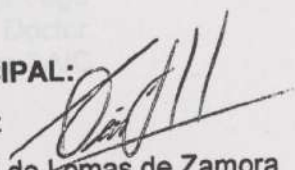


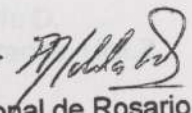
COMITÉ CONSEJERO

CONSEJERO PRINCIPAL:

César G. López 

Ing. Agrónomo, Universidad Nacional de Lomas de Zamora
Ph.D., Oregon State University, EEUU

CONSEJERO:

Ana Rosa Schlatter 

Ing. Agrónoma, Universidad Nacional de Rosario
M.Sc. en Genética Vegetal, Universidad Nacional de Rosario

CONSEJERO:

María E. Otegui

Ing. Agrónoma, Universidad de Buenos Aires
Dr., Université Paris XI-UFR Scientifique d'Orsay

INDICE GENERAL

	PAGINA
CAPITULO 0	
0.1. FOLIO DE TABLAS	VI
0.2. LISTA DE FIGURAS	X
DECLARACION	XII
AGRADECIMIENTOS	XIII
RESUMEN	XIV
ABSTRACT	XV
JURADO DE TESIS	
CAPITULO 1: INTRODUCCION GENERAL	
1.1. PRESENTACION DEL PROBLEMA	1
1.2. MOTIVACION	1
1.3. CARACTERISTICAS DE LOS MARCADORES MOLECULARES	2
1.4. OBJETIVO GENERAL	2
1.5. HIPOTESIS	2
1.6. JUSTIFICACION	2
1.7. RELEVANCIA	2
1.8. ASESORAMIENTO	2
1.9. HIPOTESIS	2
CAPITULO 2: CARACTERIZACION DE POBLACIONES MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES Y METODOS BIOMETRICOS	
2.1. INTRODUCCION	3
2.2. MATERIALES Y METODOS	3
2.2.1. Materiales	3
2.2.2. Métodos	3
2.2.3. Caracterización de las poblaciones	3
2.2.4. Análisis estadístico	10
2.3. CONDICIONES AMBIENTALES	13
2.4. RESULTADOS	13
2.5. ASERACION DE LAS VARIETADES LOCALES A GRUPOS GENETICOS	15
2.6. DISCUSION	16
CAPITULO 3: CARACTERIZACION DE VARIETADES LOCALES MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES	
3.1. INTRODUCCION	18
3.2. MATERIALES Y METODOS	18
3.2.1. Materiales	18
3.2.2. Caracterización de las poblaciones	18
3.2.3. Estrategia del ADN	18
3.2.4. Amplificación del ADN	18
3.2.5. Análisis del ADN	18
3.2.6. Análisis de datos	18
3.3. RESULTADOS	18
3.4. DISCUSION	18
3.4.1. Caracterización genética entre y dentro de las poblaciones	18
3.4.2. Relación entre las variedades locales y las líneas comerciales	18

Fecha de aprobación de la tesis: 9 de diciembre de 2009

**EVALUACIÓN DE VARIEDADES LOCALES DE MAÍZ (*Zea mays* L.) EN
RELACIÓN CON DISTINTOS GRUPOS HETERÓTICOS UTILIZANDO
CARACTERES BIOMÉTRICOS Y MOLECULARES**

Carla DELUCCHI

Ingeniera Agrónoma

Universidad Nacional del Sur (1999)

Magister de la Universidad de Buenos Aires, área: Producción Vegetal
Escuela para Graduados Alberto Soriano
Convenio Facultad de Agronomía . UBA
Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)

ÍNDICE GENERAL

Contenido	Página
ÍNDICE DE TABLAS	VI
ÍNDICE DE FIGURAS	IX
DECLARACIÓN	X
ABREVIATURAS UTILIZADAS	XI
RESUMEN	XII
ABSTRACT	XIII
CAPÍTULO 1: INTRODUCCIÓN GENERAL	1
1.1. PRESENTACIÓN DEL PROBLEMA	1
1.2. HETEROSIS Y GRUPOS HETERÓTICOS	1
1.3. CARACTERIZACIÓN MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES	2
1.4. OBJETIVO GENERAL	4
1.4.1. Objetivos específicos	4
1.5. HIPÓTESIS	5
CAPÍTULO 2: CARACTERIZACIÓN DE POBLACIONES MEDIANTE CARACTERES AGRONÓMICOS Y MÉTODOS BIOMÉTRICOS	6
2.1. INTRODUCCIÓN	6
2.2. MATERIALES Y MÉTODOS	6
2.2.1. Germoplasma utilizado	6
2.2.2. Experimentos y mediciones realizadas	9
2.2.3. Caracteres evaluados	9
2.2.4. Análisis de datos	10
2.3. CONDICIONES AMBIENTALES	12
2.4. RESULTADOS	13
2.5. ASIGNACIÓN DE LAS VARIEDADES LOCALES A GRUPOS HETERÓTICOS	30
2.6. DISCUSIÓN	32
CAPÍTULO 3: CARACTERIZACIÓN DE VARIEDADES LOCALES MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES	38
3.1. INTRODUCCIÓN	38
3.2. MATERIALES Y MÉTODOS	38
3.2.1. Material vegetal	38
3.2.2. Germinación de las muestras	39
3.2.3. Extracción del ADN	39
3.2.4. Amplificación del ADN	39
3.2.5. Análisis del ADN	40
3.2.6. Análisis de datos	40
3.3. RESULTADOS	41
3.4. DISCUSIÓN	48
3.4.1. Diversidad genética entre y dentro de las poblaciones	48
3.4.2. Relación entre las variedades locales y las líneas probadoras	49
CAPÍTULO 4: RELACION ENTRE LOS PARAMETROS BIOMÉTRICOS Y MOLECULARES	51
4.1. INTRODUCCIÓN	51

4.2. RESULTADOS	51
4.3. DISCUSIÓN	52
CAPÍTULO 5: CAPÍTULO FINAL	55
5.1. DISCUSIÓN GENERAL	55
5.1.1. Potencial de las variedades locales evaluadas	55
5.1.2. Utilización de marcadores moleculares en la asignación de las poblaciones a grupos heteróticos	55
5.1.3. Utilización conjunta de datos biométricos y moleculares	55
5.2. ESTRATEGIAS DE UTILIZACIÓN DEL GERMOPLASMA EVALUADO E INVESTIGACIONES FUTURAS	56
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	58
APÉNDICE	63

ÍNDICE DE TABLAS

Contenido	Página
Tabla 1. Poblaciones de maíz participantes en el estudio.	8
Tabla 2. Mediciones realizadas, indicando con X los sitios experimentales donde se efectuaron. P: Pergamino; F: Ferré; LdZ: Lomas de Zamora, SI: Santa Isabel.	10
Tabla 3. Medias de rendimiento en grano de los cruzamientos variedad local x línea probadora, híbridos de referencia y cultivares testigo a través de 8 ambientes (Pergamino I y Pergamino II, ambos en 2005/06 y 2006/07; Ferré 2005/06; Lomas de Zamora 2005/06 y 2006/07; Santa Isabel 2005/06).	15
Tabla 4. Análisis de Varianza Combinado de los cruzamientos variedad local x línea probadora, híbridos entre las líneas e híbridos testigo comerciales para rendimiento en grano (kg ha^{-1}) a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II 2005/06, Ferré 2005/06, Lomas de Zamora 2005/06, Santa Isabel 2005/06, Pergamino I y Pergamino II 2006/07, Lomas de Zamora 2006/07).	16
Tabla 5. Análisis Dialélico Parcial Combinado a través de ocho ambientes (Pergamino I y Pergamino II 2005/06, Ferré 2005/06, Lomas de Zamora 2005/06, Santa Isabel 2005/06, Pergamino I y Pergamino II 2006/07, Lomas de Zamora 2006/07) para rendimiento en grano (kg ha^{-1}).	17
Tabla 6. Efectos de A.C.G. de las variedades locales (Grupo I) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para rendimiento en grano (kg ha^{-1}). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Ferré 2005/06, A4: Lomas de Zamora 2005/06, A5: Santa Isabel 2005/06, A6: Pergamino I 2006/07, A7: Pergamino II 2006/07, A8: Lomas de Zamora 2006/07.	18
Tabla 7. Efectos de A.C.G. de las líneas probadoras (Grupo II) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para rendimiento en grano (kg ha^{-1}). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Ferré 2005/06, A4: Lomas de Zamora 2005/06, A5: Santa Isabel 2005/06, A6: Pergamino I 2006/07, A7: Pergamino II 2006/07, A8: Lomas de Zamora 2006/07.	18
Tabla 8. Efectos de A.C.E. de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II 2005/06, Ferré 2005/06, Lomas de Zamora 2005/06, Santa Isabel 2005/06, Pergamino I y Pergamino II 2006/07, Lomas de Zamora 2006/07) para rendimiento en grano (kg ha^{-1} , se presentan los valores mayores).	19
Tabla 9. Matriz de Correlación fenotípica entre el rendimiento (Rend) y sus componentes, longitud de espiga (Lesp), diámetro de espiga (Desp), número de hileras (Hil), peso de grano individual (PG) y número de granos por metro cuadrado (NG m^{-2}) a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06 y 2006/07, Ferré 2005/06).	20
Tabla 10. Efectos de A.C.G. de las variedades locales (Grupo I) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para número de granos por metro cuadrado. A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Ferré 2005/06, A4: Pergamino I 2006/07, A5: Pergamino II 2006/07.	21
Tabla 11. Efectos de A.C.G. de las líneas probadoras (Grupo II) en	

cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para número de granos por metro cuadrado. A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Ferré 2005/06, A4: Pergamino I 2006/07, A5: Pergamino II 2006/07.	21
Tabla 12. Efectos de A.C.E. de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06 y 2006/07, Ferré 2005/06) para número de granos por metro cuadrado (se presentan los valores mayores).	22
Tabla 13. Efectos de A.C.G. de las variedades locales (Grupo I) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para altura de inserción de la espiga principal (cm). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07, A4: Pergamino II 2006/07.	23
Tabla 14. Efectos de A.C.G. de las líneas probadoras (Grupo II) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para altura de inserción de la espiga principal (cm). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07, A4: Pergamino II 2006/07.	23
Tabla 15. Efectos de A.C.G. de las variedades locales (Grupo I) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para altura de planta (cm). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07, A4: Pergamino II 2006/07.	24
Tabla 16. Efectos de A.C.G. de las líneas probadoras (Grupo II) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para altura de planta (cm). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07, A4: Pergamino II 2006/07.	24
Tabla 17. Efectos de A.C.G. de las variedades locales (Grupo I) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para ciclo hasta 50% de antesis (°Cd). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07.	26
Tabla 18. Efectos de A.C.G. de las líneas probadoras (Grupo II) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para ciclo hasta 50% de antesis (°Cd). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07.	26
Tabla 19. Efectos de A.C.G. de las variedades locales (Grupo I) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para ciclo hasta 50% de emisión de estigmas (°Cd). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07.	27
Tabla 20. Efectos de A.C.G. de las líneas probadoras (Grupo II) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para ciclo hasta 50% de emisión de estigmas (°Cd). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07.	27
Tabla 21. Efectos de A.C.G. de las variedades locales (Grupo I) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para intervalo antesis . aparición de estigmas (°Cd). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07.	28
Tabla 22. Efectos de A.C.G. de las líneas probadoras (Grupo II) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para intervalo antesis . aparición de estigmas (°Cd). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07.	22
Tabla 23. Análisis de varianza corregido por número de repeticiones del análisis AMMI, para rendimiento en grano.	31
Tabla 24. Medias de las variedades locales seleccionadas a través de	

ambientes y líneas probadoras para ciclo hasta antesis (GDM), número de granos por metro cuadrado (NG m ²), altura de inserción de la espiga principal (Aesp), porcentaje de quebrado (Q), y rendimiento en grano. Las poblaciones se definieron en función del análisis AMMI para rendimiento en grano de los cruzamientos variedad local x línea probadora y de la media a través de ambientes.	37
Tabla 25. Estadísticos de variabilidad genética calculados a través de todos los loci analizados para cada población.	43
Tabla 26. Distancias genéticas de Prevosti entre las poblaciones y las líneas probadoras.	44
Tabla 27. Análisis de la varianza molecular de las 15 poblaciones analizadas.	45

ÍNDICE DE FIGURAS

Contenido	Página
Fig. 1. Evolución de la temperatura media diaria y radiación solar en dos campañas del cultivo, 2005/06 y 2006/07, en Pergamino. Los datos están representados en función del tiempo térmico desde siembra (temperatura base 8°C). Las líneas llenas corresponden a 2005/06 y las punteadas a 2006/07. La barra horizontal indica el período medio de floración.	13
Fig. 2. Distribución de frecuencias de rendimiento en grano de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de 8 ambientes. Prom.: Promedio, H. ref.: Híbrido de referencia, T. com.: Testigo comercial.	14
Fig. 3. Relación entre el número de granos por metro cuadrado y el ASI (°Cd) para los cruzamientos variedad local x línea probadora, por ambiente (Amb.1: Pergamino I 2005/06, Amb. 2: Pergamino II 2005/06; Amb. 3: Pergamino I 2006/07).	29
Fig. 4. Biplot del análisis AMMI de las 15 variedades locales y 5 líneas probadoras para rendimiento en grano a través de ambientes.	31
Fig. 5. Dendrograma a partir del Análisis de Cluster jerárquico de mínima varianza de Ward de las quince poblaciones según sus valores para las tres primeras componentes principales de la interacción variedad local x línea probadora del análisis AMMI a través de ambientes para rendimiento en grano.	32
Fig. 6. Bandas observadas de dos microsátélites (bnlg 439, phi 080), en cuatro de las poblaciones analizadas (ARZM06020, ARZM16064, ARZM02023, ARZM03014).	42
Fig. 7. Gráficos de perfiles promedios para las medidas de variabilidad genética calculadas en las 15 poblaciones y las 5 líneas probadoras. P1 . P15: N° de población según descripción en Tabla 1.	45
Fig. 8. Gráfico del Análisis de Coordenadas Principales de las quince poblaciones y las cinco líneas probadoras basado en la distancia genética de Prevosti. PC1 y PC2 son la primera y segunda coordenadas principales, respectivamente.	46
Fig. 9. Análisis de Cluster jerárquico con criterio de encadenamiento UPGMA de las quince poblaciones analizadas <i>per se</i> a partir de la matriz de distancias genéticas de Prevosti.	47
Fig. 10. Configuración consenso a partir del Análisis de Procrustes Generalizados entre distancias genéticas de las poblaciones y similitudes estimadas a partir de los parámetros biométricos.	51

DECLARACIÓN

Declaro que el material incluido en esta tesis es, a mi mejor saber y entender, original, producto de mi propio trabajo (salvo en la medida en que se identifique explícitamente las contribuciones de otros), y que este material no lo he presentado, en forma parcial o total, como una tesis en ésta u otra institución.+

Ing. Agr. Carla Delucchi

ABREVIATURAS UTILIZADAS

Abreviatura	Significado
ACG	Aptitud combinatoria general
ACE	Aptitud combinatoria específica
ACoP	Análisis de Coordenadas Principales
ADN	Ácido desoxirribonucleico
AMB	Ambiente
AMMI	Modelos de efectos principales aditivos y multiplicativos de interacción
ASI	Intervalo antesis- <i>silking</i> (aparición de estigmas)
AMOVA	Análisis molecular de varianza
ANOVA	Análisis de varianza
BLUP	Mejor predictor lineal insesgado (<i>Best linear unbiased prediction</i>)
CIMMYT	Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo
CV	Coefficiente de variación
D	Diversidad genética
dNTP	Desoxi-nucleótido tri-fosfato
DG	Distancia genética
DMS	Diferencia Mínima Significativa
EEA	Estación Experimental Agropecuaria
GDF	Ciclo hasta 50% de emisión de estigmas
GDM	Ciclo hasta 50% de antesis
°Cd	Grado centígrado día
HPM	Heterosis padre medio
HPMP	Heterosis panmítica del padre medio
INTA	Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria
MBD	Matriz básica de datos
MRD	Distancia Modificada de Roger
PCR	Reacción de amplificación
PIC	Contenido de información polimórfica
QTL	Loci de caracteres cuantitativos
SSRs	Repeticiones de secuencias simples
TRAT	Tratamiento
UPGMA	Método insesgado de la media (<i>Unweighted pair-group method using arithmetic averages</i>)

RESUMEN

La diversidad genética del maíz (*Zea mays* L.) es un recurso natural de valor estratégico, que cumple una función fundamental en el continuo mejoramiento genético del cultivo. La explotación de las variedades locales no ha alcanzado una utilización relevante en los programas de mejoramiento de Argentina (Eyhérbide y González 1997). Con el fin de establecer el potencial de mejoramiento de quince variedades locales pertenecientes al Banco de Germoplasma de la EEA INTA Pergamino, se evaluó su comportamiento agronómico, en cruzamientos con líneas representativas de distintos grupos heteróticos. Paralelamente, se caracterizaron las variedades locales *per se* mediante marcadores microsatélites. A partir de ambos tipos de información, los efectos de habilidad combinatoria de los caracteres agronómicos y las distancias genéticas, se asignaron las poblaciones evaluadas a distintos grupos heteróticos. Algunas de ellas demostraron alto potencial para ser incorporadas al germoplasma actualmente en uso en los programas de mejora. Como resultado, se sugiere la formación de los siguientes grupos heteróticos: ARZM03014 - ARZM16008, que revelaron buen comportamiento en combinación con las líneas flint locales; ARZM16064 - ARZM01042 - ARZM14103 - ARZM18017, que evidenciaron muy buen comportamiento en interacción con las líneas dentadas norteamericanas B73 y LH195; y ARZM07134 - ARZM06020, cuya interacción con la línea dentada Mo17 fue positiva. Las variedades locales analizadas mostraron alta variabilidad a nivel molecular, sugiriendo que pueden contribuir a incrementar la diversidad genética disponible para selección por parte de los mejoradores. Los marcadores microsatélites permitieron determinar las similitudes genéticas entre estas variedades locales, las cuales se correspondieron con su asignación a los grupos heteróticos analizados.

Palabras clave: maíz, grupos heteróticos, habilidad combinatoria, microsatélites, distancia genética.

ABSTRACT

The genetic diversity of maize (*Zea mays* L.) is a valuable and strategic natural resource that plays a key role in the breeding progress. Exploitation of landraces has not reached an important utilization in breeding programs in Argentina yet (Eyhéabide and González 1997). In order to establish their breeding potential, fifteen landraces belonging to the Germplasm Bank collection of the EEA INTA Pergamino, were evaluated for various agronomic characters in topcrosses with lines representing different heterotic groups. Additionally, landraces *per se* were characterized by SSRs markers. By using the combining ability effects for agronomic characters and genetic distances determined by molecular markers information, it was possible to assign populations to different heterotic groups. According to the high potential exhibited, some of the populations may be incorporated to the germplasm currently in use in breeding programs. As a result, the formation of three heterotic groups is suggested: ARZM03014 and ARZM16008, which revealed good agronomic performance in topcrosses with local flint lines; ARZM16064, ARZM01042, ARZM14103 and ARZM18017, which exhibited favorable interactions with the north-american dent lines B73 and LH195; and ARZM07134 and ARZM06020, which showed positive topcrosses in combination with the dent line Mo17. The landraces analyzed showed high variability at molecular level, suggesting that they can effectively contribute to increase the genetic diversity available for selection by breeders. SSRs markers established genetic similarities between landraces, which were consistent with their inclusion into the heterotic groups analyzed.

