

MAESTRÍA EN GENÉTICA VEGETAL  
Área Mejoramiento Genético  
UNR-INTA

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

MAGISTER EN GENÉTICA VEGETAL

**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**

Tesis  
de la  
Ingeniera Agrónoma

RAQUEL ALICIA DEFACIO

Pergamino, Marzo de 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**

Tesis  
de la  
Ingeniera Agrónoma

**RAQUEL ALICIA DEFACIO**

Aprobada por el Comité Asesor de Tesis

Ing. Agr. (MSc) Marcelo E. Ferrer  
Consejero Principal

Dr. Sergio J. Bramardi  
Consejero Estadístico

Ing. Agr. (MSc) María J. Hourquescos  
Consejera

Dra. Liliana Picardi  
Coordinador Académico

Pergamino, Marzo de 2009

## AGRADECIMIENTOS

Ante todo a mi familia, a Lucas y a Daniela y Mariana por el incondicional y constante apoyo y paciencia durante el desarrollo de la tesis.

A mis asesores, que me guiaron y me brindaron todo su conocimiento, apoyo y comprensión.

A Lorena, Gregorio, Carlos y Fabián, sin quienes este trabajo nunca podría haberse realizado.

Al Ing. Lucio Solari por transmitir su amor por el maíz y el Banco de Germoplasma.

Al grupo de trabajo de Mejoramiento de Maíz de la EEA INTA Pergamino, por su ayuda tanto en los trabajos a campo como en lo profesional.

A Catalina Améndola y a la Est. Mat. Edith Frutos por su continua colaboración.

A Natalia, Juliana, Mariela e Ignacio, compañeros de trabajo, de curso y de viaje, que hicieron que todo fuese más fácil.

A todos, muchas gracias por ayudarme a crecer desde lo profesional y lo humano.

## **DEDICATORIA**

A mis papás, Rubén y Elsa

A Lucas

## INDICE

<b>1. Introducción</b> .....	1
<b>1.1. Ubicación taxonómica, Origen y Distribución</b> .....	1
<b>1.2. Importancia y usos</b> .....	2
<b>1.3. Variabilidad genética, vulnerabilidad y erosión</b> .....	3
<b>1.3.1. Importancia de la conservación y uso de las poblaciones locales</b> .....	3
<b>1.3.2. Origen e importancia de los Bancos de Germoplasma</b> .....	4
<b>1.4. Clasificaciones utilizadas para las poblaciones nativas en los Bancos de Germoplasma</b> .....	8
<b>1.4.1. Clasificación racial</b> .....	8
<b>1.4.2. Clasificación numérica</b> .....	9
<b>1.5. Caracterización y evaluación del material conservado</b> .....	9
<b>1.5.1. Uso de marcadores fenotípicos</b> .....	9
<b>1.5.2. Métodos estadísticos de caracterización</b> .....	11
<b>2. Objetivos e hipótesis</b> .....	16
<b>3. Materiales y métodos</b> .....	17
<b>3.1. Material vegetal</b> .....	17
<b>3.2. Ambientes de evaluación y diseño experimental</b> .....	17
<b>3.3. Caracteres analizados</b> .....	20
<b>3.4. Análisis estadísticos</b> .....	24
<b>3.4.1. Evaluación de la variabilidad entre poblaciones para los distintos caracteres y ambientes estudiados</b> .....	25

3.4.2. Evaluación del efecto ambiente e interacción genotipo x ambiente para variables cuantitativas por ensayos.....	26
3.4.3. Estimación de los componentes de variancia por ensayo.....	27
3.4.4. Evaluación, estimación y eliminación del efecto ambiente e interacción genotipo x ambiente para variables cuantitativas.....	29
3.4.5. Clasificación de las poblaciones en función de caracteres cuantitativos.....	30
3.4.6. Clasificación de las poblaciones en función de caracteres cualitativos.....	31
3.4.7. Clasificación de las poblaciones por sus caracteres cuantitativos y cualitativos en forma conjunta.....	31
3.5. Relación entre las clasificaciones en función de caracteres cuantitativos y cualitativos y distancias geográficas.....	32
4. Resultados.....	33
4.1. Ambientes de evaluación y diseño experimental.....	33
4.2. Análisis estadísticos.....	34
4.2.1. Evaluación de la variabilidad entre poblaciones para los distintos caracteres y ambientes estudiados.....	34
4.2.2. Evaluación del efecto ambiente e interacción genotipo x ambiente para variables cuantitativas por ensayos.....	35
4.2.3. Estimación de los componentes de variancia por ensayo.....	36
4.2.4. Evaluación, estimación y eliminación del efecto ambiente e interacción genotipo x ambiente para variables cuantitativas.....	38

4.2.5. Clasificación de las poblaciones en función de caracteres cuantitativos.....	39
4.2.6. Clasificación de las poblaciones en función de caracteres cualitativos.....	40
4.2.7. Clasificación de las poblaciones por sus caracteres cuantitativos y cualitativos en forma conjunta.....	40
4.3. Relación entre las clasificaciones en función de caracteres cuantitativos y cualitativos y distancias geográficas.....	41
5. Discusión.....	42
5.1. Ambientes de evaluación y diseño experimental.....	42
5.2. Análisis estadísticos.....	44
5.2.1. Evaluación de la variabilidad entre poblaciones para los distintos caracteres y ambientes estudiados.....	44
5.2.2. Evaluación del efecto ambiente e interacción genotipo x ambiente para variables cuantitativas por ensayos.....	46
5.2.3. Estimación de los componentes de variancia por ensayo.....	46
5.2.4. Evaluación, estimación y eliminación del efecto ambiente e interacción genotipo x ambiente para variables cuantitativas.....	48
5.2.5. Clasificación de las poblaciones en función de caracteres cuantitativos.....	49
5.2.6. Clasificación de las poblaciones en función de caracteres cualitativos.....	52
5.2.7. Clasificación de las poblaciones por sus caracteres cuantitativos y cualitativos en forma conjunta.....	52

<b>5.3. Relación entre las clasificaciones en función de caracteres cuantitativos</b>	
y cualitativos y distancias geográficas.....	57
<b>6. Conclusiones.....</b>	<b>59</b>
<b>7. Anexos.....</b>	<b>60</b>
<b>7.1. Anexo 1.....</b>	<b>60</b>
<b>7.2. Anexo 2.....</b>	<b>63</b>
<b>7.3. Anexo 3.....</b>	<b>65</b>
<b>7.4. Anexo 4.....</b>	<b>67</b>
<b>7.5. Anexo 5.....</b>	<b>69</b>
<b>8. Bibliografía.....</b>	<b>86</b>

## RESUMEN

El maíz (*Zea mays L.*), cereal de gran importancia a nivel mundial, es originario de México y presenta amplia variabilidad a lo largo del continente americano. Para utilizar la variabilidad en programas de mejoramiento, las poblaciones locales deben ser caracterizadas y evaluadas. Se evaluaron 145 poblaciones locales de maíz, originarias de la Provincia de Buenos Aires conservadas en el Banco de Germoplasma de la EEA INTA Pergamino mediante descriptores morfológicos, fenológicos y agronómicos. Las poblaciones fueron agrupadas en cuatro ensayos de acuerdo a la similitud racial, duración del ciclo y arquitectura de planta. Se utilizaron cuatro testigos comunes y los ensayos fueron conducidos en dos ambientes con dos repeticiones cada uno. Mediante Análisis de la Variancia (ANOVA) Individual, se determinó la existencia de variabilidad entre los genotipos. A partir del ANOVA combinado por ensayo se calcularon los componentes de variancia y se observó elevado valor del componente genético para la mayoría de las variables analizadas. Rendimiento, diámetro y número de hileras de la mazorca presentaron altos valores de heredabilidad en todos los ensayos, lo que determinaría la posibilidad de seleccionar poblaciones para estos caracteres. Se analizaron todas las poblaciones evaluadas en los distintos ensayos en forma conjunta y se agruparon en base a la semejanza existente entre ellas, utilizando distintas técnicas de Análisis Multivariado. Para las variables cuantitativas se aplicó el Análisis de Componentes Principales sobre las medias ajustadas y para las variables cualitativas se utilizó el Análisis de Coordenadas Principales. Ambos análisis agruparon a las poblaciones en forma diferente y complementaria por lo que se recurrió al Análisis de Procrustes Generalizado para agruparlas con ambos tipos de variables. Se obtuvieron cinco grupos de poblaciones con características diferenciales. El agrupamiento obtenido con las distancias genéticas no muestra correlación con las distancias geográficas por lo que no puede atribuirse la variabilidad encontrada entre las poblaciones a sus localidades de origen.

### ABSTRACT

Maize (*Zea mays L.*), an important world-wide crop which is originated from México, has a wide variability along the American continent. Landraces must be characterized and evaluated in order to use the variability in plant breeding programs. One hundred and forty five maize landraces from Buenos Aires Province and conserved in Germplasm Bank at EEA INTA Pergamino were evaluated through morphological, phenological and agronomical traits. Landraces were grouped in four evaluation trails according to similarities in race, cycle and plant architecture. Four common checks were used. Each trail was evaluated in two environments and two replications. The variability among genotypes was calculated by Individual Variance Analysis (ANOVA). Variance Components were estimated through Combined ANOVA. High values for the genetic components were observed for the majority of the traits analyzed. High heredability values were found for yield, row number per ear and ear diameter and this would allow the selection of landraces through these traits. All landraces were evaluated together and grouped according to similarities among them, using different multivariate analysis techniques. Principal Component Analysis was used for quantitative traits based on adjusted means; and Principal Coordinated Analysis was used for qualitative traits. Both analysis gathered landraces in different and complementary ways. Because of this, the Procrustes Generalized Analysis was used to put them together whit both types of traits. Five landraces groups were obtained whit different characteristics. No correlations were observed between geographic and genetic distances among landraces.

## 1. INTRODUCCION

### 1.1. Ubicación taxonómica, Origen y Distribución

El maíz (*Zea mays L.*) pertenece a la familia Poáceas, tribu Maydeas, y es la única especie cultivada del género *Zea* (Paliwal, 2001).

Probablemente, el área de domesticación o Centro de Origen de este cultivo fue el sur de Méjico, entre Chiapas y Méjico D.F. (Hanelt, 2001). En esa zona, donde en la actualidad se encuentran *Teosinte* y *Tripsacum* que son las especies silvestres más emparentadas con el maíz, se hallaron restos de aproximadamente 5.600 años de antigüedad con características similares al maíz moderno (Luna et al., 1964).

Este cereal llegó a América del Sur a través de lo que actualmente es la República del Ecuador, generándose un centro de Diversidad Secundario en Perú-Bolivia.

En base a evidencias arqueológicas, se distinguen dos Centros de Diversificación del maíz. Uno donde prevalece el germoplasma del Centro de Origen (México) que incluye a Guatemala, Colombia, Venezuela, Indias Orientales, América Central y sur de Estados Unidos; y otro donde cobra importancia el germoplasma del centro de Diversidad Secundario (Perú-Bolivia) incluyendo a Ecuador, Chile, Paraguay, Argentina y Brasil ( Ferrer, en prensa).

Los maíces que se cultivan en Argentina tienen diversos orígenes. En el Noroeste (NOA) prevalecen razas de textura harinosa que provendrían de la Meseta Peruano-Boliviana, ingresando a nuestro país a través de la Quebrada de Humahuaca. Las razas del Noreste (NEA), principalmente de textura cristalina podrían haberse originado en la zona costera de Brasil dada la similitud de las razas encontradas en ambos sitios. Con respecto a las razas de la Región Pampeana, donde predominan los granos de textura cristalina colorada, se plantean dos posibles orígenes: (i) habrían sido traídas por los inmigrantes italianos, en cuyo caso serían originarias de las Islas del Caribe, y (ii) descenderían de maíces originarios de esta región.

Luna et al. (1964) y Safont Lis (1971) con diversos estudios apoyan la segunda opción, concluyendo que si las razas cultivadas en la Región Pampeana hubiesen sido traídas desde Italia, presentarían menor variabilidad y adaptación a una región tan amplia como la que poseen, por el poco tiempo transcurrido desde la inmigración europea. Además de presentar menor variabilidad, las variedades europeas son muy susceptibles a enfermedades difundidas en la región pampeana. Brandolini y Brandolini (2001) y Lucchin et al. (2003), citan que el maíz tuvo difusión en Italia a mediados del 1.500 cuando variedades *Everta* (endosperma reventador) e *Indurata* (endosperma córneo) fueron llevados desde regiones de clima similar al de la península desde América Central y América del Sur. Luna et al. (1964) aseguran que a pesar de que en las islas del Caribe se cultivan variedades de granos semejantes al maíz colorado argentino, las mismas eran de ciclo vegetativo muy largo y no podrían haberse cultivado en Italia.

## **1.2. Importancia y usos**

En América ha sido el cereal más importante para la alimentación humana durante miles de años utilizado usualmente en forma de harina para elaborar panes y tortas.

Actualmente es el tercer cultivo alimenticio en importancia en el mundo siendo los principales productores Estados Unidos, China, Unión Europea, Brasil, Méjico, India, Argentina, Rumania, Canadá y Sudáfrica. En Argentina se producen anualmente 14.5 millones de toneladas, siendo el séptimo productor y el segundo exportador a nivel mundial (SAGPyA, 2006)

El uso principal de este cultivo en la actualidad es en la preparación de balanceados para la alimentación animal. Para la alimentación humana se utiliza el maíz dulce o se consume en forma de harina, siendo la base energética en muchos países de América Latina y África. La parte vegetativa de la planta se utiliza como forraje para el ganado o para producir pasta de papel. Otros usos de importancia son la extracción de almidón, dextrina, azúcar, aceite, furfural, acetona y alcohol entre otros, destinados al uso industrial.

### 1.3. Variabilidad genética, vulnerabilidad y erosión

#### 1.3.1. Importancia de la conservación y uso de las poblaciones locales

Con el surgimiento de la agricultura, la domesticación de las especies ha sido fuertemente influenciada por la selección artificial. Esta, junto al efecto de la selección natural, generaron razas locales (variedades nativas, variedades de los agricultores o poblaciones locales) que mantenían la variabilidad, la adaptación al ambiente y cierta estabilidad en la producción (Lucchin et al., 2003).

El desarrollo industrial, la mecanización de la agricultura y las necesidades y exigencias crecientes del mercado, forzaron a los fitomejoradores a generar cultivos más uniformes, de rápido crecimiento, más productivos y de rendimiento estable a través del tiempo. Esta homogeneidad, que trae como consecuencia erosión génica y pérdida de variabilidad, hace que los cultivos sean más vulnerables a cualquier cambio ambiental y a la aparición de nuevas plagas y enfermedades (Esquinas Alcázar, 2005; Salhuana et al., 1998; Troyer, 1988).

La pérdida de variabilidad trajo aparejado muchos problemas en todo el mundo. Las consecuencias del estrechamiento de la base genética quedan demostradas con varios hechos que se han ido sucediendo a lo largo del tiempo. El caso más importante de pérdida de variabilidad ocurrió en la década de 1840 cuando un ataque de tizón (*Phitophthora infestans*) produjo la pérdida total del cultivo de papa (*Solanum tuberosum*) en Irlanda provocando una gran hambruna, causando la muerte de dos millones de personas y la emigración en masa. El problema fue salvado cuando se encontraron genes de resistencia en cultivares primitivos de papa y especies silvestres emparentadas en los centros de origen. El tizón de la hoja (*Helminthosporium victoriae*) de la avena (*Avena sativa L.*), afectó, en 1940 el 97 % del área sembrada en el estado de Iowa (Estados Unidos), y un gran porcentaje en otros estados de ese país. Las plantas afectadas llevaban un gen pleiotrópico introducido en forma masiva por mejoramiento genético, que les confería resistencia a la roya de la corona (*Puccinia coronata avenae*). En 1970 disminuyó en un 50% la producción de maíz del estado de Iowa debido a una epifítia provocada por tizón (*Helminthosporium maydis*) dada la susceptibilidad del citoplasma estéril T (Texas) a la enfermedad. El

citoplasma T se encontraba presente en el 75-90% de los híbridos cultivados. El problema fue resuelto a través del fitomejoramiento, utilizando recursos genéticos obtenidos de otras partes del mundo. También en la década de 1970, se perdieron 15 millones de hectáreas de trigo (*Triticum aestivum* L.) de la variedad “Bezostaja” en la Unión Soviética, por la ocurrencia de un invierno severo, condición a la cual el germoplasma masivamente utilizado no estaba adaptado (Troyer, 1988; Esquinas Alcazar, 2005).

Casos como los mencionados anteriormente contribuyeron a una toma de conciencia sobre la importancia de conservar y utilizar la variabilidad existente. Una variedad de trigo, encontrada por Harlan en 1948 en Turquía, fue ignorada por sus malas características agronómicas hasta que, en 1980, se descubrió que la misma poseía genes de resistencia a muchas enfermedades fúngicas. Los trigos primitivos japoneses, con el gen Norin 10, tuvieron un rol muy importante en el mejoramiento del cultivo de trigo durante la Revolución Verde. Formas del tomate silvestre (*Lycopersicum* sp.), al ser cruzadas con el tomate cultivado (*Lycopersicum esculentum*) actuaron como dadores de genes de resistencia a hongos (*L. hirsutum* y *L. peruvianum*), nematodos (*L. peruvianum*) e insectos (*L. hirsutum*), genes para mejorar la calidad del fruto (*L. chmielewskii*) y genes para mejorar la adaptación a factores adversos (*L. cheesmantae*). (Esquinas Alcazar, 2005)

### 1.3.2. Origen e importancia de los Bancos de Germoplasma

Cuando comenzaron a manifestarse los problemas de la excesiva uniformidad de los cultivos y que las posibles soluciones se encontraban en las variedades locales, se revalorizó a nivel mundial, la conservación y uso de la variabilidad genética disponible en los Bancos de Germoplasma.

En el caso del maíz en Argentina, en la década de 1950, comienza a vislumbrarse las ventajas del uso de híbridos. Con ello, ocurrió el paulatino desplazamiento de las poblaciones locales por cultivares mejorados. Ante esta evidencia, el Grupo de Mejoramiento de Maíz de la Estación Experimental Agropecuaria (EEA) del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) Pergamino, recolectó muestras de poblaciones locales (entradas o accesiones) en la Región Pampeana entre 1951 y 1963, y en

el NOA entre 1965 y 1968 (Luna y Safont Lis, 1978). En el año 1969, se crea el Banco Activo de Germoplasma de maíz en la EEA-INTA Pergamino (BAP). Entre 1977 y 1994 se realizaron 11 nuevas giras de recolección que abarcaron 20 provincias. (Ferrer et al., 1998)

Como resultado de las sucesivas colectas, el BAP cuenta con 2.468 entradas que representan una amplia variabilidad. Sin embargo, la misma es poco utilizada. Una de las mayores dificultades para su uso estriba en que, en general, se dispone de un conocimiento bastante limitado del mérito genético de las mismas (Eyhérbide et al., 2005; López et al., 2005), y en la dificultad de introgresar genes específicos en el material elite (Dudnik et al., 2001) sin incorporar genes ligados que puedan transferir caracteres desfavorables (Castillo-González y Goodman, 1989; Fehr, 1987). Castillo-González y Goodman (1989) en la evaluación de 1.300 poblaciones locales de maíz, concluyeron que solamente del 4 al 5% de las mismas presentan características agronómicas para su uso inmediato en programas de mejoramiento compitiendo con los híbridos comerciales. Sin embargo, fueron superiores al promedio frente al ataque de enfermedades indicando que las poblaciones pueden contribuir como nuevas fuentes de genes para el mejoramiento de ciertos caracteres como resistencia a plagas o nuevas demandas del mercado. Las posibilidades de incluir germoplasma local se encuentran limitadas por la necesidad de identificar las poblaciones que presenten buenas características, lo cual implica un proceso sistemático que comienza con la caracterización y evaluación de los materiales colectados (Alfaro y Segovia, 2000)

Los programas de mejoramiento apelan al cruzamiento entre material elite (elite por elite) para generar variabilidad. La persistencia de esta estrategia, si bien resulta eficiente en el corto plazo, lleva a un estrechamiento paulatino de la base genética del germoplasma de las colecciones de trabajo de los fitomejoradores (Eyhérbide, 2003), presentando una tasa de ganancia genética cada vez más reducida (López et al., 2005)

Troyer et al. (1988) evaluaron la diversidad genética (GD) y la vulnerabilidad genética entre los híbridos de maíz de las dos mayores compañías de semilla de maíz de Estados Unidos. Al analizar la GD comparando los cinco híbridos más populares dentro de cada compañía se determinó que cada empresa no

utilizaba un sólo genotipo en sus programas de mejoramiento. Al comparar la GD entre el híbrido más popular de cada compañía, se demostró que ambos no estaban emparentados. Esos resultados indicarían que las empresas utilizan más de un genotipo para obtener sus materiales mejorados y que entre empresas, el material de origen de sus programas de mejoramiento es distinto. Sin embargo, el mismo autor cita en un trabajo más reciente, que en 1936, 96 cultivares de polinización libre fueron parentales de 367 líneas. Actualmente, los cultivares de polinización libre más populares y ampliamente utilizados, constituyen el 87% del material genético de los híbridos de maíz de Estados Unidos. Estos cultivares son Reid Yellow Dent con 51%, Minnesota con 13,13%, Lancaster Sure Crop con 13% y Northwestren Dent y Leaming Corn con 5%, cada uno. (Troyer, 2006). Resultados como los mencionados demuestran la estrecha base genética que se utiliza en el mejoramiento genético del cultivo.

En Argentina, Luna y Safont Lis (1978) consideran que en la década de 1970, directa o indirectamente, poco más de diez líneas endocriadas contribuían a la formación de los híbridos disponibles y dos de ellas participaban en el 80 % de los híbridos de maíz Colorado existentes en ese momento. Actualmente no hay estudios realizados de este tipo, pero se estima que los híbridos disponibles están constituidos por una base genética muy estrecha, en forma similar a lo que ocurre en Estados Unidos (Eyhérbide, comunicación personal).

Las poblaciones locales pueden contribuir al aumento de la variabilidad en los programas de mejoramiento, siendo una fuente potencial de nuevos genes, presentando además una mejor adaptación a ambientes naturales y antropológicos en los que han evolucionado (Lucchin et al., 2003). Varios autores apoyan esta conclusión con sus trabajos, señalando la importancia de aumentar la divergencia genética del cultivo.

Holland y Goodman (1995) basados en los datos de evaluaciones previas, seleccionaron 40 entradas de maíces tropicales que exhibían un comportamiento agronómico superior y realizaron cruzamientos entre las mismas con líneas de los dos grupos heteróticos más importantes de Estados Unidos. Los resultados obtenidos demostraron que familias de hermanos completos entre las poblaciones

nativas y materiales mejorados permitieron obtener mayor rendimiento que el cruzamiento entre materiales elite, concluyendo que las poblaciones nativas pueden resultar una fuente promisoría de genes para los programas de mejoramiento de maíz comercial.

Presello et al. (1996) evaluaron 443 poblaciones locales argentinas, recolectadas en diversas regiones del país y conservadas en el BAP. Detectaron que 20 presentaban genes de resistencia al virus del Mal de Río Cuarto. Concluyeron además, que el virus siempre estuvo presente en la región y cobró importancia con el reemplazo de las poblaciones de polinización libre, resistentes a la enfermedad por haber evolucionado con el patógeno, por híbridos susceptibles a la misma introducidos desde Estados Unidos.

A través del LAMP (Latin American Maize Project) se evaluaron, en una primera etapa, 1.692 entradas de zona templada de América Latina, de las cuales 330 eran originarias de Argentina. De estas últimas, fueron seleccionadas 20 poblaciones para determinar el grupo heterótico al que pertenecían. Tres poblaciones de la raza Cristalino Colorado, resultaron elegidas por su rendimiento y resistencia al Mal de Río Cuarto para ser utilizadas en la ampliación de la base genética del cultivo (Salhuana et al., 1998).

Bertoia (2001) evaluó seis compuestos raciales constituidos por poblaciones locales para desarrollar híbridos con alta producción de forraje. Determinó que las variedades nativas podrían aprovecharse por su buena aptitud forrajera para incrementar el rendimiento y la calidad del forraje, a diferencia de los materiales cultivados seleccionados para producción de grano.

Presello et al. (2004) evaluaron 216 poblaciones nativas de maíz de Argentina conservadas en el BAP por resistencia a Fusariosis de la espiga (*Fusarium verticilloides* y *F. graminearum*). Luego de varios años de evaluación encontraron que cinco de esas poblaciones eran resistentes a la enfermedad, pudiendo tener nuevas fuentes de resistencias de las ya conocidas (Presello et al., 2006).

Eyhérbide et al. (2005), evaluaron 19 poblaciones locales previamente seleccionadas por el BAP (Hourquescos et al., 2003) de un total de 300, en cruzamiento con dos líneas coloradas duras. Con el modelo desarrollado por Dudley, estimaron la presencia de alelos favorables diferentes en las poblaciones

a los de las líneas, concluyendo que las poblaciones nativas son útiles para la introgresión de genes que permiten mejorar el rendimiento y la mayoría de sus componentes.

Siete poblaciones locales argentinas fueron evaluadas en cruzamientos con material elite para determinar fuentes de alelos favorables que permitan mejorar el peso hectolítrico y la relación de molienda. Una de ellas aportó alelos favorables para el mejoramiento de ambos caracteres (López et al., 2005)

#### **1.4. Clasificaciones utilizadas para las poblaciones nativas en los Bancos de Germoplasma**

##### **1.4.1. Clasificación Racial**

La primer clasificación subespecífica de maíz fue realizada por Sturtevant en 1899, dividiendo a los diferentes tipos en seis grupos, cinco de los cuales se basaban en la composición del endosperma. Anderson y Cutler reconocieron la naturaleza artificial de la clasificación de Sturtevant y propusieron una nueva, la clasificación racial. El concepto de razas fue definido como *“un grupo de individuos relacionados, los cuales tienen forma característica y pueden ser identificados como un grupo con capacidad de transmitir con fidelidad dichas características a las generaciones posteriores y que ocupan un área ecológica específica”*. La clasificación racial refleja características principalmente genéticas, más que ambientales o interacción genético ambiental entre las diferentes entradas (Gutiérrez et al., 2003).

