



Universidad Nacional de Córdoba
Facultad de Ciencias Agropecuarias



ÁREA DE CONSOLIDACIÓN: Sistemas Agrícolas de Producción Extensivos

Adaptación y mejoramiento genético de maíces especiales con importancia regional para la zona semiárida central de la provincia de Córdoba



Autores: Bertola, Agustina del Pilar

Monsierra, Luisina

Tutor: Dr. (Ing. Agr.) Mansilla, Pablo Sebastián

Córdoba, 2021



Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons
Atribución – No Comercial – Sin Obra Derivada 4.0 Internacional.

RESUMEN

El mejoramiento genético juega un rol clave en la obtención de nuevos cultivares adaptados, siendo útil para brindar importantes recursos genéticos a los productores locales y definir estrategias para su conservación y explotación, como la producción de alimentos con propiedades diferenciales. El objetivo de este trabajo fue evaluar el desempeño agronómico de distintos tipos varietales de maíces introducidos, adaptados y en proceso de mejora genética en la zona semiárida central de la provincia de Córdoba. Los materiales utilizados en este estudio forman parte del Plan de Mejora de Maíces Especiales, FCA, UNC. Se evaluaron dos generaciones de endocria de once familias endogámicas de maíz morado (S1 en 2018/19 y S2 en 2019/20), las cuales se sembraron en un diseño en bloques completos al azar con dos repeticiones. Los materiales adaptados usados fueron tres variedades de polinización libre (VPLs) inscriptas en INASE (maíz pisingallo, cuarentin y morado) y dos poblaciones en proceso de caracterización e inscripción (opaco-2 y blanco); y los materiales exóticos consistieron en nueve poblaciones de distintos tipos varietales, introducidas de distintos orígenes. Tanto las poblaciones adaptadas como introducidas se evaluaron en el ciclo 2019/20, bajo un diseño completamente aleatorizado. Todos los materiales se sembraron en el Campo Experimental (FCA-UNC). Se realizó una caracterización fenotípica tanto de familias como de poblaciones, y se llevó a cabo una selección de las mejores plantas dentro de cada población. Los datos fueron analizados mediante un ANOVA. Se determinaron medidas de resumen y se realizó un análisis de correlación de Pearson ($p < 0,05$). Las familias endogámicas presentaron diferencias significativas entre genotipos, entre años y una interacción significativa familia x año en la mayoría de los caracteres evaluados. En la S2, se obtuvo una notable disminución en el rendimiento (Rto) (2,6 a 20,3 q ha⁻¹) con respecto a la S1 (28,9 a 71,9 q ha⁻¹) y un retraso en los días a floración (entre 14 a 24 días). Por otro lado, el Rto correlacionó fuertemente con la longitud de mazorca LM ($r = 0,83$), diámetro de mazorca DM ($r = 0,79$) y número de granos por hilera (NGH) ($r = 0,77$), sugiriendo que mazorcas más grandes derivaron en mayores rindes. Las poblaciones introducidas presentaron mayor variabilidad en todos los caracteres relevados (CV entre 7,33 % y 47,14 %) con respecto a las adaptadas (CV entre 6,11 % y 27,87 %). Además, presentaron menor Rto (5 a 21,8 q ha⁻¹) en relación a las poblaciones adaptadas (21,5 a 54 q ha⁻¹), lo que demuestra un comportamiento per se diferente entre materiales introducidos y adaptados. Este trabajo presenta valiosos avances preliminares para mejorar la eficiencia de futuros ciclos de selección y evaluación, lo que determinará la adaptación de estos materiales en la zona semiárida de Córdoba y permitirá la identificación de los mejores genotipos para continuar con la mejora genética aplicada.

ÍNDICE

RESUMEN	2
LISTA DE FIGURAS.....	4
LISTA DE TABLAS.....	4
INTRODUCCIÓN.....	5
Hipótesis	8
Objetivo.....	9
MATERIALES Y MÉTODOS.....	9
Ubicación del campo.....	9
Material genético.....	10
Metodología a campo.....	11
Ensayos	11
Evaluación y caracterización agronómica	12
Análisis estadístico	14
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	14
Evaluación de familias endogámicas de maíz morado	14
Correlaciones entre caracteres.....	20
Evaluación de poblaciones.....	21
CONCLUSIONES.....	24
BIBLIOGRAFÍA.....	25

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Localización de la producción de maíz y establecimientos industriales).....	5
Figura 2. Exportaciones mensuales de maíz.....	6
Figura 3. Ruta de acceso desde Córdoba hasta el Campo Escuela FCA-UNC.....	9
Figura 4. Ubicación de las parcelas experimentales en el Campo Escuela de la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Nacional de Córdoba.....	10
Figura 5. Semillas de poblaciones adaptadas de maíces especiales.....	11
Figura 6. Semillas de poblaciones introducidas de distintos tipos varietales de maíz.	11
Figura 7. Siembra de los ensayos campaña 2018/19.....	12
Figura 8. Siembra de los ensayos campaña 2019/20.....	12
Figura 9. Tareas de autopolinización en las familias de maíz morado.	13
Figura 10. Variabilidad de AP entre líneas.	16
Figura 11. Panojas inusuales obtenidas en algunas familias S2.....	17
Figura 12. Comparación de los rendimientos de las familias endogámicas.	19
Figura 13. Segregación para color de grano obtenido dentro de las distintas familias.	19
Figura 14. Rendimientos de las poblaciones. A: poblaciones introducidas sembradas en la primera fecha de siembra (26/12/2019). B: poblaciones adaptadas sembradas en la segunda fecha de siembra (04/01/2020).....	22

LISTA DE TABLAS

Tabla 1. Variables relevadas en plantas adultas de las familias endogámicas S1 y S2 de maíz morado.....	15
Tabla 2. Variables relevadas en mazorcas de familias endogámicas S1 y S2 de maíz morado.....	18
Tabla 3. Correlaciones entre rasgos agronómicos de familias endogámicas de maíz morado.	20
Tabla 4. Caracteres agronómicos de poblaciones adaptadas e introducidas de maíces especiales (ciclo 2019/20).	23

INTRODUCCIÓN

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los granos alimenticios más antiguos de los que se tiene conocimiento y debido a sus grandes bondades nutricionales, se ha posicionado como uno de los cereales más importantes a nivel mundial, luego del arroz y el trigo, ocupando la mayor área sembrada y cosechada del mundo. Tiene la particularidad de contar con la más amplia cantidad de países participantes. Todas estas características lo convierten al maíz en una excelente materia prima, de la cual, los productos de su transformación, la tecnología para la producción del cereal y sus derivados constituyen elementos centrales en las negociaciones entre países y bloques del mundo (MAIZAR, 2011).

En Argentina, el maíz constituye la gramínea anual estival de mayor importancia en los planteos agrícolas. Durante la campaña 2020/2021, se sembraron 7,1 millones de hectáreas, con un rendimiento estimado de 75,5 q ha⁻¹, alcanzando una producción total de 46 millones de toneladas (Bolsa de Comercio de Rosario, 2021). Alrededor del 80% de la producción se concentra en el norte de la provincia de Buenos Aires, sudeste de Córdoba y sur de Santa Fe, zona conocida tradicionalmente como “Zona Núcleo Maicera” (Fig. 1). La provincia de Córdoba concentra el 32,7% de la producción nacional, y en 2018, ocupó el primer lugar entre los granos, superando a la soja. Esto se explica por el dinamismo del sector de los últimos años y las condiciones climáticas adversas con gran impacto sobre la producción de soja. Si se considera el promedio de los últimos 5 años de la producción de granos argentinos, el maíz ocupa el segundo lugar (cerca de 40 millones de toneladas), después de la soja (53 millones de toneladas) (Ministerio de Hacienda, 2019).

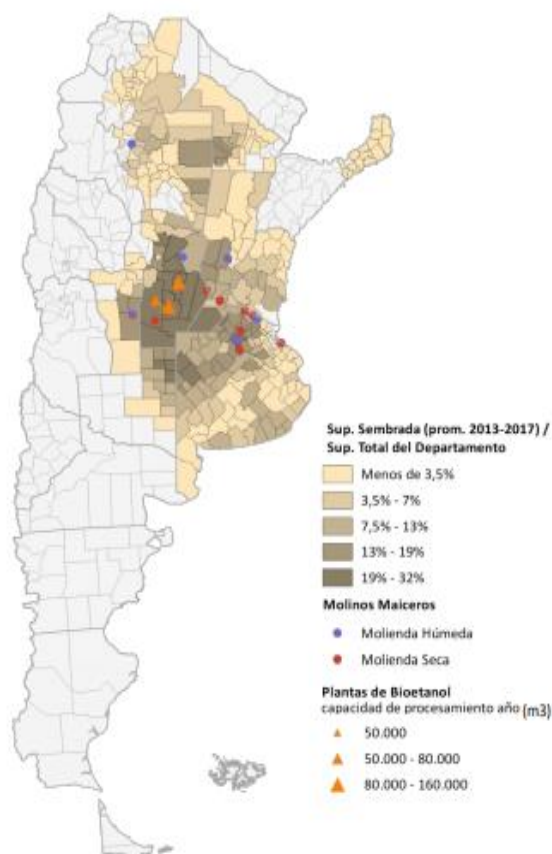


Figura 1. Localización de la producción de maíz y establecimientos industriales. Promedio 2014-2018. Fuente: SSPMicro con base en Secretaría de Agroindustria (2019).

En cuanto al mercado internacional, nuestro país es el segundo exportador mundial de maíz, ubicándose después de Estados Unidos. De acuerdo a los datos de la Bolsa de Comercio de Rosario (2019), el 2019 cerró con 36 millones de toneladas exportadas en grano. En la Figura 2, se muestra la distribución de la producción, junto al valor promedio de los últimos 5 años.

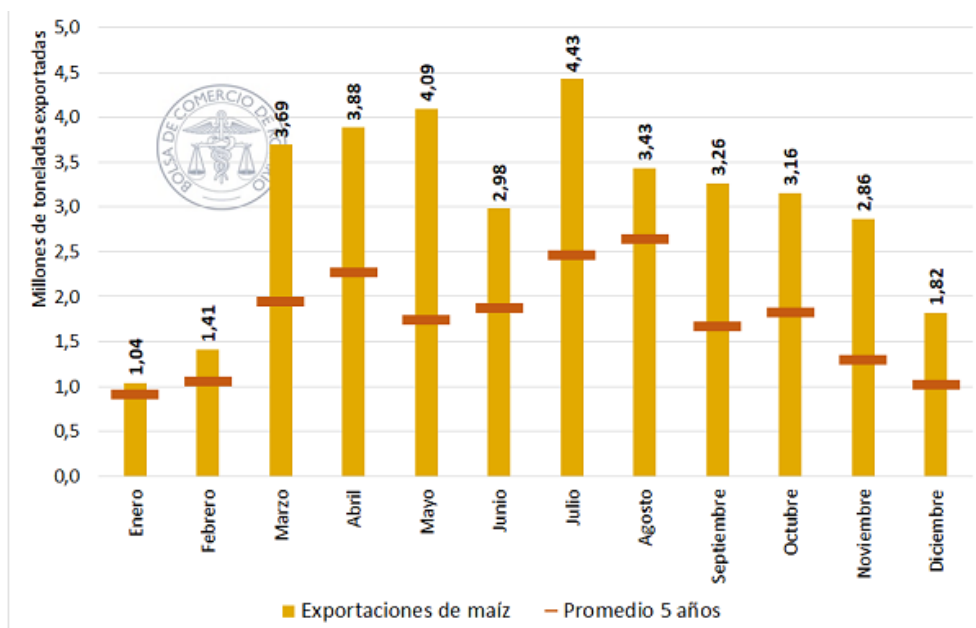


Figura 2. Exportaciones mensuales de maíz. Fuente Bolsa de Comercio de Rosario (2019).

En la mayoría de los países en desarrollo, gran parte de la producción de maíz se concentra en agricultores de pequeña escala. Es por ello que, en los últimos años, se ha incrementado el interés de los sistemas nacionales de investigación en complementar sus esfuerzos en el desarrollo y producción de variedades de polinización libre (VPLs). Estos tipos de cultivares representan una buena opción ya que logran adecuarse a este tipo de productores, debido a que pueden conservar sus propias semillas durante varios ciclos, reduciendo así su dependencia de fuentes externas de semilla, sin esperar disminuciones sustanciales en los rendimientos (Espinosa et al., 2003; Kutka, 2011). A su vez, la producción de semilla mejorada de VPLs resulta menos dificultosa en comparación a los híbridos tradicionales. El desarrollo de VPLs se basa en diferentes esquemas de selección recurrente y debe realizarse manteniendo la variabilidad genética para que las poblaciones mejoradas respondan favorablemente a sucesivos ciclos de reproducción (Acquaah, 2012; Hallauer y Carena, 2012). La heterogeneidad y heterocigosidad de VPLs permiten una alta estabilidad del rendimiento en diferentes condiciones ambientales (Pixley, 2006; Kutka, 2011; Ordás et al., 2012; Hallauer y Carena, 2012). No obstante, los híbridos, al demostrar sus bondades (principalmente mayor rendimiento y homogeneidad), son un buen mecanismo para promover y difundir su mayor utilización en relación a las VPLs, a pesar de que requieren la compra de semilla todos los años (Espinosa et al., 2003).

