



# Seamaíz

XI Congreso Nacional de Maíz

GENÉTICA Y MEJORAMIENTO  
GENÉTICO VEGETAL



## **CARACTERIZACION DE LÍNEAS ENDOCRIADAS DE MAÍZ POR LONGITUD DE ETAPAS FENOLÓGICAS EN DIFERENTES AMBIENTES**

---

Solmi, A.<sup>1,3</sup>; Defacio, C.<sup>2,3</sup>; Lorea, R.<sup>2,3\*</sup> y Ferrer, M.<sup>2,3</sup>

<sup>1</sup> Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires. Calle 526 y 10, La Plata, Bs As.

<sup>2</sup> Universidad Nacional Noroeste Buenos Aires. Monteagudo 2772, Pergamino, Bs As.

<sup>3</sup> Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Ruta 32 Km 4,5, Pergamino, Bs. As.

\* lorea.roberto@inta.gob.ar

---

## **MAIZE INBREEDS CHARACTERIZATION BY PHENOLOGICAL STAGES DURATION IN DIFFERENT ENVIRONMENTS**

### **ABSTRACT**

Maize inbred lines characterization for phenological stages length in different environments. Cycle duration is one of the main factors in corn hybrids adaptation into specific environments. The amount of radiation intercepted depends on the length of the cycle and the interception dynamics of the crop. The knowledge of factors that determine crop's development is useful to make the correct selection of the hybrid and sowing date. The success of maize genetic development programs will depend on the germplasm and the improvement process used. Genetic variability determines the maximum genetic progress obtainable. For this purpose, it is important to know the characteristics of the germplasm present in order to select those which best suit with the objective of the breeding program. Maize development program of EEA INTA Pergamino has been working on characterization of germplasm available by cycle length and early sowing dates performance. In the present work, a set of 254 inbred lines was evaluated in diverse cultivation conditions. Within the evaluated germplasm was found variability for phenological stages length and early plantings performance. This variability could be used in breeding programs in order to obtaining hybrids for different cultivation conditions.

### **Palabras Clave**

Fenología maíz, Fechas de siembra, Interacción genotipo ambiente, Varianza fenotípica, Heredabilidad.

### **Key Words**

Maize phenology, Sowing date, Phenotypic variance, Heritability.

## INTRODUCCIÓN

La duración de ciclo es uno de los principales factores que definen la adaptación de los híbridos de maíz a un determinado ambiente. La cantidad de radiación solar interceptada por el cultivo depende de la duración del ciclo y de la dinámica de intercepción de dicho cultivo. Conocer los factores determinantes del desarrollo del cultivo es de gran utilidad para orientar la correcta elección del híbrido y de la fecha de siembra con el fin de maximizar la oferta ambiental. El éxito alcanzable de un programa de mejoramiento genético de maíz dependerá de la elección del germoplasma y del proceso de mejora utilizado, ya que es la variabilidad genética la que determina el máximo progreso genético obtenible.

Para tal fin, es de vital importancia conocer las características del germoplasma presente a los fines de seleccionar aquellos que mejor se adapten al objetivo del programa de mejoramiento. En el programa de mejoramiento de maíz de la EEA Pergamino de INTA se está trabajando en la caracterización de germoplasma disponible. En el presente trabajo se evalúa el comportamiento de un set de 254 líneas endocriadas de maíz de diversos orígenes con el objetivo de caracterizar la variabilidad fenológica en diversas condiciones. La posibilidad de contar con la caracterización fenotípica de las líneas permitirá el desarrollo de germoplasma adaptado a diversas condiciones de cultivo en la región maicera núcleo.

## MATERIALES Y MÉTODOS

Los ensayos se realizaron en las localidades de Pergamino y Marcos Juárez durante la campaña 2015/16. Se sembraron tres fechas de siembra en Pergamino (P1: temprana, P2: intermedia y P3: tardía) y una fecha de siembra en Marcos Juárez (MJ). En cada ensayo se utilizó un diseño en alfa-látice con dos repeticiones. La unidad experimental consistió en una parcela de dos surcos a 0,70 metros de distancia y 5 metros de longitud. Se evaluaron los períodos fenológicos de siembra - emergencia del coleoptilo (S-EC), emergencia del coleoptilo - antesis (EC-A), período de llenado de granos (R1-MF), ciclo completo a madurez (MF) y asincronía floral (ASI). Se probó la existencia de variabilidad entre las líneas caracterizadas y se obtuvieron las medias corregidas por el efecto de bloque y bloque incompleto. Utilizando las medias

corregidas se realizó un ANOVA combinado multiambiental, a partir del cual se estimaron los componentes de la variancia genética, ambiental y de la interacción genotipo ambiente. Todas las variables fueron analizadas en base a promedios de parcela, y los componentes de varianza y de heredabilidad fueron estimados como lo señalan Hallauer y Miranda (1988). Para evaluar la estabilidad de los genotipos se realizó un análisis GGE Biplots con las variables EC-A, R1-MF y ASI. El mismo permitió además definir mega-ambientes y evaluar los ambientes de acuerdo a su capacidad para discriminar entre genotipos. Los análisis estadísticos se realizaron utilizando el software Infostat y la interfase con "R" a través del procedimiento "lme" de la librería nlme (Balzarini *et al.*, 2008).