En Argentina, los estudios de las razas de maíz se remontan a principios del siglo pasado y la mayor parte de ellos se llevaron a cabo sobre razas de la Quebrada de Humahuaca y áreas vecinas. En un estudio efectuado en la zona mencionada, Abiusso y Cámara Hernández (1974) diferenciaron 14 razas. En 1997, Solari y Gómez describieron 44 formas raciales pertenecientes a variedades locales colectadas en todo el país. Cámara Hernández y Miente Alzogaray (2003) caracterizaron y clasificaron a las poblaciones nativas de la Provincia de Misiones en 14 razas, considerando a la evaluación de las espigas como el instrumento más práctico para la caracterización.

Este tipo de clasificación es la que actualmente se utiliza en el BAP y en la mayoría de los Bancos de Germoplasma de maíz del mundo.

#### **1.4.2. Clasificación Numérica**

Hacia 1980, la taxonomía numérica fue ganando importancia. Alfaro y Segovia, (2000), señalan dentro de las ventajas de usar estos métodos numéricos, la posibilidad de integrar datos morfológicos, fisiológicos, agronómicos, citogenéticos, de proteínas, marcadores moleculares e incluso secuencias de ADN. Por ser cuantitativos, los métodos numéricos presentan mayor capacidad de resolución en la separación de taxones.

Gutiérrez et al. (2003), en un estudio en el que comparan la clasificación numérica con la racial sobre razas locales uruguayas, concluyen que la clasificación numérica puede considerarse como un análisis más refinado de la relación entre las poblaciones formando grupos más homogéneos. Además, la taxonomía numérica utiliza más caracteres que la clasificación racial, algunos de los cuales son importantes para el mejoramiento del cultivo. A la misma conclusión arribaron Ortiz et al. (2008) al evaluar poblaciones locales de maíz peruanas.

Una adecuada clasificación de la variabilidad conservada en los Bancos de Germoplasma es crítica para el mejoramiento en el futuro (Fundora Mayor et al., 2004).

### **1.5. Caracterización y evaluación del material conservado**

#### **1.5.1. Uso de marcadores fenotípicos**

El potencial de uso de las poblaciones nativas en planes de mejora puede lograrse mediante la caracterización y evaluación de distintos tipos de atributos, marcadores, caracteres o variables observados en ellas.

La caracterización morfológica se basa en la medición de todos aquellos atributos visibles para el ojo humano. Generalmente se evalúan caracteres que se encuentran muy influenciados por el ambiente. A

pesar de este inconveniente, estos tipos de marcadores son muy importantes ya que permiten medir de manera simple las diferencias entre poblaciones, como también las características potenciales de las mismas para su uso en programas de mejoramiento (Brandolini y Brandolini, 2001).

Numerosos autores han realizado evaluaciones con este tipo de caracteres. Martínez et al. (1983) analizaron 30 poblaciones F<sub>2</sub> de maíz a través de cinco caracteres morfológicos de la espiga. Los autores concluyeron que estudios morfológicos de poblaciones pueden ser utilizados para entender la variabilidad y las relaciones presentes entre las razas de maíz. Alfaro y Segovia (2000), evaluaron 46 entradas de maíz colectadas en distintas zonas de la región sur de Venezuela. El estudio de caracteres vegetativos permitió diferenciar seis grupos, concluyendo que este tipo de caracteres, principalmente los de grano, son adecuados para separar o agrupar genotipos que han evolucionado en áreas geográficas distintas. Lucchin et al., (2003) evaluaron 20 poblaciones de maíz *flint* colectadas en Italia a través de 34 caracteres morfológicos y agronómicos. Los autores remarcan que la información que aportan los caracteres morfológicos, tanto cuantitativos como cualitativos, podrían ser útiles para mantener la variabilidad genética y para evitar pérdida de genes por erosión.

El uso de cada descriptor dependerá exclusivamente del objetivo de estudio. En el caso del BAP, como la mayoría de los Bancos de Germoplasma a nivel Nacional e Internacional, los marcadores utilizados y las formas de evaluarlos se basan en las listas de descriptores del IPGRI (Internacional for Plant Genetic Resources Institute) actualmente denominado Bioversity International.

La variabilidad fenotípica es la resultante de la suma de efectos genéticos y ambientales. Estos últimos adquieren gran importancia en las poblaciones nativas ya que éstas generalmente tuvieron un origen geográfico distinto, evolucionando en ambientes específicos y sometidas a distintos tipos de usos por los pobladores locales según sus creencias y costumbres.

Alika et al. (1993) colectaron 30 poblaciones de maíz en tres zonas geográficas de Nigeria. Los grupos formados entre las mismas por sus caracteres agronómicos se correspondían con las rutas

comerciales tradicionales y con las costumbres de cada una de las tribus que originariamente habitaban la región.

Presello et al. (1996) seleccionaron 443 poblaciones nativas argentinas del BAP de manera que estuvieran representadas la mayor parte de las formas raciales y áreas geográficas de origen, para evaluación de resistencia al virus del Mal de Río Cuarto. Los autores encontraron resistencia en las poblaciones colectadas en localidades cercanas al centro de dispersión de la enfermedad, planteando la hipótesis de que la resistencia se generó en base a la coevolución entre el hospedante y el patógeno.

Gouesnard et al. (1997) encontraron una elevada correlación entre la variabilidad hallada con variables agro-morfológicas y las distancias geográficas entre 262 poblaciones locales de maíz francesas.

Otros autores, sin embargo, no hallaron los mismos resultados. Lucchin et al. (2003) obtuvieron una correlación muy baja entre las distancias genéticas y geográficas en la evaluación de 20 poblaciones italianas de la raza *flint* y Melchiorre et al. (2002) no encontraron correlación al evaluar cuatro poblaciones locales argentinas con áreas geográficas de origen muy diversas.

### 1.5.2. Métodos estadísticos

Las variables utilizadas para detectar las diferencias entre las poblaciones, sobre todo las de interés para los programas de mejoramiento, son principalmente de carácter cuantitativo. Este tipo de variables se encuentran muy influenciados por el ambiente. Por este motivo, es importante utilizar un diseño experimental adecuado que permita minimizar el efecto del ambiente. Además de ello es conveniente evaluar, estimar y eliminar el efecto del ambiente y sus interacciones y así analizar sólo las diferencias debido al genotipo.

Bramardi (2000) señala que una vez obtenida la información, se debe utilizar alguna técnica que permita conformar grupos y establecer relaciones entre ellos, de modo que las poblaciones evaluadas puedan ser fácilmente utilizadas por los fitomejoradores en su búsqueda de material para los programas de mejoramiento.

Para lograr el agrupamiento, clasificación y relación entre poblaciones, existen numerosas técnicas de Análisis Multivariado. Los orígenes del Análisis Multivariado se remontan a los trabajos de Pearson en 1901 y Spearman en 1904, adquiriendo importancia en los años treinta, quedando en ese momento reducido a un campo de especulación teórico por lo laborioso de los cálculos. Con el uso masivo de software estadísticos que realizan mecánicamente los cálculos, este tipo de análisis comienzan a usarse en los más diversos ámbitos (Bramardi, 2000; Gutiérrez et al., 2003). Brandolini y Brandolini (2001) acuerdan que el análisis multivariado combina la capacidad de sintetizar las características más relevantes y evaluar la importancia relativa de cada uno de los diferentes caracteres en la diferenciación total de las poblaciones o individuos evaluados.

Dentro de las técnicas de Análisis multivariado existentes, el Análisis de Componentes Principales (ACP), el Análisis de Coordenadas Principales (ACooP) y el Análisis de Cluster son los más utilizadas para la evaluación de poblaciones locales de maíz.

El ACP es un método de ordenación y su origen se asocia a los trabajos de Pearson en 1901 aunque, su primer desarrollo teórico y su nombre surgen en una publicación de Hotelling en 1933. Con esta técnica se condensa la información que aportan las variables cuantitativas originales en un número reducido de nuevas variables que explican el máximo de variabilidad total. Estas nuevas variables no están correlacionadas entre sí y ayudan a establecer una estructura del agrupamiento de las poblaciones evaluadas determinando cuales de las variables utilizadas permiten con mayor facilidad estimar las diferencias observadas entre los genotipos (Crisci y López Armengol, 1983; Bramardi, 2000).

Al igual que el ACP, el ACooP es un método de ordenación que permite agrupar a los individuos o poblaciones, con la diferencia que éste último lo realiza a través de variables cualitativas. No representa direcciones, sino distancias entre los puntos, por lo que las asociaciones no pueden describirse en función de las variables originales. (Bramardi, 2000).

El Análisis de Cluster es un método de clasificación y sus bases, principios, procedimientos y reglas fueron descritos por primera vez por Sokal y Sneath en 1963 (Bramardi, 2000). Este análisis puede realizarse siguiendo diferentes técnicas de encadenamiento. Entre ellas se encuentra el cluster jerárquico aglomerativo en el cual, al principio, cada población conforma una unidad. A medida que el agrupamiento avanza, el número de grupos va disminuyendo hasta que conforman un solo grupo (Crisci y López Armengol, 1983; Franco et al., 1998; Bramardi, 2000).

Otra alternativa que permite observar las semejanzas o diferencias entre individuos o poblaciones asociado a matrices de distancia y/o similitud son los Árboles de Mínima Distancia (MST). Un MST es un gráfico que conecta las poblaciones evaluadas por las distancias más cortas que las separan, verificándose que: i) en ningún caso se forman polígonos cerrados, ii) por cada punto pasa al menos una línea, y iii) el árbol no presenta discontinuidades (Bramardi, 2000). Estos dendrogramas superpuestos sobre la configuración obtenida sobre cualquier método de ordenación ayudan a la conformación de grupos.

Mediante las técnicas de ACP a partir de una matriz de correlaciones y Análisis de Cluster utilizando distancia Euclídea y método de encadenamiento UPGMA (Unweighhted Pair-Group Method using arithmetic Averages) sobre los datos originales estandarizados, Alike et al. (1993) formaron cinco grupos sobre 30 poblaciones colectadas y evaluadas en Nigeria. Utilizando las mismas técnicas multivariadas, Brandolini y Brandolini (2001) diferenciaron nueve complejos raciales, 34 razas locales y 65 agroecotipos de la evaluación de 562 entradas de maíz italiano, Lucchin et al. (2003) ordenaron y clasificaron 20 poblaciones *flint* colectadas en Italia, Gouesnard et al. (1997) agruparon 262 poblaciones locales de maíz francesas en cinco grupos y Ruiz y Álvarez (2001) clasificaron 100 poblaciones locales de maíz españolas agrupándolas en siete grupos.

Cuando sobre un mismo grupo de poblaciones o individuos se obtienen descriptores correspondientes a distintos tipos de variables, es importante utilizar una técnica que permita tratar toda la información en conjunto. Para resolver esta situación existen dos alternativas de trabajo que implican

diferentes filosofías acerca del tratamiento de datos: (i) buscar una medida de distancia o similitud común a todas las variables sobre la que se aplicará algún método de ordenación o clasificación apropiado, o bien (ii) asumir que se cuenta con variables diferentes que requieren tanto del uso de medidas de similitud como técnicas de agrupamiento particulares, y recurrir a un método que permita armonizar, consensuar o ‘promediar’ las asociaciones halladas para cada uno de estos grupos o tipos de variables (Bramardi, comunicación personal).

Dentro de esta segunda alternativa se encuadra el Análisis de Procrustes Generalizado (APG). Es una técnica muy utilizada para realizar el análisis conjunto de datos agro-morfológicos y moleculares (Bramardi et al., 2005; Defacio et al., 2006; Lorea et al., 2006; Lopes et al., 2006; Defacio et al., 2007), permitiendo también aglutinar datos cuantitativos y cualitativos (Bramardi et al., 2005), otorgándole a cada tipo de variable un peso relativo similar, sin que ninguna prevalezca en importancia sobre la otra.

El APG fue desarrollado por Gower en 1975 y comprende sucesivos pasos y transformaciones de los datos bajo dos criterios: que se mantengan las distancias de las configuraciones individuales asociadas a cada grupo de variables y se minimice la suma de cuadrados correspondientes al mismo elemento y su centroide. Con esta técnica se obtiene la posibilidad de utilizar las medidas de distancia más adecuadas para cada conjunto de variables, sin generar ningún tipo de pérdida de información por transformaciones o adecuaciones de las variables (Bramardi, 2000). La misma permite balancear el peso de cada grupo de variables y mejorar la correlación de aquellos conformados por una menor cantidad de variables (Reeb et al., 2003)

Bramardi et al. (2005) evaluaron 41 cultivares de pepino (*Cucumis sativus L.*), a través de 15 caracteres agronómicos, ocho cualitativos y siete cuantitativos utilizando para el análisis conjunto la técnica de APG. Los dos primeros componentes de la configuración consenso permitieron formar tres grupos donde se consideraron ambos tipos de caracteres, pudiéndose en general, separar a los cultivares evaluados por sus correspondientes razas.

Lopes et al. (2006) citan que la aplicación de APG en estudios de variabilidad genética está limitada a muy pocos casos en el campo de la agronomía.

Una vez obtenida la configuración de las entradas bajo estudio, las distancias genéticas relativas entre ellas permiten el agrupamiento de poblaciones y la conformación de grupos. En la separación entre las poblaciones, resulta interesante conocer si esa variación tiene alguna relación con el origen geográfico. Una herramienta estadística con la que se puede cuantificar la relación entre las distancias genéticas y las distancias geográficas es la correlación entre matrices de distancias; el Test de Mantel mide la significancia de la misma.

Este test surgió en 1967 como consecuencia de un estudio de Nathan Mantel sobre casos de cáncer en tiempo y espacio. Recién 20 años después fue tomando importancia en distintas áreas de la ciencia. El mencionado test se basa en estimar la correlación entre dos matrices de distancia, típicamente una matriz de distancia genética y una matriz de distancias geográficas. Una correlación positiva se observará si las distancias genéticas están fuertemente extendidas sobre la distribución geográfica. En caso contrario, la correlación presentará valores muy bajos, cercanos a cero (0).

## 2. OBJETIVOS E HIPÓTESIS

### **Objetivo general:**

Determinar la existencia de variabilidad genética en función de descriptores de interés morfológico y agronómico, en 145 variedades nativas de maíz originarias de la Provincia de Buenos Aires, conservadas en el Banco Activo de Germoplasma de la EEA INTA Pergamino.

### **Objetivos específicos:**

- ✓ Evaluar la variabilidad genética para 20 variables agro-morfológicas, entre las poblaciones locales de maíz originarias de la provincia de Buenos Aires.
- ✓ Ordenar y clasificar dichas poblaciones en base a su similitud utilizando técnicas de Análisis Multivariado.
- ✓ Identificar los genotipos de mayor interés para ser incorporados en los programas de mejoramiento genético.
- ✓ Determinar la relación entre el agrupamiento obtenido y el origen geográficos de las entradas.

### **Hipótesis:**

Las poblaciones nativas de maíz colectadas en la Provincia de Buenos Aires presentan variabilidad genética, constituyendo una fuente de genes con potencial utilidad para ser utilizados en los programas de Mejoramiento Genético.

### 3. MATERIALES Y MÉTODOS

#### 3.1. Material vegetal

Se evaluaron 145 poblaciones locales de maíz (*Zea mays L.*) conservadas en el BAP. Las mismas fueron colectadas entre los años 1951 y 1963 en distintas localidades de la Provincia de Buenos Aires. En el Anexo 1 se presentan datos de pasaporte (localidad de procedencia, coordenadas de dicho lugar y raza) de los materiales evaluados.

Como testigos se utilizaron cuatro variedades de polinización abierta: SP1234, Payagua INTA y Candelaria INTA, desarrolladas por el Grupo de Mejoramiento de Maíz de la EEA, INTA-Pergamino y BS13p, material de origen estadounidense. Las variedades testigos pertenecen a distintas formas raciales, SP1234 presenta endosperma corneo o *flint* y corresponde a la raza Cristalino Colorado, Payagua INTA y Candelaria INTA son semidentados y BS13p tiene endosperma dentado.

#### 3.2. Ambientes de evaluación y diseño experimental

Para la caracterización del material se llevaron a cabo ensayos en dos localidades, Pergamino (EEA INTA) y Ferré (Escuela Agrotécnica Salesiana). Si bien estas localidades representan diferentes ambientes de evaluación, comparten algunas características. Ambas poseen un suelo Argiudol típico con horizonte superficial bien provisto de materia orgánica y con buena estructura y horizonte subsuperficial franco arcilloso, presentando buen drenaje y buena aptitud agrícola (Carta de suelos de la República Argentina). El clima es templado húmedo o templado pampeano con un promedio de 1.000 mm anuales de precipitaciones y temperatura media anual de 16-18 °C (Sección climatología, INTA Pergamino).

A pesar de las semejanzas, existen diferencias entre ambos ambientes y micro-ambientales dentro de cada uno de ellos, por lo que todos los ensayos se realizaron en las dos localidades y contaron con dos repeticiones.

La unidad experimental consistió en una parcela de 2 surcos de 5 m de largo separados a 0,70 m entre sí. La densidad de siembra fue de 72.000 pl/ha, obteniéndose un stand de plantas a cosecha de 65.000 pl/ha.

Las malezas se controlaron con 2 l/ha de atrazina 50% + 2 l/ha de acetoclor 84% + antídoto en presiembra volviéndose a aplicar en el estado vegetativo previo a V6 (sexta hoja totalmente expandida) 2 l/ha de atrazina 50%.

Para cubrir los requerimientos de nutrientes del cultivo se fertilizó a la siembra con 180 Kg. de un fertilizante compuesto por Nitrógeno: 15, Fósforo: 30, Azufre: 26 y Calcio: 9,8 y al estado de V6 con 180 Kg. de urea (Nitrógeno: 46)

El cultivo antecesor en todos los casos fue soja. Se utilizó un sistema de labranza convencional. La siembra se realizó con una sembradora neumática lo que permitió lograr una buena uniformidad en la distribución de la semilla.

Las experiencias se realizaron durante las campañas 2003/2004, 2004/2005 y 2005/2006. Cada combinación año x localidad fue considerada como un ambiente (Holland y Goodman, 1995; Wolf et al., 2000). Los ambientes I y II correspondieron a las campañas 03/04 en las localidades de Pergamino y Ferré, respectivamente. La siembra fue realizada el 22 de octubre en el ambiente I y el 4 de noviembre en el ambiente II. El ambiente III correspondió a los ensayos de la campaña 04/05 en la localidad de Ferré y el ambiente IV a la campaña 05/06 en Pergamino. Las fechas de siembra para estos ambientes fueron el 12 de octubre y el 9 de noviembre, respectivamente.

Las entradas pertenecientes a 11 formas raciales (Solari y Gómez, 1997), fueron agrupadas en cuatro ensayos de acuerdo con la similitud racial, estructura de la planta y ciclo (Castillo Gonzalez y Goodman, 1989; Gouesnard et al., 1997 y Taba et al., 1998; Salhuana et al., 1998). En el cuadro 1 se presenta la distribución de los ensayos en los ambientes de evaluación.

**Cuadro 1:** Distribución de cada ensayo a través de los ambientes en los cuales cada uno fue realizado.

	Amb. I (Pergamino 03/04)	Amb. II (Ferré 03/04)	Amb. III (Ferré 04/05)	Amb. IV (Pergamino 05/06)
Ensayo 1	X	X		
Ensayo 2			X	X
Ensayo 3			X	X
Ensayo 4			X	X

Ensayo 1: Constituido por 60 poblaciones de la raza Cristalino Colorado.

Ensayo 2: Compuesto por 45 poblaciones; 32 de la raza Cristalino Colorado, 9 Cristalino Amarillo, 1 Calchaquí, 1 Dentado Amarillo, 1 Pericarpio Rojo, y 1 del grupo No Clasificable.

Ensayo 3: Conformado por 32 poblaciones, 16 poblaciones de la raza Dentado Blanco, 11 Amarillo Ocho Hileras y 5 Blancos Ocho Hileras.

Ensayo 4: Compuesto por 8 poblaciones locales, 6 de la raza Dulce y 2 Pisingallo. Junto a las mismas y a los testigos se incluyeron 2 variedades de polinización libre, Abasto Blanco (Dulce) y PoraINTA (Pisingallo), desarrollados por los Grupos de Mejoramiento de Maíz de las EEAs INTA San Pedro y Pergamino, respectivamente.

En el Anexo 2 se presentan los identificadores y las razas de las poblaciones que fueron incluidas en cada ensayo.

Para los ensayos 1, 2 y 3 se utilizaron diseños en látice. Para el ensayo 4 el diseño utilizado fue un bloque completo aleatorizado.

### 3.3. Caracteres analizados

Las variables, caracteres o atributos evaluados correspondieron a características agronómicas, morfológicas y fenológicas y fueron medidas según los protocolos propuestos en la lista de descriptores del IPGRI (Internacional for Plant Genetic Resource Intitute) actualmente denominado Bioversity International (CIMMYT/IBPGR, 1991).

Se evaluaron 16 variables cuantitativas y 4 cualitativas.

Las variables cualitativas (Raza, Textura de grano, Color de grano y Forma de la mazorca) fueron evaluadas sobre la totalidad las mazorcas cosechadas sin tener en cuenta aquellas que presentaban efecto de xenia.

Para realizar las evaluaciones, las variables cualitativas multiestado evaluadas se codificaron como se menciona a continuación:

Raza: No clasificable: 1

Cristalino Colorado: 2

Cristalino Amarillo: 3

Dentado Amarillo: 4

Dentado Blanco: 5

Dulce: 6

Pisingallo: 7

Amarillo Ocho Hileras: 8

Blanco Ocho Hileras: 9

Pericarpio Rojo: 10

Calchaquí: 11

Textura: Cristalina: 1

Dentada: 2

Dulce: 3

Reventador: 4

Color: Colorado: 1

Amarillo: 2

Blanco: 3

Forma de la mazorca: Cilíndrica cónica: 1

Cilíndrica: 2

Cónica: 3

Las variables cuantitativas con su correspondiente unidad de medida se muestran en el cuadro 2.

**Cuadro 2:** Variables cuantitativas analizadas junto a su correspondiente unidad de medida.

<b>VARIABLES FENOLÓGICAS</b>	Medición
Grados días a floración masculina (GDUM)	Grados días (GDU)
Grados días a floración femenina (GDUF)	Grados días (GDU)
Sincronía entre floración masculina y femenina (ASI)	Grados días (GDU)
<b>VARIABLES MORFOLÓGICAS</b>	
Longitud de mazorca (LMZ)	Centímetros (cm)
Diámetro de mazorca (DMZ)	Milímetros (mm)
Número de hileras de la mazorca (NHIL)	Número
Granos por hilera de la mazorca (GRHIL)	Número
Ancho de grano (AGR)	Milímetros (mm)
Largo de grano (LGR)	Milímetros (mm)
Altura de planta (ALTPL)	Centímetros (cm)
Altura de inserción de mazorca (ALTMZ)	Centímetros (cm)
Porcentaje de plantas quebradas (PORQ)	Porcentaje (%)
Porcentaje de plantas volcadas (PORV)	Porcentaje (%)
<b>VARIABLES AGRONÓMICAS</b>	
Peso de 1000 semillas (P1000)	Gramos (gr)
Rendimiento (REND)	Kilogramos (Kg)
Prolificidad (PROL)	Índice

Los días a floración masculina y femenina se determinaron cuando el 50 % de las plantas de la parcela se encontraban liberando polen o presentaban estigmas visibles, respectivamente. Los días fueron transformados a tiempo térmico (Unidades de grados días (GDU)) según la fórmula:

$$GDU = \sum^n (T_{as} - T_b),$$

Donde:  $T_{as}$  = Temperatura media del aire

$T_b$  = Temperatura base, para el caso de maíz en la zona donde se llevaron a cabo los ensayos es 8 °C

$n$  = número de días utilizados en la sumatoria ( $\Sigma$ )

(Andrade et al., 1996)

La sincronía entre las floraciones femenina y masculina (ASI: Anthesis- sillking interval) se estimó como la diferencia entre los grados días a floración femenina (GDUF) y los grados días a floración masculina (GDUM).

El porcentaje de plantas quebradas (PORQ) y volcadas (PORV) fue evaluado sobre la parcela en su totalidad surgiendo de la relación entre el número de plantas quebradas y volcadas y el número total de plantas, respectivamente.

Las variables altura de planta (ALTPL) y altura de inserción de la mazorca más alta (ALTMZ) se registraron cuando la parcela alcanzó el estado de grano lechoso, evaluándose 10 plantas en competencia completa tomadas al azar, utilizando el promedio de las 10 unidades para realizar los análisis. El carácter ALTPL se midió desde la base de la planta hasta el ápice de la panoja y ALTMZ se midió desde la base de la planta hasta la altura de inserción de la espiga superior.

Para las variables morfológicas de mazorca y grano se cosechó la totalidad de la parcela y sobre 10 mazorcas o granos tomados al azar, se registraron los caracteres correspondientes.

La longitud de la mazorca (LMZ) fue medida desde la inserción con el pedúnculo hasta la punta de la espiga y el diámetro de la misma (DMZ) se midió con un calibre sobre el ancho de la parte central de la espiga.

El número de hileras de la mazorca (NHIL) y la cantidad de granos por hilera (GRHIL) se obtuvieron contando la cantidad de granos presentes sobre el diámetro y la longitud de la espiga, respectivamente.

Ancho de grano (AGR) y largo de grano (LGR) se evaluaron con un calibre tomando 10 granos al azar de la parte central de las espigas.

La prolificidad (PROL) se determinó como la relación entre el número total de espigas cosechadas y el número de tallos a cosecha expresándose como número de espigas por planta.

La evaluación de las demás variables agronómicas se determinó sobre el total del material cosechado de cada parcela.