En la zona núcleo de Argentina, las máximas tecnologías para la producción de maíz son fácilmente disponibles, y son aplicadas por la mayor parte de los productores sin importar cuán pequeña sea su escala. La facilidad de acceso a la calidad de semilla híbrida y al paquete tecnológico que acompaña su producción (fertilizantes, agroquímicos, maquinaria agrícola, entre otros), hace que los sistemas productivos de esta zona obtengan los rendimientos más altos del país (Rossi, 2007; MAIZAR, 2013). Sin embargo, la situación es diferente en áreas marginales alejadas de las zonas núcleo, ya que el acceso a las mejores tecnologías se limita sólo a los productores que tienen la posibilidad de adoptarlas. Los pequeños y medianos productores en muchos casos utilizan alternativas mucho más primitivas para la producción, y en algunos casos, la escasez en la disponibilidad de recursos hace imposible incorporarse al mercado competitivo en relación a los altos niveles de productividad de las zonas núcleo. Esto ocasionó una gran diferenciación de los pequeños y medianos productores en distintas regiones del país (Elverdín et al., 2007; Nazar et al., 2014).

La tendencia de sustituir las VPLs por híbridos, produjo la reducción de la base genética de los materiales cultivados. Con el fin de reducir la vulnerabilidad principalmente a factores abióticos, una de

las estrategias de mejora consiste en la introducción de germoplasma exótico a los programas de cría locales (Hoffbeck et al., 1995; Mas et al., 1998). Los materiales introducidos representan un recurso para aumentar la variabilidad genética, con el fin de incorporar genes reguladores de caracteres productivos no presentes en los materiales adaptados. Asimismo, el germoplasma exótico se transforma frecuentemente en fuentes de resistencia a diversos factores de estrés abiótico, ya sea en condiciones generales de aridez o condiciones ambientales adversas concretas. La elección de los genotipos exóticos más adecuados para una determinada zona de estudio, se resuelve mediante sucesivas evaluaciones de los rasgos que se pretendan mejorar (Ordás y Revilla, 2008).

Dentro de los principales objetivos de los programas de mejoramiento en maíz, se encuentra el desarrollo de líneas altamente endocriadas. Algunos de los propósitos de la endocría consisten en reducir la frecuencia de alelos recesivos deletéreos (depresión por endocría), siendo utilizada para la fijación de genes en individuos de interés agronómico (Allard, 1978), la identificación de genotipos favorables (Vallejo y Gil, 1998) y la disminución del porcentaje de heterocigosis en la población (Jansen y Jansen, 1990; DellaVecchia et al., 1993). Asimismo, reduce la media de la población asociada con la pérdida del vigor ('fitness') particularmente en alógamas (Vallejo y Gil, 1998), aumenta la varianza genética entre familias y la disminuye dentro de ellas (Falconer y Mackay, 1996), con un aumento progresivo de la varianza aditiva que conlleva a líneas totalmente homocigotas (Ceballos, 1998).

Existen una gran diversidad de tipos varietales de maíz, que se diferencian por características tanto agronómicas como químicas. Estos rasgos diferenciales hacen que sus usos finales sean distintos. De allí surge el término Maíces Especiales, los cuales poseen una propiedad particular que hacen que tengan destinos específicos, otorgando mayor valor agregado a los granos (Mansilla, 2018). Nuestro país lidera algunos de estos mercados a nivel mundial, y a nivel local aumentan la competitividad de las industrias que los requieren como materia prima (Gear, 2010).

El grano de maíz está compuesto por un 70 % - 75 % de almidón, 8 % - 10 % de proteína, 4 % - 5 % de lípidos, 1 % - 3 % de azúcares y 1 % - 4 % de cenizas. Al igual que la mayoría de los cereales, no proporcionan una fuente balanceada de proteínas, ya que generalmente no superan el 10 % (Earle et al., 1946; Hallauer, 2001; Arendt y Emanuele, 2013). Asimismo, las proteínas más abundantes en el endosperma del grano son las zeínas (especialmente las α -zeínas), las cuales son deficientes en lisina y triptófano. El maíz *opaco-2* posee una característica diferencial debido a la presencia de un gen mutante *o2* que en estado homocigota recesivo (*o2o2*) confiere a los granos una apariencia opaca y amilácea (Mertz et al., 1964). Esto, además, aumenta considerablemente las concentraciones de proteínas no-zeínicas (albúminas, globulinas y glutelinas), que en forma natural contienen mayores niveles relativos de lisina y triptófano, los cuales son aminoácidos esenciales para el ser humano. A partir de estos genotipos, se generaron las variedades QPM (QualityProteinMaize), es decir, maíz de alta calidad proteica (Vivek et al., 2008).

El maíz morado es una variedad cultivada principalmente en la Cordillera de los Andes del Perú y parte de Bolivia; posee granos de un color morado oscuro e intenso de tipo amiláceo, principal característica diferencial de la variedad, que se debe a la presencia de antocianinas, carotenoides y compuestos fenólicos (Adom y Liu, 2002). Estos compuestos actúan principalmente como antioxidantes naturales y anticancerígenos, teniendo además propiedades funcionales y bioactivas (Guillén-Sánchez et al., 2014). Inciden favorablemente sobre la salud al reducir la manifestación de enfermedades coronarias, así como por su efecto vasoprotector, antiinflamatorio, prevención de déficits de memoria, funciones neuroprotectoras, efectos citoprotectores, entre otros (Soto-Vaca et al., 2012). Aunque la composición química de los granos es similar a otros tipos varietales, la principal importancia de este maíz radica en su alto contenido de compuestos polifenólicos. Los pigmentos se concentran principalmente en el pericarpio y en la capa de aleurona de la semilla (Salinas-Moreno et al., 2013) y muestran una alta sensibilidad en sus perfiles y propiedades antioxidantes a diversas condiciones ambientales de crecimiento (Del Pozo-Insfran et al., 2006; Arellano-Vázquez et al., 2003; Salinas-Moreno et al., 2013). Es por ello, que en los

planes de mejora es indispensable identificar genotipos con mayor capacidad de adaptabilidad y rendimiento (Arellano-Vázquez et al., 2003).

Entre otros tipos varietales que resultan de interés para la industria alimentaria, se encuentra el maíz cuarentín, cuyos granos pueden ser utilizados para la elaboración de polentas de alta calidad, debido a su color naranja intenso y textura muy vítrea. Por otro lado, el maíz pisingallo (*popcorn*) posee granos de endosperma vítreo y muy duro que en contacto con el calor, se expanden formando las conocidas palomitas de maíz, cuyo consumo ha ganado gran popularidad en el mundo en los últimos años (Mansilla et al., 2014). En este tipo varietal, Argentina jugó un rol fundamental como formadora de precios en el mercado internacional. Actualmente, si bien sigue siendo el mayor exportador a nivel mundial, el país ya no influye en la formación de precios (Ministerio de Hacienda, 2019).

Por último, el maíz blanco es un tipo varietal con gran importancia en países en desarrollo. Incluso en algunas regiones, suele tener mayor importancia que el maíz amarillo tradicional (FAO, 1997). Si bien, los requerimientos para su producción son muy similares al resto de los maíces, su principal diferencia radica en la ausencia de pigmentos en los granos, lo que determina sus diferencias en sus propiedades químicas (Urias-Lugo et al., 2015). Este tipo de maíz se consume principalmente en forma directa para consumo humano, y pequeñas cantidades se destinan a otros usos. Existen una gran variedad de preparaciones culinarias, que varían según el país y la región (FAO, 1997; Nazar y Quiroga, 2012).

En la cátedra de Mejoramiento Genético Vegetal de la Facultad de Ciencias Agropecuarias (FCA)/UNC, se desarrolla desde hace varios años un Programa de Mejoramiento de Maíces Especiales, mediante el cual se logró la adaptación de germoplasma de distintos tipos varietales de maíz en la región semiárida maicera de nuestra provincia (Nazar y Mansilla, 2016; Mansilla et al., 2021). La producción y comercialización de semillas en Argentina está regulada por la Ley de Semillas y Creaciones Fitogenéticas (Nº 20.247). Los cultivares registrados por primera vez en el país deben tener una descripción varietal, deben presentar información relacionada con el comportamiento agronómico y deben tener un origen genético conocido (INASE, 2018). En este sentido, el desplazamiento de las VPLs por los híbridos tradicionales, trajo aparejado una escasa inscripción y difusión en el país de cultivares de polinización abierta como alternativa productiva y, sobre todo, de sus ventajas para los sistemas de producción.

En el marco del plan Maíces Especiales, se inscribieron tres VPLs como nuevos cultivares en INASE (una de maíz cuarentín, una de maíz pisingallo y recientemente, una de maíz morado). Actualmente, se trabaja en la inscripción de dos nuevos materiales ya adaptados (una variedad de maíz *opaco-2* y una de maíz blanco). Paralelamente, se focaliza el estudio en la evaluación y mejora de la calidad nutricional de los granos de estos tipos varietales, con el fin de destinarlos como materia prima para la producción de alimentos con propiedades diferenciales y funcionales (Mansilla, 2018; Mansilla et al., 2019, 2020). Una de las nuevas líneas de estudio del equipo de trabajo, es ampliar la base genética de los materiales dentro del programa, con el fin de promover el mejoramiento aplicado de maíz en nuestra región. La introducción, adaptación y caracterización de nuevo germoplasma sería útil para brindar importantes recursos genéticos a los productores locales y definir estrategias para su conservación y explotación. Simultáneamente, los genotipos obtenidos representarían fuentes materiales genéticos para expandir la biodiversidad de los sistemas agrícolas y proporcionar la materia prima para la producción de alimentos a base de maíz (Mansilla et al., 2021).

Hipótesis

La introducción de poblaciones exóticas de distintos tipos varietales de maíz permite aumentar la base genética para la identificación de rasgos favorables prominentes a ser incorporados en genotipos adaptados y en proceso de mejora del Programa Maíces Especiales.

Objetivo

El objetivo de este trabajo fue evaluar el desempeño agronómico de distintos tipos varietales de maíces introducidos, adaptados y en proceso de mejora genética en la zona semiárida central de la provincia de Córdoba.

MATERIALES Y MÉTODOS

Ubicación del campo

Los ensayos se llevaron a cabo en el área experimental del Campo Escuela de la Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, ubicado en Camino a Capilla de los Remedios en el km 15,5, perteneciente al Dpto. Santa María; cuyas coordenadas geográficas son 31° 28' 49,42" S y 64° 00' 36,04" O.

La ubicación del predio corresponde a la Zona Agroeconómica Homogénea XA, perteneciendo a la región fitogeográfica Chaqueña, siendo la vegetación característica el bosque. En cuanto a la edafología, se trata de suelos con buenas condiciones físicas y químicas para su utilización agropecuaria. Según la clasificación taxonómica de suelos, estos son Hapustoles (78%, mayormente énticos, aunque también hay típicos) (Ghida Daza y Sánchez, 2009).

La región se caracteriza por tener un clima templado semiárido. La temperatura media anual es de 17 °C y la amplitud térmica de 14 °C. En cuanto a las heladas, éstas ocurren entre los meses de mayo y septiembre, siendo la duración del período libre de heladas promedio de 270 días (Ghida Daza y Sánchez, 2009). La pluviometría regional posee una distribución con un rango de 685 mm anuales promedios, con una distribución estacional de tipo monzónico (Bolsa de Cereales de Córdoba, 2018).

En la Figura 3 se observa el recorrido para llegar al predio partiendo desde Córdoba Capital, siendo aproximadamente 25 km de distancia, donde se debe tomar la Autopista Córdoba – Villa María, hasta el acceso a Camino Capilla de los Remedios. Desde este punto, el establecimiento se encuentra ubicado a 2 km.

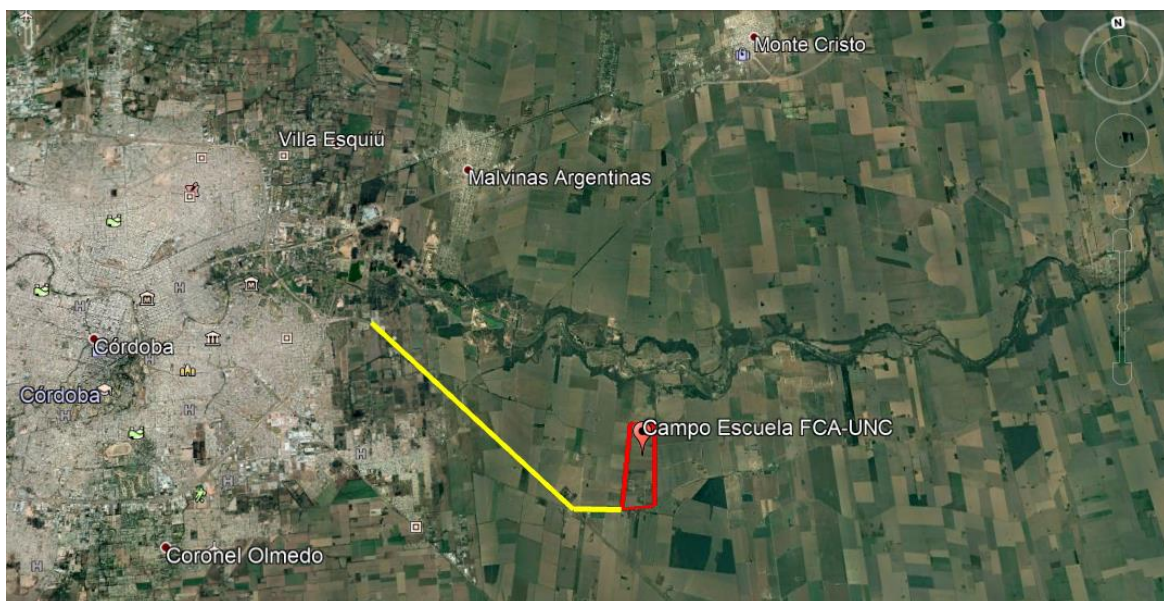


Figura 3. Imagen satelital Google Earth Pro, ruta de acceso (en color amarillo) desde Córdoba hasta el Campo Escuela FCA-UNC.