Key words: maize, heterotic groups, combining ability, SSRs markers, genetic distance.

CAPÍTULO 1 INTRODUCCIÓN

1.1. PRESENTACIÓN DEL PROBLEMA

El maíz (*Zea mays*, L.) es uno de los principales cultivos a nivel mundial, siendo el tercero en importancia, luego del trigo y el arroz. La Argentina es un importante productor de maíz, ubicándose después de Estados Unidos, China, Unión Europea, Brasil y México (MAGyP). Si bien el cultivo es originario de América Central, fue introducido en la región sur de América del Sur antes de la colonización europea, llegando a desarrollar una gran diversidad genética (Brieger *et al.* 1958; Paterniani y Goodman 1977). Los países del Cono Sur (Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, Paraguay y Uruguay), cuentan con importantes colecciones de germoplasma de maíz. Gran parte de las mismas fueron confeccionadas en la década de 1970 en campos de agricultores, antes de la difusión comercial de los híbridos. Cabe señalar que en algunos países, se realizaron colectas anteriores a esta fecha, en la década de 1950. En el caso de Argentina, la colección de maíz del Banco de Germoplasma de INTA consta de 2365 accesiones colectadas en 20 provincias, desde el norte del país hasta el paralelo 33° S (Hourquescos *et al.* 2005).

La variabilidad genética se ha reducido y las variedades locales han sido sustituidas por cultivares más productivos, determinando una gran pérdida de diversidad. Stuber (1986) estimó que los mejoradores aprovechaban sólo alrededor del 5% de las razas disponibles de maíz. Se ha enfatizado entonces la importancia de ampliar la variabilidad genética sobre la cual se basa la mayoría de los programas de mejoramiento de maíz (Goodman 1988; Wilkes 1993). Si bien las variedades locales fueron utilizadas como recurso genético de valiosas líneas endocriadas en el pasado, su explotación en el presente no ha alcanzado el impacto potencial en los programas de mejoramiento local (Eyhérbide y González 1997). La utilización adecuada de las accesiones locales conservadas en los bancos de germoplasma, así como la búsqueda de patrones heteróticos alternativos y la incorporación de variabilidad en los patrones heteróticos ya existentes constituyen importantes objetivos de investigación.

1.2. HETEROSIS Y GRUPOS HETERÓTICOS

La determinación de **patrones y grupos heteróticos** es de fundamental importancia en el mejoramiento de híbridos de maíz. Se puede esperar obtener una alta **heterosis** en un híbrido si las poblaciones parentales poseen (i) alta frecuencia de genes con dominancia parcial, completa o sobredominancia, y (ii) diferencia en frecuencias génicas entre las poblaciones para estos loci. En consecuencia, para una óptima explotación de la heterosis en el mejoramiento de híbridos, las líneas parentales deberían ser derivadas a partir de *pools* de germoplasma genéticamente no relacionados, a los que se refiere comúnmente como grupos heteróticos (Melchinger y Gumber 1998). Un grupo heterótico indica un conjunto de genotipos, relacionados o no, provenientes de la misma o de diferentes poblaciones, que evidencian similar habilidad combinatoria y respuesta heterótica en cruzamientos con genotipos de otros grupos de germoplasma genéticamente distintos (Melchinger y Gumber 1998). A su vez, el término patrón heterótico se refiere a un par específico de grupos heteróticos, los cuales expresan alta heterosis y consecuentemente un alto desempeño (generalmente descrito como *performance*) en su cruzamiento.

Los grupos heteróticos tienen un fuerte impacto en el mejoramiento de los cultivos porque predeterminan en gran medida el tipo de germoplasma utilizado en un programa de mejoramiento de híbridos durante un largo período de tiempo (Melchinger y Gumber 1998). El trabajar con grupos y patrones heteróticos apropiados está siendo relevante en muchas especies en las cuales se realiza mejoramiento de híbridos (Williams 1995). Dichos grupos heteróticos no deben ser considerados como poblaciones cerradas, por el contrario deben ser ampliados continuamente mediante la introgresión de germoplasma original para garantizar ganancia genética en la selección tanto a mediano como a largo plazo. Aunque la heterosis y la *performance* media de un gran número de cruzamientos entre germoplasma no relacionado pueden ser determinadas con suficiente precisión a través de evaluaciones a campo, esta estimación demanda mucho trabajo y recursos. Como alternativa se podrían emplear marcadores moleculares tales como *RFLPs* (*Restriction Fragment Length Polymorphism*, Polimorfismo del tamaño de fragmentos de restricción), *AFLPs* (*Amplified Fragment Length Polymorphism*, Polimorfismo del tamaño de fragmentos amplificados), o *RAPDs* (*Random Amplification of Polymorphic DNA*, Fragmentos polimórficos de ADN amplificados con *primers* al azar), ya que han probado ser muy efectivos para medir la diversidad genética a nivel del ADN (Melchinger 1993).

En Argentina se utiliza el patrón heterótico Flint Anaranjado Argentino+ (tipo racial cristalino colorado) vs. Dentado Amarillo de Estados Unidos+ para desarrollar líneas endocriadas e híbridos de maíz (Maunder 1992). Los cruzamientos entre líneas de ambos grupos heteróticos resultaron en la liberación de híbridos altamente productivos. Los grupos heteróticos Reid Yellow Dent+ y Lancaster Sure Crop+ fueron inicialmente incorporados en líneas flint élite a través de retrocruzas (Brun y Dudley 1989). Dado que el producto final de los programas de mejoramiento en Argentina es la producción de híbridos élite, una apropiada introgresión de variabilidad genética novel requiere de su caracterización en cuanto a habilidad combinatoria (Eyhéabide y González 1997). A su vez, la *performance* relativa a un grupo de *testers* divergentes evidenciada en *testcrosses* puede ser utilizada como una estimación de la distancia genética. Según Hallauer *et al.* (1988), los patrones heteróticos entre poblaciones se podrían establecer en base a la evaluación de *testcrosses*. Comstock y Moll (1963), citados por Pandey y Gardner (1992), señalaron que la evaluación de *testcrosses* en varias localidades durante una misma campaña proveería la información necesaria para identificar el germoplasma más promisorio. Esta aproximación ha sido utilizada ampliamente en maíz, Eyhéabide y González (1997) evaluaron la *performance* de 79 poblaciones en *testcrosses* con diversos *testers* en tres ambientes durante una misma estación, a fin de definir grupos de poblaciones basados en los efectos de habilidad combinatoria específica (A.C.E.).

1.3. CARACTERIZACIÓN MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES

Al estudiar la variabilidad fenotípica se desconoce parte de la variación subyacente en el genoma. Por otra parte, al cuantificar la variación molecular se ignora el efecto que tiene sobre la variabilidad fenotípica, pues a menudo se estudian fragmentos de ADN que no se transcriben (*i.e.*, que no codifican para ningún carácter). Existen, por lo tanto, dos tipos de variación genética: una diversidad neutral, *i.e.*, que no se ve afectada por la selección natural, y una diversidad correspondiente a los caracteres con valor adaptativo (Jiménez y Collada 2000).

La mayoría de los marcadores moleculares dan una estimación de la diversidad genética neutral. Existen diferentes técnicas, que ofrecen distinto tipo de información según las características de la molécula o fragmento de molécula analizado. Según la tecnología utilizada se pueden distinguir dos grandes grupos de marcadores: los basados en el análisis de proteínas y los basados en el análisis del ADN. Los marcadores de ADN presentan una serie de ventajas frente a los proteicos: no se ven afectados por variaciones ambientales ni de desarrollo, permiten seleccionar regiones específicas de la molécula de ADN para estudios determinados, el número de polimorfismos detectables es en teoría ilimitado, y en la actualidad se han desarrollado gran cantidad de técnicas para su determinación. Entre éstas se encuentran los **microsatélites (SSRs, Simple Sequence Repeats)**, que consisten en repeticiones en tándem de secuencias simples que aparecen dentro del genoma (e.g., (TG) n , (AAT) n), flanqueadas por regiones conservadas. Los polimorfismos observados corresponden a diferencias de longitud de los fragmentos estudiados, provocadas por un número distinto de repeticiones. La amplificación de estos elementos exige un conocimiento previo de la secuencia que flanquea a los microsatélites para poderla utilizar como cebador en la amplificación (Jiménez y Collada 2000). Los microsatélites se corresponden con regiones hipervariables, por lo que presentan un alto grado de polimorfismo. Son marcadores codominantes que permiten realizar estudios individuales entre poblaciones, mapas genéticos y estudios filogenéticos.

En general, cuando se dispone de datos morfo-agronómicos y de marcadores moleculares de un conjunto de genotipos, se pueden utilizar dos tipos de clasificaciones jerárquicas independientemente determinadas para estudiar su diversidad con vistas a la formación de grupos de mayor similitud. Una de ellas se obtiene basándose en los caracteres morfo-agronómicos, en la cual se calcula una distancia métrica estándar (e.g. la Euclídea cuadrada) y se aplica un método de agrupamiento en clusters como el método de Ward o UPGMA. La otra clasificación se obtiene basándose en los datos moleculares, cuando similitudes (o distancias) de n individuos se determinan con marcadores moleculares tales como RFLPs, AFLPs, o SSRs. Utilizando cada fragmento (alelo) como un atributo, y aplicando alguna metodología de agrupamiento (e.g. UPGMA, el método del centroide, el de Ward, etc.) los genotipos pueden ser agrupados en clusters que son lo más homogéneos posible dentro y heterogéneos entre grupos. En general, los resultados han mostrado que los grupos formados en base a ambas clasificaciones, con datos continuos y cualitativos, poseen bajo a mediano consenso. Una clasificación estadística que tenga en cuenta ambos tipos de parámetros, biométricos y moleculares, parecería ser útil para formar grupos homogéneos (Franco *et al.* 2001).

Reif *et al.* (2003) investigaron la relación entre heterosis y distancias genéticas determinadas mediante marcadores microsatélites (SSRs) en un grupo de siete poblaciones tropicales de maíz. Según sus resultados, la correlación entre Heterosis Panmítica del Padre Medio (PMPH) y la Distancia Modificada de Roger (MRD) fue significativamente positiva sólo para rendimiento en grano. La clasificación de las poblaciones basada en la información de SSRs confirmó mayormente los resultados hallados anteriormente para caracteres agronómicos, salvo para una de las poblaciones que fue asignada a un grupo heterótico diferente. A su vez, se propusieron nuevos grupos heteróticos, por lo que concluyeron que los marcadores SSR constituyen una herramienta importante para agrupar germoplasma y son un complemento de valor para los experimentos a campo en la identificación de grupos con respuesta heterótica satisfactoria. Ornella (2004), por otra parte, utilizó datos de campo provenientes

de cruzamientos de prueba entre 26 líneas endocriadas de maíz de orígenes diversos con cuatro poblaciones *tester* e información de marcadores microsatélites de las líneas y las poblaciones parentales. Mediante la aplicación de la teoría de modelos lineales mixtos a la predicción del comportamiento de híbridos de maíz, se confirmó la utilidad de estos modelos y de modelos de predicción "Mejor predictor lineal insesgado" (BLUP: *Best linear unbiased prediction*) en los programas de mejoramiento de maíz. A su vez, la inclusión de las matrices de relación de parentesco, obtenidas tanto a partir de datos de pedigree como de información molecular, generó estimaciones de componentes de varianza más precisos y valores mayores de heredabilidad para la variable rendimiento respecto a las obtenidas mediante los modelos tradicionales de efectos fijos.

Warburton *et al.* (2002) caracterizaron un conjunto de siete poblaciones tropicales de maíz y 57 líneas endocriadas del CIMMYT mediante marcadores SSR. Las siete poblaciones se agruparon tal como había sido predicho en base a su pedigree y al grupo heterótico de pertenencia definido en evaluaciones a campo utilizando líneas probadoras. La diversidad genética dentro de cada población fue significativamente mayor que entre ellas. En cuanto a las líneas endocriadas, sólo las más relacionadas según la información de pedigree se presentaron agrupadas. Las poblaciones de origen de estas líneas y los grupos heteróticos no estuvieron asociados con los agrupamientos formados a partir de los marcadores SSR, resultado que fue consistente con el alto nivel de diversidad dentro de las poblaciones de origen. A pesar de que ésto podría haber hecho más dificultosa la asignación de las líneas endocriadas del CIMMYT a los grupos heteróticos existentes mediante marcadores moleculares, se concluyó que los mismos pueden ser útiles en la evaluación más detallada de dichos grupos heteróticos.

En otro estudio donde se aplicaron marcadores SSR para caracterizar poblaciones de maíz originarias de Méjico, Reif *et al.* (2006) evaluaron las relaciones establecidas previamente entre ellas a partir de información morfológica. Las poblaciones fueron agrupadas en complejos raciales diferentes en base a la información molecular, y los resultados obtenidos corroboraron algunas de las relaciones propuestas a partir de los datos fenotípicos.

1.4. OBJETIVO GENERAL

Proponer estrategias de utilización de variedades locales del Banco de Germoplasma de la EEA INTA Pergamino con el objetivo de ampliar la base genética del cultivo, mediante la estimación de parámetros biométricos de interés agronómico e información de marcadores moleculares.

1.4.1. Objetivos específicos

- (i) Evaluar el comportamiento agronómico de un grupo de 15 poblaciones locales de maíz en cruzamientos con líneas representativas de distintos grupos heteróticos.
- (ii) Determinar las distancias genéticas entre las poblaciones.
- (iii) Asignar las poblaciones a grupos heteróticos ya establecidos en función de las medidas de distancia a nivel molecular entre las mismas y las líneas probadoras, y comparar dicha asignación con la obtenida a partir de los efectos de habilidad combinatoria de los caracteres agronómicos evaluados.

1.5. HIPÓTESIS

Si bien se sostiene que los híbridos comerciales presentan rendimientos superiores respecto del germoplasma de maíz no mejorado, pueden existir algunas combinaciones población nativa x línea endocriada que logren rendimientos equivalentes, indicando el potencial de estas poblaciones para enriquecer el germoplasma élite utilizado como base para el mejoramiento del cultivo.

CAPÍTULO 2

CARACTERIZACIÓN DE POBLACIONES MEDIANTE CARACTERES AGRONÓMICOS Y MÉTODOS BIOMÉTRICOS

2.1. INTRODUCCIÓN

Distintos autores han resaltado el hecho de que los híbridos comerciales de maíz adaptados a climas templados poseen una base genética estrecha (Zuber y Darrah 1980; Stuber y Goodman 1983; Smith *et al.* 1992). Se ha considerado la introducción de germoplasma exótico (*i.e.*, no mejorado o pobremente adaptado a la región) como una forma de ampliar la base genética a partir de la cual se podrían desarrollar las líneas élite para climas templados. Sin embargo, son escasos los intentos de incorporar material exótico a los programas de mejoramiento, a pesar de que se han descrito algunas poblaciones semiexóticas agronómicamente competitivas (Stuber 1986; Holley y Goodman 1988), debido a que su utilización no ha producido incrementos en la producción de grano (Hallauer 1990).

La clasificación del germoplasma en base a las distancias genéticas es importante, ya que las cruces entre líneas extraídas de poblaciones divergentes exhibirán probablemente niveles altos de heterosis (Ordás 1991). Se puede considerar el comportamiento agronómico en cruzamientos de prueba, con un grupo de líneas probadoras divergentes, como una estimación de distancia genética. En este capítulo se analizan los resultados obtenidos en los cruzamientos variedad local x línea probadora en experimentos a campo, con el fin de caracterizar dichas variedades en cuanto a su aptitud combinatoria y su relación con los grupos heteróticos evaluados.

2.2. MATERIALES Y MÉTODOS

2.2.1. Germoplasma utilizado

De las accesiones disponibles en el Banco de Germoplasma de la EEA INTA Pergamino, un número aproximado de 300 variedades locales o poblaciones recolectadas en 15 provincias argentinas y que pueden ser agrupadas en 20 formas raciales, se evaluaron en una etapa preliminar por habilidad combinatoria para rendimiento de grano. Esta evaluación se realizó cruzando las variedades locales por dos tipos de probadores de base amplia, uno de origen local y endosperma cristalino (flint) y otro de origen norteamericano y endosperma dentado. Las variedades locales, cuyo rendimiento en dichos cruzamientos se ubicó entre el 5 y el 10% superior de la distribución de frecuencias, fueron seleccionadas para futuros trabajos de premejoramiento (Hourquescos *et al.* 2003). Quince de estas variedades locales (Tabla 1) fueron polinizadas por cinco líneas endocriadas: B73, Mo17 y LH195 de origen norteamericano y endosperma dentado, y LP612 y LP122-2, líneas de tipo colorado duro de origen local. Las líneas B73 y Mo17 fueron desarrolladas por Iowa State University y la University of Missouri, respectivamente; LH195 es propiedad de la empresa Monsanto, y deriva de las líneas B73 y B37 (Gerdes *et al.* 1993); LP612 y LP122-2 son líneas desarrolladas por INTA y son representativas de un patrón heterótico flint x flint de su programa de mejoramiento. Los híbridos simples y sus líneas parentales se consideraron representativos de los patrones heteróticos Reid Yellow Dent vs. Lancaster Sure Crop (B73xMo17, LH195xMo17), Flint Argentino vs. Flint Argentino (LP122-

2xLP612) y Flint Argentino vs. Dentado de EEUU (B73xLP612, LH195xLP612, Mo17xLP612, B73xLP122-2, LH195xLP122-2, Mo17xLP122-2).

Tabla 1. Poblaciones de maíz participantes en el estudio.