## RESULTADOS Y DISCUSIONES

El tiempo térmico a Antesis presentó los valores más bajos en el ambiente Pergamino 1. Las diferencias de tiempo térmico a floración entre los distintos ambientes se pueden

explicar por la influencia del fotoperiodo en la etapa inductiva. En la fecha de siembra tardía (P3), el cultivo experimentó fotoperiodos más largos que prolongaron el tiempo térmi-

co hasta la inducción floral del ápice. El período de llenado de granos presentó los valores más bajos en el ambiente P3, el mismo fue de aproximadamente 135 °C día menor que el registrado en los otros ambientes (Tabla 1). Este acortamiento se podría atribuir a las altas temperaturas registradas durante fines

de marzo y principios de abril. En siembras muy tardías, como las experimentadas en el ambiente P3, el período de llenado de granos se puede interrumpir provocando una disminución del tiempo térmico entre floración y madurez fisiológica.

Ensayo	Variable	n	Media	D.E.	Mín	Máx
Pergamino 1	S-EC	502	134,88	15,14	108,5	181,05
	EC-A	502	922,12	73,27	773,4	1171,1
	R1-MF	496	686,54	75,49	444,25	869,6
	MF	496	1743,05	65,15	1580,5	1915,65
	ASI	501	22,81	29,10	-117,90	140,80
Pergamino 2	S-EC	502	88,01	14,55	55,80	130,05
	EC-A	498	948,87	50,85	773,75	1192,1
	R1-MF	498	669,74	45,94	457,35	837,15
	MF	500	1706,45	26,02	1637,85	1781,2
	ASI	498	19,82	19,76	-25,85	140,45
Pergamino 3	S-EC	502	90,15	-	93,4	90,15
	EC-A	413	1115,21	53,39	943,2	1275,9
	R1-MF	398	538,65	45,1	418,7	684,3
	MF	405	1744,79	28,51	1655,5	1807,85
	ASI	413	12,20	15,31	-41,25	60,60
Marco Juárez	S-EC	502	93,4	-	93,4	93,4
	EC-A	502	935,94	65,3	729,5	1284,3
	R1-MF	484	671,11	69,47	380,55	880,7
	MF	484	1719,16	60,62	1405,1	1833,2
	ASI	502	21,45	46,04	-180,20	221,50

**Tabla 1.** Medidas de resumen por ensayo para las variables S-EC, EC-A, R1-MF, MF y ASI.

**Referencias.** S-EC: siembra - emergencia del coleoptilo, EC-A: emergencia del coleoptilo - antesis, R1-MF: período de llenado de granos, MF: ciclo completo a madurez y ASI: asincronía floral.

Los componentes genéticos de la varianza fueron altamente significativos para las variables S-EC, EC-A, R1-MF y ASI. En las variables EC-A, R1-MF y MF, la varianza atribuible a los efectos genotípicos fue alta, lo cual resultó en valores de heredabilidad en sentido amplio relativamente elevados. La variable ASI presentó valores elevados de varianza ambiental

y varianza de la interacción genotipo ambiente en relación con varianza genotípica, lo cual resultó en un menor valor de heredabilidad. La variable S-EC presentó el valor más bajo de heredabilidad debido a la alta proporción de la varianza ambiental dentro de los componentes de la varianza (Tabla 2).

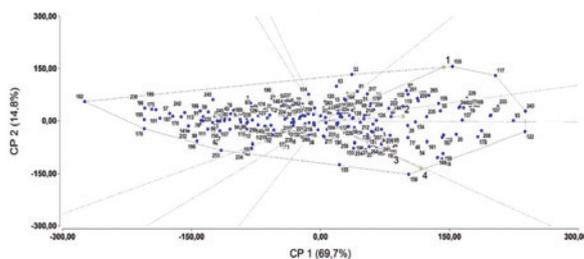
Fuente de variación	S-EC		EC-A		R1-MF		MF		ASI	
	CM	Sig.	CM	Sig.	CM	Sig.	CM	Sig.	CM	Sig.
Ambientes	551448	**	2962921	**	2896458	**	5822670	**	13350	**
Genotipos	389	**	34792	**	21444	**	16849	**	3101	**
IGA	260	**	3643	**	6576	**	4500	**	1572	**
Error	117		871		957		109		407	
$\sigma^2_F$	97		4349		2681		2106		388	
$\sigma^2_G$	32		3894		1859		1544		191	
$\sigma^2_{IGA}$	72		693		1405		1098		291	
$\sigma^2_E$	117		871		957		109		407	
H2	33,3		89,5		69,3		73,3		49,3	

**Tabla 2.** Cuadrados medios (CM) del análisis de varianza, varianzas fenotípicas ( $\delta^2F$ ), genotípicas ( $\delta^2G$ ), de la interacción genotipo por ambiente ( $\delta^2IGA$ ) y del error ( $\delta^2E$ ), y Heredabilidad ( $H^2$ ) de las variables analizadas.