La Figura 4 muestra la ubicación dentro del Campo Escuela de las parcelas experimentales en donde se llevaron a cabo los ensayos. Delimitado en color rojo se indica el lote utilizado en la campaña 2018/19, mientras que en color azul el de la campaña 2019/20.

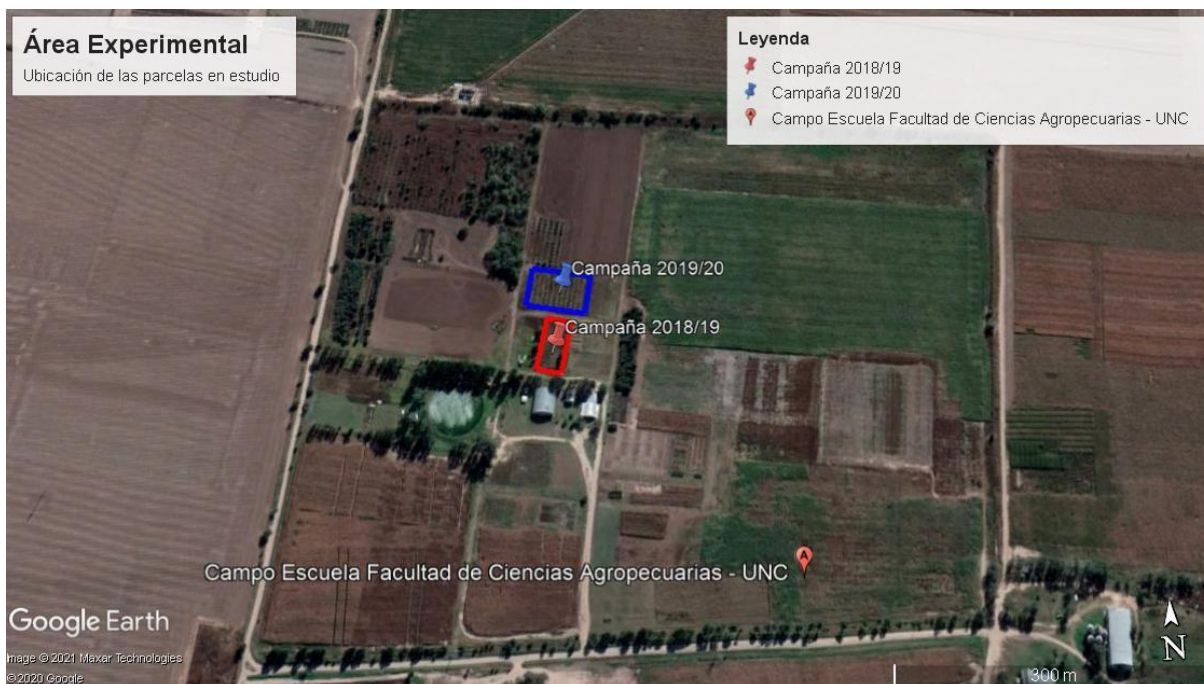


Figura 4. Imagen satelital Google Earth Pro, ubicación de las parcelas experimentales en el Campo Escuela de la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Nacional de Córdoba.

Material genético

En este trabajo, se utilizaron genotipos de maíz en proceso de mejora genética, poblaciones adaptadas a la región semiárida de Córdoba y germoplasma exótico de maíces introducidos. Todos los materiales forman parte del Plan de Mejora de Maíces Especiales de la cátedra de Mejoramiento Genético Vegetal, FCA, UNC.

Los genotipos en proceso de mejora consistieron en once familias endogámicas de maíz morado. Se evaluaron dos generaciones de autofecundación en dos ciclos de cultivo: semillas S1 evaluadas en 2019 (S1-2019) y semillas S2 probadas en 2020 (S2-2020).

Las poblaciones adaptadas consistieron en tres VPLs inscriptas en INASE: cultivar `Moragro` de maíz morado (MOR), cultivar `Cuatro Décadas` de maíz cuarentín (C-4D) y cultivar `Reventón Córdoba` de maíz pisingallo (P-RV). Además, se incluyeron dos poblaciones mejoradas y evaluadas por varios ciclos, en proceso de caracterización para ser registradas en INASE: una de maíz *opaco-2* (*o2-FCA*) y una de maíz blanco (BI-FCA) (Fig. 5).

El germoplasma exótico estuvo conformado por nueve poblaciones de distintos tipos varietales introducidas de diferentes orígenes: una población de maíz *opaco-2* proveniente del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), México (*o2-CM*); cinco poblaciones introducidas del norte argentino: pintado rojo (P-RO), pintado azul (P-AZ), bordó blando (B-bl), colorado duro (COL) y pisingallo blanco (P-BI); tres poblaciones de origen peruano: pintado morado peruano (P-MO), grande rojo (GR-R) y Arequipeño (AQ) (Fig. 6).

Todas las poblaciones (adaptadas e introducidas) fueron evaluadas durante el ciclo 2019/20.



Figura 5. Semillas de poblaciones adaptadas de maíces especiales.

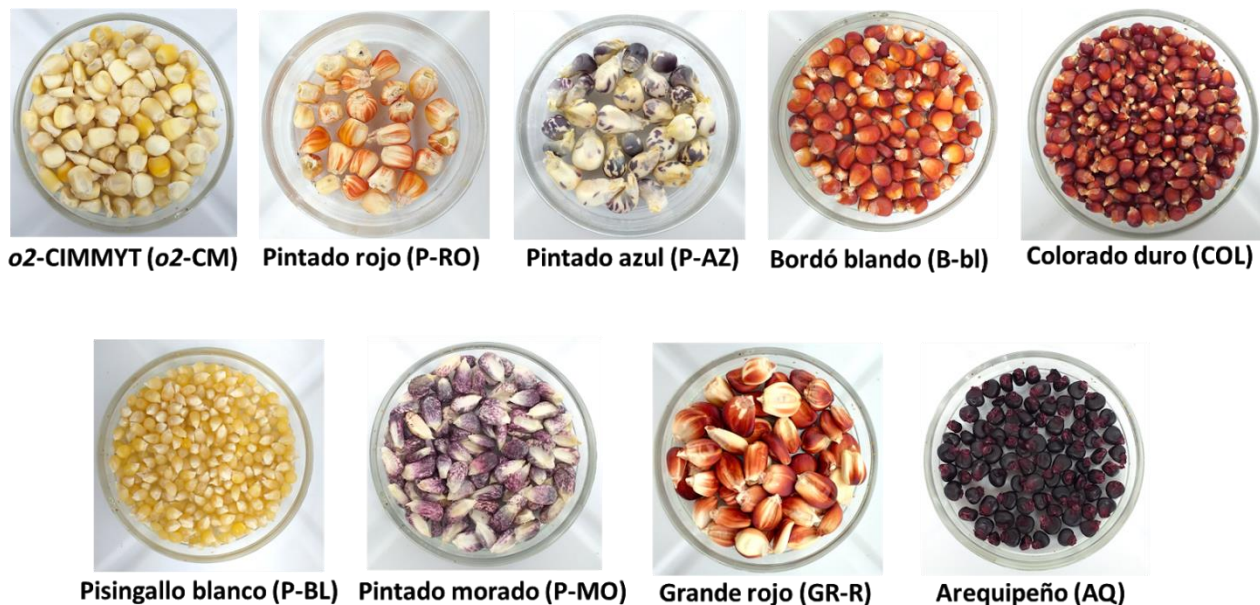


Figura 6. Semillas de poblaciones introducidas de distintos tipos varietales de maíz.

Metodología a campo

Ensayos

Las familias endogámicas S1 y S2 fueron sembradas durante la primera semana de enero de cada año de evaluación (4 de enero de 2019 y 4 de enero de 2020), bajo un diseño en bloques completos al azar con dos repeticiones, tal como se observa en las Figuras 7 y 8.

Las poblaciones fueron sembradas en el ciclo 2019/20 en parcelas contiguas de aproximadamente 10 m² cada una, bajo un diseño completamente aleatorizado y una densidad de 70.000 pl ha⁻¹. Cada población fue tomada como un tratamiento individual y dado que no se disponía de gran cantidad de semillas de cada tipo varietal, no se pudieron realizar repeticiones del ensayo. Para evitar la concentración de la floración de todos los materiales en un mismo período, se realizó una separación de la siembra en dos fechas: las poblaciones adaptadas (MOR, C4-D, P-RV, o2-FCA y BI-FCA) fueron plantadas el 26 de diciembre 2019, y las poblaciones introducidas (o2-CM, P-RO, P-AZ, P-MO, AQ, P-BI, COL, B-BI y GR-R) se sembraron el 4 de enero 2020. En función de esto, las poblaciones fueron analizadas por separado según la fecha en que fueron sembradas.



Figura 7. Siembra de los ensayos campaña 2018/19.



Figura 8. Siembra de los ensayos campaña 2019/20.

Durante el ciclo del cultivo, se llevaron a cabo las prácticas culturales, como controles de malezas y plagas, raleos y aporques. Durante el ciclo 2018/19, los ensayos se realizaron en condiciones de secano; pero en el ciclo 2019/20, se realizaron riegos por inundación ocasionales debido a las condiciones de sequía predominantes durante el año 2020. No se realizó fertilización nitrogenada en ningún año de evaluación.

Evaluación y caracterización agronómica

Se caracterizaron alrededor de 30-40 plantas por población y 10 plantas por familia (intensidad de selección aproximada de 35-40%). Además, se realizó una selección de plantas con mejores características *per se* y mejores condiciones sanitarias (sin síntomas de enfermedades) dentro de cada población.

En las familias endogámicas de maíz morado, durante el ciclo 2018/19 (S1) se autofecundaron entre 5 y 6 plantas con las mejores características *per se* dentro de cada línea para obtener la siguiente generación de endogamia (S2) para su evaluación durante el ciclo 2019/20 (Fig. 9). En este último, se procedió de la misma manera para obtener una nueva generación de endocría (S3), la cual fue sembrada en este ciclo (2020/21).



Figura 9. Tareas de autopolinización en las familias de maíz morado.

En el caso de las poblaciones, las mejores plantas femeninas se polinizaron aisladamente con polen de plantas masculinas de la misma población para evitar contaminación con polen de parcelas contiguas. Las mazorcas recolectadas de estas plantas (humedad del grano $\approx 16\%$) se trillaron, sus semillas se mezclaron y se almacenaron a 4°C para ser sembradas en el ciclo actual (2020/21)

Las variables relevadas en todos los genotipos (tanto familias como poblaciones) se agruparon en mediciones en diferentes estados fenológicos del cultivo:

- **En plantas adultas:** altura de planta (AP), altura de inserción de la espiga principal (AE), número de hojas (NH), diámetro del tallo (DT), ancho de lámina (AH), longitud de lámina (LL) y número de espigas (NE).
- **En mazorcas:** longitud de mazorca (LM), diámetro de mazorca (DM), número de hileras (NHil), número de granos por hilera (NGH) y peso de 100 granos (P100).
- **En etapa de floración y cosecha:** período de floración masculina (FM), determinado como los días desde la siembra (dds) hasta la aparición de $\approx 50\%$ de panojas con liberación de polen; período de floración femenina (FF), tomado como días desde la siembra hasta la aparición de $\approx 50\%$ de espigas con estigmas receptivos visibles (Borrás y Otegui 2001; Herrera-Cabrera et al. 2013); cantidad de plantas a cosecha (%) y cantidad de plantas acamadas (%) a cosecha.

El rendimiento de grano (Rto) se estimó considerando la cantidad de plantas cosechadas, prolificidad a cosecha, granos por mazorcas y el peso individual de los granos (Eyhérbide 2015). Los resultados de rendimiento fueron ajustados al 14% de humedad, y expresados en quintales por hectárea ($q\text{ ha}^{-1}$).

Análisis estadístico

El análisis estadístico se realizó con el software InfoStat/Professional 2017 (Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba). Los datos fueron analizados mediante un Análisis de la Varianza (ANOVA) y se utilizó el test de comparación de Di Rienzo, Guzmán y Casanoves (DGC) (Di Rienzo *et al.*, 2002). Se establecieron valores medios, mínimos, máximos y el coeficiente de variación (CV) de cada rasgo se utilizó como un parámetro de variabilidad dentro de cada familia y cada población (Hallauer *et al.*, 2010).