No. Var. local	Identificador	Forma racial	Localidad	Departamento	Pcia.	Alt	Lat	Long	Nombre común
1	ARZM01042	Cristalino colorado	Salto	Salto	Buenos Aires	51	34° 18'	60° 15'	Colorado amarillo
2	ARZM01045	Cristalino colorado	Guerrico	Pergamino	Buenos Aires	63	33° 41'	60° 24'	Colorado
3	ARZM01073	Cristalino amarillo	Chacabuco	Chacabuco	Buenos Aires	69	34° 38'	60° 29'	Amarillo
4	ARZM02003	Cristalino colorado	Wheelwright	Gral. Roca	Santa Fe	96	33° 48'	61° 13'	Colorado algo semident.
5	ARZM02023	Dentado amarillo	Casilda	Caseros	Santa Fe	76	33° 03'	61° 11'	Amarillo
6	ARZM03014	Amargo	La Matilde	Federación	Entre Ríos	68	30° 51'	57° 49'	Amargo Brasileiro
7	ARZM04062	Crist. Amarillo Anaranjado	Corrientes	Corrientes	Corrientes	39	27° 28'	58° 50'	Kafiro
8	ARZM06020	Cristalino Colorado	Colonia Sur	Lib. San Martín	Chaco	62			Colorado
9	ARZM07134	Crist. Amarillo Anaranjado	La Providencia	Patiño	Formosa	57			Colorado
10	ARZM14103	Cristalino Colorado	Mina Clavero	San Alberto	Córdoba	900	31° 44'	65° 02'	Criollo
11	ARZM16008	Dentado Amarillo	Vistalba	Luján de Cuyo	Mendoza	960	33° 01'	68° 53'	Dentado
12	ARZM16064	Dentado Amarillo	La Escandinava	General Alvear	Mendoza	489	34° 55'	67° 32'	Americano
13	ARZM17035	Cristalino Colorado	Quines	Ayacucho	San Luis	481	32° 14'	65° 48'	Colorado
14	ARZM18017	Cristalino Colorado	Colonia Chica	Puelen	La Pampa	380	37° 56'	67° 51'	Amarillo
15	ARZM18037	Cristalino Colorado	Eduardo Castex	Conhelo	La Pampa	191	35° 54'	64° 19'	Maíz

2.2.2. Experimentos y mediciones realizadas

Durante las campañas 2005/06 y 2006/07, los híbridos simples entre las cinco líneas, los cruzamientos variedad local x línea probadora, y los cultivares testigo se evaluaron en experimentos siguiendo un diseño de bloques incompletos al azar (diseño en látice), con dos repeticiones.

Todos los ensayos se realizaron en Pergamino en dos fechas de siembra (Pergamino I y Pergamino II), Ferré y Lomas de Zamora, Provincia de Buenos Aires, y en Santa Isabel, Provincia de Santa Fe, durante la campaña 2005/06, y en Pergamino I y Pergamino II, Lomas de Zamora y Santa Isabel, durante la campaña 2006/07.

El manejo del cultivo se adaptó al sistema convencional y de labranza cero, utilizando las prácticas corrientemente adoptadas por los agricultores para fertilización y control de malezas. Las parcelas experimentales consistieron siempre en dos surcos de 6 m de largo, distanciados a 0,70 m. La densidad de plantas se ajustó mediante raleo a aproximadamente 70.000 plantas por hectárea.

Los cultivares testigo no se consideraron en los análisis dialélicos, sino que se incluyeron para contar con una referencia de la *performance* de híbridos élite. Los testigos comerciales (ACA 2000, DK 747 MG, NIDERA 895 y ALBION CL) fueron elegidos de manera que representaran distintos tipos de comportamiento agronómico, rendimiento y grano. A partir de la información de una serie de 93 híbridos evaluados en tres localidades ubicadas en el área de influencia de la EEA Pergamino 2005/06 (Eyhérbide *et al.* 2006), se pudo observar el comportamiento de los híbridos utilizados en este proyecto como testigos comerciales. Las medias de rendimiento en grano fueron: 8,43 t ha⁻¹ (toneladas por hectárea) para ACA 2000, 11,00 t ha⁻¹ para DK 747 MG, 10,00 t ha⁻¹ para NIDERA 895, y 9,65 t ha⁻¹ para el híbrido ALBION CL. De acuerdo a los catálogos de las empresas correspondientes, ALBION CL tiene tipo de grano semidentado amarillo, Nidera 895 semidentado, y los híbridos DK 747 MG y ACA 2000 son de tipo duro colorado.

2.2.3. Caracteres evaluados

Se tomaron observaciones referidas a caracteres de importancia agronómica en los distintos ambientes evaluados (Tabla 2).

Tabla 2. Mediciones realizadas, indicando con X los sitios experimentales donde se efectuaron. P: Pergamino; F: Ferré; LdZ: Lomas de Zamora, SI: Santa Isabel.

Rasgo evaluado	Sitios									
	2005-006					2006-2007				
	P I	P II	F	LdZ	SI	P I	P II	LdZ	SI	
Rendimiento en grano	X	X	X	X	X	X	X	X		
Número de granos m ⁻²	X	X	X			X	X			
Peso grano individual	X	X	X			X	X			
Peso hectolítrico					X					X
Diámetro y longitud de espiga	X	X	X			X	X			
50% antesis	X	X				X				
50% estigmas	X	X				X				
Altura planta	X	X				X	X			
Altura inserción espiga	X	X				X	X			
Vuelco de raíz					X	X	X			
Quebrado de tallo					X	X	X			

El rendimiento en grano se calculó en base a la superficie de cada parcela, *i.e.* 7 m². El número de granos por metro cuadrado se estimó a partir del cociente rendimiento/peso de grano individual. El peso de grano individual se tomó sobre submuestras de 1000 granos cada una, a razón de una submuestra por parcela.

El ciclo hasta 50% de antesis se calculó como la suma térmica (en grados centígrados día, °Cd) a través de los días desde la siembra hasta la emisión del polen en 50% de las plantas de cada parcela. Lo mismo para la observación de ciclo hasta 50% de aparición de estigmas. La altura de inserción de la espiga principal se calculó como la altura promedio de diez plantas con espigas granadas, medida desde el nivel del suelo hasta el nudo de la espiga más alta. La altura de planta se calculó también como la altura promedio de esas diez plantas, medida desde el nivel del suelo hasta el extremo superior de la panoja. La medición de ambas alturas se realizó a floración. Los datos de vuelco de raíz (plantas inclinadas más de 30° a partir de la vertical) y de quebrado de tallos (plantas quebradas a la altura del nudo de la espiga o por debajo del mismo) fueron tomados 10 días antes de la cosecha sobre el total de plantas por parcela.

2.2.4. Análisis de datos

Originalmente se contaba con 19 variedades locales a evaluar según su interacción con las líneas probadoras, sin embargo no fue posible analizar los cruzamientos de todas las variedades, por lo que en esta tesis se tuvieron en cuenta 15 poblaciones. Por otro lado, y dados los porcentajes de eficiencia relativa de los análisis siguiendo un diseño alfa látice (9x12) con respecto al de bloques completos aleatorizados (cerca al 100%), los análisis estadísticos se realizaron considerando este último diseño. Se efectuaron análisis de varianza (ANOVA) de cada experimento individual y combinado para las distintas variables, utilizando el Programa Genes (Aplicativo computacional em genética e estadística - www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm). Los cruzamientos variedad local x línea probadora fueron considerados efectos fijos y los ambientes efectos

aleatorios para el análisis de varianza combinado a través de ambientes. Las medias de tratamiento para todos los caracteres de interés correspondientes a los cruzamientos variedad local x línea se evaluaron según un Análisis Dialélico Combinado Parcial (Griffing 1956). Este diseño consiste en las combinaciones híbridas de dos grupos de progenitores (poblaciones y líneas) y son evaluadas las aptitudes combinatorias generales de cada grupo y las aptitudes combinatorias específicas entre grupos. Las metodologías de análisis dialélico tienen por finalidad analizar el delineamiento genético definido y proveer estimaciones de parámetros genéticos útiles en la selección de progenitores para la hibridación y en el entendimiento de la naturaleza y magnitud de los efectos genéticos involucrados en la determinación de los caracteres (Cruz 2006a, 2006b). En este procedimiento se evalúan los efectos de interacción entre los componentes de capacidad combinatoria y del ambiente. Para el análisis dialélico combinado se adopta el siguiente modelo según la ecuación 1:

$$Y_{ijk} = \mu + A_k + G_i + G_j + S_{ij} + GA_{ik} + GA_{jk} + SA_{ijk} + \epsilon_{ijk} \quad (1)$$

en la cual,

μ : efecto de la media general;

A_k : efecto del ambiente k ;

G_i : efectos de la aptitud combinatoria general (A.C.G.) asociados al progenitor i del grupo I;

G_j : efectos de la aptitud combinatoria general (A.C.G.) asociados al progenitor j del grupo II;

S_{ij} : efecto de la aptitud combinatoria específica (A.C.E.) entre los progenitores i y j de los grupos I y II, respectivamente;

GA_{ik} y GA_{jk} : efectos de la interacción entre la aptitud combinatoria general (A.C.G.) asociados al i y j .ésimo progenitor, de los grupos I y II, respectivamente, con los ambientes;

SA_{ijk} : efecto de la interacción entre la aptitud combinatoria específica (A.C.E.) entre los progenitores i y j y el ambiente k ;

En este modelo Y_{ijk} y ϵ_{ijk} son, respectivamente, la media experimental y el error aleatorio medio asociado al tratamiento de orden ijk .

Por otro lado, se aplicaron modelos de efectos principales aditivos y multiplicativos de interacción (modelos AMMI), los cuales se utilizan generalmente en el estudio de las interacciones entre genotipos y ambientes (Gauch y Zobel 1988; Crossa *et al.* 1990). Estos modelos pueden ser una valiosa herramienta para evaluar otro tipo de interacciones, tales como las que se producen entre variedades locales y líneas probadoras. En este caso, los cuadrados medios de las variedades locales y de los *testers* corresponden a la variación de los efectos de habilidad combinatoria general (A.C.G., asociados a los efectos aditivos y epistáticos que involucran términos aditivos), y el cuadrado medio de la interacción variedad local x línea probadora corresponde a la variación de los efectos de habilidad combinatoria específica (A.C.E., asociados a los efectos de dominancia y de epistasia que involucran términos dominantes o bien aditivos x dominantes). A su vez, la variación asociada a los efectos de habilidad combinatoria específica puede fraccionarse en componentes principales según los modelos AMMI, con el fin de utilizar dicha información para clasificar las variedades locales en grupos heteróticos. Yan y Hunt (2002) proponen también un método de biplot para realizar un abordaje visual del análisis dialélico. El biplot se construye en este caso con las dos primeras componentes principales derivadas de la descomposición en autovalores de los datos del análisis dialélico, centrados según los *testers*. Este enfoque permite visualizar los patrones de interacción más importantes, así como la A.C.G. y la

A.C.E. de cada genotipo, grupos de parentales con características genéticas similares y los híbridos superiores.

Los análisis de los modelos AMMI, así como la prueba de Gollob (Gollob, 1967) para determinar la significancia de cada término AMMI, se realizaron utilizando un programa escrito en SAS, el cual fue provisto por J. Crossa del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), en un curso de formación dado al personal del INTA. La matriz de partida estuvo formada por las medias de la variable rendimiento en grano de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de ambientes, las cuales son suficientes para obtener los modelos AMMI y para graficar el biplot. Sin embargo, para la prueba de Gollob se necesita tener un estimador del error del análisis combinado, los grados de libertad del error y el número de repeticiones, los cuales se proporcionaron al programa.

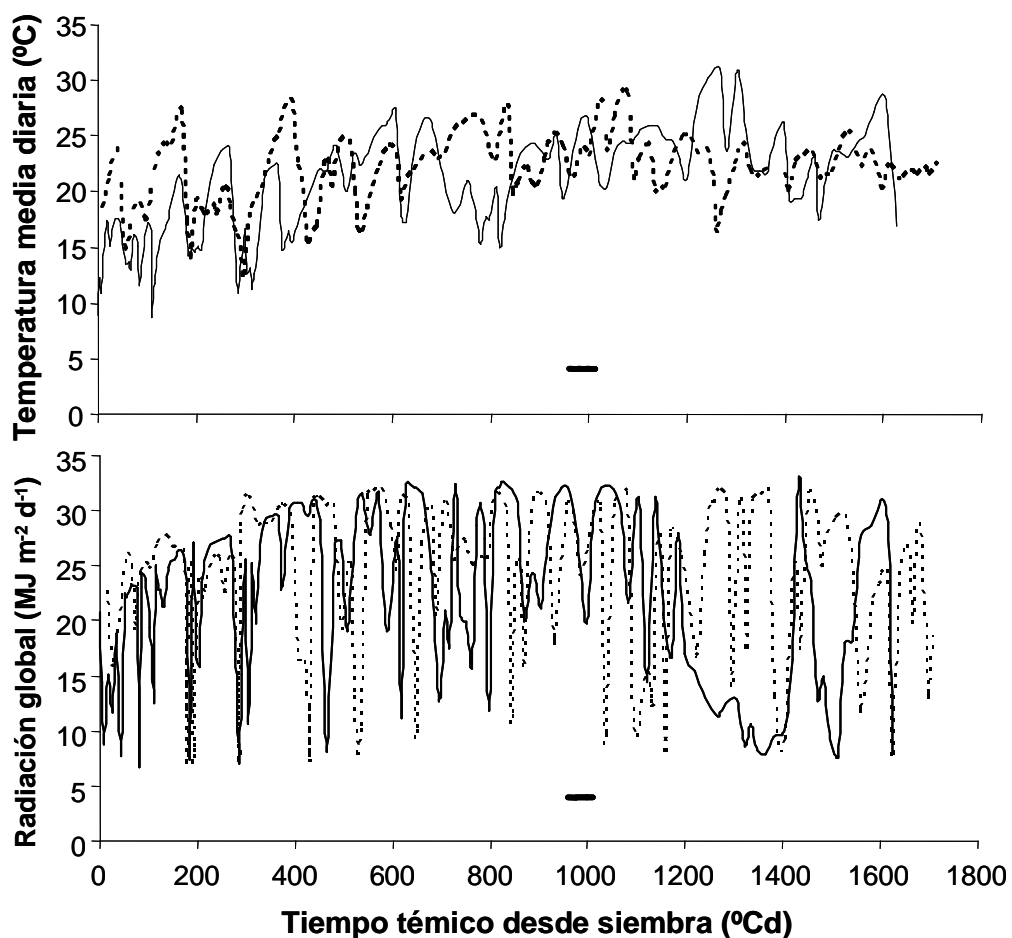
La suma de cuadrados de la interacción variedad local x línea probadora se fraccionó en componentes principales, y se determinaron el autovalor, el autovector variedad local y el autovector línea probadora para cada eje. Multiplicando los elementos de los autovectores por la raíz cuadrada de los autovalores correspondientes se obtuvieron los *scores* de las líneas probadoras y de las variedades para las n componentes principales. Su producto da el valor de interacción esperado para cada combinación variedad local y línea probadora.

A su vez, se realizó un análisis de agrupamiento de las quince poblaciones mediante el procedimiento PROC CLUSTER (SAS Institute 1999) y siguiendo el método de mínima varianza de Ward (Ward 1963). El número apropiado de clusters fue definido según los estadísticos Pseudo F (Calinski y Harabasz 1974) y Pseudo t^2 (Duda y Hart 1973). Para este análisis de clusters se utilizaron los *scores* de las variedades locales para la primera y segunda componente principal obtenidas a partir de los efectos de habilidad combinatoria específica del análisis AMMI, asumiendo que los mismos pueden ser utilizados como una estimación de las distancias genéticas.

2.3. CONDICIONES AMBIENTALES

Las condiciones meteorológicas fueron distintas entre años experimentales en la localidad de Pergamino (Figura 1). La temperatura media del aire durante el crecimiento vegetativo fue más elevada en la campaña 2006/07 (20,6 °C) que en la campaña 2005/06 (18,1 °C), y la radiación media acumulada fue 16,9% más baja durante la campaña 2006/07 que durante la campaña 2005/06. Durante la etapa de llenado de los granos la radiación solar disminuyó aún más en la campaña 2006/07, con una media de 18,6 MJ m⁻².d⁻¹, que resultó un 22,7% inferior a la campaña anterior. Mientras que en esta etapa las temperaturas medias y máximas medias fueron superiores durante la campaña 2005/06 (21,9 °C y 28,7 °C, respectivamente) que durante la campaña 2006/07 (21 °C y 27 °C, respectivamente). Incluso en la campaña 2005/06, hubo 8 días con temperatura máxima > 35°C, mientras que en la campaña 2006/07 no se registraron tales temperaturas.

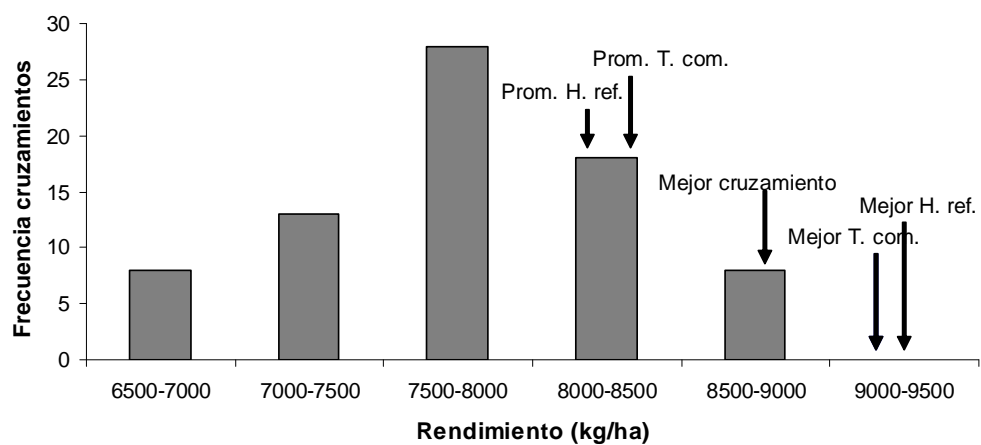
Figura 1. Evolución de la temperatura media diaria y radiación solar en dos campañas del cultivo en Pergamino. Los datos están representados en función del tiempo térmico desde siembra (temperatura base 8°C). Las líneas llenas corresponden a 2005/06 y las punteadas a 2006/07. La barra horizontal indica el período medio de floración.



2.4. RESULTADOS

El rendimiento de las cruzas variedad local x línea probadora ubica a algunas de ellas en niveles productivos comparables a los híbridos de referencia e híbridos comerciales (Figura 2). Por otro lado, el comportamiento muy diferente de las variedades locales respecto de cruzamientos con distintas líneas probadoras evidencia la existencia de interacciones significativas, que redundan en la asignación de las mismas a diferentes patrones de heterosis.

Figura 2. Distribución de frecuencias de rendimiento en grano de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de ocho ambientes. Prom.: Promedio, H. ref.: Híbrido de referencia, T. com.: Testigo comercial.



La media de rendimiento en grano para los cruzamientos variedad local x línea probadora, a través de los ocho ambientes analizados, varió desde 6588 kg ha⁻¹ hasta 8776 kg ha⁻¹ (Tabla 3).

Tabla 3. Medias de rendimiento en grano de los cruzamientos variedad local x línea probadora, híbridos de referencia y cultivares testigo a través de 8 ambientes (Pergamino I y Pergamino II, ambos en 2005/06 y 2006/07; Ferré 2005/06; Lomas de Zamora 2005/06 y 2006/07; Santa Isabel 2005/06).