Se contaron manualmente 1.000 granos tomados al azar del total cosechado. El peso de los mismos (P1000) se obtuvo con una balanza electrónica.

Con el peso total del grano de la parcela trillada se estimó el rendimiento (REND) corregido en base a un porcentaje de humedad de 15% y se expresó en Kg. /ha mediante la siguiente fórmula:

$$\text{REND (Kg. /ha)} = [\text{Peso de grano} \times 1428,57 \times (100 - \text{humedad})/85]$$

### **3.4. Análisis estadísticos**

Las variables cualitativas registradas son estables en los distintos ambientes y a través de las generaciones, en la medida que se encuentren aisladas de otras poblaciones para evitar el cruzamiento entre ellas y que el tamaño de la muestra sea adecuado para evitar erosión genética (Ferrer, comunicación personal). Generalmente, estas variables que son muy importantes para la clasificación de las poblaciones, no tienen tanta importancia en cuanto a su utilidad en mejoramiento genético.

Las variables que mayormente se buscan modificar en los programas de mejora son las cuantitativas. Este tipo de caracteres tienen los inconvenientes de presentar una composición génica más compleja y de estar muy influenciados por el ambiente.

### 3.4.1. Evaluación de la variabilidad entre poblaciones para los distintos caracteres y ambientes estudiados

Para analizar la variabilidad entre las poblaciones (genotipos) correspondientes a un mismo ensayo-ambiente, se realizaron los Análisis de Variancia para cada carácter, para cada ensayo y para cada ambiente en forma individual. Este análisis permitió observar la variabilidad entre las poblaciones correspondientes a un mismo ensayo-ambiente.

El modelo matemático utilizado para cada ensayo fue:

$$y_{klm} = \mu + B_k + L_{m(k)} + P_l + \varepsilon_{kl}$$

Donde:  $y_{kl}$  = Cada una de las variables de respuesta en la caracterización

$\mu$  = media general

$B_k$  = efecto de bloque,  $k = 1,2$

$L_{m(k)}$  = efecto de sub-bloque  $m$  anidado en cada bloque  $k$ ,  $m = 1...8$  para el ensayo 1,  $1...8$  para el ensayo 2 y  $1...6$  para el ensayo 3.

$P_l$  = efecto de población,  $l = 1...60$  para el ensayo 1,  $1...45$  para el ensayo 2,  $1...32$  para el ensayo 3 y  $1...8$  para el ensayo 4.

$\varepsilon_{kl}$  = error experimental

Se comprobaron los supuestos del Análisis de Variancia en forma individual para cada variable en cada ensayo y ambiente de evaluación (Anexo 4). La independencia de los errores experimentales se garantizó con la asignación aleatoria de los genotipos en las unidades experimentales. El supuesto de distribución normal se analizó utilizando el test de Shapiro-Wilk. Para comprobar el supuesto de

aditividad se utilizó la prueba de no-aditividad de Tukey. La homogeneidad de variancias se evaluó mediante el test de Bartlett. El software estadístico utilizado fue SAS (SAS Institute, 2001)

Una vez comprobados los supuestos del Análisis de Variancia y realizadas las transformaciones necesarias, se analizó para los ensayos 1, 2 y 3 a través de cada ambiente, la eficiencia del látice respecto al Diseño en Bloques Completos Aleatorizados (DBCA). Para todas las variables, a través de los distintos ensayos y ambientes, el látice no mostró efecto significativo con respecto al bloque, por lo cual los análisis se continuaron con este último diseño experimental.

### 3.4.2. Evaluación del efecto ambiente e interacción genotipo x ambiente para variables cuantitativas por ensayos

Posteriormente se realizaron los Análisis de Variancia combinados a través de los ambientes evaluados para cada ensayo ya que el mismo permite determinar la significancia en cada caso de los efectos del ambiente y de la interacción población x ambiente, que no pueden ser determinados al realizar los ANOVA individuales. Se utilizó el siguiente modelo matemático:

$$y_{jkl} = \mu + A_j + B_{k(j)} + P_l + A_j \times P_l + \varepsilon_{jkl}$$

Siendo:  $y_{jkl}$  = Cada una de las variables de respuesta en la caracterización

$\mu$  = media general

$A_j$  = efecto del ambiente  $j = I, II$  para el ensayo 1 y  $III, IV$  para los ensayos 2, 3 y 4

$B_{k(j)}$  = efecto de bloque  $k$  anidado en ambiente  $j$ ,  $k = 1, 2$

$P_l$  = efecto de población,  $l = 1 \dots 60$  para el ensayo 1,  $1 \dots 45$  para el ensayo 2,  $1 \dots 32$  para el ensayo 3 y  $1 \dots 8$  para el ensayo 4.

$(A \times P)_{ij}$  = Interacción población x ambiente

$\varepsilon_{jkl}$  = error experimental

### **3.4.3. Estimación de los componentes de variancia por ensayo**

En base a las esperanzas de los cuadrados medios del Análisis de la Variancia Combinado, se estimaron los componentes de variancia ambiental, del bloque, genotípica, de la interacción y del error experimental (Cuadro 3).

**Cuadro 3:** Tabla de Análisis de la variancia para el modelo combinado

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios	Esperanza de los cuadrados medios
Ambiente	a-1	CM1	$\sigma_e^2 + b. \sigma_{P \times A}^2 + b.a. \sigma_A^2$
Bloque(amb)	a. (b-1)	CM2	$\sigma_e^2 + b. \Sigma \beta_b^2 / 2$
Población	p-1	CM3	$\sigma_e^2 + b. \sigma_{P \times A}^2 + b.a. \sigma_P^2$
Gen x Amb	(p-1).(a-1)	CM4	$\sigma_e^2 + b. \sigma_{P \times A}^2$
Error exp.	a.(b-1).(p-1)	CM5	$\sigma_e^2$
Total	(a.b.p)-1		

$\Sigma \beta_b^2$ : efecto debido a las diferencias entre bloques

$\sigma_P^2$ : componente de la variancia debido a diferencias entre las poblaciones.

$\sigma_A^2$ : componente de variancia debido al ambiente.

$\sigma_{P \times A}^2$ : componente de variancia debido a la interacción genotipo-ambiente.

$\sigma_e^2$ : componente de la variancia debido al error experimental (azar)

a: número de ambientes

b: número de bloques completos

La Variancia fenotípica se calculó a partir de la siguiente fórmula:

$$\sigma_f^2 = \sigma_P^2 + \sigma_{P \times A}^2 / a + \sigma_e^2 / a \times b$$

$\sigma_f^2$ : Variancia fenotípica

Fehr, (1987)

### 3.4.4. Evaluación, estimación y eliminación del efecto ambiente e interacción genotipo x ambiente para variables cuantitativas

Una vez analizadas las significancias de los efectos y la estimación de los componentes de variancia, se construyó una matriz de datos con todas las poblaciones evaluadas. Las filas corresponden a las poblaciones y las columnas a los caracteres evaluados, incluyendo las “variables” ambiente y ensayo según lo mencionado al describir el ambiente de evaluación y diseño experimental en el apartado 3.2.

Dado que los análisis multivariados utilizados no requieren la exigencia de ningún supuesto, los mismos se realizaron con las variables sin transformar, los cuales fueron estandarizados (media = 0 y variancia = 1) debido al carácter heterogéneo de las unidades de medida.

Para poder realizar la evaluación simultánea de todas las poblaciones estudiadas en los distintos ensayos en función de las variables cuantitativas se estimaron y eliminaron los efectos ensayo, ambiente, bloque y las interacciones, para lo cual se utilizó el modelo planteado por Reeb et al. (2007)

$$y_{ijkl} = \mu + E_i + A_j + P_l + P_l \times A_j + P_l \times E_i + A_j \times E_i + B_{k(i,j)} + \varepsilon_{ijkl}$$

Donde:  $y_{ijkl}$  = Cada una de las variables de respuesta en la caracterización

$\mu$  = media general

$E_i$  = efecto de ensayo,  $i = 1, \dots, 4$ ;

$A_j$  = efecto de ambiente,  $j = 1, \dots, 4$ ;

$B_{k(i,j)}$  = efecto de bloque anidado en ambiente y ensayo,  $k = 1, 2$ ;

$P_l$  = efecto de población,  $l = 1 \dots 145$ ;  $l = 1 \dots 60$  si  $E = 1$ ;  $l = 1 \dots 45$  si  $E = 2$ ;  $l = 1 \dots 32$  si  $E = 3$ ;  $l = 1 \dots 8$  si  $E = 4$ );

$\varepsilon_{ijkl}$  = término del error

Todos los efectos fueron considerados aleatorios. El modelo fue totalmente desbalanceado y se procesó con proc glm de SAS (SAS Institute, 2001).

Sobre los datos ajustados  $y^*_{jkl}$ :

$$y^*_{jkl} = y_{jkl} - E_i - A_j - P_1 \times A_j - P_1 \times E_i - A_j \times E_i - B_k (i,j)$$

que es equivalente a :  $y^*_{jkl} = \mu + P_1 + \varepsilon_{ijkl}$

se obtuvieron las medias de cada población y sobre ellas se aplicaron las técnicas de análisis multivariados para lo cual se utilizó el programa estadístico NTSYS (Numerical Taxonomic System) (Rohlf, 2002).

### **3.4.5. Clasificación de las poblaciones en función de caracteres cuantitativos**

El estudio de los caracteres cuantitativos se llevo a cabo mediante la técnica de Análisis de Componentes Principales (ACP). El mismo se realizó en base a la matriz de correlación de las variables cuantitativas. Para determinar el número adecuado de Componentes Principales (CP) se tuvieron en cuenta la proporción de la variación explicada por cada CP, la variancia total acumulada y la interpretación biológica de los valores. La interpretación visual de los resultados se obtuvo mediante la construcción de un gráfico bidimensional, utilizando los dos primeros CP.

Para obtener una mejor claridad en la interpretación de los resultados, un Árbol de Mínima Distancia (MST) originado de la matriz de distancias Euclídeas obtenida a partir de los datos cuantitativos estandarizados, fue superpuesto sobre el gráfico del ACP.

Otra técnica que permite observar el agrupamiento de las poblaciones es el Análisis de Cluster. El mismo se basó en la matriz de distancias Euclídeas estandarizadas y el método de encadenamiento UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using arithmetic Averages). Los resultados del Análisis de Cluster se representan gráficamente en un dendrograma o árbol jerárquico que indica como se van agrupando los individuos a medida que aumenta el grado de semejanza entre ellos.

#### **3.4.6. Clasificación de las poblaciones en función de caracteres cualitativos**

Para estudiar los caracteres cualitativos se utilizó el Análisis de Coordenadas Principales (ACooP). El mismo se realizó utilizando el coeficiente de similaridad de Emparejamiento Simple o Simple Matching. Los niveles o categorías de las variables utilizadas se presentaron en el apartado 3.3.

La interpretación de los resultados se realizó utilizando un gráfico bidimensional con las dos primeras Coordenadas Principales (CooP).

Un MST originado de la matriz de similaridad de las variables cualitativas fue superpuesto en el gráfico sobre el plano principal del ACooP para facilitar la interpretación de los resultados.

El Análisis de Cluster se obtuvo a partir de la matriz de similaridad y el método de encadenamiento utilizado fue el UPGMA. Los resultados obtenidos se graficaron en un dendrograma o árbol jerárquico permitiéndonos observar que grupos de individuos presentan más semejanzas y cuales más diferencia entre ellos.

#### **3.4.7. Clasificación de las poblaciones por sus caracteres cuantitativos y cualitativos en forma conjunta**

Al caracterizar a las poblaciones con distintos tipos de variables se obtienen diferentes configuraciones complementarias entre si. Para evaluar los distintos tipos de variable en forma conjunta sin pérdida de información se utiliza la técnica de Análisis de Procrustes Generalizado (APG).

Se partió de una matriz de datos obtenida de las coordenadas resultantes en los análisis de ambos tipos de datos en forma separadas. A partir de las mismas se calculó la matriz de consenso y la dispersión de los dos tipos de datos respecto a éste. La representación gráfica se realizó en el plano con dos ejes. En la misma se observaron los valores de dispersión de los datos cuantitativos y cualitativos de cada población, unidas a su respectivo valor consenso por vectores.

Un MST originado de las dos primeras coordenadas del APG fue superpuesto en el gráfico observándose más claramente la formación de grupos.

El dendrograma obtenido del Análisis de Cluster a partir de las dos primeras coordenadas del APG y utilizando el método de encadenamiento UPGMA permitió corroborar el agrupamiento obtenido a partir del APG.

### *3.5. Relación entre las clasificaciones en función de caracteres cuantitativos y cualitativos y distancias geográficas*

A los efectos de cuantificar la significación de la relación entre las distancias genéticas entre las poblaciones con la localidad de origen de las mismas se utilizó el Test de Mantel. Para tal fin la matriz de distancias genéticas (euclídea) se calculó a partir de la matriz de consenso obtenida con la técnica de APG. La matriz de distancias geográficas (medidas como la distancia lineal entre las localidades de origen de las poblaciones) surgió de los datos de pasaporte (latitud y longitud) de cada población. Obtenidas ambas matrices de distancias fueron comparadas, estimando el coeficiente de correlación entre las mismas y la significancia de dicha relación.

## 4. RESULTADOS <sup>(1)</sup>

### 4.1. Ambientes de evaluación y diseño experimental

La caracterización del ambiente se realizó a través de las precipitaciones mensuales acumuladas y del promedio mensual de la temperatura media diaria durante el ciclo del cultivo (Anexo 4).

En los cuadros 4, 5, 6 y 7 se presentan los valores medios y el rango obtenidos sobre el total de los materiales y sobre el grupo de testigos evaluados, para cada variable en cada ensayo y ambiente de evaluación.

En los distintos ensayos puede observarse un amplio rango para todas las variables analizadas.

De la comparación entre los datos obtenidos de las variables evaluadas en cada ambiente se observa:

El ensayo 1 (60 poblaciones pertenecientes a la raza Cristalino Colorado), presentó en el ambiente I (Pergamino 03/04) mayor valor medio para las variables ALTPL, ALTMZ, GDUM y GDUF y menor promedio para REND, GRHIL, LGR y ASI que en el ambiente II (Ferré 03/04). Las demás variables presentaron valores similares en ambos ambientes.

En los ensayos 2 (45 poblaciones clasificadas bajo las formas raciales Calchaquí, Cristalino Amarillo, Dentado Amarillo, No Clasificable, Pericarpio Rojo y Cristalino Colorado) y 3 (32 poblaciones de las razas Amarillo Ocho Hileras, Blanco Ocho Hileras y Dentado Blanco), en el ambiente III (Ferré 04/05), se encontraron mayores valores medios para las variables ALTPL y ALTMZ y menores valores para los caracteres P1000, REND, GDUM, GDUF y ASI que en el ambiente IV (Pergamino 05/04). El resto de las variables presentaron en ambos ambientes valores similares.

El ensayo 4 (8 poblaciones de las razas Dulce y Pisingallo) presentó mayores valores medios para P1000, REND, GDUM, GDUF y ASI y menores valores de ALTPL y ALTMZ en el ambiente III que en el IV, siendo similar el resto de los caracteres en los dos ambientes.

---

<sup>1</sup> **NOTA:** Los cuadros y gráficos de la sección Resultados se presentan en el Anexo 5.

En el cuadro 8, se observan los valores medios y los Coeficientes de Variación (CV) para cada variable, en cada ensayo y ambiente. REND, ASI, PORQ y PORV fueron las variables que presentaron mayor rango y CV.

## **4.2. Análisis estadísticos**

### **4.2.1. Evaluación de la variabilidad entre poblaciones para los distintos caracteres y ambientes estudiados**

Una vez planteado el modelo matemático para realizar el Análisis de la Variancia (ANOVA) individual (Apartado 3.4.1.) se procedió a comprobar los supuestos del mismo cuyos resultados se presentan en el anexo 3.

Las variables PORQ y PORV no cumplieron el supuesto de normalidad por lo que fueron sometidas a transformaciones de escala. Para ambas variables, la transformación logarítmica ( $\log_{10} + 1$ ) fue la que permitió que las mismas se adecuen a los supuestos continuándose los análisis con las variables transformadas (PORQLOG y PORVLOG).

Las variables GDUF, GDUM y ASI fueron omitidas del análisis por no presentar una distribución normal bajo ninguna de las transformaciones de escala a las cuales fueron sometidas.

Para todas las variables, a través de los distintos ensayos y ambientes, la eficiencia del látice con respecto al diseño en bloques completos aleatorizados (DBCA) fue no significativa. Por lo mencionado, los análisis se realizaron como un DBCA donde cada repetición actuó como un bloque.

Para valorar o cuantificar la variabilidad entre las poblaciones (genotipos) correspondiente a un mismo ensayo-ambiente se realizó un ANOVA individual para cada variable, para cada ensayo y para cada ambiente. Los resultados del mismo se presentan en el cuadro 9.

Se encontraron diferencias significativas ( $P < 0,05$ ) o altamente significativas ( $P < 0,01$ ) para al menos un genotipo en cada ensayo y en la mayoría de los caracteres. Diferencias no significativas entre los

genotipos se observaron en las variables GRHIL, PROL y PORQLOG en el ensayo 1 ambiente I, LGR, ALTPL, ALTMZ, PORQLOG y PORVLOG en el ensayo 1 ambiente II, PROL en ambos ambientes en el ensayo 2, PORVLOG en el ensayo 2 y 3 en el ambiente III y GRHIL y PORVLOG en el ensayo 4 ambiente III.

#### *4.2.2. Evaluación del efecto ambiente e interacción genotipo x ambiente para variables cuantitativas por ensayos*

Para determinar la posibilidad de análisis de cada variable a través de los ambientes de evaluación en los cuales fue determinada, se tuvieron en cuenta los resultados del análisis de homogeneidad de variancias (Test de Bartlett) (Anexo 3).

Se realizó el ANOVA combinado para determinar el grado de significancia de la interacción genotipo (población) x ambiente (PxA) para cada variable y cada ensayo (cuadro 10)

En el ensayo 1 (60 poblaciones de la raza Cristalino Colorado), se encontraron diferencias significativas ( $P < 0,05$ ) y altamente significativas ( $P < 0,01$ ) para la interacción PxA en las variables ALTMZ y ALTPL respectivamente, presentando las demás variables diferencias no significativas.

En el ensayo 2 (45 poblaciones de diferentes razas con granos de textura cristalina y dentada), las variables LMZ, NHIL y PORQLOG presentaron diferencias significativas ( $P < 0,05$ ) para la interacción PxA. Diferencias altamente significativas ( $P < 0,01$ ) mostraron GRHIL y REND. Las diferencias fueron no significativas para el resto de las variables.

En el ensayo 3 (32 poblaciones de las razas Amarillo y Blanco Ocho Hileras y Dentado Blanco) se observaron, en la mayoría de las variables, diferencias altamente significativas ( $P < 0,01$ ) para la interacción PxA, mientras que P1000 y PORQLOG presentaron diferencias significativas ( $P < 0,05$ ) y en LMZ, PROL, ALTMZ y PORVLOG las diferencias fueron no significativas.

En el ensayo 4 (8 poblaciones de las razas Dulce y Pisingallo), LMZ y REND presentaron diferencias altamente significativas ( $P < 0,01$ ), y GRHIL significativa ( $P < 0,05$ ). Para el resto de las variables las diferencias fueron no significativas para la interacción PxA.

Para las variables donde la interacción PxA fue no significativa, se determinaron las significancias de los test de F para las diferencias entre los genotipos en el ANOVA combinado (Cuadro 11). Se encontraron diferencias altamente significativas ( $P < 0,01$ ) entre los genotipos para todas las variables en los ensayos 2, 3 y 4.

En el ensayo 1, la diferencia entre los genotipos fue significativa ( $P < 0,05$ ) o altamente significativa ( $P < 0,01$ ) para las variables morfológicas de mazorca y grano y agronómicas. Las variables PORQLOG y PORVLOG presentaron diferencias no significativas entre las poblaciones.

Para las variables que presentaron interacción PxA significativa ( $P < 0,05$ ) o altamente significativa ( $P < 0,01$ ) en el ANOVA combinado, se presentan los ANOVA individuales por ensayo y por ambiente de evaluación (cuadro 9).

En el ensayo 1, las variables ALTPL y ALTMZ presentaron diferencias altamente significativas ( $P < 0,01$ ) entre las poblaciones para el ambiente I y no significativas para el ambiente II.

En los ensayos 2, 3 y 4, todas las variables mostraron diferencias altamente significativas ( $P < 0,01$ ) entre los genotipos evaluados en ambos ambientes, a excepción de la variable GRHIL en el ensayo 4 que presentó diferencias no significativas en el ambiente III.

#### **4.2.3. Estimación de los componentes de variancia por ensayo**

A partir de la suma de cuadrados de los ANOVA combinados de cada ensayo, se estimaron las variancias genotípica, de la interacción PxA y del error experimental. Los mismos, junto a los porcentajes que representan cada uno respecto a la variabilidad total, se presentaron en los cuadros 12, 13, 14 y 15.

En el ensayo 1, constituido por poblaciones de la raza Cristalino Colorado la componente genética de la variancia fue mayor que las componentes de variancia de la interacción PxA y del error para las variables DMZ, NHIL, P1000 y REND. Las variables LGR, ALTPL, PORQLOG y PORVLOG presentaron la componente de variancia ambiental en mayor proporción. Para el resto de las variables (LMZ, AGR, GRHIL, PROL y ALTMZ) la componente que presentó un mayor porcentaje fue la del error.

En el ensayo 2, integrado por poblaciones de razas con granos de textura cristalina y dentada, la componente de variancia genética fue mayor que las correspondientes a la interacción PxA y a la del error para las variables DMZ, NHIL, AGR, LGR, REND y ALTPL. Para las variables P1000 y ALTMZ, la componente de variancia ambiental fue mayor que las restantes y la variable PORVLOG presentó mayor componente de la variancia de la interacción. Las variables LMZ, GRHIL, PROL y PORQLOG presentaron mayor proporción del componente de la variancia representada por el error experimental.

En el ensayo 3, con poblaciones de las razas Amarillo y Blanco Ocho Hileras y Dentado Blanco, la variable P1000 y PROL presentaron mayor componente de variancia ambiental y en la variable PORVLOG la mayor proporción de la variancia fue debida al error experimental. La variable PORQLOG presentó valores mayores y similares para los componentes de variancia genotípica y del error. En el resto de las variables (LMZ, DMZ, NHIL, GRHIL, AGR, LGR, REND, ALTPL y ALTMZ) la variancia genética fue mayor que la de la interacción PxA y la del error.

En el ensayo 4, constituido por poblaciones pertenecientes a las razas Dulce y Pisingallo, la variable ALTMZ presentó mayor valor para la componente ambiental de la variancia. Para las variables restantes, la componente de variancia genotípica fue mayor que las correspondientes a la interacción PxA y a la del error.

La relación entre los componentes de variancia genotípica con la variancia fenotípica (Grado de determinación genética o heredabilidad en sentido amplio) para cada ensayo se presentan en el cuadro 16.

En todos los ensayos, las variables DMZ, NHIL y REND mostraron elevado valor de heredabilidad en sentido amplio, mientras que las variables LMZ, GRHIL, PROL, PORQLOG y PORVLOG presentaron los menores valores. El resto de las variables (AGR, LGR, P1000, ALTPL y ALTMZ) tuvieron comportamientos disímiles según el ensayo.

#### *4.2.4. Evaluación, estimación y eliminación del efecto ambiente e interacción genotipo x ambiente para variables cuantitativas*

Para poder realizar la evaluación de la totalidad de las poblaciones estudiadas en todos los ensayos considerando simultáneamente todas las variables cuantitativas se estimaron y eliminaron los efectos ensayo, ambiente, bloque y la interacción PxA. Los resultados de la significancia de cada efecto para cada variable se muestran en el cuadro 17.

Las variables LMZ, NHIL, ALTPL y REND presentaron diferencias significativas ( $P < 0,05$ ) o altamente significativas ( $P < 0,01$ ) para el efecto de ensayo. Para el resto de las variables evaluadas el mismo fue no significativo.

El efecto ambiente fue significativo ( $P < 0,05$ ) para NHIL, no significativo para LMZ y AGR y altamente significativo ( $P < 0,01$ ) para las variables restantes.

El efecto de bloque fue no significativo para NHIL, ALTMZ, PORV y ASI, siendo significativo ( $P < 0,05$ ) o altamente significativo ( $P < 0,01$ ) para el resto de las variables.

Todas las variables, exceptuando ASI, tuvieron diferencias altamente significativo ( $P < 0,01$ ) para el efecto población (Genotipo).

Las variables LGR, AGR, PROL, PORQ y PORV mostraron diferencias no significativas para el efecto de la interacción PxA, la cual fue significativa ( $P < 0,05$ ) para las variables ALTMZ, P1000 y GRHIL y altamente significativas ( $P < 0,01$ ) para LMZ, DMZ, NHIL, REND, ALTPL, GDUM, GDUF y ASI.

#### 4.2.5. Clasificación de las poblaciones en función de caracteres cuantitativos

La matriz de correlaciones entre los caracteres cuantitativos, se presenta en el cuadro 18. Se resaltada en negrita las variables entre las cuales la correlación fue más importante.

El mayor valor se observó entre los GDUM y GDUF ( $r = 0,90$ ). Valores entre 0,64 y 0,71 se observaron entre los GDUM y GDUF con las variables ALTPL y ALTMZ. ALTPL y ALTMZ presentaron elevada correlación ( $r = 0,83$ ) entre ambas, manteniéndose la relación ALTPL/ ALTMZ.

Para las variables morfológicas de mazorca, hubo alta correlación ( $r = 0,72$ ) entre LMZ y GRHIL, y entre DMZ y NHIL ( $r = 0,64$ ). Además, DMZ estuvo correlacionado con el P1000 ( $r = 0,64$ ) y el REND ( $r = 0,63$ ). REND y P1000 presentaron un valor  $r = 0,63$ .