Se analizaron diferencias significativas ($p < 0,05$) entre familias de maíz morado, entre años de evaluación (S1-2018/19 vs S2-2019/20) y se realizó un análisis combinado (familia x año). Por otro lado, se llevó a cabo un análisis comparativo entre las poblaciones adaptadas (sembradas en la primera fecha de siembra), y de manera separada, se compararon las poblaciones introducidas (sembradas en la segunda fecha), todas evaluadas en 2019/20. Las relaciones entre las variables relevadas se determinaron mediante el test de correlación de Pearson, con un nivel de significancia $p < 0,05$.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Evaluación de familias endogámicas de maíz morado

Las familias endogámicas presentaron diferencias significativas entre genotipos en la mayoría de los rasgos analizados, tanto en S1 como en S2. Del mismo modo, se obtuvieron diferencias significativas entre años de evaluación y una interacción familia x año significativa (Tabla 1), lo que indica que hubo influencia ambiental en la expresión fenotípica. Las familias en la generación S2 presentaron mayores CV que las S1 para todos los caracteres de plantas adultas, excepto para el número de espigas (NE). El CV es un parámetro de variabilidad fenotípica intrapoblacional (Hallauer *et al.*, 2010), lo que podría indicar que la S2 presentó mayor variabilidad dentro de cada línea respecto a la S1. Resultados similares fueron expuestos por Cravero *et al.* (2002) al evaluar el efecto de una generación de endocria sobre los caracteres tanto vegetativos como productivos en alcaucil (*Cynarascolymus L.*).

Todas las variables relevadas en plantas adultas disminuyeron significativamente de una generación de endocria a la otra, a excepción de NE, que no presentó diferencias significativas entre años ni en la interacción familia x año (Tabla 1). Esto fue consistente con Corcuera (2012), quien menciona que los materiales endocriados presentan una menor dimensión en todos los órganos, un menor número de hojas, flores, semillas, retraso en la floración o alargamiento del ciclo, así como un retraso en la maduración de los granos, mayor susceptibilidad a enfermedades y distintos tipos de estrés. Una causa probable de la disminución del vigor, según la hipótesis de la dominancia propuesta por Jones (1937), es que en estado de homocigosis se desenmascara toda la carga de alelos recesivos deletéreos, letales y subletales, y por lo tanto, las plantas expresan mayor número de deficiencias y se tornan más débiles y fisiológicamente menos eficientes. Este comportamiento se observa hasta aproximarse a la homocigosis completa en S6/S7, cuando la disminución del tamaño de las diferentes partes de la planta se detiene y estabiliza (Corcuera, 2012; Hallauer *et al.*, 2010).

Consistentemente, se observó un menor tamaño de las hojas, dado por un menor AH y LL, probablemente causado tanto por efectos de la endocria como fue antes mencionado, como también por influencia ambiental, lo que pudo atribuirse principalmente a las condiciones climáticas de sequía predominantes durante el ciclo 2019/20. Para AH y LL no se observaron diferencias estadísticamente significativas entre familias, mientras que sí se observaron diferencias entre años ($p < 0,001$) y en la interacción Familia x Año ($p < 0,01$ para AH y $p < 0,05$ para LL). No obstante, es importante resaltar que los principales caracteres que se vieron influenciados durante las primeras generaciones de autofecundación fueron AP y AE, evidenciado en la disminución significativa de los valores medios de una generación a otra, lo que coincide a lo reportado por Corcuera (2012).

Tabla 1. Variables relevadas en plantas adultas de las familias endogámicas S1 y S2 de maíz morado.

Familia		¹ AP (m)		AE (m)		NH		DT (cm)		AH		LL (cm)		NE	
		S1-2019	S2-2020	S1-2019	S2-2020	S1-2019	S2-2020	S1-2019	S2-2020	S1-2019	S2-2020	S1-2019	S2-2020	S1-2019	S2-2020
L1	Media	1,98 ^c	1,49 ^b	1,12 ^c	0,75 ^b	15 ^a	14,11 ^a	1,88 ^b	1,73 ^b	8,3 ^b	8,22 ^b	68 ^a	63,89 ^a	1,2 ^a	1,22 ^a
	CV (%)	8,3	27,05	14,33	28,09	8,16	10,3	17,4	26,44	19,8	23,96	15,03	18,04	37,27	36,08
L2	Media	2,42 ^c	1,51 ^b	1,34 ^c	0,74 ^b	15,6 ^a	14,22 ^a	2,04 ^b	1,57 ^b	9,2 ^b	7,11 ^a	82 ^b	64,89 ^a	1,8 ^a	1,56 ^a
	CV (%)	5,39	10,82	13,3	16,5	7,31	9,8	7,43	13,54	9,09	14,82	8,18	17,66	46,48	33,88
L3	Media	2,5 ^c	1,56 ^b	1,59 ^d	0,78 ^b	16 ^a	15 ^a	2,44 ^c	1,76 ^b	9,6 ^b	7,56 ^b	77 ^b	70,44 ^a	1,2 ^a	1,13 ^a
	CV (%)	11,66	19,78	9	28,2	4,42	10	15,77	15,37	5,71	16,02	19,8	17,4	37,27	31,43
L4	Media	1,97 ^c	1,41 ^b	1,17 ^c	0,81 ^b	15,6 ^a	17,4 ^b	2,38 ^c	1,6 ^b	8,8 ^b	7 ^a	78 ^b	66 ^a	1,4 ^a	1,6 ^a
	CV (%)	21,51	28,31	25,92	27,58	13,29	8,65	20,16	31,6	14,82	18,44	17,32	18,22	39,12	32,27
L5	Media	2,18 ^c	0,73 ^a	1,14 ^c	0,28 ^a	15 ^a	13,4 ^a	2,2 ^c	1,1 ^a	9 ^b	5,7 ^a	74,4 ^a	55,6 ^a	1 ^a	1,5 ^a
	CV (%)	22,09	23,53	31,84	34,82	14,14	6,67	28,02	23,18	20,79	24,5	7,58	15,81	30,2	38,49
L6	Media	2,6 ^c	1,26 ^b	1,42 ^c	0,72 ^b	17 ^b	13,71 ^a	2,32 ^c	1,29 ^a	9,6 ^b	6 ^a	86,4 ^b	58,71 ^a	1,4 ^a	1,86 ^a
	CV (%)	15,08	13,47	12,84	14,9	9,3	5,51	6,39	20,3	11,88	16,67	7,53	19,49	39,12	20,35
L7	Media	2,18 ^c	1,33 ^b	1,34 ^c	0,71 ^b	14,6 ^a	12,89 ^a	2,08 ^b	1,78 ^b	9,2 ^b	8,28 ^b	75 ^b	67 ^a	1,4 ^a	1,56 ^a
	CV (%)	16,74	8,17	13,81	13,47	14,2	8,18	11,48	12,82	19,44	14,52	6,67	5,22	39,12	33,88
L8	Media	2,17 ^c	1,49 ^b	1,27 ^c	0,64 ^b	16 ^a	14,22 ^a	1,9 ^b	1,56 ^b	9,3 ^b	7,11 ^a	85 ^b	71,22 ^a	1,2 ^a	1,13 ^a
	CV (%)	10,25	19,13	8,16	33,73	6,25	11,54	10,53	19,84	4,81	25,78	11,76	12,67	37,27	31,43
L9	Media	2,23 ^c	1,61 ^b	1,6 ^d	0,97 ^b	14,4 ^a	14,63 ^a	2,04 ^b	1,51 ^b	9,2 ^b	6,69 ^a	79 ^b	55,25 ^a	2 ^a	1,38 ^a
	CV (%)	23,6	13,76	7,65	18,29	15,99	6,26	12,3	19,17	14,17	10,53	16,24	13,4	35,36	37,64
L10	Media	2 ^c	1,59 ^b	1,16 ^c	0,88 ^b	16,6 ^b	15,71 ^a	1,72 ^b	1,99 ^b	7,4 ^a	8,43 ^b	71 ^a	69,43 ^a	1,2 ^a	1,29 ^a
	CV (%)	16,2	30,39	18,42	31,15	6,87	10,2	15,05	23,88	13	22,83	16,67	24,01	37,27	37,95
L11	Media	2,46 ^c	1,53 ^b	1,3 ^c	0,75 ^b	15,5 ^a	14,9 ^a	2,38 ^c	1,66 ^b	9 ^b	7,1 ^a	81 ^b	56,1 ^a	1,5 ^a	1,1 ^a
	CV (%)	5,58	19,98	7,24	19,88	3,72	11,6	7,97	20,32	10,14	23,19	8,13	14,54	38,49	28,75
Media general		2,22 ^b	1,39 ^a	1,31 ^b	0,74 ^a	15,58 ^b	14,65 ^a	2,12 ^b	1,62 ^a	8,96 ^b	7,1 ^a	77,58 ^b	62,6 ^a	1,38 ^a	1,44 ^a
Mínimo		1,3	0,5	0,7	0,2	11	11	1,4	0,8	6,5	4	52	43	1	1
Máximo		3,3	2,2	1,8	1,25	19	20	3,1	2,7	11	11,5	95	92	3	2
CV (%)		16,77	24,02	18,75	29,11	10,41	12,18	17,46	23,83	14,33	21,6	13,65	18,04	40,58	35,36
Familia		***		***		***		*		ns		ns		*	
Año		***		***		***		***		***		***		ns	
Familia x Año		**		**		*		***		**		*		ns	

Valores seguidos por letras distintas en la misma columna son significativamente distintos ($p < 0,05$). *, ** y *** indican diferencias significativas con un $p < 0,05$, $p < 0,01$ y $p < 0,001$, respectivamente. ns: no significativo

¹AP = altura de planta; AE = altura inserción de espiga principal; NH = número de hojas; DT = diámetro de tallo; AH = ancho de hoja; LL = longitud de la lámina; NE = número de espigas; CV = coeficiente de variación

Por otra parte, y tal como fue señalado por otros autores (Hurtado, 1972; Vallejo y Gil, 1998), el material autofecundado permite diferenciar líneas respecto a altura, madurez y longitud de mazorca, como fue observado las progenies S2 (Fig. 10). Paralelamente, se registró un retraso en los días de siembra a floración en la segunda generación de endogamia con respecto a la primera (entre 61 y 75 días en S1 y entre 75 y 85 días en S2). Esto puede atribuirse tanto a depresión por endocria (Hallauer, 2001), como a la ocurrencia de las condiciones climáticas de sequía durante el ciclo. Consistentemente, De la Cruz et al. (2003) obtuvo líneas de maíz más tardías en el transcurso de la endogamia.



Figura 10. Variabilidad de AP entre líneas.

El carácter NE presentó diferencias levemente significativas ($p < 0,05$) entre las familias, lo que no ocurrió entre años ni en la interacción familia x año (Tabla 1). El valor mínimo obtenido indica que, durante ambos ciclos, las plantas tuvieron al menos 1 espiga y particularmente en la S1 se alcanzó un máximo de 3 espigas por planta, mientras que en la S2, un máximo de 2. La prolificidad es un carácter trascendente en la determinación del rendimiento, ya que generalmente sólo una o dos espigas por planta aportan grano, por lo cual se considera que la producción individual por planta es poco elástica (Pedrol et al., 2004). Es un rasgo controlado por un solo gen mayor, aunque también está fuertemente condicionado por prácticas de manejo del cultivo, como la densidad de siembra o el espaciamiento que limita los recursos disponibles para cada planta. Las líneas con endocria prolongada, por lo general exhiben mayor número de espigas que los híbridos comerciales, pues el escaso o mediano desarrollo de la espiga superior determina un menor grado de dominancia apical de la misma, traduciéndose en mayor número de espigas productivas (Hiorth, 1985; Corcuera et al., 2012).

Un comportamiento peculiar exhibido sólo en una familia S2 (L11) fue la deformación de la panoja y la aparición de granos en la misma (Fig. 11). Esto probablemente pudo deberse a otro efecto de depresión

por endocría, ya que sólo fue observado en plantas de la misma familia L11. Sin embargo, otros reportes atribuyen este fenómeno a condiciones ambientales adversas de sequía y calor (Ciampitti, 2018).



Figura 11. Panojas inusuales obtenidas en algunas familias S2.

Las variables relevadas en mazorcas tuvieron un comportamiento similar a las analizadas en planta adulta en cuanto a valores medios y CV. Para todos los rasgos estudiados, se encontraron diferencias significativas ($p < 0,001$) entre años, en la interacción familia x año y entre familias, excepto para el NGH, que no presentó diferencias entre genotipos (Tabla 2).

El rendimiento posee componentes numéricos que lo determinan y tienen una proporcionalidad directa, entre ellos el NGH y P100. En la S2, los rendimientos de las familias mostraron una reducción altamente significativa (Fig. 12) respecto a la S1, probablemente debido a un nuevo ciclo de endocría, que en concordancia a lo expuesto por Gamarra et al. (2004), el rinde resulta ser el rasgo más afectado como consecuencia de cruzamientos de individuos íntimamente emparentados. Otros autores también reportaron reducciones importantes del rendimiento en generaciones tempranas de endocría en diversas poblaciones de maíz (Vianna et al., 1982; Lima, 1982; Eyherabide y Hallauer, 1991).