Genotipo	Rendimiento ----- kg ha ⁻¹ -----	Genotipo	Rendimiento ----- kg ha ⁻¹ ---
LP 122-2 x B 73	9222	ARZM16064xLH195	7847
DK 747 MG	9194	ARZM02003xLH195	7818
ARZM14103xB73	8777	ARZM04062xLP612	7814
LH 195 x LP122-2	8771	ARZM02003xMo17	7808
LP 122-2 x Mo17	8756	ARZM17035xB73	7792
ARZM01042xLP122-2	8712	ARZM07134xLP122-2	7783
ARZM03014xLP122-2	8682	ARZM18017xMo17	7778
ARZM16008xLP122-2	8667	ARZM01042xB73	7751
ARZM06020xMo17	8638	ALBION CL	7738
NIDERA 895	8622	ARZM17035xMo17	7709
ARZM14103xLP122-2	8564	ARZM07134xB73	7706
ARZM16064xB73	8551	ARZM04062xB73	7698
ARZM01045xLP122-2	8550	ARZM01042xLP612	7674
ARZM16064xLP122-2	8486	ARZM16008xB73	7606
ARZM01042xLH195	8481	ARZM16008xMo17	7577
ARZM14103xMo17	8397	ARZM02003xLP612	7564
ARZM18037xLP122-2	8389	ARZM18037xLP612	7559
ARZM03014xLP612	8387	ARZM16064xLP612	7550
ARZM18037xLH195	8361	ARZM03014xLH195	7529
ACA 2000	8351	ARZM18037xB73	7511
ARZM04062xLH195	8325	ARZM02003xB73	7503
ARZM17035xLH195	8237	ARZM06020xLP122-2	7492
ARZM18017xLH195	8224	ARZM04062xLP122-2	7459
ARZM18017xB73	8139	ARZM01073xLH195	7450
LH 195 x LP612	8127	ARZM18017xLP612	7450
ARZM01045xLH195	8117	ARZM14103xLP612	7439
ARZM06020xLP612	8116	ARZM01073xMo17	7422
ARZM07134xLH195	8116	ARZM01073xB73	7366
LP 612 x B 73	8104	ARZM02023xLP122-2	7343
LP 122-2 x LP 612	8103	ARZM02023xLP612	7305
ARZM16008xLH195	8100	ARZM01045xMo17	7276
ARZM01073xLP612	8093	ARZM01042xMo17	7231
ARZM14103xLH195	8085	ARZM01045xLP612	7099
ARZM07134xMo17	8042	ARZM17035xLP612	7084
ARZM01073xLP122-2	8016	ARZM02023xMo17	6982
ARZM18017xLP122-2	7995	ARZM18037xMo17	6941
ARZM06020xLH195	7987	ARZM04062xMo17	6762
ARZM02003xLP122-2	7975	ARZM02023xLH195	6753
LH 195 x Mo17	7943	ARZM01045xB73	6718
ARZM07134xLP612	7911	ARZM03014xMo17	6647
ARZM06020xB73	7909	ARZM16064xMo17	6637
ARZM17035xLP122-2	7879	ARZM02023xB73	6589
ARZM16008xLP612	7854	LP 612 x Mo17	6449
ARZM03014xB73	7851		

CME: 1568470

DMS (5%): 859

El Análisis de Varianza Combinado para rendimiento en grano (Tabla 4), evidenció diferencias significativas entre los genotipos (variedad local x línea probadora, híbridos entre líneas e híbridos comerciales), con una media general de 7858,25 kg ha⁻¹ y un coeficiente de variación del 15,93 %. La interacción tratamientos x ambientes también resultó altamente significativa.

Tabla 4. Análisis de Varianza Combinado de los cruzamientos variedad local x línea probadora, híbridos entre las líneas e híbridos testigo comerciales para rendimiento en grano (kg ha⁻¹) a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II 2005/06, Ferré 2005/06, Lomas de Zamora 2005/06, Santa Isabel 2005/06, Pergamino I y Pergamino II 2006/07, Lomas de Zamora 2006/07).

F.V.	G.L.	C.M.	F	Probabilidad
BLOQUES/AMB	8	5682706		
TRATAMIENTOS	86	5719237	1,60	0,00101
AMBIENTES	7	342108614	60,2	0,00000
TRATxAMB	602	3578602	2,3	0,00000
RESIDUO	688	1568470		
TOTAL	1391			
MEDIA		7851		
CV (%)		16,0		

Teniendo en cuenta la media de rendimiento en grano para los cruzamientos variedad local x línea probadora y los testigos a través de los ocho ambientes analizados (Tabla 3), el híbrido de referencia LP122-2xB73 fue el de mayor rendimiento de todos los genotipos evaluados. Este híbrido simple no evidenció diferencias significativas con respecto a los testigos comerciales DK 747 MG (el híbrido comercial de mayor rendimiento) y NIDERA 895, ni a los híbridos de referencia LH195xLP122-2 y LP 122-2xMo 17, pero sí presentó diferencias significativas ($P < 0,05$) en relación al híbrido comercial ACA 2000. El híbrido simple LP612xMo17 fue el de menor rendimiento de todos los genotipos evaluados y presentó diferencias significativas ($P < 0,05$) con respecto al 84% de ellos (73 genotipos). En cuanto a los cruzamientos variedad local x línea probadora, los 14 primeros no mostraron diferencias significativas con el testigo comercial DK 747 MG, 35 no lo hicieron tampoco en relación al testigo NIDERA 895, 40 no revelaron diferencias significativas con respecto a ACA 2000, y 64 de los 75 cruzamientos no presentaron diferencias significativas en relación al híbrido comercial ALBIÓN CL.

En el ambiente de mayor potencial observado, Santa Isabel 2005/06, los rendimientos de los cruzamientos variedad local x línea probadora variaron entre 7535 kg ha⁻¹ y 13640 kg ha⁻¹ (Tabla A1, Apéndice). El híbrido comercial de mayor rendimiento fue ACA 2000, y el híbrido de mayor rendimiento entre las líneas probadoras así como entre todos los genotipos evaluados fue LH195xMo17. De los 87 genotipos evaluados, 83 no mostraron diferencias significativas con respecto al testigo comercial ACA 2000, 80 con respecto a NIDERA 895, 70 no evidenciaron diferencias significativas en relación a ALBIÓN CL, y 41 genotipos no revelaron diferencias significativas respecto al testigo DK 747 MG.

El análisis de varianza de los cruzamientos variedad local x línea probadora, combinado a través de ambientes para rendimiento en grano, mostró diferencias altamente significativas entre los 75 cruzamientos ($P < 0,01$, Tabla 5), con una media que varió entre 6588 kg ha⁻¹ (ARZM02023xB73) y 8776 kg ha⁻¹ (ARZM14103xB73). El análisis dialélico, combinado para los ocho ambientes

evaluados (Tabla 5), reveló además diferencias altamente significativas ($P < 0,01$) entre los efectos de A.C.G. de las 15 poblaciones (Grupo I) para rendimiento en grano, mientras que evidenció diferencias significativas entre los efectos de A.C.G. de las líneas endocriadas ($P < 0,05$; Grupo II) y entre los de A.C.E. de ambos grupos de progenitores ($P < 0,07$). Ello implica la presencia de genes con efectos tanto de tipo principalmente aditivo (reflejados por los efectos de A.C.G.) como no aditivos (reflejados por los efectos de A.C.E.), en la variabilidad genética observada en los cruzamientos variedad local x línea probadora. La interacción cruzamiento x ambiente, así como las interacciones de las aptitudes combinatorias generales y específicas x ambiente fueron altamente significativas ($P < 0,01$).

Tabla 5. Análisis Dialélico Parcial Combinado a través de ocho ambientes (Pergamino I y Pergamino II 2005/06, Ferré 2005/06, Lomas de Zamora 2005/06, Santa Isabel 2005/06, Pergamino I y Pergamino II 2006/07, Lomas de Zamora 2006/07) para rendimiento en grano (kg ha^{-1}).

F.V.	G.L.	C.M.	F ^a	Probabilidad
BLOQUES/AMB	8	4534859		
TRATAMIENTOS	74	4756159	1,70	0,00057
CGC I	14	6324973	2,68	0,00232
CGC II	4	17003244	2,65	0,05378
CEC	56	3489163	1,31	0,07453
AMBIENTES	7	314603505	196,18	0,00000
TRATxAMB	518	2803384	1,75	0,00000
CGC I x AMB	98	2359217	1,47	0,00398
CGC II x AMB	28	6404735	3,99	0,00000
CEC x AMB	392	2657186	1,66	0,00000
RESIDUO COMBINADO	592	1603653		
TOTAL	1199			
MEDIA GENERAL		7782		
CV (%)		16,3		

^a el test F fue realizado considerando los efectos de los genotipos fijos y de ambientes aleatorios.

Las variedades que revelaron mayores efectos aditivos favorables, según sus valores medios de A.C.G. a través de ambientes para rendimiento en grano (Tabla 6), fueron ARZM14103, ARZM06020, ARZM01042, ARZM16008 y ARZM18017, lo que coincide en gran medida con lo observado en el ranking de los cruzamientos según su media de rendimiento en grano a través de ambientes (Tabla 3). De estas poblaciones, ARZM06020 y ARZM14103 presentan valores medios de A.C.G. significativamente distintos de cero ($P < 0,1$ y $P < 0,01$ respectivamente, Tabla 5). De las poblaciones que arrojaron valores medios negativos de A.C.G., sólo ARZM02023 fue significativamente distinta de cero ($P < 0,01$, Tabla 6).

La línea probadora que presenta mayor valor medio de A.C.G. a través de ambientes es LP122-2, seguida por LH195 (Tabla 7), lo que se corresponde con el 33% de participación de cada una de ellas en el primer tercio de la tabla de posiciones de los cruzamientos para rendimiento en grano a través de ambientes (Tabla 3). Los efectos de A.C.G. de ambas líneas fueron significativamente distintos de cero ($P < 0,01$, Tabla 7). De las líneas que revelaron efectos de A.C.G. negativos, los de Mo17 fueron significativamente diferentes de cero ($P < 0,01$, Tabla 7).

Los valores medios de A.C.E. de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de ambientes para rendimiento (Tabla 8, se presentan los

valores mayores solamente) variaron desde -888 kg ha⁻¹ (ARZM06020xLP122-2) hasta 935 kg ha⁻¹ (ARZM06020xMo17).

Tabla 6. Efectos de A.C.G. de las variedades locales (Grupo I) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para rendimiento en grano (kg ha⁻¹). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Ferré 2005/06, A4: Lomas de Zamora 2005/06, A5: Santa Isabel 2005/06, A6: Pergamino I 2006/07, A7: Pergamino II 2006/07, A8: Lomas de Zamora 2006/07.

Variedad local	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	Medio
ARZM01042	86,3	5,8	581,1	-155,2	69,8	253,4	582,4	81,1	188,1
ARZM01045	130,1	-167,2	-301,3	120,3	-282,0	-106,6	-177,0	-1053,6	-229,7
ARZM01073	-8,5	-348,8	-92,3	681,2	-986,0	211,8	-360,2	3,6	-112,4
ARZM02003	510,5	380,2	-257,1	-277,4	-262,7	-42,5	-268,3	-166,7	-48,0
ARZM02023	267,6	-1163,6	-501,6	-726,6	-36,1	-1474,8	-1001,0	-1664,8	-787,6**
ARZM03014	497,0	-866,8	-174,8	389,8	129,3	235,4	-284,8	375,3	37,5
ARZM04062	-1514,1	-223,4	-167,8	433,5	-308,6	193,1	171,9	53,9	-170,2
ARZM06020	-279,2	610,7	240,9	518,2	19,7	99,5	-527,1	1290,4	246,6*
ARZM07134	501,4	453,2	398,0	181,7	-841,3	221,9	342,8	-219,7	129,7
ARZM14103	1051,3	1302,3	335,1	273,9	171,1	33,5	409,5	188,1	470,6**
ARZM16008	383,6	403,1	-252,8	-7,2	192,5	319,0	-194,4	588,8	179,1
ARZM16064	-869,3	357,8	75,6	-961,7	471,5	-129,0	708,8	604,6	32,3
ARZM17035	-203,1	-212,5	-219,9	8,3	-373,6	-182,0	476,2	373,0	-41,7
ARZM18017	-153,5	-182,3	253,1	-314,0	1020,0	324,1	83,9	50,3	135,2
ARZM18037	-400,0	-348,6	83,7	-164,8	1016,4	43,2	37,4	-504,2	-29,6

**, *: Significativamente diferente de cero, según test de t contra cero, al 1 y 5% respectivamente.

Tabla 7. Efectos de A.C.G. de las líneas probadoras (Grupo II) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para rendimiento en grano (kg ha⁻¹). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Ferré 2005/06, A4: Lomas de Zamora 2005/06, A5: Santa Isabel 2005/06, A6: Pergamino I 2006/07, A7: Pergamino II 2006/07, A8: Lomas de Zamora 2006/07.

Línea probadora	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	Medio
LP612	152,0	85,0	-155,0	458,5	-294,1	-609,6	21,8	-632,9	-121,8
LP122-2	-387,8	64,8	166,7	685,4	316,6	416,2	1109,5	436,3	351,0**
Mo17	48,8	-142,0	-450,5	-304,9	3,2	-509,9	-1085,6	-161,9	-325,3**
B73	232,4	-588,2	-163,9	143,6	-426,7	23,5	-73,4	180,4	-84,0
LH195	-45,4	580,4	602,7	-982,6	401,0	679,7	27,8	178,1	180,2**

** : Significativamente diferente de cero, según test de t contra cero, al 1%.

Tabla 8. Efectos de A.C.E. de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II 2005/06, Ferré 2005/06, Lomas de Zamora 2005/06, Santa Isabel 2005/06, Pergamino I y Pergamino II 2006/07, Lomas de Zamora 2006/07) para rendimiento en grano (kg ha⁻¹, se presentan los valores mayores).

Cruzamiento	A.C.E.	Cruzamiento	A.C.E.
ARZM03014xLP612	689,7*	ARZM02003xMo17	399,6
ARZM01073xLP612	545,4*	ARZM02023xMo17	312,7
ARZM02023xLP612	432,8	ARZM17035xMo17	294,7
ARZM04062xLP612	324,4	ARZM18017xMo17	186,5
ARZM06020xLP612	209,0	ARZM16064xB73	820,6**
ARZM07134xLP612	121,3	ARZM14103xB73	608,2*
ARZM01045xLP122-2	647,1*	ARZM18017xB73	305,7
ARZM03014xLP122-2	512,1	ARZM04062xB73	170,6
ARZM01042xLP122-2	391,3	ARZM17035xB73	135,9
ARZM16008xLP122-2	355,1	ARZM04062xLH195	532,9*
ARZM16064xLP122-2	320,9	ARZM18037xLH195	428,6
ARZM18037xLP122-2	285,7	ARZM01045xLH195	385,0
ARZM06020xMo17	935,2**	ARZM01042xLH195	330,6
ARZM14103xMo17	469,9	ARZM17035xLH195	316,2
ARZM07134xMo17	455,4	ARZM18017xLH195	126,7

** , * , +: Significativamente diferente de cero, según test de t contra cero, al 1, 5 y 10% respectivamente.

Los valores medios de longitud de espiga variaron entre 15,8 cm para el cruzamiento ARZM18037xLP122-2 y 19,3 cm para ARZM01073xMo17 (Apéndice, tabla A7); el diámetro de espiga entre 4,5 cm (ARZM01073xMo17) y 5,3 cm (ARZM16064xLP122-2). El número de hileras varió entre 13,3 (ARZM01073xMo17) y 17,6 (ARZM16064xLP122-2). El peso de grano individual mostró valores desde 279 g (ARZM01042xLP122-2) hasta 344 g (ARZM16008xLP612), y el número de granos por metro cuadrado mostró valores medios desde 1749 (ARZM16064xMo17) hasta 2980 (ARZM01042xLP122-2).

En el análisis de correlación fenotípica entre las variables rendimiento en grano y sus componentes (Tabla 9) evaluadas a través de cinco ambientes, Pergamino I y Pergamino II en 2005/06 y 2006/07, y Ferré 2005/06, sólo el número de granos por metro cuadrado evidenció estar significativamente correlacionado con el rendimiento en grano ($P < 0,01$, $r = 0,64$). Este último no resultó correlacionado con el peso de grano individual. A su vez, peso y número de granos demostraron estar significativamente correlacionados entre sí en forma negativa ($P < 0,01$, $r = -0,36$). El peso de los granos resultó estar altamente correlacionado con el largo de espiga ($P < 0,01$, $r = 0,48$), y en forma negativa ($P < 0,01$, $r = -0,32$) con el número de hileras por espiga. Mientras que el número de granos por unidad de superficie evidenció estar significativamente correlacionado con el diámetro de espiga ($P < 0,05$, $r = 0,24$) y el número de hileras ($P < 0,05$, $r = 0,25$), y de manera negativa con el largo de la mazorca ($P < 0,05$, $r = -0,25$).

Tabla 9. Matriz de Correlación fenotípica entre el rendimiento (Rend) y sus componentes, longitud de espiga (Lesp), diámetro de espiga (Desp), número de hileras (Hil), peso de grano individual (PG) y número de granos por metro cuadrado (NG m²) a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06 y 2006/07, Ferré 2005/06).

	Rend	Lesp	Desp	Hil	PG	NG m ²
Rend	1	-0,116	0,005	-0,010	0,012	0,643
Lesp	ns	1	-0,359	-0,571	0,477	-0,253
Desp	ns	**	1	0,755	-0,082	0,244
Hil	ns	**	**	1	-0,320	0,252
PG	ns	**	ns	**	1	-0,360
NG m ²	**	*	*	*	**	1

**, *, ns: Significativo al 1 y 5% de probabilidad y no significativo, respectivamente para el test t, Correlación de Pearson.

En cuanto a los componentes de rendimiento analizados a través de los cinco ambientes mencionados en el párrafo anterior, se detectaron diferencias altamente significativas ($P < 0,01$) (ver Apéndice, tablas A2 a A6 inclusive) para todos los caracteres: largo y diámetro de espiga, número de hileras, peso de grano individual y número de granos por metro cuadrado. Según el análisis dialélico combinado para estos componentes de rendimiento, se detectó que la variación entre las cruzas se debió tanto a los efectos significativos de A.C.G. y A.C.E. ($P < 0,01$ y $P < 0,05$, respectivamente), salvo en el caso del peso de grano individual donde ni los efectos de A.C.G. de las poblaciones (grupo I de progenitores) ni los efectos de A.C.E. fueron significativos. Tampoco fueron significativos los efectos de A.C.E. entre los dos grupos de progenitores para el número de granos por metro cuadrado.

En la Tabla 10 se presentan los efectos de A.C.G. de las variedades locales a través de ambientes para número de granos por metro cuadrado. Se realizó un análisis más detallado para este carácter debido a que fue el único componente que se correlacionó significativamente con el rendimiento en grano. Las variedades que evidenciaron los valores medios más altos fueron ARZM01042, ARZM07134, ARZM14103 y ARZM16008, lo que se corresponde con los valores de A.C.G. de las variedades a través de ambientes para rendimiento en grano. Los efectos de A.C.G. de las tres primeras resultaron significativamente distintos de cero ($P < 0,05$ y $P < 0,1$). De las variedades locales que revelaron valores medios negativos de A.C.G., ARZM02023 fue significativamente diferente de cero ($P < 0,01$).