Si bien se encontró correlación importante entre algunas variables como las explicadas anteriormente, ninguna fue lo suficientemente elevada ( $r > 0,95$ ) como para descartar alguna de ellas, por lo que todas fueron utilizadas para los posteriores análisis.

Los primeros resultados del Análisis de Componentes Principales (ACP) se muestran en el cuadro 19 donde se presentaron los primeros cinco autovalores (valores eigen o valores propios), el porcentaje de variancia que explica cada uno y la variabilidad acumulada.

En el cuadro 20 se presentan los coeficientes, cargas o aportes de todas las variables evaluadas en las primeras cinco Componentes Principales (CP). En negrita se destacan los valores absolutos más elevados para cada componente, apreciando las variables más importantes en cada una de ellos.

La representación de las poblaciones en el plano principal (Gráfico 1) se realiza mediante las dos primeras CP, las que juntas representan un 53,1% de la variabilidad total del sistema. Con las mismas se diferenciaron cinco grupos lo que fue corroborado con un Árbol de Mínima Distancia (MST) originado de la matriz de distancias Euclídeas estandarizadas superpuesto sobre el gráfico 1.

El dendrograma obtenido de la matriz de distancias euclídeas estandarizadas entre poblaciones con criterio de encadenamiento UPGMA (gráfico 2) permite ver una formación de grupos similar a la del ACP.

#### 4.2.6. Clasificación de las poblaciones en función de caracteres cualitativos

El Análisis de Coordenadas Principales (ACooP) realizado sobre la matriz de similitud de Emparejamiento Simple o Simple Matching para las variables cualitativas descritas en el apartado 3.2.5., fue representado en un gráfico (Gráfico 3) cuyos ejes corresponden a las dos primeras Coordenadas Principales (CooP). Sobre el plano principal se encuentra superpuesto un MST originado de la matriz de similitud que permite observar más claramente la diferenciación entre las poblaciones. En el mismo se determinaron seis grupos de poblaciones.

Para confirmar este agrupamiento se realizó un análisis de cluster originado de la matriz de similitud y utilizando el método de encadenamiento UPGMA en el cual se obtuvieron los mismos grupos que en el ACooP (gráfico 4).

#### 4.2.7. Clasificación de las poblaciones por sus caracteres cuantitativos y cualitativos en forma conjunta

Las configuraciones obtenidas para las poblaciones en los puntos 4.2.4. y 4.2.5. para las variables cuantitativas y cualitativas respectivamente, presentaron resultados diferentes y complementarios entre sí. Por este motivo, y a fin de analizar la variabilidad con los distintos tipos de datos en forma conjunta, se utilizó la técnica de Análisis de Procrustes Generalizado (APG). La misma permite llegar a valores consenso entre los datos obtenidos de las coordenadas resultantes en los análisis de los datos cuantitativos y cualitativos en forma separada. Los valores consenso fueron representados sobre un plano donde los ejes corresponden a las dos primeras coordenadas (Gráfico 5). En el mencionado gráfico puede observarse la formación de cinco grupos. Para facilitar la conformación de los grupos y realizarlo en forma correcta se superpuso sobre el plano de las dos primeras coordenadas un MST originado de la matriz de distancias euclídeas de las mencionadas coordenadas.

Mediante el dendrograma obtenido a partir de las distancias euclídeas con criterio de encadenamiento UPGMA (gráfico 6) se obtuvo la misma conformación de los grupos que con el APG.

En el gráfico 7 se observan los valores del consenso y las desviaciones que cada población presentó con respecto a los dos tipos de variables utilizadas.

#### **4.3. Relación entre las clasificaciones en función de caracteres cuantitativos y cualitativos y distancias geográficas**

Para cuantificar la significación de la relación entre las distancias genéticas (euclídeas, surgidas de la matriz de consenso) con las geográficas (distancias lineales entre las localidades de origen) de las poblaciones originarias de la Provincia de Buenos Aires, sin incluir los testigos, se utilizó el test de Mantel.

Mediante el mismo se obtuvo un coeficiente de correlación  $r = 0,24$  ( $P < 0.0001$ ). Este valor indicaría que no hay relación entre las diferencias halladas entre las poblaciones para las características evaluadas y la distancia geográficas entre las mismas.

## 5. Discusión

### 5.1. Ambientes de evaluación y diseño experimental

Para todas las variables, a través de los distintos ensayos y ambientes, las diferencias encontradas entre los bloques incompletos fueron no significativas, no presentándose mayor eficiencia con el uso de este tipo de diseño respecto al bloque completo aleatorizado. Esto indicaría que para los tamaños de ensayo utilizados, los lotes fueron homogéneos.

En los distintos ensayos se observó un amplio rango para la mayoría de las variables. Situación similar encontraron Brandolini y Brandolini (2001), quienes al evaluar poblaciones locales italianas de maíz, atribuyeron el amplio rango observado al resultado de años de selección y adaptación a diferentes condiciones micro ambientales y de uso. Los resultados de la evaluación de las poblaciones locales nativas de la Provincia de Buenos Aires, estarían ratificando esa hipótesis.

La caracterización del ambiente se realizó a través de las precipitaciones mensuales acumuladas y del promedio mensual de la temperatura media diaria durante el ciclo del cultivo.

En los ambientes donde las condiciones climáticas fueron más próximas a las ideales para el desarrollo del cultivo, pudo expresarse el potencial de las poblaciones estudiadas, observándose en los mismos un mayor valor para el rango de las variables evaluadas.

Los ambientes en que se realizaron cada uno de los ensayos fueron similares (**Anexo 3**). Sin embargo, comparando los valores medios y el rango de las variables evaluadas en cada ambiente, se observaron diferencias. El principal motivo de las diferencias observadas podría deberse a la distribución de las precipitaciones y la coincidencia de las mismas con el Período Crítico (PC) del cultivo que comprende 15 días antes y 21 días después de la floración (Andrade et al., 1996). La ocurrencia de precipitaciones más abundantes durante el PC del cultivo provocó en todos los casos mayor rendimiento y, en general, mayores valores de sus componentes. Lo mencionado, justificaría que en el ensayo 4,

integrado por poblaciones de las razas Dulce y Pisingallo, de ciclo siembra -floración corto, se observen menor rendimiento y menor valor para la mayoría de sus componentes en el ambiente IV (Pergamino 05/06) respecto a los encontrados en el ambiente III (Ferré 04/05). En los ensayos 2 y 3, con poblaciones de ciclo siembra - floración intermedio/ largo, a pesar de haberse sembrado en los mismos ambientes y bajo las mismas condiciones que el ensayo 4, presentaron mayores valores para las variables mencionadas en el ambiente IV debido a la coincidencia entre el ciclo del cultivo y el período de lluvias.

En los ambientes en que las precipitaciones fueron más abundantes previo al PC, se observó mayor desarrollo vegetativo y sincronía entre las floraciones masculina y femenina.

Otro factor que habría influido sobre los caracteres en estudio fue la fecha de siembra. Los ensayos del ambiente IV (sembrados a mediados de noviembre) presentaron menor duración del ciclo que en el ambiente III (sembrados a mediados de octubre). Cuando se atrasa la fecha de siembra en maíz, las mayores temperaturas a las que está expuesto el cultivo aceleran su desarrollo al acortar la duración de cada etapa (Andrade et al., 1996).

Los testigos, variedades mejoradas de polinización libre, presentaron un rango más estrecho para las variables evaluadas que las poblaciones nativas, lo que estaría indicando la existencia de mayor variabilidad en las poblaciones locales que en los materiales mejorados utilizados como testigos en las presentes evaluaciones.

Los valores medios observados en los testigos para las variables evaluadas a través de los distintos ambientes son similares, lo que indicaría que éstos presentan un comportamiento más estable en los ambientes en que se llevaron a cabo las evaluaciones que el encontrado para las poblaciones locales.

Al evaluar poblaciones de polinización abierta con elevada variabilidad genética intrapoblacional, la diferencia entre plantas de una misma población puede ser de gran magnitud lo que explicaría los elevados valores encontrados en el CV (Álvarez, 1995).

Para todos los ensayos evaluados, las variables que presentaron mayor CV fueron REND, ASI, PORQ y PORV (cuadro 8). En el caso de las variables ASI, PORQ y PORV, los valores de CV elevados, podrían explicarse por el bajo valor medio obtenido, el cual se encuentra muy cercano a cero (0).

Una alternativa para disminuir el CV sería aumentar el tamaño de la Unidad Experimental y el número de plantas evaluadas en cada parcela, aunque varios autores (Gouesnard et al., 1997; Taba et al., 1998; Salhuana et al., 1998; Alfaro y Segovia, 2000; Ruiz y Alvarez, 2001) utilizan el mismo tamaño de parcela y número de plantas para evaluar poblaciones de polinización libre de maíz. De aumentarse el tamaño de la Unidad Experimental se limitaría la capacidad de evaluación, ya que cuando se cuenta con un número elevado de poblaciones como en el caso del BAP, la misma llevaría demasiado tiempo al ocupar cada población mayor espacio físico. Si se deseara mantener el número de poblaciones evaluadas anualmente podrían reducirse el número de ambientes de evaluación y/o el número de variables a evaluar. Debido a la interacción PxA encontrada en los diferentes ensayos, se consideró importante estimar la misma y tener así información más representativa de los genotipos *per se* por lo que no sería conveniente reducir el número de ambientes. Para disminuir el número de variables a evaluar habría que descartar aquellas que presentan alta correlación ( $> 0,95$ ), no siendo posible para los datos obtenidos en este trabajo tal como se explicará más adelante en el apartado 5.2.5.

## **5.2. Análisis estadísticos**

### **5.2.1. Evaluación de la variabilidad entre poblaciones para los distintos caracteres y ambientes estudiados**

Las variables GDUM, GDUF y ASI fueron omitidas en el análisis porque las mismas no se ajustaron a una distribución normal con ninguna de las transformaciones aplicadas. Si bien estos caracteres presentaron variabilidad, su distribución fue similar para cada uno de los ensayos en cada ambiente de evaluación. La similitud observada en los análisis para estas variables en particular, podría ser explicada porque las poblaciones, dentro cada ensayo, fueron agrupadas por razas, provenían de zonas

relativamente cercanas entre si y presentaban estructura de planta y ciclo similar. El agrupamiento de las poblaciones por las mencionadas características se realizó para evitar la competencia de poblaciones que presentaban distinta arquitectura de planta, lo que podría haber aumentado el error experimental y los efectos del ambiente sobre cada población enmascarando el producido por efectos genéticos.

La sincronía en la floración se utiliza como parámetro de adaptación de los materiales de tal manera, que un desfase de hasta tres días se considera normal para las poblaciones locales y manifiesta una adecuada adaptación al ambiente, disminuyendo la misma en la medida que se incrementan los días de desfase (Salhuana et al., 1998). Teniendo en cuenta los datos de sincronía floral encontrados en las poblaciones locales evaluadas observamos que las mismas presentan adaptación al ambiente en que fueron llevados a cabo los ensayos de evaluación.

Los elevados valores observados para las variables PORQ y PORV podrían deberse a que las poblaciones locales son el resultado de la selección masal realizada por los agricultores. Los mismos hacían selección por caracteres agronómicos, no resultando prioritaria la resistencia de la caña (Salhuana et al., 1998).

En la actualidad pueden incorporarse genes de resistencia a insectos barrenadores de la caña como *Diatraea saccharalis* disminuyendo notablemente el porcentaje de quebrado de los materiales. Por este motivo este carácter no sería determinante al realizar la selección de algunas poblaciones, a menos que por exigencias de algunos mercados no sea posible el uso de materiales transgénicos.

La variable prolificidad mostró efectos no significativos para los ensayos 1 y 2. Esto puede deberse a que las poblaciones que integran estos ensayos pertenecen a razas con granos de textura cristalina y dentada que han sido utilizadas en un sistema de cultivo más extensivos donde se priorizó el incremento del número de plantas por unidad de superficie en detrimento del número de espigas por planta. El resto de las razas, utilizadas para el consumo humano y sembradas en microparcels genera mayor número de espigas por planta, siendo el mismo muy variable.

El resto de los caracteres evaluados muestra para casi todos los ensayos y a través de todos los ambientes, diferencias significativas o altamente significativas lo que estaría indicando la presencia de variabilidad en los mismos para las poblaciones bajo estudio.

### **5.2.2. Evaluación del efecto ambiente e interacción genotipo x ambiente para variables cuantitativas por ensayos**

Para determinar la posibilidad de análisis de cada ensayo en los dos ambientes en que cada uno fue evaluado, se tuvieron en cuenta los resultados del análisis de homogeneidad de variancias (Test de Bartlett). El test de Bartlett ratificó la hipótesis nula de que las variancias fueron homogéneas para la mayoría de las variables a través de todos los ensayos.

Mediante el ANOVA combinado, se detectaron algunas variables en las que la interacción PxA fue significativa ( $P < 0,05$ ) o altamente significativa ( $P < 0,01$ ). La presencia de interacción PxA, introduce incertidumbre en el proceso de selección ya que se reduce la forma en la cual cada ambiente diferencia entre genotipos (De la Vega et al., 2001), por lo cual llevar a cabo las evaluaciones en más de un ambiente permitiría tener una mayor eficiencia al seleccionar caracteres muy influenciados por el mismo con adaptación a una zona amplia.

Encontrar diferencias significativas ( $P < 0,05$ ) o altamente significativas ( $P < 0,01$ ) entre los genotipos a través de los ANOVA combinados o individuales, indicaría la existencia de variabilidad entre las poblaciones de maíz conservadas en el BAP. Para aquellos caracteres en que la variabilidad encontrada se encuentra determinada por una mayor componente de variancia genética, la variabilidad genética conservada sería de suma importancia para el mejoramiento del cultivo.

### **5.2.3. Estimación de los componentes de variancia por ensayo**

En la estimación de los componentes de variancia puede observarse para todos los ensayos, que para las variables DMZ, NHIL y REND el componente de variancia genético fue mayor al resto de los

componentes (Cuadros 12, 13, 14 y 15). Además dichos caracteres mostraron gran heredabilidad en sentido amplio (Cuadro 16). Los resultados obtenidos indicarían que estas características fueron poco influenciadas por el ambiente en las poblaciones estudiadas y en los distintos ambientes en los que fueron evaluados, por lo que podría hacerse selección a través de los mismos en ambientes similares, esperando una respuesta favorable. Las variables LMZ, GRHIL, PROL, PORQLOG y PORVLOG son caracteres cuya expresión está muy influenciados por el ambiente por lo que muestran menores valores de heredabilidad.

En los ensayos 1 y 2 se observaron varios caracteres en los cuales el porcentaje correspondiente a la variancia del error fue mayor a las variancias genotípicas y de la interacción  $P \times A$ . Esto podría explicarse porque ambos ensayos estuvieron constituidos en mayor proporción por poblaciones pertenecientes a la raza Cristalino Colorado, la cual sería más homogénea en cuanto a su constitución que el resto de las razas. Por dicho motivo, buena parte de la variabilidad observada puede deberse a agentes externos y no al genotipo *per se*. Además esta forma racial tiene un gran potencial por lo que al ser evaluadas en ambientes favorables puede haber “enmascarado” parte de la variabilidad con la que cuentan. Según plantean Chapman et al. (2002), en los ambientes más desfavorables para la expresión del potencial puede llegar a expresarse algún carácter diferencial de las poblaciones enmascarado en los ambientes óptimos, lo cual indicaría la presencia en las mismas de adaptaciones específicas. Por lo mencionado sería conveniente intensificar las evaluaciones con estos tipos de materiales. El resto de las razas, más divergentes entre sí, podrían mostrar la variabilidad presente en ellas con un menor número de evaluaciones, como queda demostrado al estimar los componentes de variancia en los ensayos 3 y 4 donde la componente de variancia más importante fue la genética en la mayoría de las variables.

Para las variables que presentaron elevado componente de variancia del error sería aconsejable aumentar el número de repeticiones o ambientes. A su vez, el componente de variancia de la interacción podría disminuirse realizando las evaluaciones de los genotipos en un mayor número de ambientes (Fehr, 1987).

Por lo mencionado anteriormente, sería más eficiente incrementar el número de ambientes en lugar de incrementar el número de repeticiones ya que, incrementando la cantidad de ambientes divergentes de evaluación se reducirían ambos componentes de variancia (error y de la interacción PxA) (Fehr, 1987). En la práctica esto generalmente no es posible debido a que los costos por incrementar el número de ambientes son mayores que los de incrementar el número de repeticiones.

Por otra parte, la estimación de la variancia genética poblacional está asociada al carácter cuantitativo investigado, a la población de referencia y a la circunstancia experimental en que la estimación fue efectuada. Por lo tanto, la estimación no es extrapolable a otro ensayo, ambiente o población (Mariotti, 1986) resultando muy difícil prever como se comportarán las poblaciones en estudio.

Debido a la abundante cantidad de materiales a evaluar, a que es difícil estimar a priori el comportamiento de las poblaciones y a limitaciones de manejo, se considera correcto continuar realizando las evaluaciones preliminares en el mismo número de ambientes y con el mismo número de repeticiones tal como citan los autores antes mencionados. Luego de detectados y seleccionados los grupos de interés se podría proceder a realizar nuevas evaluaciones en un mayor número de ambientes divergentes que permitan expresar el potencial y/o aquellas características diferenciales de las poblaciones.

#### **5.2.4. Evaluación, estimación y eliminación del efecto ambiente e interacción genotipo x ambiente para variables cuantitativas**

Dado que el objetivo de un Banco de Germoplasma es caracterizar a las poblaciones por su constitución genética y que es prácticamente imposible evaluar la elevada cantidad de poblaciones disponibles en una sola campaña, las mismas se agrupan por razas y características agronómicas semejantes dentro de cada ensayo. Tampoco sería correcto reunir a las poblaciones y/o ensayos a través de los años sin considerar el efecto ambiente, bloque y sus interacciones. Una forma apropiada de reunir los datos es estimar la variabilidad aportada por los efectos del ensayo, ambiente, bloque y sus interacciones, eliminarlos del valor observado para cada población a través de cada variable, y de esta

forma con los datos libres de estos efectos proceder a la agrupación de las poblaciones en cuanto a sus similitudes o diferencias (Bramardi, 2000; Reeb et al., 2007).

En las distintas evaluaciones se detectaron efectos significativos ( $P < 0,05$ ) o altamente significativos ( $P < 0,01$ ) del ensayo, ambiente, bloque y sus interacciones (Cuadro 17). Estos efectos fueron estimados y posteriormente eliminados mediante el modelo planteado por Reeb et al. (2007) obteniendo las medias para cada población de los datos ajustados con los cuales se continuaron los análisis para las variables cuantitativas.

### 5.2.5. Clasificación de las poblaciones en función de caracteres cuantitativos

La matriz de correlaciones obtenida a partir de los datos cuantitativos tuvo el mayor valor entre los GDUM y GDUF ( $r = 0,90$ ) indicando que si bien en el maíz hay desfase entre floración masculina y femenina (protandria), ambas son muy dependientes una de otra. Alfaro y Segovia (2000) encontraron una correlación  $r = 0,89$  entre estas dos variables al evaluar poblaciones nativas de maíz de Venezuela.

Valores entre 0,64 y 0,71 se observaron entre los GDUM y GDUF con las variables ALTPL y ALTMZ. Las poblaciones de ciclo largo disponen de un período de tiempo mayor para acumular biomasa, presentando mayores alturas, tanto de planta como de inserción de mazorca. Correlaciones  $r = 0,90$  y  $r = 0,78$  entre estas variables (altura y ciclo) fueron halladas por Alfaro y Segovia (2000) en Venezuela y por Brandolini y Brandolini (2001) en Italia, en la evaluación de poblaciones locales de maíz en los respectivos países.

La variable ALTPL presentó una correlación  $r = 0,83$  con la variable ALTMZ, plantas más altas presentaron mayor altura de inserción de la primer espiga, manteniéndose la relación ALTPL/ALTMZ. El mejorador busca obtener plantas con menor altura de inserción de mazorca para disminuir los porcentajes de vuelco encontrados en los materiales por lo cual esta variable adquiere una marcada importancia.

Para las variables morfológicas de mazorca, se encontró alta correlación ( $r = 0,72$ ) entre LMZ y GRHIL, mazorcas más largas tuvieron más granos por hilera; y entre DMZ y NHIL ( $r = 0,64$ ), mazorcas

de menor diámetro presentaron menor número de granos en el mismo. Este último valor es importante ya que el número de hileras de la mazorca es un dato muy utilizado en la clasificación racial. REND y P1000 presentaron un valor  $r = 0,63$ . Teniendo en cuenta los valores de correlación, se podría realizar selección por dichos caracteres, aumentando el rendimiento al seleccionar espigas con mayor número de hileras siendo este último un carácter de fácil medición.

Para explicar la variabilidad encontrada se utilizaron las Componentes Principales (CP) que presentaron un valor eigen mayor que 1. Las cinco primeras CP explicaron un 80,2% de la variabilidad total encontrada entre los genotipos.

La primer CP explicó un 31,2 % de la mencionada variabilidad y estuvo integrada principalmente por las variables relacionadas con altura, ciclo, rendimiento y diámetro de mazorca.

La segunda CP explicó un 21,9 % quedando constituida por variables morfológicas de mazorca (LMZ, AGR, GRHIL y NHIL), siendo importante también en esta segunda CP la duración del ciclo del cultivo. La duración del ciclo y el número de hileras de la mazorca se encuentran relacionados en forma negativa con la segunda CP.

La tercer CP explicó un 11,2 % de la variabilidad total y estuvo constituida principalmente por la variable PROL.

La cuarta CP explicó un 9,2 % y las variables que mas influyeron fueron GRHIL, ASI y PORQ y PORV.

La quinta CP explicó un 6,7% y la variable más importante dentro de la misma fue LGR.

Las variables que integraron la primer CP, además de explicar la máxima variabilidad entre las poblaciones son muy importantes para el mejoramiento genético ya que están relacionadas con rendimiento, arquitectura de la planta y duración del ciclo del cultivo. Alike et al. (1993), Taba et al. (1998), Alfaro y Segovia (2000), Brandolini y Brandolini (2001) y Lucchin et al. (2003) determinaron al evaluar poblaciones nativas de maíz de diferentes partes del mundo, que las variables relacionadas con

ciclo, altura de planta y de inserción de espiga y rendimiento son las que contribuyen en mayor medida a la diferenciación entre los genotipos.

Para una mejor interpretación de los resultados del Análisis de Componentes Principales (ACP), éstos se muestran en un gráfico en dos ejes de coordenadas correspondientes a las CP 1 y 2 que en conjunto explican un 53,1% de la variabilidad encontrada entre las poblaciones evaluadas (Gráfico 1).

Resultados similares encontraron Gouesnard et al., 1997 ( $r = 51\%$ ), Brandolini y Brandolini, 2001 ( $r = 52\%$ ); Lucchin et al., 2003 ( $r = 60\%$ ) al utilizar las dos primeras CP para explicar la variabilidad encontrada al evaluar poblaciones locales de maíz.

Con las dos primeras CP se diferenciaron cinco grupos:

Grupo 1: se caracterizó por incluir poblaciones que presentaban ciclo largo, altura de planta y de inserción de espiga elevada y mayor REND, explicado principalmente por el P1000 y mazorcas de gran diámetro con elevado número de hileras.

Grupo 2: estuvo constituido por poblaciones de bajo REND, elevado NHIL, mazorcas y granos pequeños y livianos, ciclo corto y baja altura de planta y de inserción de mazorca.

Grupo 3: compartió con el grupo 2 las características de ciclo, alturas de planta e inserción de espiga y rendimiento, diferenciándose de éste por las características de mazorca y grano. Las mismas fueron largas, y de reducido número de hileras con granos cortos y anchos.

Grupo 4: las poblaciones que lo integraron presentaban mazorcas largas, bajo número de hileras y altura de planta, altura de inserción de la primera espiga, rendimiento y ciclo intermedios.

Grupo 5: presentó valores intermedios para las variables que constituyeron las dos primeras CP, siendo el grupo más numeroso.

Los grupos descriptos presentaron la misma conformación a los obtenidos en el dendrograma resultante del análisis de clusters (Gráfico 2).

### **5.2.6. Clasificación de las poblaciones en función de caracteres cualitativos**

De las cuatro variables cualitativas evaluadas (Raza, Textura de grano, Color de grano y Forma de la mazorca) tres permitieron efectuar un claro agrupamiento de las poblaciones por sus respectivas Formas Raciales mediante la técnica de Análisis de Coordenadas Principales (ACooP). La variable Forma de la mazorca se descartó del análisis por no presentar variabilidad al ser cilíndrica- cónica en todos los casos.

Representando sobre dos ejes a las dos primeras Coordenadas Principales (CooP) se diferenciaron los siguientes seis grupos (Gráfico 3):

Grupo 1: integrado por poblaciones con granos de textura cristalina y colorados pertenecientes a la raza Cristalino Colorado.

Grupo 2: se encontraron poblaciones con granos de color amarillos - anaranjados y textura cristalina de las razas Cristalino Amarilla, Amarillo Ocho Hileras y Pericarpio Rojo.

Grupo 3: estuvo integrado por poblaciones con granos de textura dentada de color blanco o amarillo, de la raza Dentado Amarillo y Dentado Blanco y del grupo No clasificable.

Grupo 4: compuesto por las poblaciones locales ARZM01110, ARZM01111 y por la población sintética PoraINTA, todas de la raza Pisingallo con granos reventadores, blancos y colorados.

Grupo 5: formado por la población local ARZM01125 de la raza Calchaquí y las poblaciones de la raza Blanco Ocho Hileras. Ambas razas presentan granos cristalinos y blancos.

Grupo 6: tuvo como característica diferencial la presencia de endosperma dextrinoso en sus granos.

Los mismos grupos observados en el ACooP se obtuvieron con el análisis de cluster (Gráfico 4).

### **5.2.7. Clasificación de las poblaciones por sus caracteres cuantitativos y cualitativos en forma conjunta**

La técnica de Análisis de Procrustes Generalizado (APG), generalmente utilizada para realizar el análisis conjunto de datos agro-morfológicos cuantitativos y moleculares (Defacio et al., 2006; Lopes et

al., 2006; Defacio et al. 2007) puede utilizarse también para analizar datos agro-morfológicos cuantitativos y cualitativos (Bramardi et al., 2005).