Asimismo, los caracteres de mazorca asociados directamente al rinde son de baja heredabilidad, y están influenciados fuertemente por el ambiente, como fue sugerido por varios estudios (Hallauer y Miranda 1981; Cirilo et al., 2011). En este sentido, otra de las posibles causas (además de la condición genética) a la que se puede atribuir la significativa disminución en los valores medios de los caracteres de la mazorca de un año a otro, fue la disparidad en las condiciones ambientales entre ciclos, principalmente en lo referido al reducido nivel de precipitaciones y sequía ocurrido en 2020 (a pesar de la implementación de riegos ocasionales en la parcela destinada al ensayo) en relación al año 2019, cuando hubo mayor cantidad y mejor distribución de precipitaciones durante el ciclo. Una inclemencia climática ocurrida en 2019 fue una intensa caída de granizo que provocó fuertes daños las plantas. Sin embargo, ocurrió en estado vegetativo (pre-floración), por lo que el cultivo pudo recuperarse para la floración y cosecha. Por otro lado, es importante resaltar que la coyuntura sanitaria a nivel mundial por la enfermedad provocada por coronavirus COVID-19, reconocida como pandemia por la Organización Mundial de la

Salud (OMS) el 11 de marzo del 2020, obligó a nuestro país a dictar el Aislamiento Social Preventivo y Obligatorio (ASPO) según Decreto 297/2020. Esta situación interfirió en el trabajo a campo, imposibilitando un correcto control de los ensayos y la obtención de una nueva generación de autofecundación en algunas familias durante la última campaña, debido a la dificultad de viajar al Campo Escuela de la FCA – UNC sin los permisos y autorizaciones correspondientes.

Tabla 2. Variables relevadas en mazorcas de familias endogámicas S1 y S2 de maíz morado.

		¹ LM (cm)		DM (cm)		NHil		NGH		P100 (g)	
		S1-2019	S2-2020	S1-2019	S2-2020	S1-2019	S2-2020	S1-2019	S2-2020	S1-2019	S2-2020
L1	Media	13,5 ^b	10,25 ^a	4 ^b	3,77 ^b	11,5 ^b	12 ^b	19 ^b	15,8 ^b	29,03 ^b	30,06 ^c
	CV (%)	47,14	33,76	3,54	11,1	6,15	10,54	29,77	58,42	7,44	15,73
L2	Media	14,25 ^b	6,75 ^a	4,07 ^b	2,85 ^a	12,67 ^b	9 ^b	23,17 ^b	10 ^a	29,92 ^c	20,52 ^b
	CV (%)	22,38	40,35	7,88	3,51	8,15	12,83	32,92	29,44	13,26	19,27
L3	Media	16,1 ^b	12,25 ^b	4,54 ^b	3,35 ^a	12,6 ^b	11 ^b	26,4 ^b	21,5 ^b	33,12 ^c	21,65 ^b
	CV (%)	17,07	7,82	8,89	1,72	13,28	10,5	28,92	9,68	23,57	13,39
L4	Media	14,8 ^b	8,4 ^a	4,44 ^b	3,56 ^b	10,8 ^b	9,4 ^b	30,25 ^c	12,8 ^a	39,32 ^d	32,05 ^c
	CV (%)	27,3	39,35	8,21	17,83	10,14	17,8	35,23	57,25	10,53	17
L5	Media	15,5 ^b	8 ^a	4,27 ^b	2,6 ^a	14,67 ^c	10 ^b	27,33 ^c	19 ^b	27 ^b	8,8 ^a
	CV (%)	14,78	s/d	11,08	s/d	7,87	s/d	5,59	s/d	8,66	s/d
L6	Media	14,26 ^b	5 ^a	4,34 ^b	2,55 ^a	11,6 ^b	7 ^a	24,8 ^b	7 ^a	37,77 ^d	26,32 ^b
	CV (%)	22,76	14,14	5,55	8,32	7,71	20,2	24,59	20,2	10,35	8,02
L7	Media	13,9 ^b	5,75 ^a	4,6 ^b	3,3 ^a	14 ^c	10 ^b	27,6 ^c	10 ^a	29,92 ^c	36,34 ^d
	CV (%)	15,56	18,45	7,37	s/d	10,1	s/d	20,59	s/d	38,56	8,95
L8	Media	15 ^b	10,5 ^a	4,23 ^b	3,73 ^b	12,33 ^b	11,67 ^b	25,33 ^b	22,5 ^b	31,32 ^c	21,72 ^b
	CV (%)	13,66	18,32	11,25	5,27	18,96	12,9	27,2	20,42	7,21	16,93
L9	Media	12,91 ^b	8,75 ^a	3,93 ^b	3,1 ^a	11,5 ^b	12 ^b	23 ^b	s/d	27,98 ^b	26,95 ^b
	CV (%)	27,39	4,04	14,71	s/d	18	s/d	28,84	s/d	15,26	11,22
L10	Media	9,42 ^a	9,5 ^a	3,92 ^b	4,04 ^b	12,17 ^b	12 ^b	18,5 ^b	18,6 ^b	24,53 ^b	29,46 ^c
	CV (%)	22,63	22,33	14,92	15,32	3,36	23,57	22,87	32,17	21,03	26,26
L11	Media	15,6 ^b	6,33 ^a	4,76 ^b	2,9 ^a	14,4 ^c	10,8 ^b	29,8 ^c	12,2 ^a	32,43 ^c	18,92 ^a
	CV (%)	22,6	13,83	8,35	15,73	15,21	10,14	21,67	10,69	17,36	42,77
Media general		13,92 ^b	8,44 ^a	4,31 ^b	3,27 ^a	12,68 ^b	10,69 ^a	25,83 ^b	24,44 ^a	31,12 ^b	26,99 ^a
Mínimo		5,8	3	2,7	2,4	8	6	9	5	15,63	8,8
Máximo		20	17	5,1	4,8	18	16	45	32	48,33	38,64
CV (%)		24,17	33,23	11,42	17,34	14,73	18,41	28,09	42,64	21,6	29,88
Familia		**		*		**		Ns		***	
Año		***		***		***		***		***	
Familia x Año		**		***		*		**		**	

Valores seguidos por letras distintas en la misma columna son significativamente distintos ($p < 0,05$). *, ** y *** indican diferencias significativas con un $p < 0,05$, $p < 0,01$ y $p < 0,001$, respectivamente. ns: no significativo

¹LM = longitud de mazorca; DM = diámetro de mazorca; NHil = número de hileras por mazorca; NGH = número de granos por hilera; P100 = peso de 100 granos; CV = coeficiente de variación; s/d: sin datos.

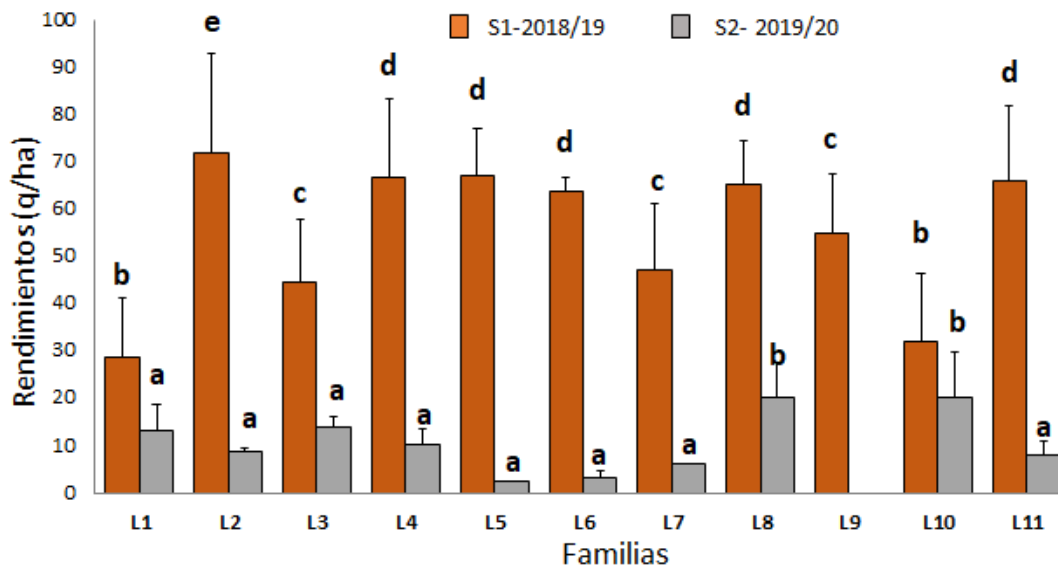


Figura 12. Comparación de los rendimientos de las familias endogámicas. Valores seguidos por letras distintas son significativamente distintos ($p < 0,05$).

Dentro de cada una de las familias endogámicas de maíz morado y en cada generación (S1 y S2), se observaron diferencias en la pigmentación de los granos (Fig. 13), causado probablemente tanto por causas ambientales como por variaciones y segregaciones genéticas. Diversos estudios indicaron que la variación en el color de las semillas de maíz puede deberse a los efectos maternos (Fujii y Kuwada, 1916), a la influencia de transposones (Zhang et al., 2005), a la ocurrencia de fenómenos epigenéticos y a cambios sutiles a nivel transcripcional de los genes estructurales de la ruta biosintética de las antocianinas (Springer y Stupar, 2007).



Figura 13. Segregación para color de grano obtenido dentro de las distintas familias (se presentan 3 familias).

Para que se inicie la biosíntesis de antocianinas son necesarios como precursores el acetyl-CoA y la fenilalanina (Espinosa Trujillo et al., 2012). La ruta de biosíntesis de las antocianinas en la aleurona del endosperma del maíz involucra siete genes estructurales, los cuales codifican enzimas catalíticas, seis genes reguladores que codifican factores de transcripción, y dos genes que corresponden a transportadores del pigmento hacia las vacuolas (Cone, 2007). Los genes estructurales son activados por proteínas codificadas en los genes reguladores; esta regulación se manifiesta en determinados tejidos y tiempos de desarrollo. En los tejidos del progenitor materno (pericarpio del cariósipide, anteras, entre otros) actúan los genes reguladores C1/R1, mientras que en los del esporofito en desarrollo (aleurona, escutelo, coleóptilo, y otros tejidos) se expresan los reguladores P1/B1 (Bernhardt et al., 1998). Esto indica que tanto la aleurona como el pericarpio son tejidos del grano de maíz con capacidad de

biosintetizar y almacenar antocianinas. Los genes responsables de la biosíntesis de estos metabolitos secundarios se expresan en mayor magnitud al ser heredados por la madre.

La cantidad de antocianinas depende del tipo de maíz, del órgano de la planta y de las condiciones ambientales donde se desarrolla (Duangpapeng et al., 2019). En el estudio de Espinosa Trujillo et al. (2009) se encontraron que son tres las antocianinas principales en maíz: cianidina-3-glucósido (responsable del 70 % de la intensidad del color), peonidina-3-glucósido, pelargonidina-3-glucósido y sus respectivas formas aciladas. Sus funciones en las plantas son múltiples, desde la protección de la radiación ultravioleta, la atracción de insectos polinizadores, hasta impedir la congelación de frutas, como las uvas (Gorriti et al., 2009; Guillén-Sánchez et al., 2014). Su demanda es considerable en la industria alimentaria, cosmética y farmacéutica para reemplazar a los colorantes sintéticos, debido a su naturaleza química e inocuidad (Jing et al., 2007; Gorriti et al., 2009; Gullón et al., 2020).

Correlaciones entre caracteres

La Tabla 3 expresa las correlaciones obtenidas entre todos los rasgos fenotípicos relevados a campo en ambas generaciones de las familias endogámicas de maíz morado.

Tabla 3. Correlaciones entre rasgos agronómicos de familias endogámicas de maíz morado.

	¹ AP	AE	NH	DT	AH	LL	NE	LM	DM	NHil	NGH	P100	Rto
AP	1												
AE	0,9**	1											
NH	0,5**	0,47**	1										
DT	0,78**	0,73**	0,43**	1									
AH	0,65**	0,64**	0,28**	0,77**	1								
LL	0,63**	0,58**	0,24**	0,62**	0,65**	1							
NE	0,07	0,17*	-0,04	0,01	0,1	0,13	1						
LM	0,75**	0,7**	0,17	0,68**	0,5**	0,51**	0,06	1					
DM	0,73**	0,69**	0,22*	0,6**	0,46**	0,41**	-0,01	0,74**	1				
NHil	0,45**	0,39**	-0,01	0,37**	0,25*	0,22*	-0,23*	0,44**	0,67**	1			
NGH	0,63**	0,56**	0,15	0,57**	0,43**	0,3**	0,06	0,85**	0,72**	0,5**	1		
P100	0,53**	0,5**	0,27*	0,51**	0,38**	0,32**	0,29**	0,49**	0,57**	0,01	0,32**	1	
Rto	0,77**	0,74**	0,17	0,63**	0,43**	0,39**	0,21**	0,83**	0,79**	0,49**	0,77**	0,52**	1

Los asteriscos (* y **) indican correlaciones significativas ($p < 0,05$ y $p < 0,01$, respectivamente)

¹AP = altura de planta; AE = altura inserción de espiga principal; NH = número de hojas; DT = diámetro de tallo; AH = ancho de hoja; LL = longitud de la lámina; NE = número de espigas; LM = longitud de mazorca; DM = diámetro de mazorca; NHil = número de hileras por mazorca; NGH = número de granos por hilera; P100 = peso de 100 granos; Rto = rendimiento

Se obtuvieron correlaciones positivas entre AP con AE ($r = 0,9$, $p < 0,05$) y NH ($r = 0,5$, $p < 0,05$) (Tabla 3), entendiéndose que, a mayor altura de la planta, más alta se encuentra ubicada la espiga principal y mayor cantidad de hojas presentan. Esto puede deberse a relaciones morfológicas de la estructura propia de las plantas durante su desarrollo, como fue sugerido en otros estudios similares (Smith y Smith, 1989; Martínez et al., 2010).

