,33

*Híbridos***Análisis de componentes principales**

Datos estandarizados

Casos leídos 16

Casos omitidos 0

|

Variables de clasificaciónGenotipo-ensayo**Autovalores**

Lambda	Valor	Proporción	Prop	Acum
1	2,13	0,53		0,53
2	1,37	0,34		0,87
3	0,50	0,13		1,00
4	1,8E-03	4,4E-04		1,00

Autovectores

Variables	e1	e2
A	0,30	-0,64
Biom/m2	0,66	-0,06
IC	0,15	0,75
Rend (kg/ha)	0,67	0,17