Aplicando este análisis a las poblaciones locales originarias de la Provincia de Buenos Aires (Gráfico 5) se obtuvieron cinco grupos.

Grupo 1: constituido por poblaciones pertenecientes a la raza Dentado Blanco que se caracterizaron por presentar ciclo largo, elevada altura de planta y diámetro de espiga, y granos angostos y largos. Además, este grupo estuvo integrado por las poblaciones ARZM01130 y ARZM01060 que, perteneciendo al grupo No Clasificable y a la raza Dentado Amarillo respectivamente, presentaron características similares a las poblaciones locales de la raza Dentado Blanco al evaluarlas con ambos tipos de variables en forma conjunta.

Grupo 2: formado por las poblaciones de las razas Dulce, Pisingallo, Calchaquí y la población ARZM01142 de la raza Dentado Blanco. Estas razas tienen como características en común la presencia de granos chicos y estructura de planta pequeña.

Grupo 3: integrado por cuatro poblaciones de la raza Blanco Ocho Hileras que se caracteriza por presentar estructura de planta pequeña, ciclo corto y granos anchos y cortos de color blanco.

Grupo 4: presentó características similares al grupo 3 diferenciándose por la coloración amarilla del grano y por el mayor rendimiento que se obtiene con las poblaciones que lo integran.

Grupo 5: fue el que presentó mayor cantidad de poblaciones, las que comparten las características de poseer textura de grano cristalina y estructura de planta y ciclo intermedios. Las dos razas principales que lo componen son Cristalino Colorado y Cristalino Amarillo. Las poblaciones sintéticas BS13p y PoraINTA, de las razas Dentado Amarillo y Pisingallo respectivamente, se agruparon con las poblaciones de textura de grano cristalina. Este hecho se debe a que ambas poblaciones (sintéticas mejoradas) presentaron características diferentes al resto de las poblaciones de sus correspondientes razas al evaluarlas con ambos tipos de datos.

El dendrograma obtenido a partir de la matriz de distancia de los valores consenso (Gráfico 6) ayuda a visualizar los grupos formados y descriptos para el APG.

La única población nativa de la raza Dentado Amarilla (ARZM01060) se unió a BS13p (Población sintética dentada) en el ACooP y a las poblaciones de la raza Cristalino Colorado en el ACP, ubicándose en el APG separadas de ambos grupos y unido a las poblaciones de la raza Dentado Blanco presentando características más similares a estas últimas que a las dos primeras al analizarla con ambos tipos de variables.

ARZM01125, única población local perteneciente a la raza Calchaquí, se ubicó junto a las poblaciones de la raza Blanco Ocho Hileras por sus características cualitativas, agrupándose con las razas Dulce y Pisingallo por sus variables cuantitativas. Este último agrupamiento se respetó en el APG.

Las poblaciones de las razas Blanco Ocho Hileras y Amarillo Ocho Hileras presentan características agro-morfológicas cuantitativas y cualitativas similares diferenciándose por el color del grano y rendimiento. La primer variable las agrupó en forma diferencial cuando fueron evaluadas por sus caracteres cualitativos en el ACooP y la segunda lo hizo al analizar las variables cuantitativas en el ACP. Ambas razas se mantuvieron separadas en el consenso realizado con los dos tipos de variables en forma conjunta.

Las poblaciones de la raza Dulce forman un grupo separado si lo analizamos mediante las variables cualitativas y se encuentran junto a las poblaciones de la raza Pisingallo y Blanco Ocho Hileras al realizar los análisis a través de las variables cuantitativas y en el consenso. Esto puede deberse a que si bien presentan una textura de grano diferente, son similares a las otras dos razas mencionadas en cuanto a las variables altura de planta y de inserción de espiga y al rendimiento.

Al observar las desviaciones de los valores que representa cada una de los tipos de variables con respecto al consenso, se encontró que algunas poblaciones (ARZM01077 y ARZM 01142) presentaban una gran dispersión entre los dos tipos de variables. En otras en cambio (AZM01071), las variables

cuantitativas y cualitativas las ubicó en el plano en forma similar, lo que indicaría una alta concordancia entre ambos tipos de caracterización al describir esas poblaciones.

El uso de técnicas para realizar el análisis conjunto de distintos tipos de datos, permite observar en forma más detallada la relación entre las poblaciones, visualizándose grupos más homogéneos y mayor heterogeneidad entre los mismos. También permiten detectar casos "especiales", en los cuales las poblaciones pueden agruparse de cierta forma por sus caracteres cualitativos y presentar características morfológicas y agronómicas diferentes a otras poblaciones de su misma raza.

Ferrer (1987), Gutiérrez et al. (2003) y Ortiz et al. (2008), plantean en sus estudios sobre comparación de la clasificación numérica con la racial, que la clasificación racial (basada en caracteres cualitativos, de fácil medición) es una forma más rápida de caracterizar las numerosas poblaciones conservadas en los Bancos de Germoplasma ya que la misma concuerda en gran medida con la clasificación por variables cuantitativas. A una conclusión similar se arribó al evaluar las poblaciones locales nativas de la Provincia de Buenos Aires. La clasificación racial que se ha utilizado hasta el momento, y que es la más ampliamente usada en los Bancos de Germoplasma de todo el mundo, permite diferenciar las poblaciones en forma similar a la obtenida para la clasificación numérica. No obstante, este tipo de evaluaciones son de fundamental importancia ya que no sólo permite diferenciar a las poblaciones formando grupos más homogéneos (Gutiérrez et al., 2003), sino también identificar cuales caracteres son los que las diferencian y realizar una preselección en base a los mismos y no al azar, punto importante para el mejoramiento genético del cultivo.

La evaluación de las poblaciones conservadas en los Bancos de Germoplasma a través de distintos tipos de marcadores y los agrupamientos obtenidos con las distintas técnicas utilizadas, permitirán una más fácil, rápida y eficiente selección de poblaciones (screening), pudiendo continuar con evaluaciones específicas como resistencia a enfermedades, caracteres de calidad, etc.

Una vez detectados los grupos de poblaciones de interés (de menor tamaño que el original) sería conveniente ahondar en las evaluaciones aumentando el número de ambientes de evaluación, de

repeticiones y el tamaño de la unidad experimental para de esta forma disminuir el efecto de la variancia del error y aumentar el porcentaje de variancia explicado por el genotipo.

Luego de evaluada la variabilidad existen diversas alternativas a seguir para incorporar a las poblaciones locales a los programas de mejoramiento genético del cultivo. Una alternativa sería seleccionar un bajo número de poblaciones de cada grupo, teniendo representada la mayor parte de la variabilidad con un número inferior de poblaciones. Una aproximación a ésto es la selección de la Colección Núcleo realizada en base a la forma racial y características geográficas de la zona de origen de las poblaciones, sumando aquellas poblaciones que por presentar alguna utilidad particular y/o por conocimientos del investigador presente características diferenciales de interés para curadores o mejoradores (Hourquescos et al., 2005).

Otra alternativa sería seleccionar mayor número de poblaciones de un grupo con características de interés para realizar cruzamientos con material elite o formar compuestos y/o poblaciones sintéticas con las poblaciones que integran cada grupo. A partir de los cruzamientos obtenidos podrían derivarse líneas.

Salhuana et al. (1998) encontraron mayor rendimiento en cruzamientos de poblaciones locales de maíz argentinas con dos probadores (híbridos simples) originarios de Estados Unidos, pertenecientes a los dos grupos heteróticos más importantes de este último país, que al utilizar poblaciones locales del resto de América Latina. Además, observaron un patrón similar para las poblaciones locales argentinas *per se*, indicando un potencial de las mismas para mejorar el rendimiento. Los autores mencionan que el hecho de que las poblaciones locales argentinas hayan respondido exitosamente en cruzamientos con los dos patrones heteróticos más populares de Estados Unidos podría indicar la existencia de un tercer grupo heterótico.

Al evaluar la respuesta en cruzamientos de 79 poblaciones locales argentinas, Eyhéride y González (1997) determinaron dos grupos según su comportamiento con dos probadores heteróticos de Estados Unidos y dos probadores *Flint* argentinos. Los autores propusieron formar un compuesto con

líneas derivadas de cada grupo pudiendo luego realizar selección y explotar la heterosis a partir de las mismas.

Hourquescos (2000) encontró un comportamiento diferencial entre cuatro poblaciones *flint* con cuatro probadores divergentes, planteando el uso de un nuevo patrón heterótico *flint x flint* alternativo al *flint x dent* comúnmente utilizado.

El uso de una u otra opción dependerá de los objetivos que se persigan y de la etapa en la cual se encuentre la investigación.

### **5.3. Relación entre las clasificaciones en función de caracteres cuantitativos y cualitativos y distancias geográficas**

De la comparación de las matrices de distancia geográfica y euclídea de las poblaciones locales originarias de la Provincia de Buenos Aires se obtuvo un coeficiente de correlación  $r = 0,24$  ( $P < 0.0001$ ). Este valor indicaría que no hay relación entre las diferencias halladas entre las poblaciones para las características evaluadas y la distancia geográficas entre las mismas.

Los resultados encontrados por otros autores son muy divergentes y dependen principalmente de las condiciones en las que el cultivo ha evolucionado.

Alika et al. (1993) al evaluar 30 poblaciones locales de maíz de Nigeria determinaron que las mismas siguieron rutas comerciales tradicionales siendo ésta la forma de dispersión y diferenciación del maíz en aquel país, influenciada también por la cultura de cada una de las tribus que habitaban originalmente la zona. Gouesnard et al. (1997) aseguran que la alta correlación encontrada entre ambos tipos de distancia al evaluar las poblaciones locales francesas de maíz se debe a las variadas condiciones climáticas a las que el cultivo debe adaptarse en Francia. Por su parte, Lucchin et al. (2003) encontraron baja correlación entre las poblaciones locales italianas de maíz evaluadas y su origen, atribuyendo la misma a la poca distancia geográfica entre las poblaciones con el consiguiente flujo génico por dispersión de polen y por el intercambio de material entre los productores.

La baja relación encontrada entre las distancias geográficas y genéticas en el presente trabajo podría explicarse por las relativamente pequeñas variaciones edafo-climáticas y culturales que presenta la Provincia de Buenos Aires si son comparadas con otras regiones. Por otro lado, de los análisis realizados se destaca una fuerte asociación de las poblaciones locales con la forma racial a la que pertenecen sin que haya influido en igual medida su origen geográfico. Esto podría deberse a que la mayoría de las poblaciones originarias de la Provincia de Buenos Aires corresponden a formas raciales que han demostrado una gran adaptabilidad y productividad en diversas áreas geográficas del país por lo que han sido masivamente utilizadas en la alimentación humana y/o animal.

Probablemente se obtenga mayor correlación al evaluar poblaciones originarias de zonas más alejadas aunque Melchiorre et al. (2002), evaluando cuatro poblaciones de distintas razas originarias de la Provincia de Salta (Argentina) con grandes variaciones en su relieve, no encontraron correlación entre la distancia geográfica de origen y la distancia genética.

También podría observarse mayor correlación entre las diferencias observadas entre las poblaciones y su origen geográfico al evaluar otro tipo de variables específicas como resistencia a ciertas condiciones ambientales o plagas. Los resultados en este aspecto son contradictorios, y dependen en gran medida del tipo de enfermedad y las condiciones a las cuales se hagan referencia. Presello et al. (1996) al evaluar poblaciones locales argentinas de maíz conservadas en el BAP, encontraron una importante relación entre el origen geográfico y resistencia al Virus del Mal de Río Cuarto, no siendo así al evaluar fusariosis de la espiga (Presello et al., 2006).

## 6. Conclusiones

Las poblaciones de maíz colectadas en la Provincia de Buenos Aires y conservadas en el BAP presentan variabilidad para los caracteres agronómicos y morfológicos evaluados.

Dentro de la variabilidad encontrada, para las variables rendimiento, número de hileras de la mazorca y diámetro de la misma el componente de variancia más importante es la genotípica. Esto indicaría un buen punto de partida para realizar mejoramiento genético de las poblaciones.

Las poblaciones pueden agruparse en base a su similitud lo que facilitaría realizar una selección preliminar de las mismas para su posterior incorporación y utilización en programas de mejoramiento.

El uso de variables cuantitativas y cualitativas permite el agrupamiento de las poblaciones en forma diferente y complementaria. Por este motivo es importante utilizar una técnica de análisis con la cual se obtenga un consenso entre ellos.

Este estudio detectó grupos de poblaciones con característica de interés que presentan importante variancia genotípica, por lo cual sería conveniente continuar con una evaluación más detallada sobre las mismas.

El agrupamiento obtenido con las distancias genéticas no muestra relación importante con las distancias geográficas por lo que no puede asociarse la variabilidad encontrada entre las poblaciones con sus localizaciones de origen.

Sería conveniente, una vez seleccionados los grupos de interés, continuar con estudios más profundos de los materiales selectos, incrementando el número de repeticiones y/o ambientes de evaluación.

Se sugiere seguir este tipo de estudios para continuar el análisis de otras poblaciones pertenecientes a otras formas raciales y zonas geográficas.

## 7. ANEXOS

## 7.1. Anexo 1: Datos de pasaporte de las poblaciones evaluadas

Identificador	Localidad	Partido	Altitud	Latitud	Longitud	Forma racial
ARZM01001	Acevedo	Pergamino	70	3346	6027	C. colorado
ARZM01002	Rancagua	Pergamino	69	3402	6030	C. colorado- C. amarillo
ARZM01003	Rancagua	Pergamino	69	3402	6030	C. colorado
ARZM01004	Arroyo Dulce	Salto	75	3406	6024	C. colorado
ARZM01005	Arroyo Dulce	Salto	75	3406	6024	C. colorado
ARZM01006	Tacuari	Salto	69	3413	6019	C. colorado- C. amarillo
ARZM01007	Salto	Salto	51	3418	6015	C. colorado
ARZM01008	Salto	Salto	51	3418	6015	C. colorado
ARZM01009	Chivilcoy	Chivilcoy	55	3454	6001	C. colorado- A. 8 hileras
ARZM01010	Los Toldos	Junín	72	3435	6058	C. colorado
ARZM01011	Junín	Junín	80	3435	6058	C. Amarillo-C. Colorado
ARZM01012	Arenales	General Arenales	84	3419	6118	C. colorado- C. amarillo
ARZM01013	Rojas	Rojas	69	3412	6044	C. colorado- C. amarillo
ARZM01014	Chacabuco	Chacabuco	69	3438	6029	C. colorado
ARZM01015	Salto	Salto	51	3418	6015	C. colorado
ARZM01016	Arroyo Burgos	Bartolomé Mitre		3404	6007	C. colorado
ARZM01017	San Pedro	San Pedro	27	3342	5941	C. colorado- C. amarillo
ARZM01018	Conesa	San Nicolás	58	3336	6022	C. colorado
ARZM01019	Conesa	San Nicolás	58	3336	6022	C. colorado
ARZM01020	Conesa	San Nicolás	58	3336	6022	C. colorado
ARZM01021	Guerrico	Pergamino	63	3341	6024	C. colorado
ARZM01022	Ortiz Basualdo	Pergamino	64	3403	6039	C. colorado
ARZM01023	Ortiz Basualdo	Pergamino	64	3403	6039	C. Amarillo-A. 8 hileras
ARZM01025	Hunter	Rojas	50	3415	6032	C. colorado- C. amarillo
ARZM01026	Ferré	General Arenales	88	3408	6108	C. colorado
ARZM01027	Carabelas	Rojas	83	3403	6052	C. colorado
ARZM01028	Colón	Colón	90	3359	6106	C. colorado
ARZM01029	Pergamino	Pergamino	66	3354	6035	C. colorado
ARZM01030	Conesa	San Nicolás	58	3336	6022	C. colorado
ARZM01031	El Paraíso	Ramallo	33	3334	5959	C. colorado
ARZM01032	El Paraíso	Ramallo	33	3334	5959	C. colorado
ARZM01033	El Paraíso	Ramallo	33	3334	5959	C. colorado- C. amarillo
ARZM01034	El Paraíso	Ramallo	33	3334	5959	C. colorado
ARZM01035	San Nicolás	San Nicolás	27	3320	6013	C. colorado
ARZM01036	Conesa	San Nicolás	58	3336	6022	C. colorado
ARZM01037	Acevedo	Pergamino	70	3346	6027	C. colorado
ARZM01038	Mariano Benitez	Pergamino	70	3343	6035	C. colorado
ARZM01039	Rancagua	Pergamino	69	3402	6030	C. colorado
ARZM01040	Rancagua	Pergamino	69	3402	6030	C. colorado
ARZM01041	Arroyo Dulce	Salto	75	3406	6024	C. colorado
ARZM01042	Salto	Salto	51	3418	6015	C. colorado
ARZM01043	Coronel Isleno	Salto	63	3425	6024	C. colorado
ARZM01044	Chivilcoy	Chivilcoy	55	3454	6001	C. colorado
ARZM01045	Guerrico	Pergamino	63	3341	6024	C. colorado
ARZM01046	Tacuari	Salto	69	3413	6019	C. colorado

<b>Identificador</b>	<b>Localidad</b>	<b>Partido</b>	<b>Altitud</b>	<b>Latitud</b>	<b>Longitud</b>	<b>Forma racial</b>
ARZM01047	Capitan Sarmiento	Capitan Sarmiento	49	3411	5947	C. colorado
ARZM01048	La Violeta	Pergamino	55	3344	6011	C. colorado
ARZM01049	Pergamino	Pergamino	66	3354	6035	C. colorado
ARZM01050	Duggan	San Antonio de Areco	59	3412	5939	C. colorado
ARZM01051	Rojas	Rojas	69	3412	6044	C. colorado
ARZM01052	Tood	Bartolomé Mitre	45	3402	6010	C. colorado
ARZM01053	San Pedro	San Pedro	27	3342	5941	C. colorado
ARZM01054	Buenos Aires	Distrito Federal	20	3438	5828	C. colorado
ARZM01055	Rancagua	Pergamino	69	3402	6030	C. colorado
ARZM01056	Mariano Alfonzo	Pergamino	62	3355	6050	C. colorado- C. amarillo
ARZM01057	El Paraíso	Ramallo	33	3334	5959	C. colorado
ARZM01058	Chivilcoy	Chivilcoy	55	3454	6001	C. colorado- C. amarillo
ARZM01059	Chivilcoy	Chivilcoy	55	3454	6001	C. Amarillo-C. Colorado
ARZM01060	Chivilcoy	Chivilcoy	55	3454	6001	Dentado amarillo
ARZM01061	General Arenales	General Arenales	84	3419	6118	Amarillo ocho hileras
ARZM01062	Chacabuco	Chacabuco	69	3438	6029	Amarillo ocho hileras
ARZM01063	Chacabuco	Chacabuco	69	3438	6029	Amarillo ocho hileras
ARZM01064	Coronel Isleno	Salto	63	3425	6024	Amarillo ocho hileras
ARZM01065	Duggan	Rojas	63	3425	6024	Amarillo ocho hileras
ARZM01066	Rojas	Rojas	69	3412	6044	C. colorado
ARZM01067	Ines Indart	Rojas	63	3424	6032	C. colorado
ARZM01068	Coronel Isleno	Salto	63	3425	6024	C. colorado
ARZM01069	Colón	Colón	62	3355	6050	Amarillo ocho hileras
ARZM01070	Mariano Alfonzo	Pergamino	55	3454	6001	Amarillo ocho hileras
ARZM01071	Chivilcoy	Chivilcoy	69	3438	6029	Amarillo ocho hileras
ARZM01072	Chacabuco	Chacabuco	69	3438	6029	Amarillo ocho hileras
ARZM01073	Chacabuco	Chacabuco	69	3438	6029	C. amarillo
ARZM01074	Chivilcoy	Chivilcoy	55	3454	6001	C. Amarillo-C. Colorado
ARZM01075	Bragado	Bragado	59	3507	6030	C.Amarillo-Dent.Amarillo
ARZM01076	Baradero	Baradero	29	3349	5930	C. Amarillo-C. Colorado
ARZM01077	Pla	Alberti	55	3507	6013	C. amarillo
ARZM01078	San Pedro	San Pedro	27	3342	5941	Dentado blanco
ARZM01079	Buenos Aires	Distrito Federal	20	3438	5828	Dentado blanco
ARZM01080	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	C. colorado
ARZM01081	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	C. colorado
ARZM01082	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	C. colorado
ARZM01083	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	C. colorado
ARZM01085	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	C. colorado
ARZM01086	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	C. colorado
ARZM01087	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	C. colorado
ARZM01088	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	C. colorado
ARZM01089	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	C. colorado
ARZM01090	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	C. colorado
ARZM01091	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	C. colorado
ARZM01092	Pigüé	Saavedra	298	3741	6224	C. colorado
ARZM01093	Pigüé	Saavedra	298	3741	6224	C. colorado
ARZM01094	Coronel Suarez	Coronel Suarez	234	3728	6156	C. colorado
ARZM01095	Coronel Suarez	Coronel Suarez	234	3728	6156	C. colorado
ARZM01096	Coronel Suarez	Coronel Suarez	234	3728	6156	C. colorado
ARZM01097	Coronel Suarez	Coronel Suarez	234	3728	6156	C. colorado

<b>Identificador</b>	<b>Localidad</b>	<b>Partido</b>	<b>Altitud</b>	<b>Latitud</b>	<b>Longitud</b>	<b>Forma racial</b>
ARZM01098	Salazar	Daireaux	116	3637	6145	C. colorado
ARZM01099	Salazar	Daireaux	116	3637	6145	C. colorado
ARZM01100	Pirovano	Bolivar	114	3631	6134	Pericarpio rojo
ARZM01101	Carhue	Adolfo Alsina	112	3711	6245	C. colorado
ARZM01102	Carhue	Adolfo Alsina	112	3711	6245	C. colorado
ARZM01103	Carhue	Adolfo Alsina	112	3711	6245	C. colorado
ARZM01104	Carhue	Adolfo Alsina	112	3711	6245	C. colorado
ARZM01105	Campo San Carlos	Trenque Lauquen	96	3558	6244	C. colorado
ARZM01106	Estancia La Chita	Rivadavia	106	3529	6259	C. colorado
ARZM01107	Estancia El Naranjo	Rivadavia	106	3529	6259	C. colorado
ARZM01108	Ruta 33 Km 331	Trenque Lauquen	96	3558	6244	Amarillo ocho hileras
ARZM01109	Henderson	Hipólito Irigoyen	111	3618	6141	Amarillo ocho hileras
ARZM01110	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	Pisingallo
ARZM01111	Carhue	Adolfo Alsina	112	3711	6245	Pisingallo
ARZM01113	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	Dulce
ARZM01114	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	Dulce
ARZM01115	General Cerri	Bahía Blanca	19	3844	6216	Dulce
ARZM01117	Colonia La Merced	Villarino	43	3850	6242	Dulce
ARZM01118	Colonia La Merced	Villarino	43	3850	6242	Dulce
ARZM01120	General Cerri	Bahía Blanca	19	3844	6216	Dulce
ARZM01121	Trenque Lauquen	Trenque Lauquen	96	3558	6244	C. colorado
ARZM01122	Trenque Lauquen	Trenque Lauquen	96	3558	6244	Amarillo ocho hileras
ARZM01123	Trenque Lauquen	Trenque Lauquen	96	3558	6244	Amarillo ocho hileras
ARZM01124	Trenque Lauquen	Trenque Lauquen	96	3558	6244	C. colorado
ARZM01125	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	Calchaquí
ARZM01127	Coronel Suarez	Coronel Suarez	234	3728	6156	Blanco ocho hileras
ARZM01128	Henderson	Hipólito Irigoyen	111	3618	6141	Blanco ocho hileras
ARZM01129	Carhue	Adolfo Alsina	112	3711	6245	Blanco ocho hileras
ARZM01130	Carhue	Adolfo Alsina	112	3711	6245	No Clasificable
ARZM01131	Casbas	Guamini	109	3702	6236	Blanco ocho hileras
ARZM01132	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	Dentado blanco
ARZM01133	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	Dentado blanco
ARZM01134	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	Dentado blanco
ARZM01136	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	Dentado blanco
ARZM01137	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	Dentado blanco
ARZM01138	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	Dentado blanco
ARZM01139	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	Dentado blanco
ARZM01140	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	Dentado blanco
ARZM01141	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	Dentado blanco
ARZM01142	Carhue	Adolfo Alsina	112	3711	6245	Dentado blanco
ARZM01143	Carhue	Adolfo Alsina	112	3711	6245	Dentado blanco
ARZM01144	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	C. colorado
ARZM01146	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	AC. Amarillo anaranjado
ARZM01147	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	C. colorado
ARZM01148	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	Dentado blanco
ARZM01149	Nueva Roma	Torquinst	285	3806	6214	Dentado blanco
ARZM01150	Carhue	Adolfo Alsina	112	3711	6245	Dentado blanco
ARZM01151	Mones Cazon	Pehuajó	88	3548	6153	C. colorado
ARZM01152	Carlos Tejedor	Carlos Tejedor	96	3523	6225	C. colorado
ARZM01153	Rivadavia	Rivadavia	106	3529	6259	Blanco ocho hileras