Al analizar las relaciones entre los rasgos morfológicos de la planta con los de la mazorca, se observó que mayor AP se asoció a mayores LM ($r = 0,75$, $p < 0,05$) y NGH ($r = 0,63$, $p < 0,05$), lo que coincide con lo observado por Martínez et al. (2010) en poblaciones de maíces cubanos. Sin embargo, Cervantes-Ortiz et al. (2014) reportaron una relación inversa entre la altura de planta y la cantidad de granos por mazorca. Adicionalmente, el Rto correlacionó de manera positiva con todos los caracteres evaluados, salvo para NH que no presentó correlación significativa ($r = 0,17$, $p > 0,05$), a diferencia de los resultados obtenidos por Ordás (2008), quien determinó que el número de hojas está positivamente relacionado con el potencial

productivo en maíz. Se destacaron las variables asociadas a rasgos morfológicos de la mazorca por presentar una fuerte correlación con el Rto, como LM ($r= 0,83$, $p<0,05$), DM ($r= 0,79$, $p<0,05$) y NGH ($r= 0,77$, $p<0,05$) Asimismo, las fuertes correlaciones (Tabla 3) entre ellos sugieren que la morfología de las mazorcas se encuentra estrechamente asociada con los componentes del rendimiento, lo que resulta importante como criterio de selección indirecta. De igual manera, mazorcas de mayor longitud presentaron mayor diámetro ($r= 0,74$, $p<0,05$) derivando en mayor número de granos ($r= 0,85$, $p<0,05$). En consistencia con esto, San Vicente y Hallauer (1993) asumieron que el incremento en el rendimiento de grano estuvo asociado a un aumento significativo en el diámetro, la longitud y el número de hileras de las mazorcas.

Evaluación de poblaciones

En este trabajo, se compararon las poblaciones adaptadas sembradas en la primera fecha de siembra, y de manera separada, se realizó una comparación de las poblaciones introducidas sembradas en la segunda fecha. Tanto las poblaciones adaptadas como introducidas presentaron diferencias significativas ($p<0,05$) para los caracteres relevados (Tabla 4). La introducción de germoplasma de maíz a ambientes exóticos permite incrementar la diversidad genética existente, lo que es relevante para el mejoramiento genético (Ordás y Revilla, 2008). Dentro de las poblaciones introducidas, la población COL presentó estadísticamente los menores valores en rasgos de plantas adultas, mientras que las poblaciones B-bl, AQ y GR-R presentaron plantas más altas con mayor AE, NH y DT (Tabla 4).

En cuanto a las características de mazorca, la población P-RO presentó significativamente menor LM (5,7 cm) y NGH (10), mientras que la población P-AZ alcanzó el P100 estadísticamente mayor entre todas las poblaciones introducidas (31,84 g). Herrera-Cabrera et al. (2013) reportaron valores similares en caracteres relevados en mazorcas de poblaciones mexicanas. Consistentemente, otros trabajos encontraron marcadas diferencias entre genotipos, así como altos niveles de variación en los caracteres, asumiendo la existencia de diversidad genética en las variedades de maíz evaluadas (Santa Rosa et al., 2008; Ángeles-Gaspar et al., 2010).

Los valores de CV en las poblaciones adaptadas variaron entre 6,11 % y 19,69 % en los rasgos de plantas adultas y entre 7,74 % y 27,87 % en los de mazorcas. Por su parte, las poblaciones introducidas presentaron un mayor rango en los CV, tanto en las características de plantas adultas (entre 7,33 % y 35,78 %) como de las mazorcas (entre 8,33 % y 47,14 %). Los caracteres de la mazorca que presentaron mayores CV en los materiales introducidos fueron NGH en la población GR-R (47,14 %) y B-bl (46,84 %); P100 en P-MO (40,56 %) y P-AZ (31,66 %) y LM en B-bl (37,20 %) y P-AZ (36,34 %). En plantas adultas, se destacaron los CV de AE en las poblaciones P-AZ (35,78 %) y COL (34,70 %) (Tabla 4). Los mayores porcentajes de variación obtenidos en los rasgos de las poblaciones introducidas respecto a las adaptadas sugieren una mayor variabilidad intrapoblacional, probablemente debido a que son materiales exóticos evaluados por primera vez en el ambiente semiárido característico de nuestra zona. Supuestos similares fueron reportados por Álvarez (1995), quien al evaluar poblaciones de polinización abierta con elevada variabilidad genética intrapoblacional, atribuyó los elevados CV obtenidos a las diferencias entre plantas de la misma población.

Las poblaciones introducidas P-RO, P-AZ y P-MO, se destacaron por presentar el mayor desfase entre floración masculina (FM) y floración femenina (FF) (11, 14 y 15 días, respectivamente) en relación al resto de las poblaciones, tanto introducidas como adaptadas (Tabla 4). Algunos trabajos indicaron que la sincronía en la floración masculina y femenina se utiliza como un indicador de adaptación, de manera que un mayor periodo de asincronía floral en poblaciones de maíz indica un menor grado de adaptación al ambiente de selección (Salhuana et al., 1998). A su vez, se observó que la mayoría de las poblaciones adaptadas lograron alcanzar la floración días antes que los materiales introducidos (Tabla 4), sugiriendo un mayor grado de adaptabilidad al ambiente. Esto resulta favorable dado que se evitaría el riesgo de

daños por ocurrencia de heladas tempranas durante el ciclo y se aumentaría el periodo de llenado de grano, lo que concuerda a lo asumido por Ángeles-Gaspar et al. (2010) en cuanto a genotipos mejor adaptados a un ambiente. No obstante, la diferencia en las fechas en que fueron sembradas las poblaciones adaptadas e introducidas en este estudio, pudo haber contribuido también a las diferencias observadas en la sincronía floral, por lo que resultaría necesario sembrar todas las poblaciones en la misma época para establecer conclusiones más consistentes en cuanto a este carácter.

Los materiales introducidos pueden presentar cambios fenológicos y morfológicos como consecuencia de su dificultad a la adaptación, lo que agronómicamente puede resultar indeseable (Gómez-Espejo et al., 2015). Por lo tanto, en todo programa de mejora que incluya germoplasma exótico, no se debe ignorar que se produce una inevitable selección natural por adaptación (Ordás et al., 2008). En este trabajo, a pesar de las distintas fechas de siembra entre poblaciones, se observaron notables diferencias en algunas características productivas durante el ciclo entre materiales adaptados e introducidos, probablemente debido a una menor adaptación de estos últimos. Las poblaciones adaptadas presentaron mayores valores de prolificidad (entre 0,78 y 1) que las introducidas (entre 0,43 y 0,85). Consistentemente, los materiales adaptados presentaron mayor porcentaje de cosecha (entre 95 y 100 %) y menor proporción de plantas acamadas (entre 5 y 23 %) respecto a las poblaciones introducidas (entre 74 y 98 % de cosecha y entre 7 y 62 % de acame) (Tabla 4). Similares resultados fueron reportados en otros trabajos donde compararon materiales locales y exóticos (De Marchi y Biasutti, 1999; Gómez-Espejo et al., 2015).

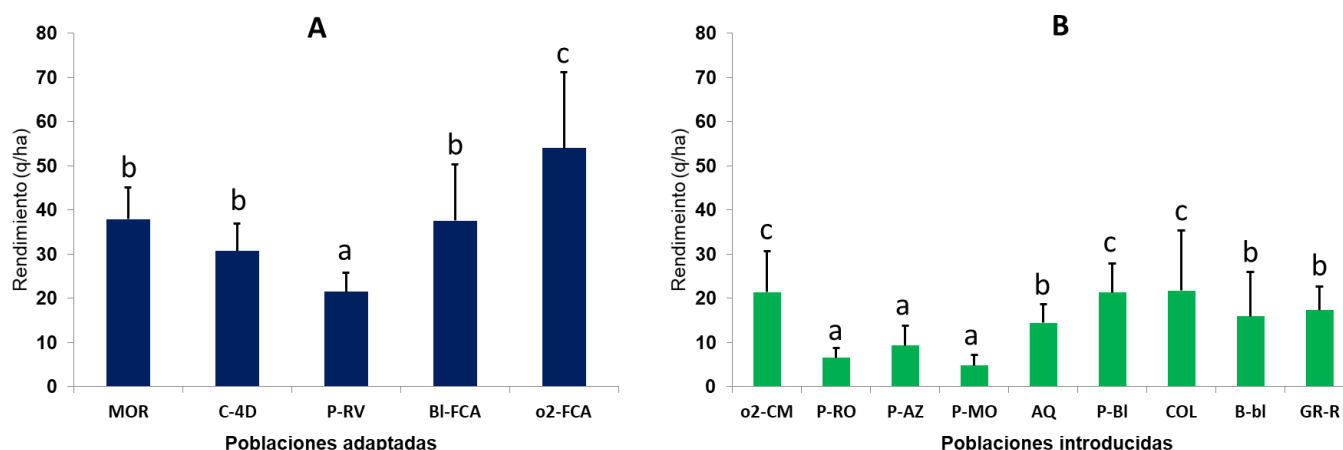


Figura 14. Rendimientos de las poblaciones. **A:** poblaciones introducidas sembradas en la primera fecha de siembra (26/12/2019). **B:** poblaciones adaptadas sembradas en la segunda fecha de siembra (04/01/2020). Valores seguidos por letras distintas son significativamente distintos ($p < 0,05$).

Al analizar los rendimientos, se obtuvieron diferencias significativas tanto entre poblaciones adaptadas como introducidas (Fig. 14). Las poblaciones adaptadas presentaron mayores rendimientos, donde la población o2-FCA mostró el valor máximo de 54 q ha^{-1} , mientras que P-RV presentó el valor mínimo con $21,5 \text{ q ha}^{-1}$ (Fig. 14 A). Por su parte, las poblaciones introducidas presentaron un valor mínimo de 5 q ha^{-1} para P-MO y un máximo de $21,8 \text{ q ha}^{-1}$ para la población COL (Fig. 14 B). Entre las poblaciones exóticas, P-RO, P-AZ y P-MO presentaron significativamente los menores rendimientos, destacándose además que estas tres poblaciones mostraron la mayor asincronía floral (Tabla 4). Rendimientos similares a los obtenidos en este trabajo fueron reportados en otros estudios llevados a cabo en poblaciones de maíz (Pérez et al., 2007; Gómez-Espejo et al., 2015). Estos resultados demuestran un distinto comportamiento *per se* de las poblaciones adaptadas e introducidas, a pesar de la diferencia en la fecha en que fueron sembradas. El grado de adaptación de los materiales está relacionado con su capacidad de sobrevivir y producir rendimientos razonables y de calidad aceptable (Stehli et al., 1999). Dado que el rendimiento es una medida de la capacidad reproductiva, se lo debe utilizar como un criterio de selección para la identificación de los mejores materiales (Hallauer et al., 2010).

Tabla 4. Caracteres agronómicos de poblaciones adaptadas e introducidas de maíces especiales (ciclo 2019/20).

		Poblaciones adaptadas (1° FS)					Poblaciones introducidas (2° FS)								
		¹ MOR	C-4D	P-RV	o2-FCA	BI-FCA	o2-CM	P-RO	P-AZ	P-MO	AQ	P-BI	COL	B-bi	GR-R
Planta adulta															
²AP (m)	Media	1,9 ^b	1,89 ^b	1,77 ^a	1,84 ^b	1,71 ^a	1,55 ^b	1,48 ^b	1,72 ^c	1,55 ^b	1,89 ^d	1,77 ^c	1,2 ^a	1,94 ^e	1,9 ^d
	CV (%)	14,91	12,86	12,3 ⁷	11,32	19,69	11,19	12,03	12,22	15,58	7,89	10,01	14,67	16,88	7,44
AE (m)	Media	0,94 ^c	0,97 ^c	0,85 ^b	0,84 ^b	0,73 ^a	0,65 ^b	0,52 ^b	0,58 ^b	0,8 ^c	0,98 ^d	0,78 ^c	0,43 ^a	1,09 ^d	1,03 ^d
	CV (%)	14,21	16,69	16,11	15,79	18,57	15,94	29,35	35,78	10,83	16,83	17,06	34,7	21,29	10,35
NH	Media	16,16 ^d	14 ^b	12,5 ^a	14,71 ^c	15,62 ^d	14,93 ^d	11,8 ^b	12 ^b	13,43 ^c	15,4 ^d	12,2 ^b	10,17 ^a	16,9 ^e	15 ^d
	CV (%)	6,11	9,52	9,88	6,81	7,6	9,46	11,19	11,79	8,44	9,52	7,33	9,67	7,66	9,85
DT (cm)	Media	1,68 ^b	1,56 ^b	1,46 ^a	1,82 ^c	1,74 ^c	1,53 ^a	1,35 ^a	1,76 ^b	1,83 ^c	1,79 ^b	1,71 ^b	1,53 ^a	2,02 ^c	2,4 ^c
	CV (%)	14,61	15,18	10,33	15,53	14,55	17,02	15,84	19,29	18,33	13,06	15,97	18,29	22,52	11,79
Mazorca															
LM (cm)	Media	13,78 ^c	10,89 ^b	11,46 ^b	11,74 ^b	9 ^a	9,92 ^c	5,7 ^a	7,43 ^b	7,33 ^b	8,44 ^c	12,18 ^d	12,5 ^d	8 ^b	7 ^b
	CV (%)	15,44	20,66	19,86	21,65	22,88	24,31	25,27	36,34	24,19	18,36	15,58	24,22	37,2	20,2
DM (cm)	Media	3,99 ^c	3,22 ^b	2,66 ^a	3,89 ^c	3,99 ^c	3,97 ^c	3,22 ^b	3,59 ^c	2,93 ^b	3,29 ^b	2,86 ^a	2,63 ^a	3,7 ^c	3,2 ^b
	CV (%)	9,73	12,75	7,74	16,92	9,85	21,93	8,33	16,14	17,49	15,11	11,09	16,57	9,58	17,68
NHil	Media	13,23 ^b	13,44 ^c	11,95 ^a	12,62 ^b	13,03 ^b	13,11 ^c	11,75 ^c	11,14 ^b	11,33 ^b	10,67 ^b	15,86 ^d	11,33 ^b	11,5 ^c	8 ^a
	CV (%)	14,85	20,92	15,9	17,23	14,25	9,39	14,53	20,35	10,19	14,06	11,56	26,96	15,42	23,6
NGH	Media	24,23 ^c	21,94 ^c	23,06 ^b	23,35 ^b	20,22 ^a	16,75 ^b	10 ^a	12,43 ^b	13 ^b	14,33 ^b	25,21 ^c	29,33 ^c	16,25 ^b	15 ^b
	CV (%)	21,19	23,21	21,43	27,87	27,72	29,69	26,33	32,47	25,38	30,61	16,25	25,59	46,84	47,14
P100 (g)	Media	23,42 ^b	14,37 ^a	12,61 ^a	25,4 ^b	23,86 ^b	25 ^d	27,98 ^d	31,84 ^e	18,02 ^c	22,66 ^c	9,87 ^a	11,71 ^b	25,32 ^d	28,35 ^d
	CV (%)	21,39	17,64	21,81	13,32	26,18	22,43	26,06	31,66	40,56	27,01	17,73	28,75	21,26	31,7
Ciclo															
FM (dds)		75	60	65	71	72	72	70	68	82	79	64	70	76	84
FF (dds)		83	69	75	79	76	78	81	82	97	84	70	79	84	92
Prolificidad		0,8	1	0,78	0,8	0,83	0,67	0,43	0,5	0,38	0,68	0,79	0,85	0,62	0,5
Cosecha (%)		100	95	100	100	98	98	79	74	80	89	91	78	83	75
Acame (%)		20	21	23	5	19	15	48	36	62	28	7	12	28	61