Con respecto a los efectos de A.C.G. de las líneas probadoras a través de ambientes para número de granos (Tabla 11), LP 122-2 y LH195 evidenciaron los valores medios más altos y éstos resultaron significativamente distintos de cero ($P < 0,01$ y $P < 0,05$). De las líneas que mostraron valores medios de A.C.G. negativos, Mo17 fue significativamente diferente de cero ($P < 0,01$). Estos resultados son consistentes con los observados para los efectos de A.C.G. de las líneas para rendimiento en grano y la correlación fenotípica encontrada entre rendimiento y número de granos por metro cuadrado.

Los valores medios de A.C.E. de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de ambientes para número de granos por metro cuadrado (Tabla 12, se presentan los valores mayores solamente) variaron desde -450 (ARZM16064xMo17) hasta 339 (ARZM03014xLP612).

Tabla 10. Efectos de A.C.G. de las variedades locales (Grupo I) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para número de granos por metro cuadrado. A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Ferré 2005/06, A4: Pergamino I 2006/07, A5: Pergamino II 2006/07.

Variedad local	A1	A2	A3	A4	A5	Medio
ARZM01042	88,2	24,7	267,4	115,7	120,5	123,3*
ARZM01045	-13,8	-85,7	-38,4	-49,2	-27,2	-42,8
ARZM01073	133,7	66,2	-47,3	64,0	-133,2	16,7
ARZM02003	144,0	-29,2	-28,6	25,4	-55,0	11,3
ARZM02023	42,7	-421,0	-89,1	-363,3	-236,2	-213,4**
ARZM03014	55,7	-29,8	6,9	-44,8	-37,7	-10,0
ARZM04062	-341,7	-48,6	-79,1	85,0	-4,8	-77,8
ARZM06020	-2,2	8,2	-52,9	-66,7	-204,2	-63,6
ARZM07134	147,8	182,1	27,3	49,0	97,4	100,7
ARZM14103	211,3	177,1	-51,2	30,9	125,7	98,8
ARZM16008	34,3	270,2	-66,8	89,5	-32,2	59,0
ARZM16064	-162,5	-64,8	52,2	5,9	139,3	-6,0
ARZM17035	-81,9	-69,1	60,4	-8,8	239,9	28,1
ARZM18017	-164,7	39,2	33,9	32,9	-50,6	-21,9
ARZM18037	-90,9	-19,5	5,2	34,7	58,3	-2,4

**, *: Significativamente diferente de cero, según test de t contra cero, al 1 y 5% respectivamente.

Tabla 11. Efectos de A.C.G. de las líneas probadoras (Grupo II) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para número de granos por metro cuadrado. A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Ferré 2005/06, A4: Pergamino I 2006/07, A5: Pergamino II 2006/07.

Línea probadora	A1	A2	A3	A4	A5	Medio
LP612	15,1	104,2	-104,5	-183,9	13,5	-31,1
LP122-2	-59,2	11,7	344,2	286,5	394,8	195,6**
Mo17	-27,5	-100,2	-260,8	-138,3	-357,2	-176,8**
B73	126,6	-217,3	-85,4	-76,2	-30,5	-56,6
LH195	-55,0	201,5	106,5	112,0	-20,5	68,9*

**, *: Significativamente diferente de cero, según test de t contra cero, al 1 y 5% respectivamente.

Tabla 12. Efectos de A.C.E. de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06 y 2006/07, Ferré 2005/06) para número de granos por metro cuadrado (se presentan los valores mayores).

Cruzamiento	A.C.E.	Cruzamiento	A.C.E.
ARZM03014xLP612	338,6*	ARZM02023xMo17	230,4
ARZM04062xLP612	277,7+	ARZM14103xMo17	155,9
ARZM02023xLP612	184,0	ARZM01073xMo17	127,7
ARZM06020xLP612	138,3	ARZM02003xMo17	119,2
ARZM01045xLP612	94,2	ARZM16064xB73	310,4*
ARZM07134xLP612	58,2	ARZM18017xB73	206,3
ARZM01042xLP122-2	279,1*	ARZM18037xB73	190,3
ARZM16064xLP122-2	267,7+	ARZM17035xB73	135,6
ARZM16008xLP122-2	237,9+	ARZM16008xB73	112,2
ARZM03014xLP122-2	118,1	ARZM18017xLH195	177,3
ARZM14103xLP122-2	67,3	ARZM17035xLH195	118,0
ARZM01045xLP122-2	47,7	ARZM01073xLH195	105,1
ARZM07134xMo17	332,7*	ARZM18037xLH195	63,9
ARZM06020xMo17	239,9+	ARZM01045xLH195	50,2

*, +: Significativamente diferente de cero, según test de t contra cero, al 5 y 10% respectivamente.

Los datos de altura de inserción de la espiga principal y de planta variaron entre 105 cm (ARZM16008xLH195) y 135 cm (ARZM01045xLP612), y entre 229 cm (ARZM16008xLH195) y 261 cm (ARZM16064xB73), respectivamente (Apéndice, tablas A13 y A14). El análisis de varianza combinado a través de ambientes (Pergamino I y II, 2005/06 y 2006/07) evidenció diferencias altamente significativas ($P < 0,01$; Tablas A8, A9, Apéndice) entre los 75 cruzamientos variedad local x línea probadora para ambas alturas.

El 28% (21 cruza) de las medias de altura de inserción de la espiga principal de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de ambientes (Tabla A13, Apéndice) no evidenció diferencias significativas con respecto al testigo comercial ACA 2000, el 6,7% (5 cruza) no mostró diferencias significativas en relación a ALBION CL, sólo el 1,3% (1 cruzamiento) con respecto a DK 747 MG, y finalmente la totalidad de los cruzamientos reveló diferencias significativas ($P < 0,05$) con respecto a NIDERA 895. Las medias de altura de planta de los cruzamientos a través de ambientes (Tabla A14, Apéndice) no evidenciaron diferencias significativas en relación al testigo comercial ALBION CL en el 77,3% de los casos (58 cruza), el 74,7% (56 cruza) en relación a DK 747 MG, 16% (12 cruzamientos) no reveló diferencias significativas con respecto al testigo comercial ACA 2000, y solamente el 2,7% de los cruzamientos (2 cruza) no evidenció diferencias significativas con respecto al híbrido NIDERA 895.

A partir del análisis dialélico combinado a través de ambientes se pudieron observar efectos significativos de A.C.G. y A.C.E. ($P < 0,01$) para altura de inserción de espiga principal y de planta. En cambio, para los datos de ciclo hasta anthesis y emisión de estigmas, los efectos de A.C.G. fueron significativos ($P < 0,01$ y $P < 0,05$) para cada grupo de progenitores, mientras que los de A.C.E. entre los dos grupos de progenitores no fueron significativos. Los efectos de A.C.G. para el intervalo anthesis-emisión de estigmas fueron significativos solamente para el grupo de las variedades locales ($P < 0,05$), mientras que los de A.C.E. entre ambos grupos de progenitores no fueron significativos.

Teniendo en cuenta los efectos de A.C.G. de las variedades locales a través de ambientes para altura de inserción de la espiga principal (Tabla 13), se puede observar que las poblaciones ARZM01045, ARZM02003, ARZM16064, ARZM03014, ARZM04062 y ARZM06020 presentaron los valores medios positivos más altos, y fueron significativamente distintos de cero ($P < 0,05$ y $P < 0,01$, Tabla 13). Las poblaciones ARZM02023, ARZM16008, ARZM01073 y ARZM18037 arrojaron valores medios negativos de A.C.G., que fueron significativamente distintos de cero ($P < 0,01$, Tabla 13).

Las líneas probadoras que evidenciaron valores medios positivos de A.C.G. a través de ambientes para altura de inserción de la espiga principal fueron B73, LP122-2 y LP612 (Tabla 14), y fueron significativamente distintos de cero ($P < 0,01$, Tabla 14). En cambio, las líneas Mo17 y LH195 revelaron valores medios de A.C.G. negativos, también significativamente diferentes de cero ($P < 0,01$, Tabla 14).

Tabla 13. Efectos de A.C.G. de las variedades locales (Grupo I) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para altura de inserción de la espiga principal (cm). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07, A4: Pergamino II 2006/07.

Variedad local	A1	A2	A3	A4	Medio
ARZM01042	-1,3	1,4	1,7	-1,2	0,2
ARZM01045	9,8	8,2	9,7	11,6	9,8**
ARZM01073	-3,4	-4,5	-6,3	-4,5	-4,7**
ARZM02003	5,2	7,6	6,3	9,0	7,0**
ARZM02023	-8,7	-11,5	-11,8	-12,7	-11,2**
ARZM03014	2,9	3,5	3,1	6,2	3,9**
ARZM04062	3,8	3,6	0,6	7,7	3,9**
ARZM06020	1,6	2,1	4,1	1,3	2,3*
ARZM07134	-4,2	-1,9	2,5	-1,7	-1,4
ARZM14103	-1,6	-2,0	-2,0	-2,1	-1,9+
ARZM16008	-8,7	-12,9	-8,0	-12,9	-10,7**
ARZM16064	9,1	3,9	2,1	3,2	4,6**
ARZM17035	1,7	3,8	0,2	0,4	1,5
ARZM18017	0,0	1,9	-0,2	2,1	1,0
ARZM18037	-6,1	-3,1	-2,0	-6,4	-4,4**

** , * , +: Significativamente diferente de cero, según test de t contra cero, al 1, 5 y 10% respectivamente.

Tabla 14. Efectos de A.C.G. de las líneas probadoras (Grupo II) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para altura de inserción de la espiga principal (cm). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07, A4: Pergamino II 2006/07.

Línea probadora	A1	A2	A3	A4	Medio
LP612	-0,2	3,2	0,7	2,5	1,6**
LP122-2	-0,2	2,9	1,7	4,2	2,2**
Mo17	-3,0	-5,4	-3,0	-4,4	-4,0**
B73	4,6	1,6	1,6	2,3	2,5**
LH195	-1,3	-2,3	-1,0	-4,7	-2,3**

** : Significativamente diferente de cero, según test de t contra cero, al 1%.

Con respecto a los efectos de A.C.G. de las variedades locales a través de ambientes para altura de planta se puede observar en la Tabla 15 que las variedades locales ARZM16064 y ARZM02003 revelaron los valores medios

positivos más altos y significativamente distintos de cero ($P < 0,01$), en correspondencia con lo hallado para altura de inserción de la espiga principal para estas poblaciones. Las variedades locales ARZM16008, ARZM02023, ARZM18037 y ARZM14103 evidenciaron los valores medios negativos de A.C.G. más altos y significativamente distintos de cero ($P < 0,01$, Tabla 15), lo que resulta consistente también con los resultados para altura de inserción de la espiga principal.

En el caso de los efectos de A.C.G. de las líneas probadoras para altura de planta, los valores medios positivos mayores fueron presentados por las líneas B73 y LH195 (Tabla 16) y resultaron significativamente diferentes de cero ($P < 0,01$). Mientras que las líneas LP612 y Mo17 revelaron los valores medios negativos más altos, siendo también significativamente distintos de cero ($P < 0,01$).

De los efectos de A.C.G. de las líneas probadoras para altura de planta y de inserción de la espiga principal surge que las líneas flint tienden a producir cruzamientos con una altura relativa de la espiga (en relación a la altura total de la planta) mayor que los que genera la línea probadora dentada LH195.

Tabla 15. Efectos de A.C.G. de las variedades locales (Grupo I) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para altura de planta (cm). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07, A4: Pergamino II 2006/07.

Variedad local	A1	A2	A3	A4	Medio
ARZM01042	-1,6	-4,7	5,8	-4,7	-1,3
ARZM01045	3,5	3,7	1,6	1,0	2,5
ARZM01073	-2,9	-3,6	-0,2	-0,6	-1,8
ARZM02003	5,0	6,1	1,1	10,7	5,7**
ARZM02023	-2,9	-4,9	-7,2	-8,1	-5,8**
ARZM03014	1,1	0,2	-2,8	6,0	1,1
ARZM04062	-1,1	4,5	-2,9	4,2	1,2
ARZM06020	2,8	1,9	3,3	-2,3	1,4
ARZM07134	-4,3	-1,8	6,4	-0,1	0,0
ARZM14103	-1,0	-6,0	-3,8	-0,8	-2,9**
ARZM16008	-3,6	-6,5	-7,8	-9,2	-6,8**
ARZM16064	9,6	14,0	13,4	9,7	11,6**
ARZM17035	1,5	3,0	0,5	-1,3	0,9
ARZM18017	0,2	-2,8	-5,7	3,4	-1,2
ARZM18037	-6,3	-3,0	-1,6	-7,9	-4,7**

** : Significativamente diferente de cero, según test de t contra cero, al 1%.

Tabla 16. Efectos de A.C.G. de las líneas probadoras (Grupo II) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para altura de planta (cm). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07, A4: Pergamino II 2006/07.

Línea probadora	A1	A2	A3	A4	Medio
LP612	-3,0	-5,8	-7,2	-4,6	-5,1**
LP122-2	-6,2	0,5	0,5	3,5	-0,4
Mo17	-1,4	-5,3	-2,7	-1,8	-2,8**
B73	8,0	5,4	4,7	4,5	5,6**
LH195	2,5	5,2	4,8	-1,6	2,7**

** : Significativamente diferente de cero, según test de t contra cero, al 1%.

Teniendo en cuenta el ciclo del cultivo, el análisis de varianza combinado a través de ambientes (Pergamino I y II, 2005/06, Pergamino I 2006/07) también evidenció diferencias altamente significativas ($P < 0,01$; Tablas A10, A11 y A12, Apéndice) entre los 75 cruzamientos variedad local x línea probadora para todos los caracteres. Las observaciones de ciclo hasta 50% de antesis (GDM) y hasta 50% de emisión de estigmas (GDF), y el intervalo antesis-aparición de estigmas (ASI) se encontraron en los siguientes rangos: desde 929 °Cd (ARZM02023xB73) hasta 1025 °Cd (ARZM16064xLH195) para GDM (Tabla A15, Apéndice); desde 971 °Cd (ARZM18037xB73) hasta 1060 °Cd (ARZM16064xLH195) para GDF (Tabla A16, Apéndice); y desde 23,15 °Cd (ARZM18017xB73) hasta 65,59 °Cd (ARZM01045xMo17) para ASI (Tabla A17, Apéndice). Las medias de ciclo hasta 50% de antesis (GDM) de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de ambientes (Tabla A15, Apéndice) no evidenciaron diferencias significativas con respecto al testigo comercial ACA 2000 en el 69,3% de los casos (52 cruzas), el 73,3% de los cruzamientos (55 cruzas) tampoco evidenció diferencias significativas en relación a ALBION CL, el 60% (45 cruzamientos) no mostró diferencias significativas con respecto a NIDERA 895, y finalmente el 13,3% (10 cruzas) no reveló diferencias significativas en relación al testigo comercial DK 747 MG.

En cuanto a las medias de ciclo hasta 50% de emisión de estigmas (GDF) de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de ambientes (Tabla A16, Apéndice) el 77,3% (58 casos) no mostró diferencias significativas con respecto al testigo comercial ACA 2000, el 54,7% (40 cruzas) no evidenció diferencias significativas en relación a ALBION CL, 36% (27 cruzamientos) no reveló diferencias significativas de NIDERA 895, mientras que el 12% (9 cruzas) no evidenció diferencias significativas de DK 747 MG. Finalmente, con respecto a las medias del ASI de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de ambientes (Tabla A17, Apéndice) el 86,7% de los cruzamientos (65 cruzas) no mostró diferencias significativas con respecto al testigo comercial DK 747 MG, 94,7% (71 cruzas) en relación a ACA 2000, el 29,3% (22 cruzamientos) no evidenció diferencias significativas de NIDERA 895, y 18,7% (14 cruzas) no reveló diferencias significativas con respecto a ALBION CL.

En la Tabla 17 se presentan los efectos de A.C.G. de las variedades locales a través de ambientes para ciclo hasta 50% de antesis (GDM). Las variedades que evidenciaron los valores medios positivos más altos fueron ARZM016064, ARZM03014, ARZM04062, ARZM01045, ARZM02003 y ARZM16008. Los efectos de A.C.G. de estas variedades resultaron significativamente distintas de cero ($P < 0,1$ y $P < 0,05$, Tabla 17). De las variedades locales que revelaron valores medios negativos de A.C.G., ARZM02023, ARZM14103, ARZM18037, ARZM01073 y ARZM18017 mostraron los valores más altos y significativamente diferente de cero ($P < 0,01$ y $P < 0,05$, Tabla 17).

Tabla 17. Efectos de A.C.G. de las variedades locales (Grupo I) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para ciclo hasta 50% de antesis (°Cd). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07.

Variedad local	A1	A2	A3	Medio
ARZM01042	0,6	0,6	-3,4	-0,7
ARZM01045	12,4	21,6	0,9	11,6**
ARZM01073	-20,0	-0,5	-11,6	-10,7**
ARZM02003	15,9	2,0	16,8	11,5**
ARZM02023	-39,7	-27,2	-12,1	-26,4**
ARZM03014	29,7	19,0	11,8	20,2**
ARZM04062	22,5	15,0	8,1	15,2**
ARZM06020	-5,5	-9,1	12,4	-0,7
ARZM07134	1,1	-4,5	-12,9	-5,4
ARZM14103	-23,7	-23,8	-15,5	-21,0**
ARZM16008	18,7	7,5	-1,1	8,4*
ARZM16064	32,0	26,6	23,4	27,3**
ARZM17035	-7,4	-3,6	-5,1	-5,4
ARZM18017	-13,4	-5,9	-6,0	-8,4*
ARZM18037	-23,1	-17,6	-6,1	-15,6**

**, *: Significativamente diferente de cero, según test de t contra cero, al 1 y 5% respectivamente.

En cuanto a los efectos de A.C.G. de las líneas probadoras a través de ambientes para ciclo hasta 50% de antesis (Tabla 18), LH195 y LP 122-2 evidenciaron los valores medios más altos y éstos resultaron significativamente distintos de cero ($P < 0,01$ y $P < 0,05$, Tabla 18). Las líneas Mo17, B73 y LP612 mostraron valores medios de A.C.G. negativos, significativamente diferentes de cero ($P < 0,01$ y $P < 0,05$, Tabla 18).

Tabla 18. Efectos de A.C.G. de las líneas probadoras (Grupo II) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para ciclo hasta 50% de antesis (°Cd). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07.

Línea probadora	A1	A2	A3	Medio
LP612	-5,6	3,1	-12,5	-5,0
LP122-2	3,6	3,3	9,8	5,5
Mo17	-19,7	-13,4	0,8	-10,8
B73	-2,8	-17,3	-5,8	-8,7
LH195	24,5	24,3	7,8	18,9

**, *: Significativamente diferente de cero, según test de t contra cero, al 1 y 5% respectivamente.

Para el carácter ciclo hasta 50% de emisión de estigmas (GDF) las variedades locales que mostraron los efectos medios de A.C.G. positivos más altos fueron ARZM16064, ARZM01045, ARZM03014, ARZM04062 y ARZM02003, siendo estos valores significativamente distintos de cero ($P < 0,01$ y $P < 0,05$, Tabla 19). Estos resultados se corresponden en gran medida con los del carácter ciclo hasta 50% de antesis. Las poblaciones que evidenciaron los valores medios negativos mayores fueron ARZM14103, ARZM18037, ARZM02023, ARZM18017 y ARZM01073, y fueron significativamente distintos de cero ($P < 0,01$ y $P < 0,05$). En este caso también es coherente con lo observado para ciclo hasta 50% de antesis.