**7.2. Anexo 2:** Poblaciones que integran cada ensayo y forma racial a la cual pertenecen las poblaciones.

Ensayo	Identificador	Forma racial
1	ARZM01001	C. colorado
1	ARZM01002	C. colorado- C. amarillo
1	ARZM01003	C. colorado
1	ARZM01005	C. colorado
1	ARZM01006	C. colorado- C. amarillo
1	ARZM01007	C. colorado
1	ARZM01008	C. colorado
1	ARZM01012	C. colorado- C. amarillo
1	ARZM01013	C. colorado- C. amarillo
1	ARZM01014	C. colorado
1	ARZM01015	C. colorado
1	ARZM01016	C. colorado
1	ARZM01017	C. colorado- C. amarillo
1	ARZM01019	C. colorado
1	ARZM01020	C. colorado
1	ARZM01021	C. colorado
1	ARZM01022	C. colorado
1	ARZM01025	C. colorado- C. amarillo
1	ARZM01026	C. colorado
1	ARZM01027	C. colorado
1	ARZM01028	C. colorado
1	ARZM01030	C. colorado
1	ARZM01031	C. colorado
1	ARZM01032	C. colorado
1	ARZM01033	C. colorado- C. amarillo
1	ARZM01034	C. colorado
1	ARZM01035	C. colorado
1	ARZM01036	C. colorado
1	ARZM01038	C. colorado
1	ARZM01039	C. colorado
1	ARZM01040	C. colorado
1	ARZM01042	C. colorado
1	ARZM01043	C. colorado
1	ARZM01044	C. colorado
1	ARZM01045	C. colorado
1	ARZM01047	C. colorado
1	ARZM01048	C. colorado
1	ARZM01049	C. colorado
1	ARZM01051	C. colorado
1	ARZM01056	C. colorado- C. amarillo
1	ARZM01057	C. colorado
1	ARZM01058	C. colorado- C. amarillo
1	ARZM01061	Amarillo ocho hileras
1	ARZM01062	Amarillo ocho hileras
1	ARZM01066	C. colorado
1	ARZM01082	C. colorado
1	ARZM01086	C. colorado

Ensayo	Identificador	Forma racial
2	ARZM01004	C. colorado
2	ARZM01009	C. colorado- A. 8 hileras
2	ARZM01010	C. colorado
2	ARZM01011	C. Amarillo-C. Colorado
2	ARZM01018	C. colorado
2	ARZM01023	C. Amarillo-A. 8 hileras
2	ARZM01029	C. colorado
2	ARZM01037	C. colorado
2	ARZM01041	C. colorado
2	ARZM01046	C. colorado
2	ARZM01050	C. colorado
2	ARZM01052	C. colorado
2	ARZM01053	C. colorado
2	ARZM01054	C. colorado
2	ARZM01055	C. colorado
2	ARZM01059	C. Amarillo-C. Colorado
2	ARZM01060	Dentado amarillo
2	ARZM01067	C. colorado
2	ARZM01068	C. colorado
2	ARZM01073	C. amarillo
2	ARZM01074	C. Amarillo-C. Colorado
2	ARZM01075	C. Amarillo-D. Amarillo
2	ARZM01076	C. Amarillo-C. Colorado
2	ARZM01077	C. amarillo
2	ARZM01080	C. colorado
2	ARZM01081	C. colorado
2	ARZM01083	C. colorado
2	ARZM01085	C. colorado
2	ARZM01088	C. colorado
2	ARZM01089	C. colorado
2	ARZM01091	C. colorado
2	ARZM01093	C. colorado
2	ARZM01097	C. colorado
2	ARZM01099	C. colorado
2	ARZM01100	Pericarpio rojo
2	ARZM01101	C. colorado
2	ARZM01103	C. colorado
2	ARZM01104	C. colorado
2	ARZM01106	C. colorado
2	ARZM01121	C. colorado
2	ARZM01125	Calchaquí
2	ARZM01130	No Clasificable
2	ARZM01144	C. colorado
2	ARZM01146	C. Amarillo anaranjado
2	ARZM01147	C. colorado

1	ARZM01087	C. colorado
1	ARZM01090	C. colorado
1	ARZM01092	C. colorado
1	ARZM01094	C. colorado
1	ARZM01095	C. colorado
1	ARZM01096	C. colorado
1	ARZM01098	C. colorado
1	ARZM01102	C. colorado
1	ARZM01105	C. colorado
1	ARZM01107	C. colorado
1	ARZM01124	C. colorado
1	ARZM01151	C. colorado
1	ARZM01152	C. colorado

Ensayo	Identificador	Forma racial
4	ARZM01110	Pisingallo
4	ARZM01111	Pisingallo
4	ARZM01113	Dulce
4	ARZM01114	Dulce
4	ARZM01115	Dulce
4	ARZM01117	Dulce
4	ARZM01118	Dulce
4	ARZM01120	Dulce

Ensayo	Identificador	Forma racial
3	ARZM01063	Amarillo ocho hileras
3	ARZM01064	Amarillo ocho hileras
3	ARZM01065	Amarillo ocho hileras
3	ARZM01069	Amarillo ocho hileras
3	ARZM01070	Amarillo ocho hileras
3	ARZM01071	Amarillo ocho hileras
3	ARZM01072	Amarillo ocho hileras
3	ARZM01078	Dentado blanco
3	ARZM01079	Dentado blanco
3	ARZM01108	Amarillo ocho hileras
3	ARZM01109	Amarillo ocho hileras
3	ARZM01122	Amarillo ocho hileras
3	ARZM01123	Amarillo ocho hileras
3	ARZM01127	Blanco ocho hileras
3	ARZM01128	Blanco ocho hileras
3	ARZM01129	Blanco ocho hileras
3	ARZM01131	Blanco ocho hileras
3	ARZM01132	Dentado blanco
3	ARZM01133	Dentado blanco
3	ARZM01134	Dentado blanco
3	ARZM01136	Dentado blanco
3	ARZM01137	Dentado blanco
3	ARZM01138	Dentado blanco
3	ARZM01139	Dentado blanco
3	ARZM01140	Dentado blanco
3	ARZM01141	Dentado blanco
3	ARZM01142	Dentado blanco
3	ARZM01143	Dentado blanco
3	ARZM01148	Dentado blanco
3	ARZM01149	Dentado blanco
3	ARZM01150	Dentado blanco
3	ARZM01153	Blanco ocho hileras

**7.3. Anexo 3:** Significancia para los supuestos del Análisis de la Variancia a través de cada ensayo y ambiente de evaluación

		AMBIENTE 1		AMBIENTE 2		Homog de Var
		Normalidad	Aditividad	Normalidad	Aditividad	
ENSAYO 1	ALTPL	NS	NS	NS	NS	NS
	ALTMZ	NS	NS	NS	NS	NS
	GDUM	**	NS	**	NS	*
	GDUF	**	**	**	NS	**
	ASI	**	*	**	NS	**
	PROL	NS	NS	NS	NS	NS
	LMZ	NS	NS	NS	NS	NS
	DMZ	NS	NS	NS	NS	NS
	NHIL	NS	*	NS	NS	NS
	GRHIL	NS	NS	NS	NS	NS
	AGR	NS	*	NS	NS	NS
	LGR	NS	NS	NS	NS	NS
	PORQLOG	NS	NS	NS	NS	*
	PORVLOG	NS	NS	*	NS	NS
	P1000	NS	NS	NS	NS	NS
	REND	NS	NS	NS	NS	NS

NS: Diferencias no significativas

\*: Diferencias significativas al 5% de probabilidad

\*\* : Diferencias significativas al 1% de probabilidad

		AMBIENTE 3		AMBIENTE 4		Homog de Var
		Normalidad	Aditividad	Normalidad	Aditividad	
ENSAYO 2	ALTPL	NS	NS	NS	NS	NS
	ALTMZ	NS	NS	NS	NS	NS
	GDUM	**	NS	*	NS	NS
	GDUF	**	NS	**	NS	NS
	ASI	**	NS	*	NS	NS
	PROL	NS	NS	NS	NS	NS
	LMZ	NS	NS	NS	NS	*
	DMZ	NS	NS	*	NS	NS
	NHIL	NS	NS	NS	NS	NS
	GRHIL	NS	NS	NS	NS	NS
	AGR	NS	NS	NS	NS	NS
	LGR	*	NS	NS	NS	NS
	PORQLOG	NS	NS	NS	NS	NS
	PORVLOG	*	NS	*	*	NS
	PESO1000	NS	NS	NS	NS	NS
	REND	NS	NS	NS	NS	NS

NS: Diferencias no significativas

\*: Diferencias significativas al 5% de probabilidad

\*\* : Diferencias significativas al 1% de probabilidad

		AMBIENTE 3		AMBIENTE 4		Homog de Var
		Normalidad	Aditividad	Normalidad	Aditividad	
ENSAYO 3	ALTPL	NS	NS	NS	NS	NS
	ALTMZ	NS	NS	*	NS	NS
	GDUM	**	NS	NS	NS	NS
	GDUF	**	NS	**	NS	NS
	ASI	**	NS	NS	NS	*
	PROL	NS	NS	NS	NS	NS
	LMZ	NS	NS	*	NS	NS
	DMZ	NS	NS	NS	NS	NS
	NHIL	NS	NS	NS	NS	NS
	GRHIL	NS	NS	NS	NS	NS
	AGR	*	NS	NS	NS	NS
	LGR	NS	NS	NS	NS	NS
	PORQLOG	NS	NS	NS	NS	NS
	PORVLOG	NS	NS	*	NS	*
	PESO1000	NS	NS	NS	NS	NS
	REND	NS	NS	NS	NS	NS

NS: Diferencias no significativas

\*: Diferencias significativas al 5% de probabilidad

\*\* : Diferencias significativas al 1% de probabilidad

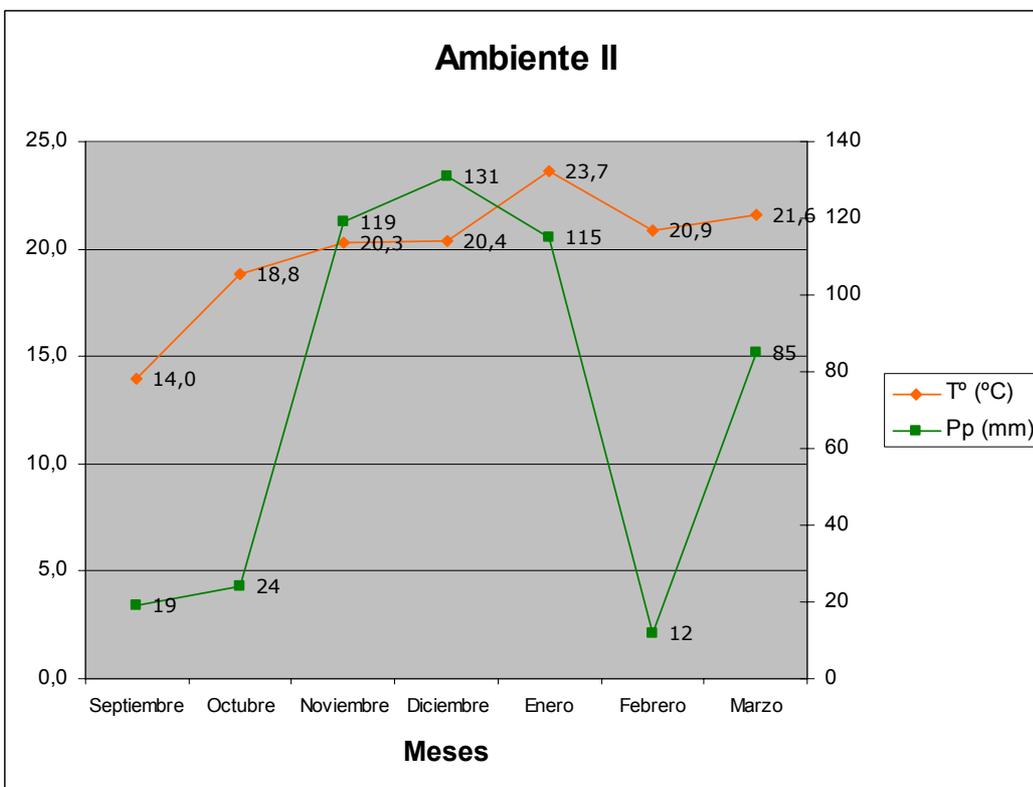
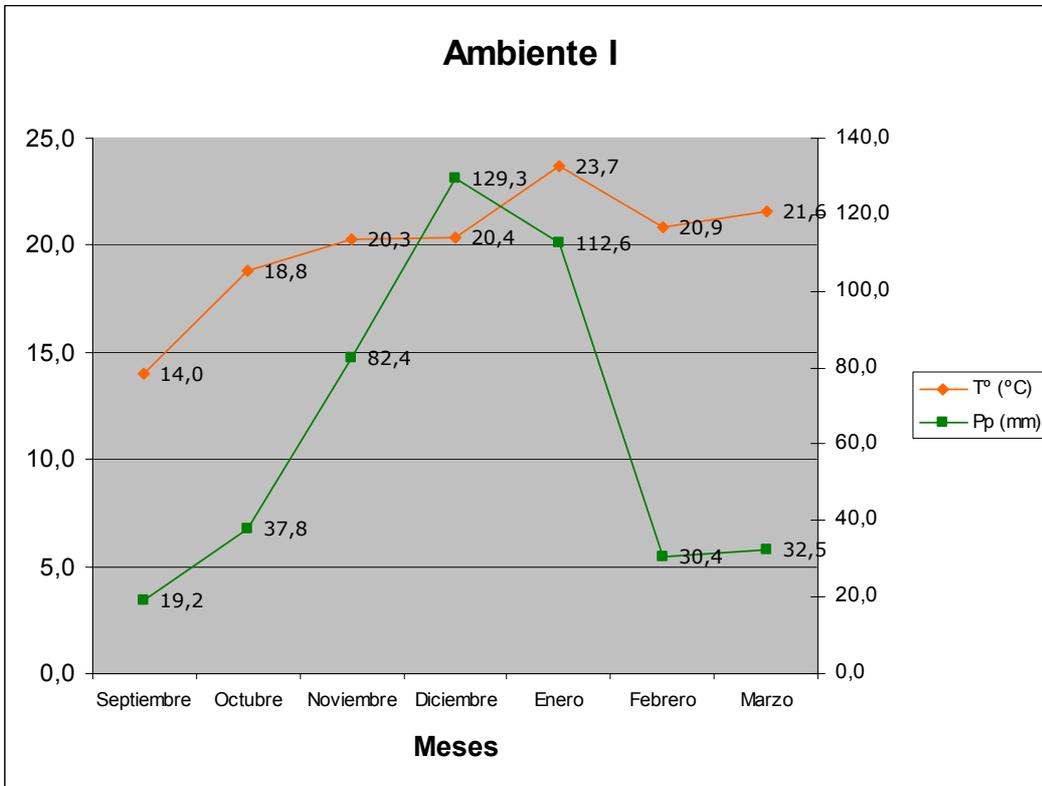
		AMBIENTE 3		AMBIENTE 4		Homog de Var
		Normalidad	Aditividad	Normalidad	Aditividad	
ENSAYO 4	ALTPL	NS	NS	NS	NS	NS
	ALTMZ	NS	NS	NS	NS	NS
	GDUM	NS	NS	**	NS	*
	GDUF	NS	NS	**	NS	NS
	ASI	NS	NS	**	NS	*
	PROL	NS	NS	NS	NS	NS
	LMZ	NS	NS	NS	NS	NS
	DMZ	*	NS	NS	NS	NS
	NHIL	NS	NS	NS	NS	NS
	GRHIL	NS	NS	NS	NS	NS
	AGR	*	NS	NS	NS	NS
	LGR	NS	*	NS	NS	NS
	PORQLOG	NS	NS	*	NS	NS
	PORVLOG	NS	NS	NS	*	NS
	PESO1000	NS	NS	NS	NS	NS
	REND	NS	*	NS	NS	NS

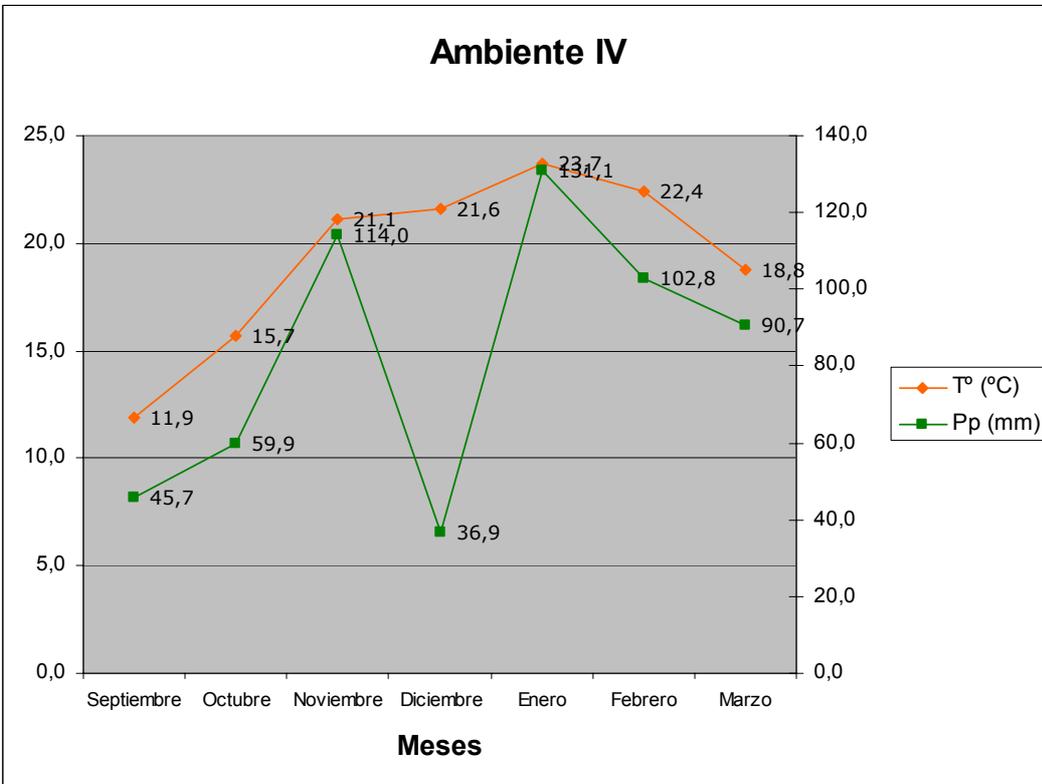
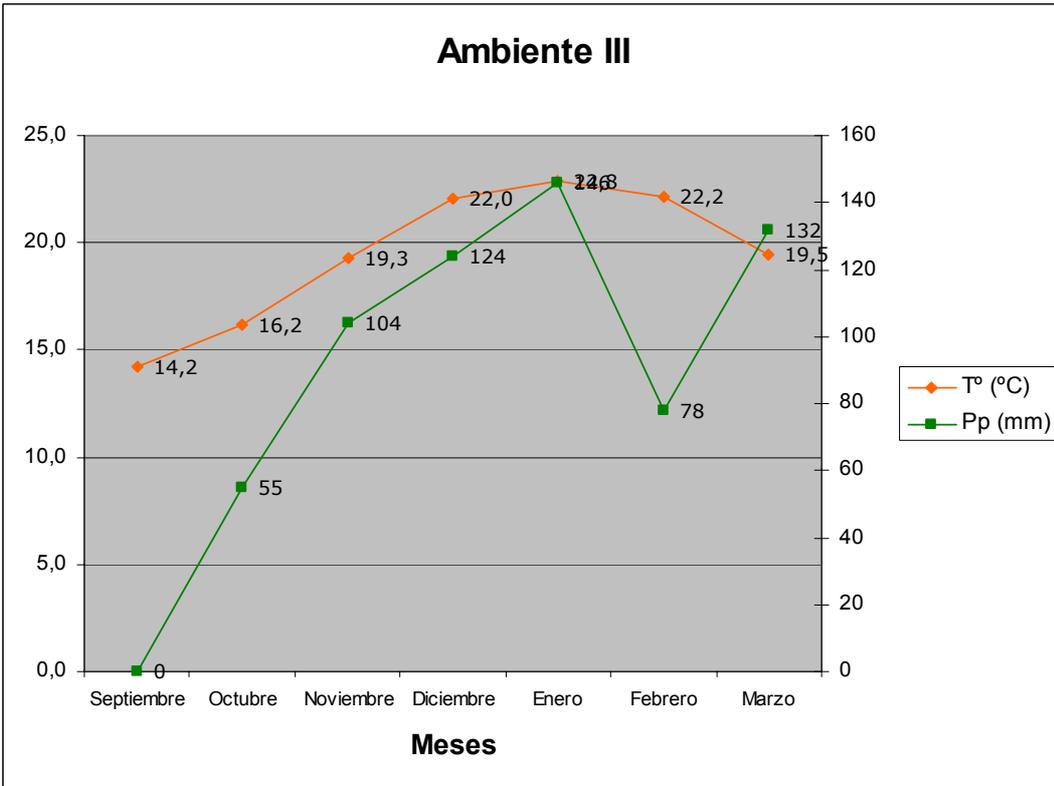
NS: Diferencias no significativas

\*: Diferencias significativas al 5% de probabilidad

\*\* : Diferencias significativas al 1% de probabilidad

**7.4. Anexo 4:** Gráfico de las precipitaciones mensuales y los promedios mensuales de las temperaturas medias diarias durante el ciclo del cultivo, para los distintos ambientes en los cuales se realizaron los ensayos.





### 7.5. Anexo 5: Cuadros y gráficos correspondientes a la sección Resultados.

**Cuadro 4:** Valores medios y rango obtenidos, sobre el total de los materiales y sobre el grupo de testigos, para cada variables y ambiente de evaluación en el ensayo 1.

ENSAYO 1								
	AMBIENTE I (Pergamino 03/04)				AMBIENTE II (Ferré 03/04)			
	Media	Rango	Media testigos	Rango testigos	Media	Rango	Media testigos	Rango testigos
LMZ	16,1	13,1-19,5	17,5	16,2-18,6	16,6	14-19,4	16,8	15,3-18
DMZ	41,6	33,4-48,7	45,9	42,8-48,7	42	34,5-48,1	46,2	43-48,1
NHIL	13,1	10-17	15,3	13,8-16,6	13,1	9,8-16,4	15	13,2-16,4
AGR	8,5	6,0-9,8	8,4	7,2-9,4	8,8	7,2-10,6	8,2	7,2-8,8
LGR	8,1	5,4-12	10,0	8,4-12	10,1	8-12	11,2	10,2-12
GRHIL	31,4	21,6-39,8	35,0	32,3-36,6	35	29,9-40	33,4	29,9-35,3
PROL	0,97	0,55-1,36	1,0	0,92-1,32	1	0,66-1,33	1,0	0,84-1,04
P1000	286,8	188-355	326,1	315-355	287,2	208-346	325,1	314,0-342
REND	5.483	1.341-9.441	7.825	6.448-9.441	6.777	2.624-10.827	8.774	7.108-10.827
ALTPL	163,7	122,5-193	169,6	153,5-182,5	144,1	118,5-167,5	146,1	133-160
ALTMZ	97,2	68,0-121,5	94,8	82,5-107	85,1	64-111,5	84,9	75-100,5
GDUM	1.038	944,7-1.100	1.051	1.018-1.071	903,2	800,7-1.018	906,9	863,5-944,7
GDUF	1.073	999,1-1.144	1.082	1.058-1.112	977,5	895,9-1.090	974,7	895,9-1.058
ASI	34,9	-16,4-112,8	31,2	26,7-40,7	74,3	15-244	67,8	31,9-112,8
PORQLOG	0,04	0-0,11	0,0	0-0,02	0,2	0,01-0,27	0,1	0,02-0,2
PORVLOG	0,05	0-0,13	0	0-0,02	0	0-0,08	0	0-0,04

**Cuadro 5:** Valores medios y rango obtenidos, sobre el total de los materiales y sobre el grupo de testigos, para cada variables y ambiente de evaluación en el ensayo 2.

ENSAYO 2								
	AMBIENTE III (Ferré 04/05)				AMBIENTE IV (Pergamino 05/06)			
Variable	Media	Rango	Media testigos	Rango testigos	Media	Rango	Media testigos	Rango testigos
LMZ	16,5	13,5-21,4	17,5	16,3-18,9	16,7	12,5-20,5	17,6	16,2-19,4
DMZ	40	30-48,3	43,7	40,5-48,3	41,4	31,6-48,4	44,8	39,5-48,4
NHIL	13,2	10-16,8	15	13,6-16,8	13,5	10,4-16,6	15,2	14,4-16,2
AGR	8,8	7,4-10,2	8,4	7,7-9,1	8,3	6,7-9,4	7,9	7,5-8,5
LGR	9,3	7,4-11,2	10,6	9,9-11,2	9,4	7,1-11,3	10,4	9,3-11,3
GRHIL	34,9	29,4-41,7	36,6	33,7-41,1	33	22,6-40,8	33,8	29,4-38,2
PROL	0,9	0,53-1,2	1	0,86-1,17	0,8	0,55-1,13	0,9	0,83-1,12
P1000	249,6	149,9-314,8	273,2	210,8-306,6	288,8	234,9-352,3	308,9	288,6-351
REND	4213,2	1.771-7.877	6.480	5.177-6.477	5.000	1.986-9.750	7.080	5.046-9.750
ALTPL	236,7	202,5-278	231,6	215-254	215,7	172-259,5	213,7	183-241
ALTMZ	129,5	102-164	123,6	108-132	100,5	64-143	92,1	75,5-105,5
GDUM	981,2	899,5-1081	985,7	950,4-1.023	1.036	899,7-1.125	1.040	993,9-1.078
GDUF	1.018	932,6-1.112	1.023	985,7-1.064	1.098	993,9-1.198	1.079	1.041-1.141
ASI	36,5	31,4-41,1	37,6	35,3-41,1	62,2	13-133	38,7	15,6-62,7
PORQLOG	0,1	0,01-0,16	0	0,01-0,07	0,1	0-0,15	0	0-0,06
PORVLOG	0	0-0,07	0	0-0,07	0	0-0,1	0	0-0,02

**Cuadro 6:** Valores medios y rango obtenidos, sobre el total de los materiales y sobre el grupo de testigos, para cada variables y ambiente de evaluación en el ensayo 3.