Valores seguidos por letras distintas en la misma columna son significativamente distintos ($p < 0,05$).

¹Se realizó la comparación de las poblaciones adaptadas sembradas en la primera fecha de siembra (26/12/2019), y de manera separada, se compararon las poblaciones introducidas sembradas en la segunda fecha (4/01/2020).

²FS = fecha de siembra; AP = altura de planta; AE = altura inserción de espiga principal; NH = número de hojas; DT = diámetro de tallo; LM = longitud de mazorca; DM = diámetro de mazorca; NHil = número de hileras por mazorca; NGH = número de granos por hilera; P100 = peso de 100 granos; FM = floración masculina; FF = floración femenina; dds = días desde siembra.

CONCLUSIONES

Los genotipos evaluados presentaron diferencias en su comportamiento agronómico en la zona de estudio, subsistiendo a pesar de las inclemencias climáticas ocurridas en ambos ciclos, como la caída de granizo en la campaña 2018/19 y una sequía generalizada en la zona en 2019/20. Además, la obligatoriedad del Aislamiento Social Preventivo y Obligatorio (ASPO) en 2020 tuvo ciertas implicancias en cuanto a las tareas agronómicas del cultivo.

En base a los resultados obtenidos de las familias endogámicas, el Rto presentó diferencias entre familias, tanto de la S1 como de la S2, con una notable disminución en esta última generación, y manifestando un considerable decrecimiento en los rasgos tanto de plantas adultas como de las mazorcas, así como un retraso en los días a floración. Esto puede atribuirse tanto a diferencias genéticas y efectos de la endocría, como a la influencia del ambiente. Estos avances contribuirán a la identificación de los mejores genotipos para continuar con el proceso de endocría de estos materiales.

Por su parte, se determinó que las poblaciones introducidas presentaron alta variabilidad para todos sus caracteres fenotípicos y diferente performance agronómica en relación con los materiales adaptados, a pesar de la diferencia en las fechas de siembra. Esto probablemente se deba a que fue la primera evaluación de estos genotipos en este ambiente. Sin embargo, para poder establecer conclusiones más consistentes, resultaría necesario en posteriores ciclos de evaluación, comparar todos los materiales sembrados en una misma fecha de siembra. Este trabajo presenta valiosos avances preliminares para mejorar los futuros ciclos de selección y evaluación, lo que determinará la adaptabilidad de estos genotipos en la zona semiárida de Córdoba. Asimismo, contribuirá a la selección de las mejores poblaciones, con el fin de desarrollar nuevas fuentes de germoplasma adaptadas, de importancia local y la posibilidad de llevar a cabo futuras investigaciones para la mejora aplicada del cultivo.

Como consideración final, este trabajo representó una instancia de crecimiento, tanto en lo personal como en lo académico, permitiendo la integración y transferencia de los conocimientos adquiridos a lo largo de nuestro paso por la FCA, que nos dio la oportunidad de acceder a las prácticas necesarias. Algo no menos importante, fue la formación de nuevas relaciones sociales que contribuyeron a nuestro proceso de aprendizaje y acompañamiento.

BIBLIOGRAFÍA

- Acquaah, G. (2012). Principles of Plant Genetics and Breeding. 2nd Edition. John Wiley & Sons, Ltd, USA. 758 pp.
- Adom K.K. and Liu R.H. (2002). Antioxidant activity of grains. Journal of Agricultural Food Chemistry, 50:6182–6187
- Allard, R. W. (1978). Principios de la mejora genética de las plantas. Barcelona. Omega. 498 pp.
- Álvarez, M. P. (1995). Diversidad Genética entre poblaciones de Polinización Abierta de Girasol. Tesis para optar el título profesional de Maestría en Mejoramiento Genético Vegetal. INTA-UNR. Argentina. 90 pp.
- Ángeles - Gaspar, E., Ortiz, T. E., López, P. A. y López, R.G. (2010). Caracterización y rendimiento de poblaciones de maíz nativas de Molcaxac, Puebla. Rev. Fitotec. Mex. 33:287-296.
- Arellano-Vázquez, J. L., Tut-Couh, C., Ramírez, A. M., Salinas-Moreno, Y. y Taboada Gaytán, O. R. (2003). Maíz azul de los valles altos de México. I. Rendimiento de grano y caracteres agronómicos. Revista Fitotecnia Mexicana, 26: 101 – 107.
- Arendt, E. K. and Emanuele, Z. (2013). Cereal grains for the food and beverage industries. Wood head Publishing Ltd. Elsevier. Cambridge, UK, 512 pp.
- Bernhardt, J., Stich, K., Sommer, Z. S., Saedler, H. and Wienand, U. (1998). Molecular analysis of a second functional A1 gene (dihydroflavonol 4-reductase) in Zea mays. The Plant Journal 14(4):483-488.
- Bolsa de Cereales. (2018). Anuario Meteorológico 2018. Red de Estaciones Meteorológicas del Departamento de Información Agroeconómica. Recuperado de https://es.scribd.com/document/336995943/Anuario-Meteorologico-2016#fullscreen&from_embed (17 de febrero de 2021).
- Bolsa de Comercio de Rosario. (2019). Exportaciones mensuales de maíz. Recuperado de: <https://www.bcr.com.ar/es/mercados/investigacion-y-desarrollo/informativo-semanal/noticias-informativo-semanal/un-record-de> (10 de enero de 2021).
- Bolsa de Comercio de Rosario. (2021). Informe de estimación mensual nacional para el ciclo 2020/21. Recuperado de: <https://www.bcr.com.ar/es/mercados/gea/estimaciones-nacionales-de-produccion/estimaciones> (10 de enero de 2021).
- Borrás, L. and Otegui, M. E. (2001). Maize kernel weight response to post flowering source–sink ratio. Crop Science, 49:1816-1822.
- Ceballos, L. H. (1998). Genética cuantitativa y Fitomejoramiento. Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. 524 pp.

- Cervantes-Ortiz, F., Gasca-Ortiz, M.T, Enriquez, E.A., Mendoza-Elos, M., Guevara-Acevedo, L.P., Vázquez-Moreno, F. y Rodríguez-Herrera, S. (2014). Densidad de población y 226 correlaciones fenotípicas en caracteres agronómicos y de rendimiento en genotipos de maíz. *Ciencia y Tecnología Agropecuaria México*, 2: 7-18.
- Ciampitti, I. (2018). Espigas anormales en maíz. Kansas State University Agricultural Experiment Station and Cooperative Extension Service.
- Cirilo, A. G., Actis, M., Andrade, F.H. and Valentinuz, O. R. (2011). Crop management affects dry-milling quality of flint maize kernels. *Field Crops Research* 140 - 150.
- Cone, K. C. (2007). Anthocyanin synthesis in maize aleurone tissue. *Plant Cell Monographs* 8: 121-139.
- Corcuera, V. (2012). Desarrollo y evaluación de nuevo germoplasma de maíz (*Zea mays* L.) para uso especial en Argentina. Tesis para optar el título profesional de Doctor Ingeniero Agrónomo. Universidad Politécnica de Valencia, departamento de Producción Vegetal, Valencia, España.
- Cravero, V., López Andino, F y Cointry, E. (2002). Efecto de una generación de endocria sobre caracteres vegetativos y productivos en dos estructuras familiares de alcaucil. *Horticultura Brasileira*, 20(3), 459-464.
- De la Cruz, L. E., Gutiérrez, R. E., Palomo, G.A. y Rodríguez H. S. A. (2003) Aptitud combinatoria y heterosis de líneas de maíz en la Comarca Lagunera. *Revista Fitotecnia Mexicana* 26: 279-284.
- DellaVecchia, P. T., Terenciano Sobrinho, P. and Terenciano, A. (1993). Breeding bush types of *C. moschata* with field resistance to PRSV-w. Maryland. *Cucurbit Genet. Coop.* 16:70 -71.
- Del Pozo-Insfran, D., Brenes, C. H., Serna Saldivar, S. O. and Talcott, S. T. (2006). Polyphenolic and antioxidant content of white and blue corn (*Zea mays* L.) products. *Food Research International*, 39:696–703.
- De Marchi, V. y Biasutti, C. A. (1999). Incidencia de la introgresión de germoplasma exótico en una población adaptada de maíz (*Zea mays* L.). *Agriscientia*, VOL XVI: 37-42.
- Di Rienzo, J., Guzmán, A., and Casanoves, F. (2002). A multiple comparison method based on the distribution of the root node distance of a binary tree. *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics*, 7:1-14.
- Duangpapeng, P., Lertrat, K., Lomthaisong, K., Scott, M. P. and Suriharn, B. (2019). Variability in anthocyanins, phenolic compounds and antioxidant capacity in the tassels of collected waxy corn germplasm. *Agronomy* 9(158): 1-12.
- Elverdín, J., Catalano, J., Cardozo, F., Ramilo, D., Tito, G., Cittadini, R., Giordano, G., Gómez, M., Paulizzi, C., Alcoba, D., Aradas, M., Braña, J., Bilbao, L., Cap, G., Dumrauf, S., Golsberg, C., López, A., Maggio, A., Marasas, M., Mazacotte, V., Prividera, G., Quiroga Mendiola, M., Setta, D., Rolón, N. y Videla, F. (2007). *La Pequeña Agricultura Familiar en Argentina: Problemas,*

oportunidades y líneas de acción. CIEA. Bs. As. Recuperado de: <http://agro.unc.edu.ar/~extrural/Elverdin.pdf> (15 de enero de 2021).

- Earle, F. R., Curtis, J. J., and Hubbard, J. E. (1946). Composition of the component parts of the corn kernel. *Cereal Chemistry*, 23:504-501.
- Espinosa, A., M.M. Sierra, y M.N. Gómez. (2003). Producción y tecnología de semillas mejoradas de maíz por el INIFAP en el escenario sin la PRONASE. *Agron. Mesoam.* 14:117-121.
- Espinosa Trujillo, E., Gámez Vázquez, A. J., Dorantes González, J. R. A., Avila Perches, M. A., Castro Montes, I., Núñez Colín, C. A., Hernández Caldera, R. E. y Gámez Vázquez, F. P. (2012). *Bioquímica y Genética de las Antocianinas del Grano de Maíz*. México. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias Centro de Investigación Regional Centro Campo Experimental Bajío.
- Espinosa Trujillo, E., Mendoza Castillo, M. del C., Castillo González, F., Ortiz Cereceres, J., Alvarado Delgado, A. and Carrillo Salazar, A. (2009). Anthocyanin accumulation in pericarp and aleuron layer of maize and their genetic effects on native pigmented varieties. *Rev. Fitotec. Mex.* Vol. 32 (4): 303 - 309.
- Eyhérabide, G. H. (2015). *Bases para el manejo del cultivo de maíz*. INTA Pergamino, Buenos Aires, Argentina. 299 pp.
- Eyherabide, G. H., and Hallauer, A. R. (1991). Reciprocal full-sib recurrent selection in maize: I. Direct and indirect responses. *CropSci.* 31: 952-959.
- Falconer, D. S. and Mackay, T. F. (1996). *Introduction to quantitative genetics*. 4ed. Longman, Essex England.
- FAO. 1997. *El maíz blanco: un grano alimentario tradicional en los países en desarrollo*. Disponible en <http://www.fao.org/3/a-w2698s.pdf> (02 de abril de 2017, 19:00 hs).
- Fujii, K. and Kuwada, Y. (1916). On the composition of factorial formula forzygotes in the study of inheritance of seed characters of *Zea mays* L. with notes on seed pigments. *The Botanical Magazine* 30 (351):83-88.
- Gamarra, M. B., Chávez Cabrera, A., Sevilla Panizo, R. y Narro León, T. (2004). XX Reunión Latinoamericana de Maíz. Lima, Perú. INIAP – Estación experimental Santa Catalina.
- Gear, J. R. 2010. *El cultivo del maíz en la Argentina*. Recopilación de Revista ILSI Argentina. Extraído de *Maíz: Cadena de Valor Agregado. Alternativas de transformación e industrialización*. PRECOP II. INTA.
- Ghida Daza, C. y Sánchez, C. (2009). *Zonas Agroeconómicas Homogéneas Córdoba*. INTA Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina. 268 pp.
- Gómez Espejo, A. L., Molina Galán, J. D., García Zavala, J. J., Mendoza Castillo, M. del C. y de la Rosa Loera, A. (2015). Poblaciones exóticas originales y adaptadas de maíz. I: variedades locales de clima templado x variedades tropicales. *Revista fitotecnia mexicana*, 38(1), 57-66.