Las líneas probadoras que evidenciaron los mayores valores medios positivos de A.C.G. para GDF fueron LH195 y LP122-2, siendo éstos significativamente distintos de cero ($P < 0,01$, Tabla 19); mientras que las líneas

B73 y LP612 mostraron los valores medios negativos de A.C.G. más elevados y significativamente diferentes de cero ($P < 0,01$, Tabla 20). Estos resultados se corresponden en gran medida con los de ciclo hasta 50% de antesis.

Tabla 19. Efectos de A.C.G. de las variedades locales (Grupo I) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para ciclo hasta 50% de emisión de estigmas ($^{\circ}\text{Cd}$). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07.

Variedad local	A1	A2	A3	Medio
ARZM01042	2,8	2,2	-3,6	0,5
ARZM01045	25,7	28,9	3,1	19,2**
ARZM01073	-18,7	-3,7	-11,5	-11,3*
ARZM02003	12,4	5,1	15,2	10,9*
ARZM02023	-30,3	-7,6	-14,5	-17,5**
ARZM03014	28,1	8,0	18,1	18,1**
ARZM04062	19,3	14,5	5,7	13,2**
ARZM06020	0,3	-7,3	11,3	1,4
ARZM07134	-1,2	-3,4	-13,4	-6,0
ARZM14103	-29,6	-25,8	-17,9	-24,4**
ARZM16008	10,5	-4,3	0,9	2,3
ARZM16064	33,6	28,2	30,1	30,6**
ARZM17035	-5,6	-5,4	-6,2	-5,8
ARZM18017	-20,4	-9,4	-7,4	-12,4**
ARZM18037	-26,8	-20,0	-9,5	-18,8**

** , * : Significativamente diferente de cero, según test de t contra cero, al 1 y 5% respectivamente.

Tabla 20. Efectos de A.C.G. de las líneas probadoras (Grupo II) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para ciclo hasta 50% de emisión de estigmas ($^{\circ}\text{Cd}$). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07.

Línea probadora	A1	A2	A3	Medio
LP612	-11,7	0,4	-13,4	-8,2**
LP122-2	6,2	9,7	11,6	9,1**
Mo17	-3,8	-6,6	1,3	-3,0
B73	-7,5	-18,2	-8,3	-11,3**
LH195	16,8	14,8	8,8	13,5**

** : Significativamente diferente de cero, según test de t contra cero, al 1%.

Para el ASI, los valores medios de A.C.G. positivos más altos de las variedades locales correspondieron a ARZM02023 y ARZM01045, y resultaron significativamente distintos de cero ($P < 0,01$, Tabla 21); mientras que la variedad que presentó el valor medio negativo más elevado y significativamente diferente de cero fue ARZM16008 ($P < 0,01$, Tabla 21).

Las líneas probadoras que evidenciaron los valores medios positivos más altos para ASI fueron Mo17 y LP122-2, siendo éstos significativamente distintos de cero ($P < 0,01$, Tabla 22). Los valores medios negativos de A.C.G. correspondieron las líneas LH195, LP612 y B73, y fueron significativamente diferentes de cero ($P < 0,01$ y $P < 0,05$, Tabla 22).

Tabla 21. Efectos de A.C.G. de las variedades locales (Grupo I) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para intervalo antesis . aparición de estigmas (°Cd). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07.

Variedad local	A1	A2	A3	Medio
ARZM01042	2,3	1,6	-0,3	1,2
ARZM01045	13,4	7,3	2,1	7,6**
ARZM01073	1,3	-3,2	0,0	-0,6
ARZM02003	-3,5	3,1	-1,7	-0,7
ARZM02023	9,4	19,6	-2,5	8,9**
ARZM03014	-1,6	-11,0	6,2	-2,1
ARZM04062	-3,1	-0,6	-2,5	-2,1
ARZM06020	5,8	1,8	-1,2	2,2
ARZM07134	-2,4	1,1	-0,6	-0,6
ARZM14103	-5,9	-2,0	-2,5	-3,4
ARZM16008	-8,3	-11,8	1,9	-6,1**
ARZM16064	1,6	1,6	6,6	3,3
ARZM17035	1,8	-1,8	-1,2	-0,4
ARZM18017	-7,0	-3,5	-1,5	-4,0
ARZM18037	-3,7	-2,4	-3,5	-3,2

** : Significativamente diferente de cero, según test de t contra cero, al 1%.

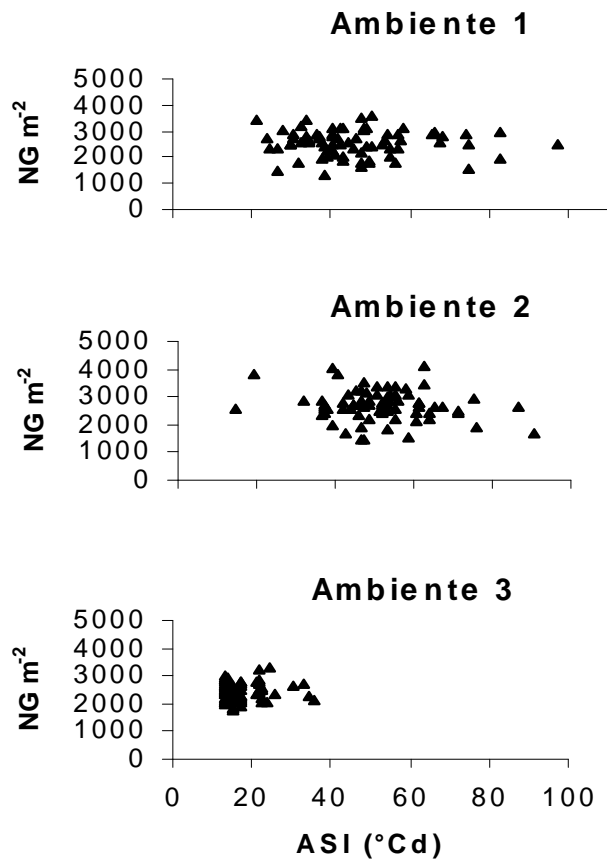
Tabla 22. Efectos de A.C.G. de las líneas probadoras (Grupo II) en cada ambiente y a través de ambientes (Medio) para intervalo antesis . aparición de estigmas (°Cd). A1: Pergamino I 2005/06, A2: Pergamino II 2005/06, A3: Pergamino I 2006/07.

Línea probadora	A1	A2	A3	Medio
LP612	-6,1	-2,7	-0,9	-3,2*
LP122-2	2,6	6,4	1,8	3,6**
Mo17	15,9	6,8	0,5	7,7**
B73	-4,7	-0,9	-2,5	-2,7*
LH195	-7,7	-9,5	1,0	-5,4**

** , * : Significativamente diferente de cero, según test de t contra cero, al 1 y 5% respectivamente.

Los cruzamientos variedad local x línea probadora, en promedio, presentaron mayor tiempo térmico a floración y ASI respecto a los testigos comerciales. Se podría haber esperado por lo tanto una tendencia a disminuir el número de granos por metro cuadrado en respuesta al aumento del intervalo antesis . aparición de estigmas, como consecuencia de una mayor asincronía floral. Sin embargo, el número de granos por m² no respondió a las variaciones en ASI.

Figura 3. Relación entre el número de granos por metro cuadrado y el ASI ($^{\circ}\text{Cd}$) para los cruzamientos variedad local x línea probadora, por ambiente (Ambiente 1: Pergamino I 2005/06, Ambiente 2: Pergamino II 2005/06; Ambiente 3: Pergamino I 2006/07).



Las medias de porcentaje de quebrado a través de ambientes para los cruzamientos variedad local x línea probadora variaron entre 5,07% (ARZM04062xLP612) y 37,33% (ARZM14103xMo17) (Tabla A20, Apéndice). El análisis de varianza combinado a través de ambientes para el porcentaje de quebrado reveló diferencias altamente significativas ($P < 0,01$; Tabla A18, Apéndice) entre los 75 cruzamientos variedad local x línea probadora. Los valores medios a través de ambientes para los cruzamientos variedad local x línea probadora no evidenciaron diferencias significativas con respecto al testigo comercial NIDERA 895 en el 44% de los casos (33 cruza) (Tabla A20, Apéndice), el 30,7% (23 cruza) no mostró diferencias significativas en relación a los testigos DK 747 MG y ALBION CL, y el 24% (18 cruzamientos) no presentó diferencias significativas con respecto a ACA 2000. El análisis dialélico combinado a través de ambientes para este carácter evidenció efectos significativos de A.C.G. ($P < 0,01$) para el grupo de variedades locales (Grupo I, Tabla A18, Apéndice), mientras que no mostró efectos significativos de A.C.G. para el grupo de las líneas probadoras (Grupo II), ni de A.C.E.

En cuanto al porcentaje de vuelco, no se observaron diferencias significativas entre los 75 cruzamientos variedad local x línea probadora en el análisis de varianza combinado a través de ambientes, y tampoco se

distinguieron efectos significativos de A.C.G. ni de A.C.E. (Tabla A19, Apéndice). Las medias de porcentaje de vuelco a través de ambientes para los cruzamientos variedad local x línea probadora variaron entre 2,34% (ARZM01073xLP612) y 16,68% (ARZM02023xMo17) (Tabla A21, Apéndice). Para este carácter, porcentaje de vuelco, el 73,3% (55 cruza) de los valores medios de los cruzamientos no reveló diferencias significativas respecto al testigo comercial ALBION CL, 65,3% (49 cruzamientos) respecto a DK 747 MG, el 62,7% (47 cruza) no presentó diferencias significativas con respecto a NIDERA 895, mientras que el 60% (45 combinaciones) no lo hizo en relación a ACA 2000.

Por último, no se observaron diferencias significativas a través de ambientes para los datos de peso hectolítrico, los cuales variaron entre 72,425 kg/hl (ARZM01042xLP612) y 78,17 kg/hl (ARZM03014xB73) (Apéndice, Tabla A22).

2.5. ASIGNACIÓN DE LAS VARIEDADES LOCALES A GRUPOS HETERÓTICOS

Con el fin de adjudicar las variedades locales analizadas a distintos grupos heteróticos, se aplicaron **modelos AMMI** de efectos principales aditivos (variedades locales y líneas probadoras) y multiplicativos de interacción (variedades locales x líneas probadoras) para la variable rendimiento en grano a través de ambientes. Se tuvo en cuenta solamente esta variable, debido a que se la considera la resultante del comportamiento agronómico general del cultivo, tanto en cuanto a los componentes del rendimiento como también respecto a su capacidad de adaptación a las distintas variaciones del ambiente. Un porcentaje apreciable (51% aproximadamente) de la suma de cuadrados correspondiente al modelo completo para rendimiento en grano se debió a la interacción variedad local x línea probadora (Tabla 23). Esta suma de cuadrados de interacción fue dividida en componentes principales, cuyos ejes explicaron aproximadamente el 67% de la variación (43,8% y 23,2% para el primer y segundo eje respectivamente). En el biplot correspondiente (Figura 4) se puede observar que las líneas probadoras se ubicaron en distintos cuadrantes según su origen genético. Para el primer eje, los mayores *scores* (en valor absoluto) correspondieron a las líneas Mo17 (1,241) y LP122-2 (-0,846). Las otras líneas dentadas presentaron *scores* negativos cercanos entre sí (B73= -0,0801 y LH195= -0,139). El primer eje podría ser interpretado entonces como representativo del patrón heterótico flint local x dentado norteamericano (LP122-2xMo17, LP612xMo17), debido a la ubicación de las líneas flint locales LP122-2 y LP612 en zona de valores negativos de este primer eje, mientras que la línea dentada Mo17 se ubicó en el semieje de valores positivos. A su vez, el primer eje podría ser considerado como un contraste entre las líneas dentadas de EEUU, representando el patrón heterótico dentado x dentado norteamericano, Reid Yellow Dent x Lancaster Sure Crop (LH195xMo17, B73xMo17), dada su localización también opuesta en los semiejes negativo y positivo respectivamente. Para el segundo eje las líneas flint locales evidenciaron *scores* positivos o muy cercanos a cero (LP612= 1,044 y LP122-2= -0,009), mientras que las líneas dentadas norteamericanas presentaron *scores* negativos o también cercanos a cero (B73= -0,590, Mo17= 0,048 y LH195= -0,492). En este caso los resultados fueron consistentes con la existencia de un patrón heterótico mayor, flint argentino x dentado norteamericano, ya que las líneas flint locales se

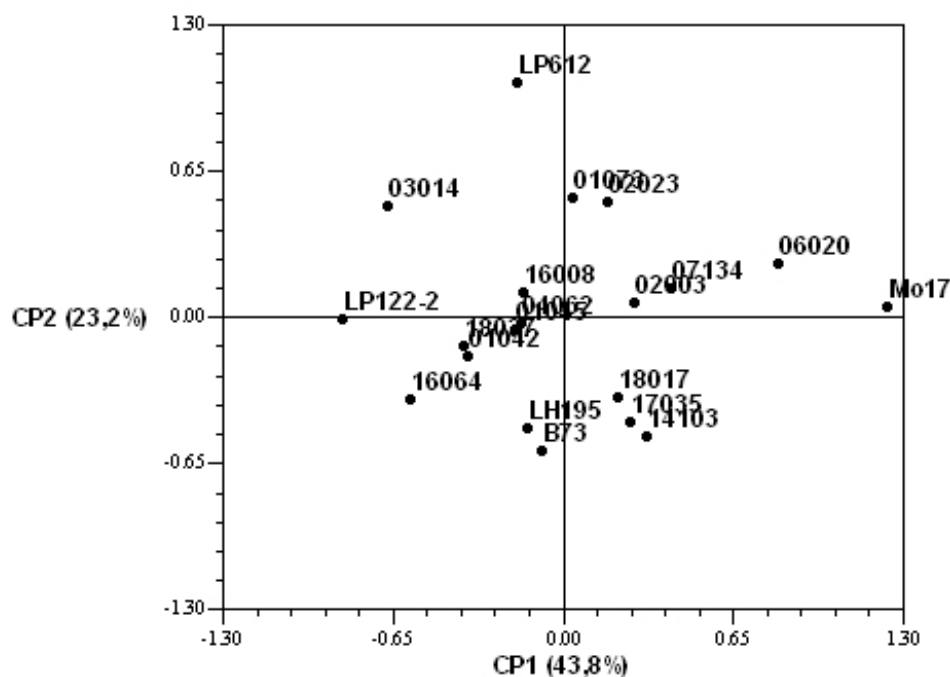
ubicaron prácticamente del lado positivo del segundo eje, en cambio las líneas dentadas se situaron principalmente en el semieje negativo de esta componente principal.

Las variedades locales cuyos scores se encontraron cercanos a cero para ambos ejes serían las de menor importancia en cuanto a su contribución a la *performance* de los cruzamientos; tal fue el caso de ARZM04062 y ARZM01045. La variedad local ARZM06020, por el contrario, es la que mayor contribución hace a los cruzamientos a través de su efecto sobre la primera componente principal.

Tabla 23. Análisis de varianza corregido por número de repeticiones del análisis AMMI, para rendimiento en grano.

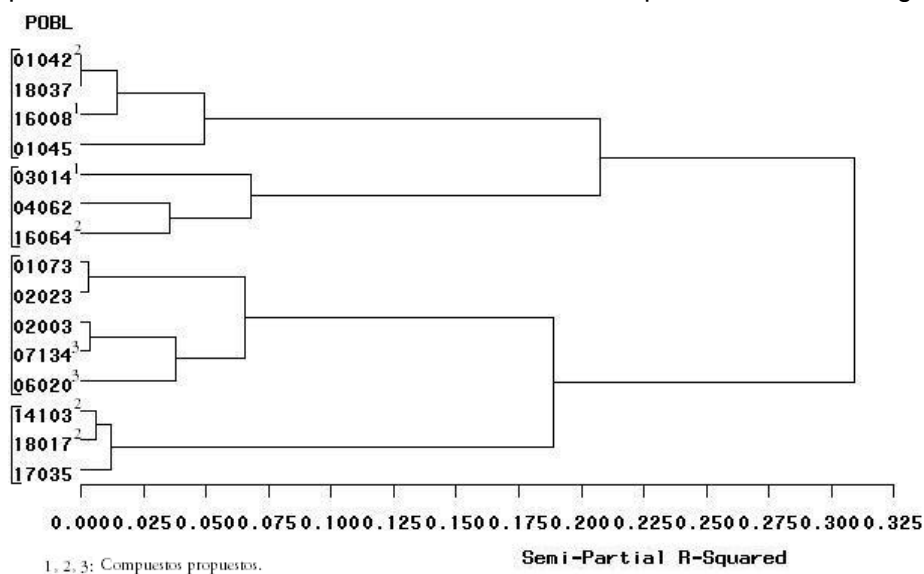
F.V.	G.L.	S.C.	C.M.	F	Prob.
Variedades Locales	14	88,55	6,325	3,9441	1,677E-06
Líneas probadoras	4	68,013	17,0032	10,6028	2,7E-08
Variedades Locales x Líneas probadoras	56	195,393	3,4892	2,1758	4,783E-06

Figura 4. Biplot del análisis AMMI de las 15 variedades locales y 5 líneas probadoras para rendimiento en grano a través de ambientes. Las notaciones cercanas a los puntos corresponden a los genotipos según descripción numérica en la Tabla 1 (No figura la codificación ARZM de cada población, para no sobrecargar el gráfico).



El análisis de cluster jerárquico de Ward de las variedades locales, en base a sus valores para las tres primeras componentes principales de la interacción variedad local x línea probadora del análisis AMMI a través de ambientes para rendimiento en grano resultó en la formación de cuatro grupos (Figura 5).

Figura 5. Dendrograma a partir del Análisis de Cluster jerárquico de mínima varianza de Ward de las quince poblaciones según sus valores para las tres primeras componentes principales de la interacción variedad local x línea probadora del análisis AMMI a través de ambientes para rendimiento en grano.



2.6. DISCUSIÓN

El comportamiento de los híbridos de referencia resultó promisorio en comparación con los híbridos comerciales utilizados como testigos. Los testigos comerciales se comportaron consistentemente con la información previa disponible (Eyhérabide *et al.* 2006), que permitió ubicarlos en un rango de rendimientos suficientemente amplio como para evaluar el potencial productivo de los demás genotipos evaluados.