ENSAYO 3								
Variable	AMBIENTE III (Ferré 04/05)				AMBIENTE IV (Pergamino 05/06)			
	Media	Rango	Media testigos	Rango testigos	Media	Rango	Media testigos	Rango testigos
LMZ	16,5	13-22	17,3	16,2-18,5	15,9	13-20,7	15,9	15,1-16,9
DMZ	39,6	28,9-53,1	44,5	42,2-45,8	41,8	29-53	45,7	43,0-48,1
NHIL	12,2	8-19,6	15	14,0-16,2	12,7	8,4-20,6	15,3	14,4-16,4
AGR	9,2	6,8-10,7	8,3	7,9-8,6	8,9	7-10,4	8,4	7,6-9,6
LGR	9,8	7,5-11,8	10,5	9,9-11,3	9,9	7,8-12,1	9,6	7,8-11,1
GRHIL	35,6	25,2-43,4	37,5	35,6-40,8	33,1	22,9-47	31,9	28,6-34,8
PROL	0,9	0,47-1,47	1	0,6-1,5	0,7	0,36-1,02	0,9	0,78-1,02
P1000	263,8	150,2-334,3	282,3	247,2-311,5	312,4	230-408	316,5	293-346
REND	3.730	803,3-8.792	6.727	5.560-8.792	4.380	1.477-8.864	6.805	5.876-8.864
ALTPL	233	164-302	242,3	206,5-286,5	214,9	131-288,5	214,6	189,5-234
ALTMZ	121,7	71-186	124	107-169	104,5	57-168,5	97,4	82,5-107
GDUM	972,7	870,5-1.129	986,8	899,5-1.042	1.038	838-1.212	1.031	958,8-1.094
GDUF	1.007	899,5-1.164	1.024	932,6-1.081	1.100	945,2-1.267	1.081	1.028-1.125
ASI	34	19,5-39,2	23,9	33,1-39,2	61,2	8,9-155,9	50	30,6-83,8
PORQLOG	0,1	0-0,23	0	0,0-0,1	0,1	0-0,18	0	0,01-0,07
PORVLOG	0	0-0,1	0	0,0-0,04	0	0-0,07	0	0-0,03

**Cuadro 7:** Valores medios y rango obtenidos, sobre el total de los materiales y sobre el grupo de testigos, para cada variables y ambiente de evaluación en el ensayo 4.

ENSAYO 4								
Variable	AMBIENTE III (Ferré 04/05)				AMBIENTE IV (Pergamino 05/06)			
	Media	Rango	Media testigos	Rango testigos	Media	Rango	Media testigos	Rango testigos
LMZ	14,2	9,2-18,1	16,6	15,3-18,1	14,3	9,4-19,2	17,4	15,3-19,2
DMZ	41,2	30-49,1	45,7	42,4-49,1	38,8	28-47,2	44,1	40,6-47,2
NHIL	14,8	12,4-16,4	15,1	14,0-16,4	14,2	11,2-16,4	14,7	14-15,6
AGR	7,3	4,8-9	8,2	7,7-8,4	7,4	5,1-9,2	8,3	7,5-9,2
LGR	8,9	5,6-11,9	10,3	9,2-11,9	9,3	6,6-11,4	10,4	9,6-11,4
GRHIL	24,1	12,8-30,1	27,3	24,6-29,2	33	20,8-39,6	34,2	32,8-39,6
PROL	0,9	0,35-1,25	1,1	0,94-1,22	0,7	0,41-1,25	2	0,69-1,25
P1000	223,6	114-370	334,7	303-370	186,6	86,3-302	290,9	264,4-302,0
REND	3.336	616,4-9.127	6.836	5.021-9.127	2.795	378,1-7.812	6.301	3.542-7.812
ALTPL	170,1	117,7-212,6	191,8	151,3-212,6	196,9	149,5-248	222,6	203,5-248
ALTMZ	61,5	39,6-94,2	77,7	68,7-94,2	91,2	57,5-130	104,6	89-130
GDUM	994,5	899,7-1.125	1.043	993,9-1.125	960	884,2-1.003	942,8	884,2-969,3
GDUF	1.064	993,9-1.177	1.076	1.005-1.177	995	915,4-1.042	976,7	915,4-1.003
ASI	69,3	11,15-160,8	33,4	11,1-52,6	35	31,2-39,2	33,8	31,2-35,3
PORQLOG	0,1	0-0,19	0	0-0,06	0,1	0-0,18	0	0-0,04
PORVLOG	0	0-0,07	0	0-0,01	0	0-0,07	0	0-0,02

**Cuadro 8:** Valores medios y Coeficiente de Variación para cada variable, en cada ensayo y ambiente de evaluación.

Variables	ENSAYO 1				ENSAYO 2				ENSAYO 3				ENSAYO 4			
	AMB I (Perg 03/04)		AMB II (Ferré 03/04)		AMB III (Ferré 04/05)		AMB IV (Perg 05/06)		AMB III (Ferré 04/05)		AMB IV (Perg 05/06)		AMB III (Ferré 04/05)		AMB IV (Perg 05/06)	
	Media	CV	Media	CV	Media	CV	Media	CV	Media	CV	Media	CV	Media	CV	Media	CV
LMZ	16,1	7,5	16,6	6,24	16,5	8,22	16,7	8,29	16,5	10,25	15,9	10,1	14,2	15,16	14,3	17,95
DMZ	41,6	5,87	42	5,93	40	6,89	41,4	6,77	39,6	17,65	41,8	16,48	41,2	12,75	38,8	13,52
NHIL	13,1	11,09	13,1	10,01	13,2	10,33	13,5	9,93	12,2	26,7	12,7	25,76	14,8	7,05	14,2	8,57
AGR	8,5	8,22	8,8	7,61	8,8	6,61	8,3	6,19	9,2	9,42	8,9	9,19	7,3	16,14	7,4	16,02
LGR	8,1	12,22	10,1	8,15	9,3	7,73	9,4	6,86	9,8	12,47	9,9	12,22	8,9	15,39	9,3	12,18
GRHIL	31,4	11,03	35	6,81	34,9	7,52	33	9,46	35,6	9,43	33,1	11,98	24,1	16,94	33	14,1
PROL	0,97	14,17	1	5,2	0,9	18,74	0,8	15,49	0,9	25,75	0,7	23,73	0,9	28,27	0,7	34,51
P1000	286,8	10,53	287,2	12,28	249,6	10,91	288,8	8,96	263,8	13,68	312,4	12,72	223,6	34,5	186,6	37,97
REND	5.483	25,84	6.777	19,38	4213,2	30,78	5.000	28,75	3.730	45,53	4.380	36,05	3.336	72,39	2.795	89,71
ALTPL	163,7	7,94	144,1	6,88	236,7	7,35	215,7	9,97	233	13,45	214,9	18,17	170,1	15,78	196,9	12,42
ALTMZ	97,2	11,16	85,1	11,77	129,5	11,11	100,5	16,36	121,7	23,99	104,5	29,01	61,5	23,82	91,2	20,45
GDUM	1.038	3,06	903,2	3,57	981,2	3,55	1.036	4,5	972,7	7,7	1.038	9,64	994,5	5,56	960	3,53
GDUF	1.073	2,41	977,5	4,62	1.018	3,56	1.098	3,91	1.007	7,47	1.100	8,02	1.064	3,65	995	3,57
ASI	34,9	43,63	74,3	38,51	36,5	6,33	62,2	40,98	34	9,87	61,2	43,48	69,3	56,86	35	6,12
PORQLOG	0,04	58,95	0,2	34,63	0,1	40,71	0,1	53,2	0,1	59,1	0,1	48,62	0,1	76,7	0,1	71,2
PORVLOG	0,05	60,76	0	85,67	0	51,61	0	83	0	58,06	0	66,81	0	97,3	0	75

**Cuadro 9:** Análisis de la Variancia individual para evaluar la significancia de los genotipos, a través de cada variable, ensayo y ambiente.

Variables	ENSAYO 1		ENSAYO 2		ENSAYO 3		ENSAYO 4	
	AMB. I	AMB. II	AMB. III	AMB. IV	AMB. III	AMB. IV	AMB. III	AMB. IV
LMZ	**	**	**	**	**	**	**	**
DMZ	**	**	**	**	**	**	**	**
NHIL	**	**	**	**	**	**	*	**
AGR	**	**	**	**	**	**	**	**
LGR	**	NS	**	**	**	**	**	**
GRHIL	NS	**	**	**	**	**	NS	**
PROL	NS	*	NS	NS	**	**	*	**
P1000	**	**	**	**	**	**	**	**
REND	**	**	**	**	**	**	**	**
ALTPL	**	NS	**	**	**	**	**	**
ALTMZ	**	NS	**	**	**	**	**	**
PORQLOG	NS	NS	**	**	**	**	*	**
PORVLOG	**	NS	NS	**	NS	**	NS	*

NS: Diferencias no significativas

\*: Diferencias significativas al 5% de probabilidad

\*\* : Diferencias significativas al 1% de probabilidad

**Cuadro 10:** Análisis de la Variancia combinados para evaluar el efecto de la interacción genotipo x ambiente para cada variable a través de cada ensayo.

Variables	ENSAYO 1	ENSAYO 2	ENSAYO 3	ENSAYO 4
	p > F	p > F	p > F	p > F
LMZ	NS	*	NS	**
DMZ	NS	NS	**	NS
NHIL	NS	*	**	NS
AGR	NS	NS	**	NS
LGR	NS	NS	**	NS
GRHIL	NS	**	**	*
PROL	NS	NS	NS	NS
P1000	NS	NS	*	NS
REND	NS	**	**	**
ALTPL	**	NS	**	NS
ALTMZ	*	NS	NS	NS
PORQLOG	NS	*	*	NS
PORVLOG	NS	NS	NS	NS

NS: Diferencias no significativas

\*: Diferencias significativas al 5% de probabilidad

\*\* : Diferencias significativas al 1% de probabilidad

**Cuadro 11:** Análisis de la Variancia combinados para evaluar la significancia de los genotipos en los casos de interacción no significativa.

Variables	ENSAYO 1	ENSAYO 2	ENSAYO 3	ENSAYO 4
	p > F	p > F	p > F	p > F
LMZ	**	----	**	----
DMZ	**	**	----	**
NHIL	**	----	----	**
AGR	**	**	----	**
LGR	**	**	----	**
GRHIL	*	----	----	----
PROL	*	**	**	**
P1000	**	**	----	**
REND	**	----	----	----
ALTPL	----	**	----	**
ALTMZ	----	**	**	**
PORQLOG	NS	----	----	**
PORVLOG	NS	**	**	**

NS: Diferencias no significativas

\*: Diferencias significativas al 5% de probabilidad

\*\* : Diferencias significativas al 1% de probabilidad

**Cuadro 12:** Variancias genotípicas, de la interacción GxE y del error experimental y porcentaje que representa cada una respecto al total para todas las variables y ambientes en el ensayo 1.

ENSAYO 1														
	LMZ	%	DMZ	%	NHIL	%	AGR	%	LGR	%	GRHIL	%	PROL	%
$\sigma^2_A$	0,13	8,33	0,09	1,51	0	0	0,04	8,02	1,89	66,44	6,22	40,48	0,001	7,15
$\sigma^2_B$	0,26	17,12	0,11	1,80	0,02	0,83	0,04	7,13	0	0	0,54	3,54	0	0
$\sigma^2_P$	0,35	23,02	4,46	71,15	1,46	75,35	0,16	30,33	0,27	9,46	1,33	8,68	0,002	13,03
$\sigma^2_{PxA}$	0,13	8,65	0,00	0,06	0	0	0,02	3,39	0	0	0,05	0,32	0,001	4,60
$\sigma^2_e$	0,66	42,88	1,60	25,48	0,46	23,82	0,27	51,14	0,69	24,10	7,22	46,98	0,01	75,23

ENSAYO 1														
	P1000	%	REND	%	ALTPL	%	ALTMZ	%	PORQLOG	%	PORVLOG	%		%
$\sigma^2_A$	0	0	832.148	30,73	192	58,97	72,4	39,9	0,01	79,7	0,001	54,15		
$\sigma^2_B$	0	0	0	0	0	0	0	0	0,0001	0,74	0	0		
$\sigma^2_P$	548,6	66,01	1.312.164	48,46	1,84	0,56	3,77	2,08	0,0002	1,94	0,0001	2,9		
$\sigma^2_{PxA}$	6,38	0,77	0	0	33,8	10,39	18,9	10,4	0	0	0,0001	6,83		
$\sigma^2_e$	278,8	33,55	612.981	22,64	98,7	30,31	87	47,97	0,002	17,7	0,001	36,12		

**Cuadro 13:** Variancias genotípicas, de la interacción GxE y del error experimental y porcentaje que representa cada una respecto al total para todas las variables y ambientes en el ensayo 2.

ENSAYO 2														
	LMZ	%	DMZ	%	NHIL	%	AGR	%	LGR	%	GRHIL	%	PROL	%
$\sigma^2_A$	0	0,1	0,98	11,01	0,02	1	0,1	24,69	0	0	1,69	16,81	0,002	7,85
$\sigma^2_B$	0,02	1,24	0,23	2,56	0	0,03	0	0,21	0,01	1,11	0,06	0,61	0,0001	0,36
$\sigma^2_P$	0,71	37,57	5,45	61,32	1,52	81,49	0,2	49,95	0,28	59,56	2,53	25,08	0,005	21,3
$\sigma^2_{PxA}$	0,27	14,41	0,37	4,18	0,05	2,8	0,01	2,58	0	0,20	1,65	16,39	0	0
$\sigma^2_e$	0,89	46,69	1,86	20,93	0,27	14,68	0,09	22,57	0,19	39,43	4,14	41,11	0,02	73,8

ENSAYO 2														
	P1000	%	REND	%	ALTPL	%	ALTMZ	%	PORQLOG	%	PORVLOG	%		%
$\sigma^2_A$	764,18	51,36	301.625	13,61	220,08	36,2	417,96	63,46	0,0002	16,90	0,00003	0,01		
$\sigma^2_B$	25,08	1,69	48.960	2,21	3,2	0,53	0	0	0,00003	2,96	0	0		
$\sigma^2_P$	375,91	25,26	1.265.831	57,13	266,72	43,88	167,68	25,46	0,0003	25,79	0,0001	0,03		
$\sigma^2_{PxA}$	60,37	4,06	176.804	7,98	8,51	1,4	5,05	0,77	0,0002	15,61	0,32	99,87		
$\sigma^2_e$	262,47	17,64	422.363	19,06	109,37	17,99	68,29	10,37	0,0005	38,75	0,0003	0,09		

**Cuadro 14:** Variancias genotípicas, de la interacción GxE y del error experimental y porcentaje que representa cada una respecto al total para todas las variables y ambientes en el ensayo 3.

ENSAYO 3														
	LMZ	%	DMZ	%	NHIL	%	AGR	%	LGR	%	GRHIL	%	PROL	%
$\sigma^2_A$	0,14	4,92	2,42	4,7	0,1	0,94	0,02	2,72	0	0	2,98	17,66	0,02	33,88
$\sigma^2_B$	0,03	0,93	0,34	0,65	0	0,02	0	0,20	0,01	0,67	0,64	3,80	0	2,64
$\sigma^2_P$	1,24	42,68	44,44	86,41	9,56	87,91	0,48	64,48	1,09	73,22	5,41	32,02	0,01	24,26
$\sigma^2_{PxA}$	0,34	11,66	3,22	6,25	0,93	8,53	0,13	16,89	0,19	12,76	3,41	20,15	0	7,23
$\sigma^2_e$	1,15	39,81	1,02	1,98	0,28	2,60	0,12	15,71	0,21	13,84	4,46	26,38	0,02	31,99

ENSAYO 3														
	P1000	%	REND	%	ALTPL	%	ALTMZ	%	PORQLOG	%	PORVLOG	%		%
$\sigma^2_A$	1.169	44,57	189.968	6,53	154,5	10,87	143,29	13,8	0,0001	5,17	0,00004	8,32		
$\sigma^2_B$	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
$\sigma^2_P$	804,9	30,70	1.717.035	59,03	809,25	56,92	649,14	62,53	0,001	41,35	0,0001	18,19		
$\sigma^2_{PxA}$	182,1	6,94	514.999	17,71	221,26	15,56	49,57	4,77	0,0003	12,27	0	0		
$\sigma^2_e$	470,5	17,94	492.355	16,93	240,1	16,89	198,17	19,09	0,001	41,64	0,0004	73,49		

**Cuadro 15:** Variancias genotípicas, de la interacción GxE y del error experimental y porcentaje que representa cada una respecto al total para todas las variables y ambientes en el ensayo 4.

ENSAYO 4														
	LMZ	%	DMZ	%	NHIL	%	AGR	%	LGR	%	GRHIL	%	PROL	%
$\sigma^2_A$	0	0	2,87	9,05	0,19	12,65	0	0,03	0,07	4,02	38,63	31,06	0,00	11,16
$\sigma^2_B$	0	0	0,66	2,09	0	0	0,06	3,99	0	0	0	0	0	0
$\sigma^2_P$	3,46	61,13	24,97	78,66	0,83	55,66	1,17	80,36	1,3	76,7	73,69	59,25	0,05	63,05
$\sigma^2_{PxA}$	1,35	23,96	0,79	2,49	0	0	0	0	0,04	2,27	4,13	3,32	0	0
$\sigma^2_e$	1,00	17,71	2,45	7,71	0,5	33,54	0,35	23,89	0,29	17,11	8,21	6,61	0,02	31,77

ENSAYO 4														
	P1000	%	REND	%	ALTPL	%	ALTMZ	%	PORQLOG	%	PORVLOG	%		%
$\sigma^2_A$	676	10,63	104.857	1,64	352,84	34,19	437,65	60,10	0,0001	1,47	0,00003	4,64		
$\sigma^2_B$	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
$\sigma^2_P$	5.390	84,80	5.500.366	86,25	542,39	52,56	251,21	34,50	0,002	63,31	0,0003	50,75		
$\sigma^2_{PxA}$	0	0	381.306	5,98	35,01	3,39	0,84	0,12	0	0	0	0		
$\sigma^2_e$	311	4,89	403.011	6,32	105,25	10,20	38,61	5,30	0,001	37,76	0,0003	44,61		

**Cuadro 16:** Relación entre los componentes de variancia genotípicos con la variancia fenotípica para cada ensayo.

	ENSAYO 1	ENSAYO 2	ENSAYO 3	ENSAYO 4
Variable	$\sigma^2_{P/V_f}$	$\sigma^2_{P/V_f}$	$\sigma^2_{P/V_f}$	$\sigma^2_{P/V_f}$
LMZ	60,34	66,51	73,05	78,91
DMZ	91,74	89,34	95,97	96,12
NHIL	92,55	94,26	94,70	86,91
AGR	67,37	87,91	83,48	93,04
LGR	61,36	85,37	88,18	93,36
GRHIL	42,09	57,63	65,74	64,16
PROL	40,40	50,00	58,82	88,89
P1000	88,27	79,69	79,41	98,58
REND	89,54	86,71	81,86	94,97
ALTPL	4,24	89,41	82,58	92,53
ALTMZ	10,78	89,54	89,73	96,14
PORQLOG	28,57	58,54	71,43	88,89
PORVLOG	20,00	0,00	47,37	82,76

**Cuadro 17:** Análisis de la Variancia para evaluar la significancia de los genotipos

Variables	Efecto				
	Ensayo	Ambiente (Ens.)	Población (Ens.)	Amb. x Pobl. (Ens.)	Bloque (Ens. X Amb.)
LMZ	**	NS	**	**	**
DMZ	NS	**	**	**	**
NHIL	*	*	**	**	NS
AGR	NS	NS	**	NS	**
LGR	NS	**	**	NS	**
GRHIL	NS	**	**	*	**
PROL	NS	**	**	NS	**
P1000	NS	**	**	*	*
REND	*	**	**	**	*
ALTPL	**	**	**	**	*
ALTMZ	NS	**	**	*	NS
PORQ	NS	**	**	NS	*
PORV	NS	**	**	NS	NS
GDUM	NS	**	**	**	**
GDUF	NS	**	**	**	**
ASI	NS	**	NS	**	NS

NS: Diferencias no significativas

\*: Diferencias significativas al 5% de probabilidad

\*\* : Diferencias significativas al 1% de probabilidad

**Cuadro 18:** Matriz de correlaciones de Pearson para las variables cuantitativas, con la probabilidad de la relación entre ambas variables.

	LMZ	DMZ	NHIL	AGR	LGR	GRHIL	PROL	P1000	REND	ALTPL	ALTMZ	GDUM	GDUF	ASI	PORQ	PORV
LMZ	1															
DMZ	-0,05 NS	1														
NHIL	-0,23 **	<b>0,64</b> **	1													
AGR	0,34 **	0,29 **	-0,27 **	1												
LGR	-0,03 NS	0,46 **	0,1 **	-0,11 **	1											
GRHIL	<b>0,72</b> **	0,13 **	-0,27 **	0,09 *	0,13 **	1										
PROL	-0,21 **	-0,01 NS	0,14 **	0,07 NS	-0,26 **	0,18 **	1									
P1000	0,13 **	0,64 **	0,11 **	0,48 **	0,43 **	-0,07 NS	-0,01 NS	1								
REND	0,16 **	0,64 **	0,38 **	0,22 **	0,36 **	0,02 NS	0,36 **	<b>0,63</b> **	1							
ALTPL	-0,21 **	0,41 **	0,29 **	0,13 **	0,21 **	0,27 **	0,24 **	0,3 **	0,28 **	1						
ALTMZ	-0,03 NS	0,35 **	0,34 **	-0,03 NS	0,24 **	0,07 NS	0,1 **	0,23 **	0,19 **	<b>0,84</b> **	1					
GDUM	-0,07 NS	0,42 **	0,46 **	-0,01 NS	0,13 **	0,03 NS	0,17 **	0,18 **	0,18 **	<b>0,71</b> **	<b>0,71</b> **	1				
GDUF	-0,06 NS	0,35 **	0,37 **	-0,04 NS	0,16 **	0,02 NS	0,06 NS	0,15 **	0,1 **	<b>0,65</b> **	<b>0,7</b> **	<b>0,9</b> **	1			
ASI	-0,04 NS	-0,21 **	-0,25 **	-0,07 NS	0,04 NS	-0,01 NS	-0,27 **	-0,09 *	-0,19 **	-0,24 **	-0,11 **	-0,36 **	0,08 *	1		
PORQ	-0,08 *	-0,16 **	-0,27 **	0,06 NS	-0,03 NS	0,05 NS	-0,1 **	-0,18 **	-0,27 **	-0,17 **	-0,16 **	-0,07 NS	-0,01 NS	0,14 **	1	
PORV	-0,2 **	-0,0003 NS	-0,02 NS	-0,15 **	0,14 **	-0,04 NS	-0,16 **	-0,1 **	-0,19 **	-0,02 NS	0,09 *	0,11 **	0,14 **	0,05 NS	0,23 **	1

NS: Diferencias no significativas

\*: Diferencias significativas al 5% de probabilidad

\*\*: Diferencias significativas al 1% de probabilidad

**Cuadro 19:** Autovalores, porcentaje de variancia que explica cada uno y variabilidad acumulada para las variables cuantitativas.

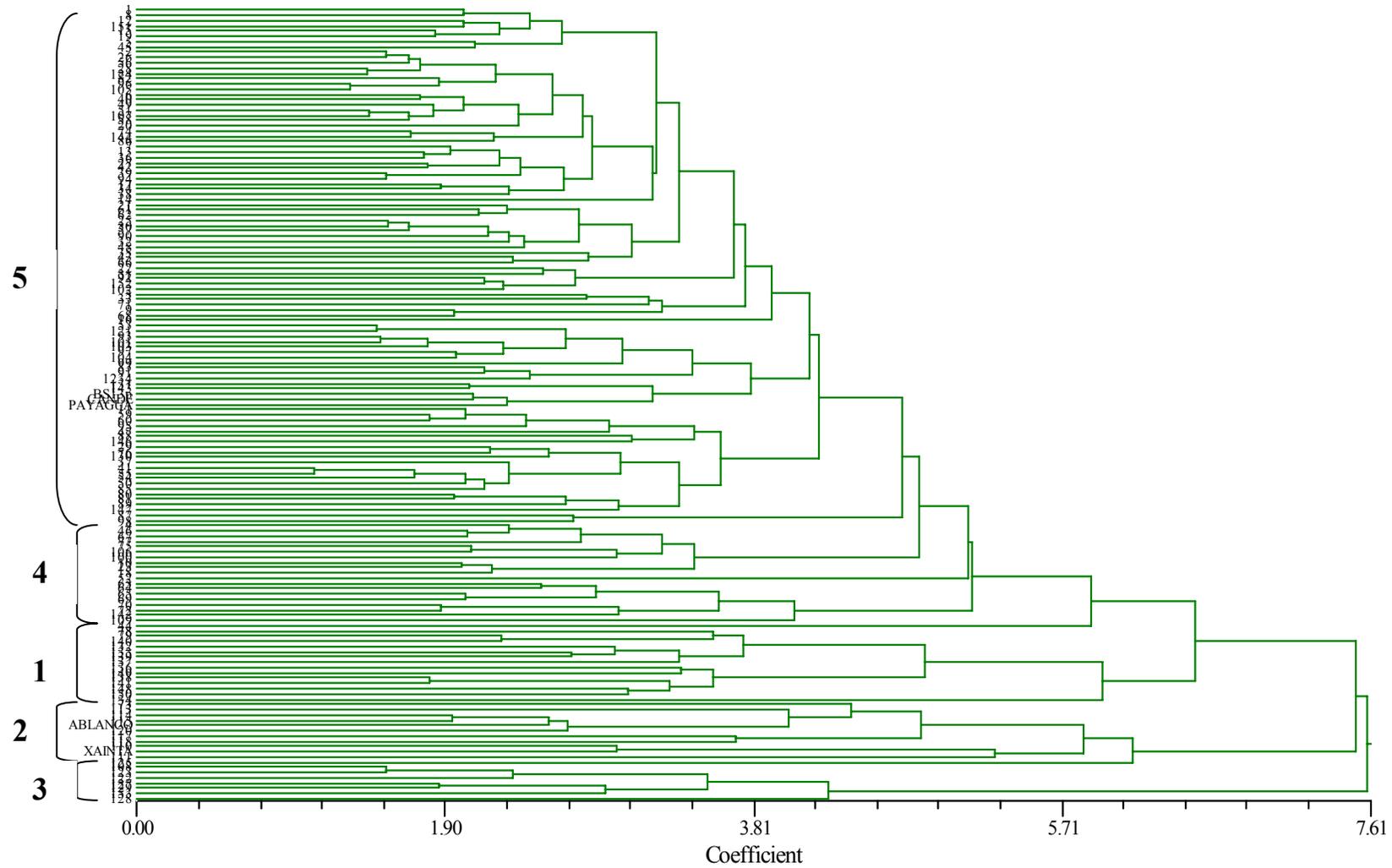
Nº	Valor Propio	Porcentaje	Acumulado
1	4,99336785	31,2085	31,2085
2	3,50776962	21,9236	53,1321
3	1,79357756	11,2099	64,3420
4	1,46523925	9,1577	73,4997
5	1,07567572	6,7230	80,2227

**Cuadro 20:** Autovectores asociados a los cinco primeros autovalores. Participación de las variables originales en la primeras 5 Componentes Principales.