- Gorriti, A., Quispe, F., Arroyo, J., Cordova, A., Jurado, B., Santiago, I. y Taype, E.. (2009). Extracción de antocianinas de las corontas de *Zea mays* L. «maíz morado». *Ciencia e Investigación* 12(2): 64-74.
- Guillén-Sánchez, J., Mori-Arismendi, S. y Paucar-Menacho, L. (2014). Características y propiedades funcionales del maíz morado (*Zea mays* L.) var. subnigroviolaceo. *Scientia Agropecuaria* 5: 211-217.
- Gullón, P., Eibes, G., Lorenzo, J. M., Pérez Rodríguez, N., A Lú-Chau, T. and Guillón, B. (2020). Green sustainable processes to revalorize purple corn cobs within a biorefinery frame: Co-production of bioactive extracts. *Science of The Total Environment* 709: 136236.
- Hallauer, A. R. (2001). *Specialty Corns*, 2nd Ed. CRC Press: Boca Raton, FL.
- Hallauer A. R., Carena M. J. and Miranda F. J. B. (2010) *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. Springer, New York, USA. 663 p.
- Hallauer, A. R. and Carena, M. J. (2012). Recurrent selection methods to improve germplasm in maize. *Maydica*, 57:266-283.
- Hallauer, A. R. and Miranda, F. J. B. (1981). *Quantitative genetics in maize breeding*. Iowa: The Iowa State University. 468 p.
- Herrera-Cabrera, E. B., Castillo-González, F., Ortega-Pazkca, R. A. y Delgado-Alvarado A. (2013). Poblaciones superiores de la diversidad de maíz en la región oriental del estado de México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 36: 33 – 43.
- Hiorth, G. (1985). *Genética Cuantitativa I: Fundamentos Biológicos*. Univ. Nac. de Córdoba, Facultad de Ciencias Agropecuarias. Ed. Hemisferio Sur. ISBN: 950-43-0675-6, 486 págs.
- Hoffbeck, M.D., Openshaw, S.J., Geadelmann, J.L., Peterson, R.H. and Stuthman, D.D. (1995). Backcrossing and intermating in an exotic x adapted cross of maize. *CropSci* 35: 1359–1364.
- Hurtado, S. A. (1972). Obtención de las primeras líneas S3 de maíz en la Escuela de Agricultura de la Universidad de Guadalajara. Tesis para optar el título profesional de Ingeniero Agrónomo. Universidad de Guadalajara, Escuela de Agricultura, Guadalajara, México.
- INASE. (2018). Instituto Nacional de Semillas. Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca. <https://www.argentina.gob.ar/inase>. Revisado 12 Noviembre 2020.
- Jansen, R. C. and Jansen, J. (1990). On the selection for specific genes by single seed descent. *Euphytica* 51 (2): 131-140.
- Jing, P. and Giusti, M. M. (2007). Effects of extraction conditions on improving the yield and quality of an anthocyanin-rich purple corn (*Zea mays* L.) color extract. *Journal Food Science* 72(7): 363-368.
- Jones, D.F. (1937). Continued inbreeding in maize. *Genetics* 24: 462-473.

- Kutka, F. 2011. Open-Pollinated vs. HybridMaizeCultivars. *Sustainability*, 3: 1531-1554
- MAIZAR. (2011). Maíz y Nutrición: Informe sobre los usos y las propiedades nutricionales del maíz para la alimentación humana y animal (2). Recuperado de: <http://www.maizar.org.ar/documentos/ilsi%20maizar.pdf> (10 de enero de 2021).
- MAIZAR. (2013). La cadena del maíz y las oportunidades para desarrollo en Argentina. Recuperado de: <http://www.maizar.org.ar/vertext.php?id=425> (10 de enero de 2021).
- Mansilla, P. S., Oronel, J., González, L. y Nazar, M. (2014). Prácticas y estrategias para la producción, multiplicación y difusión de semillas de maíces especiales: Transferencia al IPEA N° 233 Agustín Tosco. Facultad de Ciencias Agropecuarias.
- Mansilla, P. S. (2018). Evaluación del valor nutricional de maíces especiales (*Zea mays* L.): selección para calidad agroalimentaria. Tesis de Doctorado, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.
- Mansilla, PS., Nazar, MC. and Pérez, GT. (2017). Comparison of flourstarchproperties in half-sibfamilies of opaque-2 maize (*Zea mays* L.) from Argentina. *Cereal Chemistry*, 94 (6):942-949. DOI: <https://doi.org/10.1094/CCHEM-04-17-0070-R>
- Mansilla, PS., Nazar, MC and Pérez, GT. (2019). Evaluation and comparison of proteincomposition and quality in half-sibfamilies of opaque-2 maize (*Zea mays* L.) from Argentina. *Agriscientia*, 36: 39-53. DOI: 10.31047/1668.298x.v36.n1.2268.
- Mansilla, P.S., Nazar, M.C. and Pérez, G.T. (2020). Flourfunctionalproperties of purplemaize (*Zea mays* L.) from Argentina. Influence of environmentalgrowingconditions. *International Journal of BiologicalMacromolecules*, 146: 311-319. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2019.12.246>
- Mansilla PS, Bongianino NF, Nazar MC and Pérez GT. (2021). Agronomic and chemicaldescription of open-pollinatedvarieties of opaque-2 and purplemaize (*Zea mays* L.) adaptedtosemiaridregion of Argentina. *GeneticResources and CropEvolution*. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-021-01133-4>
- Martínez, M., Ortiz, R., Ríos, H. y Acosta, R. (2010). Análisis de las correlaciones en poblaciones cubanas de maíz. *Cultivos Tropicales*, 31:82-91.
- Mas, M.T., Bosch, L., Casanas, F., Valero, J. and Nuez, F. (1998). Semioxoticpopulation of corn Mo17xAcross 8443 La Posta as a base forforagebreeding. *Maydica* 43: 291–300.
- Mertz, E.T., Bates, L.S., and Nelson, O.E., (1964). Mutant gene thatchangesproteincomposition and increaseslysinecontent of maizeendosperm. *Science*, 145:279–280.
- Ministerio de hacienda. (2019). Informes de cadena de valor. Recuperado de: https://www.argentina.gob.ar/sites/default/files/sspmicro_cadenas_de_valor_maiz.pdf (10 de enero de 2021).

- Nazar, M.C. y Quiroga, N. Colaboradores: Mansilla, P.; Camiletti, B.; CraveroBanegas, M.; Perrachione, M. (2012). Maíces Especiales: Saberes y Sabores. Ed. Universidad Nacional de Córdoba. 62 pp.
- Nazar, M. C., Santiago, A., Mansilla, P. S., Quiroga, N., Biasutti, C., de la Torre, V., Pérez, G., Casas, M. E., CraveroBanegas, M., Rodríguez, V., Giordano, A., Rodríguez, N., Aimar, B., Uranga, J., Cingolani, M., y Volonte, M. (2014). Agricultura, Alimentación, Nutrición: Estrategias de seguridad alimentaria, para el desarrollo local y sustentable en las escuelas rurales periurbanas cordobesas. Proyecto subsidiado por Secretaría de Extensión Universitaria. Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.
- Nazar, M. C. y Mansilla, P. S. (2016). Crean la primera variedad de maíz morado adaptada en Córdoba, Argentina. Portal UNCiencia de la Agencia universitaria de comunicación de la ciencia, el arte y la tecnología. Recuperado de: <http://www.unciencia.unc.edu.ar/2016/junio/crean-la-primer-variedad-de-maizmorado-adaptada-en-argentina> (20 de enero de 2021).
- Lima, M. (1982). Introduction of maize (*Zea mays* L.) germplasms as sourcefordownymildew (*Peronosclerosporasorghii*) resistance. *Maydica* 27: 159-168.
- Ordás, B. y Revilla, P. (2008). La incorporación de germoplasma exótico. Pontevedra. 24 pp.
- Ordas, B., Butron, A., Alvarez, A., Revilla, P. y Malvar, R. A. (2012). Comparison of twomethods of reciprocalrecurrentselection in maize (*Zea mays* L.). *Theoretical and AppliedGenetics*, 124:1183–1191.
- Pedrol H., Castellarín, J. M., Salvagiotti, F. (2004).Importancia del maíz en la rotación de los cultivos. *Sustentabilidad y Diversificación de Riesgos Productivos. IDIA XXI* 6(4): 141-146.
- Pérez, C. A. A., Molina, G. J. D., Martínez, G. A., García, M. P. y Reyes, L. D. (2007). Selección masal para la adaptación a clima templado de razas tropicales y sub-tropicales de maíz de México. *Bioagro*. 19(3):133-141.
- Pixley, K. V. (2006). Hybrid and Open-PollinatedVarieties in Modern Agriculture. En: *PlantBreeding: TheArnel R. Hallauer International Symposium*. Lamkey, K. R; Lee, M., (eds.). Blackwell Publishing, USA, pp. 234-250.
- Rossi D. (2007). Evolución de los cultivares de maíz utilizados en la Argentina. *Revista Agromensajes de la Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario*. Recuperado de <http://www.fcagr.unr.edu.ar/Extension/Agromensajes/22/1AM22.htm> (14 de enero de 2021).
- Salhuana, W., Pollak, L., Ferrer, M., Paratori, O. and Vivo, G. (1998). BreedingPotential of MaizeAccessionsfrom Argentina, Chile, USA and Uruguay. *CropScience* 38:866-872.
- Salinas-Moreno, Y., García, C., Coutiño, B. y Vidal, V. (2013). Variabilidad en contenido y tipos de antocianinas en granos de color azul/morado de poblaciones mexicanas de maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 36: 285-294.

- San Vicente, F. M. and Hallauer, A. R. (1993). Mass selection for adaptation in Antigua maize (*Zea mays* L.) Composite. *J. Iowa Acad. Sci.* 100: 9-12.
- Santa Rosa, R., Gil Muñoz, A., Santacruz Varela, A., Miranda Colín, S. y Córdova Téllez, L. (2008). Diversidad morfológica de maíces nativos del Valle de Puebla. *Agricultura Técnica en México*, vol. 34, núm. 2, abril-junio, 2008, pp. 189-200.
- Smith, J. S. and Smith, O. S. (1989). The description and assessment of distance between inbred lines of maize: I. The use of morphological traits as descriptors. *Maydica*, 34:141-150
- Soto-Vaca A., Gutiérrez, A., Losso J. N., Xu Z. and Finley J. W. (2012). Evolution of phenolic compounds from color and flavor problems to health benefits. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 60:6658-6677.
- Springer, N. M. and Stupar, M. R. (2007). Allelic variation and heterosis in maize: How do two halves make more than a whole?. *Genome Research* 17:264-275.
- Stehli, A., Soldati, A. and Stamp, P. (1999). Vegetative performance of tropical highland maize (*Zea mays* L.) in the field. *J. Agron. Crop Sci.* 183: 193–198.
- Urias-Lugo, D. A., Heredia, J. B., Muy-Rangel, M. D., Valdez-Torres, J. B., Serna-Saldívar, S. O. and Gutiérrez-Urbe, J. A. (2015). Anthocyanins and phenolic acids of hybrid and native blue maize (*Zea mays* L.) extracts and their antiproliferative activity in Mammary (MCF7), Liver (HepG2), Colon (Caco2 and HT29) and Prostate (PC3) Cancer Cells. *Plant Foods for Human Nutrition*, 70:193-199.
- Vallejo, C. F. y Gil, V. O. (1998). Efecto de la endocría sobre algunos caracteres agronómicos del zapallo, *Cucurbitamoschata* Poir. *Acta Agronómica*. 48:46 - 50.
- Vianna, R. T., Gama, E. E. G., Naspolini, Filho V., Môro, J. R. and Vencovsky, R. (1982). Inbreeding depression of several introduced populations of maize (*Zea mays* L.). *Maydica* 27:151-157.
- Vivek B.S., Krivanek A. F., Palacios Rojas N., Twumasi-Afriyie S. y Diallo A. O. (2008). Mejoramiento de maíz con calidad de proteína (QPM): Protocolos para generar variedades QPM. CIMMYT. México, 56 pp.
- Zhang, F. and Peterson, T. (2005). Comparisons of maize *Pericarp color1* alleles reveal paralogous gene recombination and an organ-specific enhancer region. *The Plant Cell* (17): 903–914.