Los resultados obtenidos demuestran que los cruzamientos variedad local x línea probadora tuvieron un muy buen comportamiento en el área donde el proyecto se llevó a cabo, que es representativa de zonas con alto potencial para la producción de maíz. Lo que es más importante, algunas combinaciones variedad local x línea probadora, especialmente aquellas en las cuales intervinieron las líneas LP 122-2 y LH195, evidenciaron aumentos sustanciales en el rendimiento en grano en comparación con los híbridos simples entre las líneas probadoras (híbridos de referencia), e incluso se encontraron al mismo nivel de rendimiento que los testigos comerciales. Ésto permite concluir que las poblaciones selectas tienen alto potencial para ser incorporadas al germoplasma actualmente en uso en los programas de mejora. Altos valores de A.C.G. para rendimiento en grano, tales como los revelados por algunas de las poblaciones, son indicativos de alta frecuencia de alelos favorables (Crossa *et al.*, 1990). En estudios previos, utilizando estimadores del número relativo de alelos favorables en las variedades, y que no están presentes en un híbrido de referencia (Dudley 1987 y 1988), se evaluaron las mismas variedades locales utilizadas en la presente tesis para rendimiento en grano. Los híbridos tomados como referencia fueron LP612xLP122-2 (colorado duro), LP612xMo17 y LP122-2xMo17 (ambos semidentados). La mayoría de las variedades locales evaluadas presentaron alelos favorables para mejorar el rendimiento de los híbridos (Lorea *et al.*, 2008).

Teniendo en cuenta las correlaciones entre el rendimiento en grano y sus componentes (Tabla 9), solamente el número de granos por metro cuadrado evidenció estar asociado con el rendimiento, mientras que el peso de grano individual no mostró una correlación significativa con el mismo. Si bien existen evidencias de respuesta del rendimiento al peso de grano individual para híbridos argentinos (Cirilo y Andrade 1994; Otegui *et al.* 1995), la literatura es consistente en indicar al número de granos como el principal determinante del rendimiento en grano en maíz (Andrade *et al.* 1996), en coincidencia con los hallazgos de esta tesis. La asociación negativa entre número y peso del grano individual coincide con hallazgos previos utilizando híbridos comerciales de Argentina (Borrás y Otegui 2001) y ya ha sido ampliamente discutida en cuanto a sus fundamentos ecofisiológicos (Gambín *et al.* 2006). Por otra parte, las respuestas de los componentes del rendimiento (número de granos por m² y peso del grano individual) a ciertas características de la mazorca (número de hileras por espiga y longitud de espiga) no habían sido evaluadas hasta el momento en estudios orientados al mejoramiento genético de la especie. Las mismas podrían evidenciar (i) un aumento del número de granos por espiga promovido más por el aumento del número de hileras que por el aumento del número de flores por hilera (*i.e.* espigas más largas), y (ii) las concomitantes respuestas contrarias del peso individual del grano a tales rasgos de la espiga, debido a su asociación negativa con el número de granos. Los resultados obtenidos en la presente tesis respaldan parcialmente los hallazgos de Luque (2000) y Matthiess *et al.* (1999). Estos autores hipotetizaron sobre la ventaja del aumento del número de hileras por espiga respecto al número de flores por hilera en la determinación de la mejora registrada en el número final de granos en maíz (Luque *et al.* 2006), pero observaron que el mejoramiento genético de híbridos comerciales en Argentina trajo aparejado un aumento de ambos componentes de la espiga.

Con relación a las variedades locales que intervinieron mayormente en los cruzamientos que se ubicaron en el primer tercio de las medias de rendimiento a través de ambientes (Tabla 3), en términos relativos a otras variedades locales se puede decir que la variedad ARZM14103 tiende a producir cruces de alto rendimiento, espigas largas y finas, granos pesados, ciclo precoz, de baja altura de planta y con baja inserción de espiga principal. La variedad ARZM01042 tiende a originar cruzamientos de alto rendimiento, espigas también largas y finas, granos livianos, de período entre antesis y emisión de estigmas más largo, de baja altura de planta y altura relativa de espiga elevada. Por su parte, ARZM16008 produce cruzamientos de alto rendimiento, espigas cortas, granos pesados, de ciclo tardío, de baja altura de planta y con baja inserción relativa de espiga. La variedad ARZM06020 origina cruzamientos de alto rendimiento, espigas largas y gruesas, granos de alto peso, de período entre antesis y emisión de estigmas mayor, y de altura de planta y altura de inserción de espiga elevadas. Por último la variedad ARZM18017 revela efectos aditivos que tienden a originar cruzamientos de alto rendimiento, espigas cortas y anchas, granos pesados, de ciclo precoz, planta de baja altura y altura relativa de la espiga elevada. Como se puede observar, algunas de estas poblaciones mostraron potencial para reducir la altura de planta y la de inserción de la espiga principal, a diferencia de lo demostrado en trabajos donde se evaluó el potencial de poblaciones para mejorar la *performance* de híbridos formados por líneas comerciales (Dudley *et al.* 1996). De la misma manera, la línea LP122-2 mostró tendencia a producir cruces con alto rendimiento, espigas cortas y anchas, granos de bajo peso, de ciclo tardío, de baja altura de planta y alta inserción relativa de espiga. La línea LH195, tiende a originar cruzamientos de elevado

rendimiento también, espigas alargadas y gruesas, granos pesados, de ciclo tardío, planta alta y con baja inserción de espiga.

Tal como ha sido reportado por otros autores (Stuber 1986; Holley y Goodman 1988) los cruzamientos con variedades nativas generalmente muestran valores muy altos de altura de planta total y de inserción de la espiga principal. Esto conduce a una mayor producción de caña y a una mayor susceptibilidad al vuelco de la planta. Los cruzamientos con variedades locales alcanzan este mayor desarrollo durante un período vegetativo más largo que los testigos (Bosch *et al.* 1994). En cuanto a los resultados de este trabajo, se pudo observar que en promedio el porcentaje de quebrado para los cruzamientos variedad local x línea probadora aumentó aproximadamente un 15% con respecto a los testigos comerciales, y el porcentaje de vuelco alrededor de un 7% con respecto a los mismos, los cuales prácticamente no presentaron plantas volcadas. Es importante destacar que se trata de poblaciones sin mejora previa y que uno de los obstáculos en la utilización de las mismas es la susceptibilidad al vuelco y quebrado, dada la mayor altura, tanto de inserción de la espiga principal como de planta. Una de las estrategias para incorporar este material a los programas de mejoramiento del cultivo, en lugar de realizar directamente su introgresión en las poblaciones base, podría ser una selección previa de líneas parcialmente endocriadas originadas a partir de las variedades locales, seleccionadas para caracteres agronómicos de alta heredabilidad, seguido de una recombinación de las mismas para formar una población mejorada (Eyhérbide y González, 1997), tal como fue sugerido por Eberhart *et al.* (1995). Realizar selección para resistencia al vuelco y quebrado, altura de inserción de la espiga principal y depresión por endocría mejoraría la *performance* agronómica de las poblaciones.

En cuanto a la respuesta del NG por m² al ASI y como se puede observar en la Figura 3, no se produjo una respuesta directa, sino que más bien hubo una variación en el número de granos por metro cuadrado según el genotipo. Esto pudo deberse al efecto de compensación en sincronía floral producida por los cruzamientos, en los cuales intervienen variedades locales con una variabilidad marcada de genotipos dentro de cada una de ellas, y eventualmente a la disposición de las parcelas experimentales contiguas, que puede haber facilitado la polinización entre los distintos genotipos. Los resultados obtenidos en este sentido discrepan con estudios previos conducidos en condiciones de deficiencia hídrica (Bolaños y Edmeades 1993) o de N (Lafitte *et al.* 1997). Sin embargo, utilizando líneas del programa de mejoramiento de INTA, D' Andrea *et al.* (2006) hallaron que la asociación positiva entre NG por m² y ASI estuvo provocada exclusivamente por una línea creciendo en condiciones altamente deficitarias en nitrógeno pero desaparecía en caso de eliminar dicho genotipo, lo cual respalda los hallazgos de esta tesis.

Como ya se mencionó, y a partir de los análisis AMMI para rendimiento en grano a través de ambientes, las líneas probadoras se ubicaron en distintos cuadrantes de acuerdo a su origen genético. Según Eyhérbide y González (1997) las variedades locales evaluadas pueden ser clasificadas en base al signo y magnitud de su respectiva interacción con las líneas probadoras flint o dent utilizadas. La contribución al cruzamiento variedad local x línea probadora de variedades locales con *scores* positivos para la segunda componente principal sería favorable para el rendimiento en grano de los cruzamientos con las líneas flint, porque los *scores* de ambos, variedad local y línea probadora tienen el mismo signo, e irían en detrimento del rendimiento de los cruzamientos con las líneas dentadas LH195 y B73 debido a que variedad local y línea probadora presentan *scores* de distinto signo.

Los cruzamientos entre variedades locales y líneas probadoras cuyos *scores* para las dos primeras componentes principales para rendimiento en grano se ubican en el mismo cuadrante (Figura 4) van a verse especialmente beneficiados por una contribución favorable a su rendimiento en términos de la primera y segunda componentes principales de la interacción. En el caso de los resultados de esta tesis, la contribución del cruzamiento entre las variedades locales ARZM03014 y ARZM16008 y las líneas flint locales será favorable para rendimiento en grano. Por su parte, las líneas dentadas norteamericanas B73 y LH195 se verán beneficiadas al ser cruzadas con las poblaciones ARZM16064, ARZM18037 y ARZM01042, en términos de su aporte al rendimiento; mientras que la línea Mo17 también se verá favorecida en este sentido al ser cruzada con las poblaciones ARZM06020, ARZM07134, ARZM07134, ARZM02023 y ARZM01073. Estos hallazgos se corresponden en gran medida con los obtenidos a partir de las medias de rendimiento en grano de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de ambientes (Tabla 3), donde se puede distinguir que prácticamente todos estos cruzamientos, salvo la cruza ARZM02023xMo17, no difieren significativamente del genotipo más rendidor (LP122-2xB73) ni del testigo comercial que más rindió (DK 747 MG).

Por otro lado, la contribución será desfavorable para las cruza entre variedades locales y líneas probadoras cuyos *scores* se encuentren en diferentes cuadrantes en la misma diagonal. La contribución final de la interacción de otras combinaciones variedad local x línea probadora al rendimiento en grano dependerá de la suma algebraica de los productos de sus respectivos *scores* a través de los dos ejes (Eyhérbide y González 1997).

Con respecto al agrupamiento obtenido a partir del análisis de cluster jerárquico de Ward de las variedades locales en base a sus valores para las tres primeras componentes principales de la interacción variedad local x línea probadora del análisis AMMI a través de ambientes para rendimiento (Figura 5) y teniendo en cuenta su sitio de recolección (Tabla 1), se puede decir que el sitio geográfico de colecta no se encontró relacionado con este agrupamiento.

A partir de la clasificación de las variedades locales en grupos definidos en función de las medias de rendimiento en grano a través de ambientes de sus cruzamientos con líneas probadoras, y de los modelos AMMI (Figura 4), se identificaron ocho variedades locales que podrían ser utilizadas como parentales de tres poblaciones o compuestos de base amplia (Tabla 24). ARZM03014 y ARZM16008 demostraron interacciones favorables con las líneas probadoras flint LP112-2 y LP612, y podrían ser recombinadas para formar un compuesto. Las variedades locales ARZM16064 y ARZM01042 evidenciaron interacciones favorables con las líneas dentadas norteamericanas LH195 y B73, por lo que podrían ser cruzadas entre sí para formar un segundo compuesto. Las variedades ARZM14103 y ARZM18017 por su parte también revelaron interacciones positivas con las líneas LH195 y B73, por lo tanto podrían ser incluidas en este segundo compuesto a formar. Ambas variedades presentaron el mismo signo para el segundo eje de componentes principales que estas líneas dentadas. Por último, ARZM06020 y ARZM07134 combinaron favorablemente con la línea dentada Mo17, en consecuencia se podrían recombinar entre sí para formar una tercera población heterogénea. En todos los casos, las combinaciones entre las variedades locales de los compuestos propuestos con las respectivas líneas probadoras, mostraron valores medios elevados de rendimiento. Asimismo, las variedades sugeridas presentaron valores positivos de A.C.G. Si se examinan los cuatro clusters obtenidos a través del método de Ward (Figura 5, Resultados), se puede distinguir que las variedades locales asignadas para formar los dos primeros compuestos, resultaron incluidas en

grupos diferentes al de las variedades locales asignadas al tercer compuesto a formar, las cuales sí se agrupan en un mismo cluster, mostrando correspondencia entre los resultados obtenidos a partir del biplot del análisis AMMI y del agrupamiento a partir del análisis de clusters jerárquico según sus valores para las tres primeras componentes principales de la interacción variedad local por línea probadora.

Tabla 24. Medias de las variedades locales seleccionadas a través de ambientes y líneas probadoras para ciclo hasta antesis (GDM), número de granos por metro cuadrado (NG m⁻²), altura de inserción de la espiga principal (Aesp), porcentaje de quebrado (Q), y rendimiento en grano. Los compuestos se definieron en función del análisis AMMI para rendimiento en grano de los cruzamientos variedad local x línea probadora y de la media a través de ambientes.

Variedad local	GDM ¹ (°Cd)	NG m ⁻²²	Aesp (cm) ²	%Q ³	Rendimiento en grano para las líneas probadoras (kg/ha) ⁴					
					LP122-2	LP612	B73	LH195	Mo17	Media
Compuesto 1										
ARZM03014	996,1	2372,2	120,9	19,7	8682,4	8387,2	7850,9	7529,2	6646,7	7819,3
ARZM16008	984,3	2441,2	107,8	16,5	8666,9	7854,0	7605,7	8100,3	7577,3	7960,8
Media	990,2	2406,7	114,4	18,1	8674,7	8120,6	7728,3	7814,8	7112,0	7890,1
Compuesto 2										
ARZM16064	1003,3	2376,2	127,5	25,1	8485,9	7549,9	8550,6	7847,1	6636,6	7814,0
ARZM01042	975,2	2505,5	118,3	14,0	8712,2	7674,4	7751,4	8480,7	7230,6	7969,9
ARZM14103	954,9	2480,9	120,9	19,0	8564,3	7439,0	8776,5	8085,1	8396,9	8252,4
ARZM18017	967,5	2379,8	114,0	12,8	7994,7	7449,6	8138,6	8223,9	7778,1	7917,0
Media	975,2	2435,6	120,2	17,7	8439,3	7528,2	8304,3	8159,2	7510,6	7988,3
Compuesto 3										
ARZM06020	975,2	2318,6	120,3	16,1	7491,8	8115,6	7909,1	7987,2	8638,2	8028,4
ARZM07134	970,5	2482,9	116,5	17,3	7782,9	7911,0	7706,4	8115,6	8041,6	7911,5
Media	972,8	2400,8	118,4	16,7	7637,4	8013,3	7807,8	8051,4	8339,9	7970,0

¹ Datos de Pergamino I y II 2005/06, y Pergamino I 2006/07.

² Datos de Pergamino I y II 2005/06, Ferré 2005/06, y Pergamino I y II 2006/07.

³ Datos de Santa Isabel 2005/06, Pergamino I y II 2005/06.

⁴ Datos de Pergamino I y II 2005/06, Ferré 2005/06, Lomas de Zamora 2005/06, Santa Isabel 2005/06, Pergamino I y II 2006/07, y Lomas de Zamora 2006/07.

CAPÍTULO 3 CARACTERIZACIÓN DE VARIEDADES LOCALES MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES

3.1. INTRODUCCIÓN

Los primeros estudios que promovieron la posibilidad de utilizar datos de marcadores moleculares de líneas (o poblaciones) parentales como medida de divergencia genética, usada luego para predecir el comportamiento de la progenie, parten de la observación de una correlación positiva entre heterosis y medidas indirectas de diversidad genética; *i.e.* diferencias morfológicas, distancia entre orígenes geográficos, etc. (Moll *et al.* 1965). Desde mediados de los años 1980 se añaden a los métodos de estimación de distancia genética existentes (distancia geográfica, caracteres morfológicos, isoenzimas, etc.) nuevas técnicas de biología molecular que involucran la caracterización de polimorfismos directamente a nivel del ADN: *RFLPs* (*Restriction Fragment Length Polymorphisms*) o polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción, *RAPDs* (*Random Amplified Polymorphic DNAs*) o polimorfismos de ADN amplificado aleatoriamente y *SSRs* (*Simple Sequence Repeats*), repeticiones de secuencias simple o microsatélites, entre otros (Staub *et al.* 1996).

Warburton *et al.* (2002), Heckenberger *et al.* (2005) y Reif *et al.* (2003, 2006) utilizaron marcadores moleculares para agrupar genotipos y asignarlos a grupos heteróticos. En este capítulo se evalúan los resultados obtenidos con el análisis de los marcadores microsatélites en las variedades locales en estudio, así como también en las líneas probadoras, con el objetivo de caracterizarlas, clasificarlas y agruparlas según sus distancias genéticas.

3.2. MATERIALES Y MÉTODOS

3.2.1. Material vegetal

Las 15 poblaciones o variedades locales seleccionadas, citadas en el capítulo anterior, y las cinco líneas endocriadas se analizaron mediante marcadores tipo microsatélites. Se evaluaron 30 individuos por población, número considerado adecuado para detectar alelos de baja frecuencia, según Crossa *et al.* (1993). En el caso de las líneas se usaron bulks de hojas de 5 plantas por línea.

Crossa *et al.* (1993) establecieron el tamaño mínimo de muestra n que se requiere para retener o poder detectar, con probabilidad P al menos una copia de cada k -ésima clase alélica en cada uno de los m loci (ecuación 2):

$$n > \frac{\log[1 - P^{1/m}] \cdot \log[k - 1]}{\log[1 - P]} \quad (2)$$

Con 48 individuos, para $m = 5$ loci con $k = 5$ alelos por locus hay una probabilidad del 95% de detectar todos los alelos con $P = 0,05$. Trabajando con 30 individuos, los alelos de $P = 0,07$ pueden ser detectados al mismo nivel de probabilidad. Esta fórmula muestra que el tamaño de muestra requerido es afectado en mayor medida por frecuencias alélicas bajas que por el número de alelos por locus o el número de loci. Por lo tanto, los alelos que se encuentren en muy baja frecuencia pueden no ser detectados correctamente a menos que se utilicen muestras formadas por un número muy elevado de individuos (Warburton *et al.* 2002).

3.2.2. Germinación de las muestras

Se colocaron a germinar 60 semillas por población, en bandejas de plástico utilizando como sustrato arena estéril (en una proporción 1 kg Arena por 100 ml de agua). Cada bandeja se dejó aproximadamente 6 días en la cámara de germinación a 25 °C hasta disponer de plántulas sanas y de tamaño adecuado para realizar la extracción de ADN.

3.2.3. Extracción del ADN

La extracción de ADN se realizó a partir de material fresco de hojas de plántulas (50 a 60 plántulas para contar con individuos adicionales y manteniendo la individualidad de las plantas) y se llevó a cabo según el protocolo de Kleinhofs *et al.* (1993). La cuantificación de los ADNs extraídos y el control de la integridad de los mismos, se determinó visualmente y en comparación a ADN de concentración conocida. Para ello, los ADNs se sembraron en geles de agarosa 0,8 % con bromuro de etidio ($0,1\mu\text{g } \mu\text{l}^{-1}$) y se visualizaron en un transiluminador de luz UV.