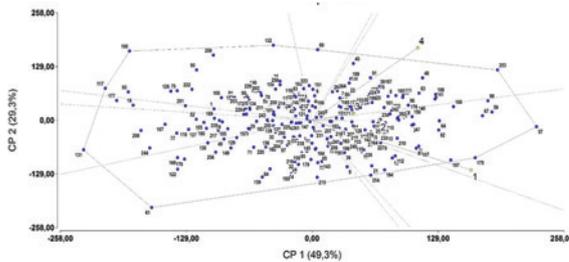
**Referencias.** Sig: Significancia, S-EC: siembra - emergencia del coleoptilo, EC-A: emergencia del coleoptilo - antesis, R1-MF: período de llenado de granos, MF: ciclo completo a madurez y ASI asincronía floral.

El análisis de la interacción genotipo ambiente GGE Biplot permitió eliminar el efecto del ambiente y focalizar en los efectos de genotipos e interacción (gráficos 1 y 2). En las variables EC-A, R1-MF y MF se encontró una alta correlación entre los valores de la CP1 y la media de los genotipos. Los genotipos con bajos valores de CP1 presentan en todos los

ambientes un tiempo térmico menor en estas etapas fenológicas que los genotipos con valores altos de CP1. En todas las variables, los ambientes más discriminantes fueron Pergamino 1 y Marcos Juárez, en los cuales la fecha de siembra fue precoz y tardía, respectivamente.



**Gráfico 1.** GGE Biplot para la variable EC-A. 1: Pergamino 1; 2: Pergamino 2; 3: Pergamino 3; 4: Marcos Juárez.



**Gráfico 2.** Gráfico 2: GGE Biplot para la variable R1-MF. 1: Pergamino 1; 2: Pergamino 2; 3: Pergamino 3; 4: Marcos Juárez.

Se pudieron identificar diferentes mega ambientes de evaluación para cada una de las variables. Los ambientes con fechas de siembra tardía (P3 y MJ) siempre se encontraron

en un mismo mega ambiente. Mientras que el ambiente con fecha de siembra precoz (P1) se encontró en todos los casos en el mega ambiente opuesto.

## CONCLUSIONES

Dentro del germoplasma evaluado se encontró variabilidad para la longitud de las diferentes etapas fenológicas. En la condición de siembras tempranas y doble cultivo, se identificaron 20 líneas que mostraron un período de emergencia precoz y buen comportamiento en condiciones de temperatura sub-óptimas. En la condición de fecha de siembra óptima, se identificaron 10 líneas con un tiempo térmico a antesis intermedio, valores bajos de asincronía floral y un ciclo completo a madurez fisiológica relativamente largo. En fecha de siembra tardía, se identificaron 20 líneas con menor tiempo térmico a antesis, valores bajos de asincronía floral y período de llenado de granos corto para disminuir el riesgo de heladas tempranas.

Los componentes genéticos de la varianza fueron altamente significativos para las variables S-EC, EC-A, R1, R1-MF, MF y ASI.

El análisis de interacción genotipo ambiente reveló que tanto el efecto del genotipo como la interacción genotipo ambiente fueron significativos. Se encontró interacción de cruce, es decir, no hubo un genotipo que presente un ciclo más corto o un valor de ASI más bajo en todos los ambientes evaluados. Si este hubiera sido el caso, un solo ambiente sería suficiente para encontrar el genotipo más precoz.

**Apoyo financiero:** INTA y Comisión Nacional de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires (CIC)

### References

Hallauer A.R. y Miranda J.B., 1988. *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. 2° Ed. Iowa State University. 89 – 204.

Balzarini M.G., Gonzalez L., Tablada M., Casanoves F, Di Rienzo J.A. y Robledo C.W., 2008. *Infostat*. Manual del Usuario, Editorial Brujas, Córdoba, Argentina.

Gabriel K.R., 1971. *Biplot display of multivariate matrices with application to principal components analysis*. *Biometrika*, 58: 453-467.

Yan W., Hunt L. A., Sheng Q. y Szlavnics Z., 2000. Cultivar evaluation and mega environment investigation based on GGE Biplot. *Crop Sci.* 40: 597-605.