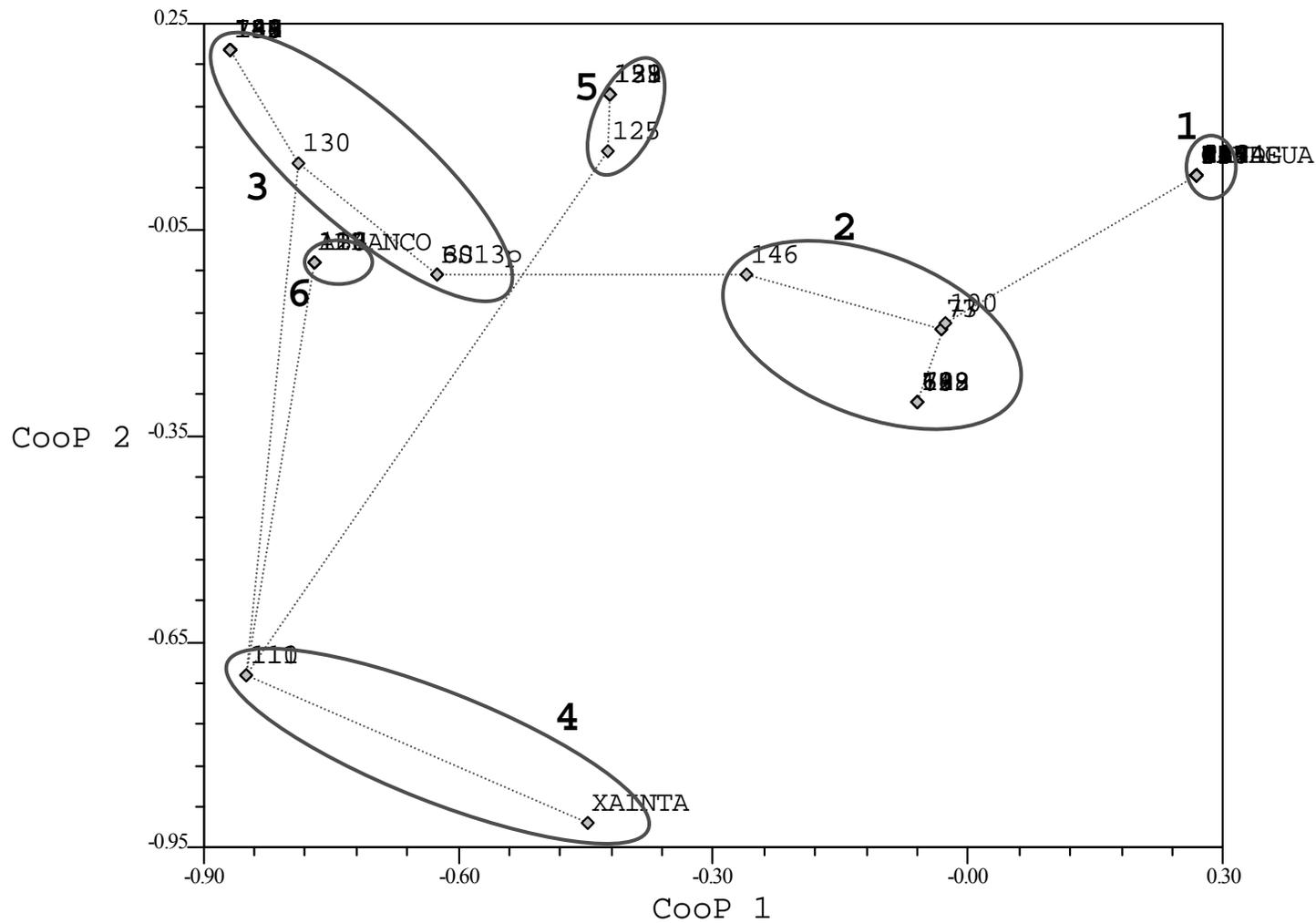
	C1	C2	C3	C4	C5
LMZ	0,2806	<b>0,8172</b>	0,0333	0,2257	0,0730
DMZ	<b>0,7770</b>	-0,2756	0,0414	-0,1233	0,3552
NHIL	0,4062	<b>-0,6606</b>	-0,4040	-0,1986	0,2302
AGR	0,2097	<b>0,7704</b>	0,2907	0,0951	-0,1578
LGR	0,5028	-0,0760	0,5520	0,0201	<b>0,5345</b>
GRHIL	0,2836	<b>0,6311</b>	0,0332	0,5587	0,1059
PROL	0,3536	0,3453	<b>-0,7321</b>	0,1103	-0,0058
P1000	<b>0,6127</b>	0,4265	0,3488	-0,3183	0,1202
REND	<b>0,6101</b>	0,3218	-0,4447	-0,2526	0,2965
ALTPL	<b>0,9040</b>	0,0524	0,0075	0,2046	-0,2392
ALTMZ	<b>0,8749</b>	-0,0911	0,1666	-0,0434	-0,2921
GDUM	<b>0,7436</b>	<b>-0,5149</b>	-0,0291	0,2622	-0,2540
GDUF	<b>0,7204</b>	<b>-0,4959</b>	0,1504	0,0415	-0,3666
ASI	-0,1938	0,1412	0,4333	<b>-0,5751</b>	-0,2212
PORQ	-0,4441	-0,2827	0,0756	<b>0,4799</b>	0,0078
PORV	-0,0823	<b>-0,5508</b>	0,3702	<b>0,4308</b>	0,2765



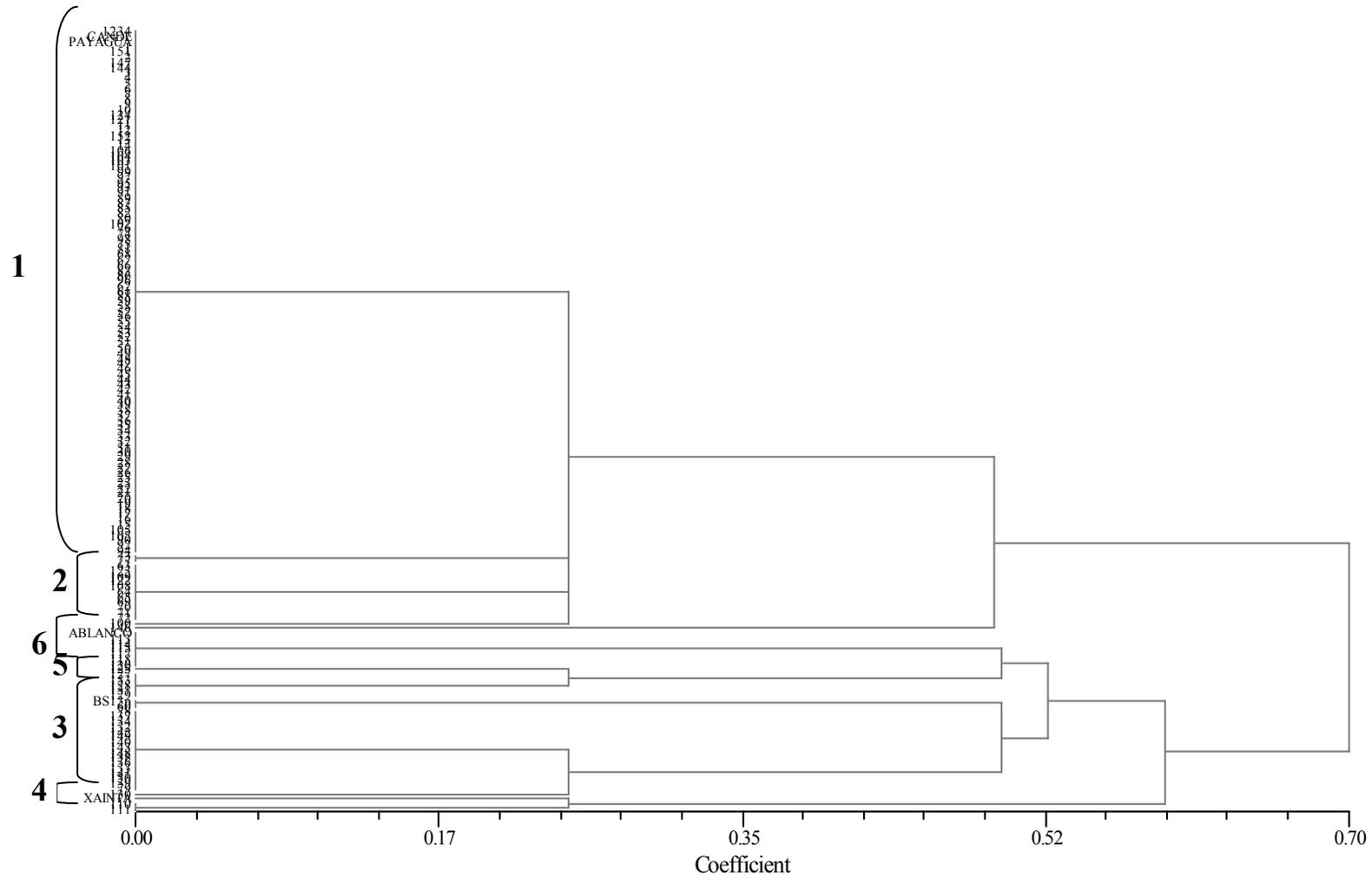
**Gráfico 2:** Análisis de Cluster para variables cuantitativas, utilizando distancia euclídea y método de encadenamiento UPGMA. Para una mejor comprensión de los gráficos los nombres de las poblaciones se reemplazaron por los últimos números que identifican a las mismas.



**Gráfico 3:** Análisis de Coordenadas Principales: representación de los individuos en el plano principal. Para una mejor comprensión de los gráficos los nombres de las poblaciones se reemplazaron por los últimos números que identifican a las mismas.



**Gráfico 4:** Análisis de Cluster para variables cualitativas utilizando el coeficiente de emparejamiento simple y el método de encadenamiento UPGMA. Para una mejor comprensión de los gráficos los nombres de las poblaciones se reemplazaron por los últimos números que identifican a las mismas.









## 7. BIBLIOGRAFÍA

Abiusso A. y Cámara Hernández J. 1974. Los maíces autóctonos de la Quebrada de Humahuaca (Jujuy, Argentina). Revista de la Facultad de Agronomía (3<sup>ra</sup> época). La Plata.

Alika J.E., Aken`Ova M.E. and Fatokun C.A. 1993. Variation among maize (*Zea mays* L.) accessions of Bendel State, Nigeria. Multivariate analysis of agronomic data. Euphytica 66:65-71.

Alfaro Y. y Segovia V., 2000. Maíces del sur de Venezuela clasificados por taxonomía numérica. I. Caracteres de la planta. Agronomía Tropical 50 (3): 413-433.

Alvarez M. P. 1995. "Diversidad Genética entre poblaciones de Polinización Abierta de Girasol". Tesis de Maestría en Mejoramiento Genético Vegetal. INTA-UNR. Argentina. 90 pp.

Andrade F., Cirilo A., Uhart S. y Otegui M. 1996. Ecofisiología del cultivo de maíz. Ed. La Barrosa. Balcarce, Buenos Aires. 292 pp.

Anderson E. and Cutler H., 1942. Races of *Zea mays*: I. Their recognition and classification. Ann. Mo. Bot. Gard. 21:69-88.

Bertoia L.M. 2001. Forage yield and quality combining ability of maize composites with different improvement level. Maydica 46:87-92.

Bramardi S. J. (2000). "Estrategias para el análisis de datos en la caracterización de recursos genéticos." Tesis doctoral, depto de estadística e investigación operativa. Universidad Politécnica de Valencia, España. 388 pp.

Bramardi S.J., Bernet G.P., Asíns M.J. and Carbonell E.A. 2005. Simultaneous Agronomic and Molecular Characterization of Genotypes via the Generalised Procrustes Analysis: An Application to Cucumber. Crop Sci. 45:1603-1609.

Brandolini A, and Brandolini A., 2001. Classification of Italian maize (*Zea mays L.*) germplasm. Plant Genetic Resource Newsletter 126: 1-11.

Cámara Hernández J. y Miente Alzogaray A.M. 2003. Caracterización y clasificación, en razas, de maíces nativos de la Provincia de Misiones, Argentina. En: IV Simposio de Recursos Genéticos para América Latina y el Caribe. 10 – 14 de noviembre. Mar del Plata, Buenos Aires (AR). p. 99.

Carta de Suelos de la República Argentina. Centro de Investigación de Recursos Naturales. INTA. Hoja 3360-32: Pergamino, Buenos Aires, INTA, 1972. 106pp.

Castillo-González F. and Goodman M.M. 1989. Agronomic Evaluation of Latin American Maize Accessions. Crop Sci. 29:853-861.

Chapman S.C., Crossa J., Edmeades G.O. 1997. Genotype by environment effects and selection for drought tolerance in tropical maize. I. Two mode pattern analysis of yield. Euphytica 95:1-9.

Chapman S.C. and De la Vega A.J. 2002. Spatial and seasonal effects confounding interpretation of sunflower yields in Argentina. Field Crops Research 73:107-120.

CIMMYT/IBPGRI. 1991. Descriptores de maíz. México-Roma. 88pp.

Crisci, J. V. y López Armengol, M. F. 1983. Introducción a la Teoría y Práctica de la Taxonomía Numérica. Monografías de la OEA. Washington DC. 132 p.

Defacio R.A., Paz N.M., Bramardi S.J., Ferrer M.E. y Schlatter A.R 2006. Relación entre datos agro-morfológicos y moleculares en 10 poblaciones locales de maíz. En: XXXII Jornadas Internacionales de Estadística. 10 – 13 de octubre. Rosario, Santa Fe (AR).

Defacio R.A., Paz N.M., Scropanich F.M., Bramardi S.J., Schlatter A.R. y Ferrer M.E. 2007. Análisis de 40 poblaciones locales de maíz (*Zea mays*) de la raza Cristalino Colorado en base a

marcadores agro-morfológicos y moleculares. En: XXXVI Congreso Argentino de Genética. 23 – 26 de septiembre. Pergamino, Buenos Aires (AR). P. 166.

De la Vega A.J., Chapman S.C., and Hall A.J. 2001. Genotype by environment interaction and indirect selection for yield sunflower I. Two-mode pattern analysis of oil and biomass yield across environments in Argentina. *Field Crop Research* 72:17-38.

De la Vega A.J., DeLacy I.H. and Chapman S.C. 2007. Changes in agronomic traits of sunflower hybrid over 20 years of breeding in central Argentina. *Field Crops Research* 100:73-81.

Dudnik N.S., Thormann I. and Hodgkin T. 2001. The extent of Use of Plant Genetic Resources in Research-A Literature Survey. *Crop Sci* 41:6-10.

Esquinas–Alcázar J. 2005. Protecting crop genetic diversity for food security: political, ethical and technical challenges. *Nature Publishing Group. Volumen 6: 946-953.*

Eyhéabide G. H., y González A. S. 1997. Interactions between testers and argentine maize landraces. *Maydica* 42:29-38.

Eyhéabide G. H. 2003. Utilización de los recursos genéticos en el mejoramiento vegetal. En: IV Simposio de Recursos Genéticos para América Latina y el Caribe. 10 – 14 de noviembre. Mar del Plata, Buenos Aires (AR). p. 18-20.

Eyhéabide G.H., Lorea R.D., Delucchi C., López C.G., Ferrer M.E., Presello D.A. y Defacio R.A. 2005. Evaluación del potencial de variedades nativas de maíz como recurso para el mejoramiento de un cruzamiento entre líneas duras coloradas. En: VIII Congreso Nacional de Maíz. 16 – 18 de noviembre. Rosario, Santa Fe (AR). P. 354-357.

Fehr W.R. 1987. Principles of cultivar development. Theory and technique. 536 pp.

Ferrer M. E. 1987. "Evaluación y agrupamiento de poblaciones de maíz de zonas altas del NOA, aplicando diferentes metodologías taxonómicas, para la formación de compuestos". Tesis de Maestría en Mejoramiento Genético Vegetal. INTA-UNR. Argentina.

Ferrer M.E., Solari L. y Hourquescos M.J. 1998. Maíz. Los Recursos fitogenéticos en Argentina. p. 27 – 29.

Ferrer M. E. 2004. Los Recursos Genéticos de Maíz. Capítulo de Libro. En prensa.

Franco J., Crossa J., Villaseñor J., Taba S. And Eberhart S. 1998. Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. *Crop Sci.* 38:1688-1696.

Fundora Mayor Z., Hernandez M., López R., Fernández L., Sanchez A., López J. Y Ravelo I. 2004. Analysis of the variability in collected peanut (*Arachis hypogaea L.*) cultivars for the establishment of core collections. *Plant Genetic Resource Newsletter* 137:9-13.

Gouesnard B., Dallard J., Panouillé A. and Boyat A. 1997. Classification of French maize populations based on morphological traits. *Agronomie* 17:491-498.

Gutiérrez L., Franco J., Crossa J. Y Abadie T., 2003. Comparing a Preliminary Racial Classification with a Numerical Classification of the Maize Landraces of Uruguay. *Crop Sci.* 43:718-727.

Hanelt P. 2001. Mansfeld's Encyclopedia of Agricultural and Horticultural Crops. (Eds) Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research. 3645 p. 191 fig. Geb. ISBN: 3-540-41017-1.

Holland J. B. And Goodman M. M., 1995. Combining Ability of Tropical Maize Accessions with U. S. Germoplasm. *Crop Sci.* 35:767-773.

Hourquescos M.J. 2000. Heterosis entre sintéticas de maíz (*Zea mays L.*) cristalinas coloradas derivadas de la recombinación de líneas clasificadas en base a cruzamientos de prueba. Tesis de Maestría en Mejoramiento Genético Vegetal. Rosario, Santa Fe (AR) UNR/INTA, 145p.

Hourquescos M.J., Eyhéabide G.H., y Ferrer M.E. 2003. Utilización de poblaciones locales en premejoramiento de maíz. En: IV Simposio de Recursos Genéticos para América Latina y el Caribe. 10 – 14 de noviembre. Mar del Plata, Buenos Aires (AR). p. 147.

Hourquescos M.J. Ferrer M.E., Suarez R., Vilaró M. y Abadie T. 2005. Desarrollo de colecciones núcleo de maíz en el cono Sur de América Latina: Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, Paraguay y Uruguay. Colección Núcleo de Argentina. Montevideo, Uruguay. Pág. 57-64.

Iltis, H.H., 2006. Origin of Polystichy in Maize. In Staller J., Tykot R., and Benz B. Histories of Maize.

Lopes C.A, Rodríguez M.E., Querol A., Bramardi S.J. and Caballero A.C. 2006. Relationship between molecular and enological features of Patagonian wine yeasts: relevans in selection protocols. World Journal of Microbiology and Biotechnology 22:827-833.

López C.G., Eyhéabide G.H., Delucchi C., Percibaldi N.M., Castellarín J., Pedrol H. Y Borrás F. 2005. Selección de poblaciones locales de maíz como fuente de alelos favorables para el mejoramiento del peso hectolítrico y la relación de molienda en un híbrido flint x dentado. En: VIII Congreso Nacional de Maíz. 16 – 18 de noviembre. Rosario, Santa Fe (AR). p. 358-363.

Lorea R.D., Delucchi C., Defacio R., Eyhéabide G.H.; Schlatter A.R.; López C.G. 2006. Correspondencia entre la caracterización de ocho poblaciones nativas de maíz a través de variables fenotípicas de mazorca y marcadores microsatélites (ssr). En: XXXII Jornadas Internacionales de Estadística. 10 – 13 de octubre. Rosario, Santa Fe (AR).

Loskutov I.G., 1993. Vavilov and his Institute. A history of the World collection of plant genetic resource in Russia. IPGR 188 pp.

Lucchin M., Barcaccia G. and Parrini P. 2003. Characterization of a flint maize (*Zea mays L. convar. Mays*) Italian landrace: I. Morpho-phenological and agronomic traits. *Genetic Resource and Crop Evolution* 50:315-327.

Luna J., Kugler W., Godoy E. y Mazzoni L. 1964. Enciclopedia Argentina de Agricultura y Jardinería, dirigida por L. Parodi. Maíz. p. 553-589.

Luna J.T. y Safont Lis J. 1978. El maíz en la Argentina. Vulnerabilidad y recursos genéticos. *Ciencia e investigación*, tomo 34, nº 3-4-5-6: 83-90.

Mangelsdorf P.C. 1974. Corn, its origin, evolution and improvement. Cambridge, MA, USA, Belknap Press, Harvard University Press.

Mariotti J.A. 1986. Fundamentos de genética biométrica. Aplicaciones al mejoramiento genético vegetal. p. 152.

Martinez, O.J., Goodman M.M. and Timothy D.H. 1983. Measuring Racial Differentiation in Maize (*Zea mays*) using Multivariate Distance Measures Standardized by Variation in F2 Population *Crop Sci.* 23: 775- 781.

Melchiorre P., Bartoloni N. and Camussi A., 2002. Assessment of genetic differences among late landraces from the Argentine northwestern collection of maize (*Zea mays ssp mays*). *J. Genet and Breed.* 56:61-67.

Ortiz R., Crossa J., Franco J., Sevilla R. and Burgueño J., 2008. Classification of Peruvian highland maize races using plant traits. *Genetic Resources and Crop Evolution* 55:151-162.

Paliwal R.L. 2001. El maíz en los trópicos. Colección FAO: Producción y protección vegetal 28. Roma.

Peakall R. and Smouse P.E. 2006 GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes.* 6,288-295.

Presello D., Ferrer M., Solari L. y Céliz A. 1996. Resistencia al virus del Mal de Río Cuarto en variedades locales argentinas de maíz. *RIA* 27:19-26.

Presello D.A., Reid L. M., Mather D.E. 2004. Resistance of Argentine Maize Germplasm to *Giberella* and *Fusarium* Ear Rots. *Maydica* 49:73-81.

Presello D.A., Iglesias J., Botta G., Reid L.M., Lori G.A. y Eyhérabide G.H. 2006. Stability of Maize Resistance to the Ear Rots Caused by *Fusarium graminearum* and *F. verticillioides* in Argentinian and Canadian Environment. *Euphytica* 147:403-407.

Reeb P.D., Bramardi S.J. y Álvarez O. 2003. Alternativas de análisis estadísticos para caracterización de poblaciones en función de grupos de variables. En: VIII Reunión Científica Grupo Argentino de Biometría. 16-18 de octubre. Mendoza (AR). P. 187-188.

Reeb P.D., Bramardi S.J. y Defacio R.A. 2007. Estimación y tratamiento del efecto ambiente y sus interacciones en la caracterización de Recursos Genéticos de un Banco de Germoplasma. En: XI Conferencia Española y I Encuentro Iberoamericano de Biometría. 20 – 22 de junio. Salamanca, España. p. 187-188.

Rohlf, F.J. 2002. NTSYSpc: Numerical Taxonomy System, ver. 2.1. Exeter Publishing, Ltd. Setauket. NY.

Ruiz de Galarreta J.I. y Álvarez A., 2001. Morphological classification of maize landraces from Northern Spain. *Genetic Resources and Crop Evolution* 48:391-400.

Safont Lis, J. 1971. Comparación de nudos cromosómicos entre las razas de maíz pampeanas y del Caribe. Informe Técnico n° 105. Problemas de Genética vinculados al Mejoramiento Animal y Vegetal. INTA EEA-Pergamino.

Salhuana W., Pollak L.M., Ferrer M.E., Paratori O. and Vivo G. 1998. Breeding Potential of Maize Accessions from Argentina, Chile, USA, and Uruguay. *Crop Sci.* 38:866-872.

SAS Institute Inc. 2001. SAS/STAT Software: Changes and enhancements through. Release 8.2. Carry, NC.

Secretaría de Agricultura, Ganadería, Pesca y Alimentación (SAGPYA).  
<http://www.sagpya.mecon.gov.ar/>

Shapiro, S.S. and Wilk, M.B., 1965. An Analysis of Variance Test for Normality  
Biometrika. 52: 591-611.

Solari L.R. y Gómez, S.G., 1997. Catálogo de Germoplasma de Maíz. Argentina. Instituto  
Agronómico per L'Oltremare. Firenze. p. 303.

Taba S., Díaz J., Franco J., and Crossa J., 1998. Evaluation of Caribbean Accessions to  
Develop a Core Subset. Crop Sci. 38:1378-1386.

Troyer, A.F., 1988. Measurement of Genetic Diversity Among Popular Commercial Corn  
Hybrid. Crop Sci. 28: 481-485.

Troyer, A.F., 2006. Adaptedness and Heterosis in Corn and Mule Hybrids. Crop Sci.  
46:528-543.

Tukey, J.W., 1949. One Degree of Freedom for Non Additivity. Biometrics 5: 232-242.

Wellhausen E.J., Roberts L. M., Hernández X. E., en colaboración con Mangelsdorf P. C.,  
1952. Races of Maize in México. Their origin, characteristics and distribution. The Bussey Inst.  
Harvard University. 223 pp.

Wolf D.P., Peternelli L.A. and Hallauer A.R. 2000. Estimates of genetic variance in an F2  
Maize Population. The American Genetic Association 91:384-391.