3.2.4. Amplificación del ADN

Las reacciones de amplificación (PCR) se llevaron a cabo en placas de 96 pocillos en un termociclador PTC-100 (MJ Research, Inc. Watertown, MA), programado con una temperatura inicial de desnaturalización de 94°C durante 5 min. Las condiciones de los ciclos fueron las siguientes: desnaturalización a 94°C durante 30 segundos y elongación a 72°C durante 30 segundos. Las temperaturas de hibridación se programaron con un gradiente de temperatura comenzando a 65°C y finalizando a 50°C después de 15 ciclos. En los 35 ciclos remanentes la temperatura de hibridación fue de 55°C, durante 30 segundos cada ciclo. La etapa final de elongación fue de 72°C durante 10 minutos. Esta técnica, conocida como *Touchdown* Amplificación con rampa decreciente de temperaturas, se basa en comenzar la reacción de PCR a temperaturas altas, evitando así amplificaciones inespecíficas, para ir disminuyéndola progresivamente una vez copiadas las primeras secuencias diana. Las muestras se amplificaron en un volumen de reacción de 13 μl . Cada reacción contenía 200 μM de dNTPs, 1,5 mM Mg^{++} , 250 nM de cada oligonucleótido (*primer* o cebador), 0,5 U Taq-polimerasa, y 30 ng de ADN templado.

Se analizaron 11 marcadores microsatélites. Se utilizaron las secuencias de los oligonucleótidos publicadas en Maize Data Bank - www.agron.missouri.edu/Coop/SSR-Probes/SSR1.html - y se enviaron a sintetizar al laboratorio Alpha DNA - <http://www.alphadna.com>. Los SSRs se seleccionaron en base a su elevado polimorfismo, evidenciado en pruebas anteriores en nuestro laboratorio, y según su ubicación en el genoma del maíz. Los mismos están localizados en distintos cromosomas: bnlg 439 (bin 1,03), bnlg 1811 (bin 1,04), phi96100 (bin 2,02), umc2050 (bin 3,07), phi072 (bin 4,01), bnlg 1006 (bin 5,00), phi075 (bin 6,00), phi034 (bin 7,02), phi080 (bin 8,08), bnlg1714 (bin 9,02), bnlg1839 (bin 10,07). *Bin* se refiere a un segmento correspondiente a un intervalo de mapeo de aproximadamente 20 centiMorgans. La nomenclatura consiste en un número entero (par cromosómico) seguido por dos decimales.

3.2.5. Análisis del ADN

Los productos de amplificación fueron separados mediante electroforesis vertical en cubas de secuenciación en geles desnaturizantes de poli(acrilamida 6% (19:1 acrilamida: bis-acrilamida) con separadores de 0,4 mm, a 55 Watts durante 1 hora, y se detectaron mediante tinción con nitrato de plata, de acuerdo al protocolo de tinción con plata para secuenciación de Promega Corp. Los resultados se evaluaron manualmente, colocando los vidrios sobre un transiluminador de luz blanca. Para determinar el tamaño de los fragmentos amplificados se utilizaron como estándares marcadores de tamaño molecular de 25 pb ADN Step Ladder DNA (Invitrogen®, Carlsbad, CA) y los productos de amplificación de diferentes tamaños fueron considerados como diferentes alelos.

Para el cálculo del tamaño de los alelos se utilizó la forma local del algoritmo de los recíprocos (Elder y Southern 1987). Este método utiliza una regresión hiperbólica para interpolar el tamaño empleando una ecuación unificada con los datos de los estándares (marcador de tamaño molecular conocido). Una ventaja que presenta esta forma es el menor efecto en la contribución de un estándar mal estimado. Dentro de los métodos de elección para estimar tamaños de fragmentos de ADN, en la forma local, el método de los recíprocos (ecuación 3) presenta el menor rango de error (-0,07 a 0,06% versus 1,4 a 4,6% del método semi-logarítmico) y mayor exactitud (Elder y Southern 1987).

$$(m \cdot m_0) \cdot (L - L_0) = c \quad (3)$$

donde m_0 , L_0 y c son constantes, m es la movilidad (en cm) del fragmento incógnita y L el tamaño (en pares de bases). Al poseer esta relación tres constantes, es necesario utilizar tres estándares que se encuentren lo más cerca posible del fragmento desconocido.

Se necesitan tres pares de estándares de movilidad y longitud (m_1 , L_1), (m_2 , L_2) y (m_3 , L_3) para determinar las constantes m_0 , L_0 y c en la ecuación 3. De esta manera, la longitud de un fragmento con movilidad m , estará dada según la ecuación 4:

$$L = [c / (m \cdot m_0)] + L_0 \quad (4)$$

3.2.6. Análisis de datos

Para todos los loci se calcularon las siguientes medidas de variabilidad genética: proporción de loci polimórficos, diversidad genética, heterocigosis media por conteo directo y media del número de alelos por locus. Para cada locus se calculó la diversidad genética, heterocigosis, contenido de información polimórfica (PIC) y número de alelos efectivos.

Para calcular el porcentaje de loci polimórficos, se considera que un locus es polimórfico si se observan variaciones en la población para ese locus y si la frecuencia del alelo más común no supera 0,99 o 0,95 (Balzarini *et al.* 2006).

La diversidad genética (múltiples loci) es una función de la heterocigosis y se calcula a partir de la suma de cuadrados de frecuencias alélicas. Para m loci, la diversidad genética promedio se calcula con la ecuación 5.

$$D = 1 - \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \sum_{i=1}^l p_{ij}^2 \quad (5)$$

donde p_{ij} es la frecuencia del alelo i en el locus j . Para un locus la diversidad genética se calcula según la ecuación 6.

$$D = 1 - \sum_{i=1}^l p_i^2 \quad (6)$$

La heterocigosis por conteo directo se calcula como la proporción de individuos muestreados que son heterocigotas, la cual puede ser calculada para cada locus o como un promedio a través de todos los loci.

Para cuantificar el polimorfismo también es común utilizar el contenido de información polimórfica (PIC) (Botstein *et al.* 1980), definido según la ecuación 7.

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^l p_i^2 - 2 \sum_{i=2}^l \sum_{j=1}^{i-1} (p_i^2 p_j^2) \quad (7)$$

El número de alelos efectivos por locus se calcula como el recíproco de la suma de frecuencias alélicas al cuadrado para el locus en cuestión (ecuación 8)

$$\frac{1}{\sum_{i=1}^l p_i^2} \quad (8)$$

A fin de analizar los datos moleculares, se construyó una matriz básica de datos (MBD) computando las frecuencias relativas de presencia de banda o alelo por microsatélite, las observaciones las constituyeron los individuos dentro de poblaciones. El grado de asociación o relación genética entre poblaciones fue establecido a través de la distancia genética de Prevosti (Prevosti 1974, citado por Wright 1978), también conocida como distancia de Gregorius (Gregorius 1974, 1984). La elección de esta medida de distancia se debió a tres factores: (i) simplicidad, (ii) propiedades matemáticas, entre ellas su carácter de ser una distancia euclídea lo que garantiza su representación en un espacio cartesiano y (iii) resultados altamente satisfactorios para ser aplicada en marcadores multialélicos demostrados en estudios de simulación (Carbonell *et al.* 2002, 2003).

A partir de la matriz de distancias genéticas entre poblaciones se recurrió al análisis de Coordenadas Principales (Gower 1966) y al análisis de Cluster Jerárquico con criterio de encadenamiento (UPGMA; Sneath y Sokal 1973) para ordenar, clasificar y agrupar las poblaciones según su caracterización molecular. La matriz de distancias entre individuos dentro de cada población permitió evaluar la variabilidad genética dentro y entre poblaciones.

El procesamiento de los datos se realizó con los programas Info-Gen (Balzarini y Di Rienzo 2003), y NTSYS (Numerical Taxonomic System, ver. 2,1; Rohlf 2002).

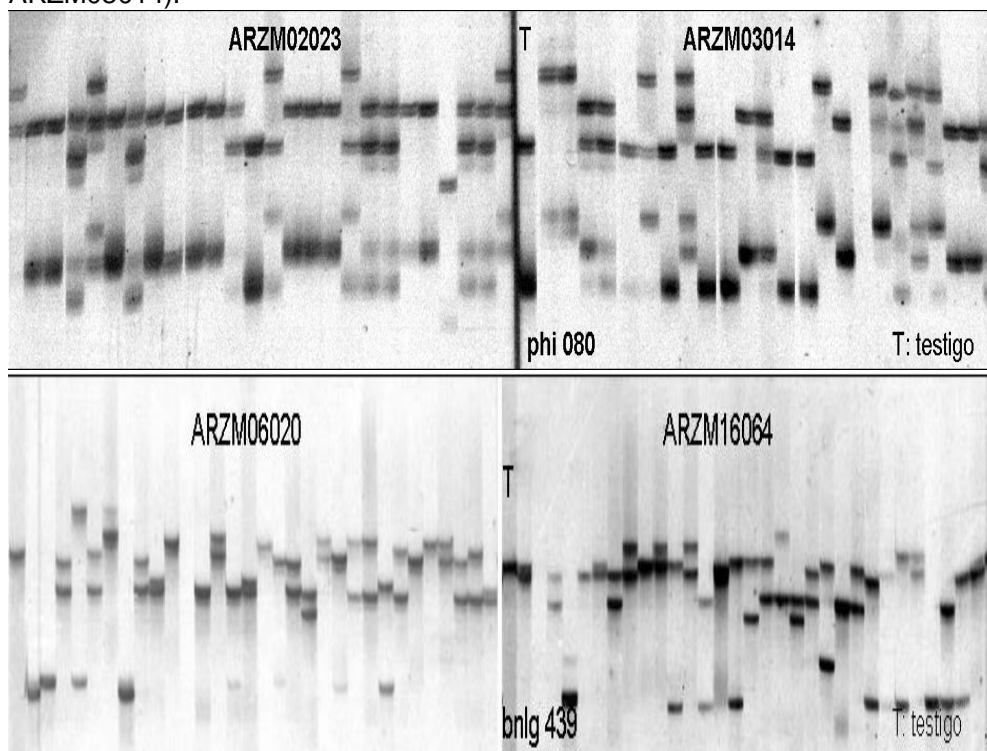
3.3. RESULTADOS

Los 11 marcadores microsatélites generaron un total de 124 alelos (Apéndice, Tabla A24) en los 450 genotipos analizados (15 poblaciones x 30 individuos). El número de alelos por locus a través de todas las poblaciones fue en promedio de 11,27 alelos/locus y varió entre 5 y 22 alelos/locus (Tabla 25, Figura 6). El número de alelos por línea varió entre 2 y 5 alelos por locus.

El contenido de información polimórfica (PIC) promedio del material analizado (poblaciones y líneas) fue de 0,718. El rango de los PIC para los microsatélites analizados varió entre 0,543 y 0,884, para umc2050 y bnlg1811 respectivamente, lo que demuestra el alto poder discriminatorio de los marcadores utilizados (Apéndice, tabla A25).

En la Figura 7 se muestran los gráficos de perfiles promedios (con sus errores estándar) para cada una de las medidas seleccionadas por población para facilitar su comparación.

Figura 6. Bandas observadas para dos microsátélites (bnlg 439, phi 080), en cuatro de las poblaciones analizadas (ARZM06020, ARZM16064, ARZM02023, ARZM03014).



Los valores de distancias genéticas de Prevosti (Prevosti 1974, citado por Wright 1978) entre los pares de poblaciones y de las líneas probadoras evidenciaron un promedio de 0,629 y un rango entre 0,182 (B73 - LH195) y 0,919 (LH195 - ARZM17035) como se puede observar en la Tabla 26. El Análisis Molecular de la Varianza (AMOVA) reveló que el 75,20% de la varianza genética molecular se encontró dentro de las poblaciones y 24,80% entre las poblaciones (Tabla 27).

Tabla 25. Estadísticos de variabilidad genética calculados a través de todos los loci analizados para cada población.

Medidas de diversidad en filas, poblaciones en columnas																
Estadístico	ARZM 01042	ARZM 01045	ARZM 01073	ARZM 02003	ARZM 02023	ARZM 03014	ARZM 04062	ARZM 06020	ARZM 07134	ARZM 14103	ARZM 16008	ARZM 16064	ARZM 17035	ARZM 18017	ARZM 18037	Total
Loci polimorficos(95)	1,00	0,91	0,91	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
Diversidad genética	0,61	0,56	0,37	0,61	0,55	0,67	0,70	0,68	0,66	0,70	0,63	0,66	0,68	0,70	0,60	0,75
Heterocigosis ¹ promedio	0,51	0,52	0,29	0,53	0,48	0,61	0,54	0,41	0,56	0,55	0,52	0,57	0,56	0,52	0,51	0,51
# promedio de alelos	5,18	4,27	2,73	5,36	4,09	5,82	5,36	6,64	5,00	5,91	4,64	5,36	5,55	6,18	4,46	11,18

¹ Cuando el número de alelos es grande, el contenido de información polimórfica (PIC) se aproxima a la heterocigosis (Liu, 1998).

Tabla 26. Distancias genéticas de Prevosti entre las poblaciones y las líneas probadoras.

	01042	01045	01073	02003	02023	03014	04062	06020	07134	14103	16008	16064	17035	18017	18037	LP612	LP122-2	Mo17	LH195	B73	
01042	0																				
01045	0,44	0																			
01073	0,63	0,64	0																		
02003	0,42	0,44	0,55	0																	
02023	0,48	0,52	0,66	0,51	0																
03014	0,43	0,45	0,60	0,39	0,51	0															
04062	0,45	0,46	0,68	0,49	0,51	0,46	0														
06020	0,46	0,49	0,64	0,45	0,57	0,46	0,40	0													
07134	0,46	0,53	0,61	0,44	0,55	0,39	0,44	0,50	0												
14103	0,49	0,42	0,62	0,42	0,55	0,38	0,34	0,42	0,36	0											
16008	0,55	0,57	0,69	0,54	0,49	0,48	0,60	0,53	0,61	0,55	0										
16064	0,47	0,49	0,56	0,45	0,51	0,37	0,51	0,45	0,48	0,41	0,40	0									
17035	0,48	0,35	0,68	0,46	0,53	0,40	0,33	0,43	0,40	0,32	0,53	0,44	0								
18017	0,44	0,43	0,67	0,46	0,52	0,40	0,32	0,43	0,38	0,33	0,51	0,43	0,29	0							
18037	0,50	0,53	0,77	0,56	0,54	0,52	0,38	0,44	0,43	0,43	0,58	0,54	0,40	0,35	0						
LP612	0,85	0,81	0,85	0,88	0,85	0,84	0,78	0,89	0,79	0,83	0,83	0,83	0,76	0,77	0,77	0					
LP122-2	0,69	0,67	0,71	0,79	0,75	0,81	0,73	0,79	0,80	0,78	0,81	0,82	0,75	0,72	0,79	0,64	0				
Mo17	0,89	0,82	0,82	0,84	0,85	0,80	0,78	0,82	0,76	0,70	0,76	0,79	0,74	0,70	0,80	0,82	0,82	0			
LH195	0,88	0,86	0,88	0,89	0,86	0,84	0,89	0,92	0,86	0,84	0,69	0,87	0,92	0,88	0,87	0,82	0,91	0,82	0		
B73	0,89	0,90	0,88	0,87	0,80	0,81	0,90	0,89	0,84	0,81	0,66	0,84	0,89	0,87	0,83	0,82	0,91	0,82	0,18	0	

Figura 7. Gráficos de perfiles promedios para las medidas de variabilidad genética calculadas en las 15 poblaciones y las 5 líneas probadoras. P1 . P15: N° de población según descripción en Tabla 1.

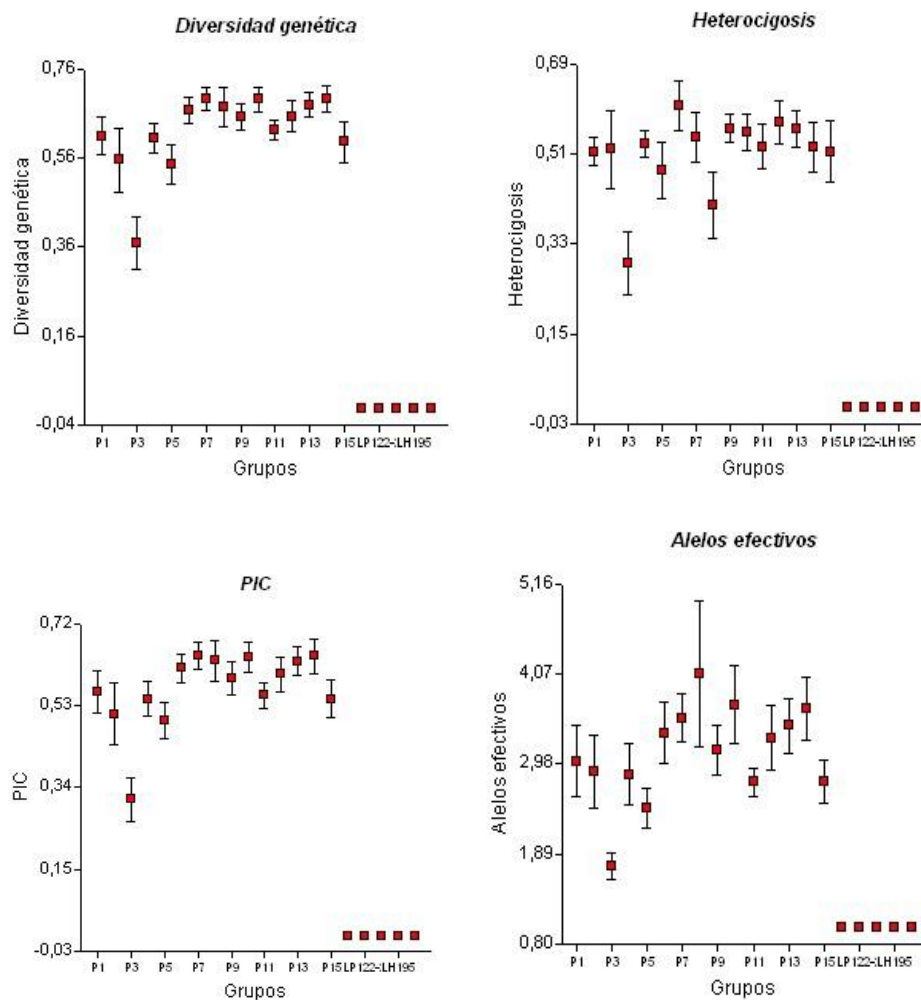


Tabla 27. Análisis de la varianza molecular de las 15 poblaciones analizadas.

F.V.	SC	gl	CM	p-valor	lter.#
Población	178041,80	14,00	12717,27	<0,0001	750
Dentro	539870,16	401,00	1346,31	<0,0001	750
Total	717911,96	417	1721,61		

En el Análisis de Coordenadas Principales (ACoP) basado en las estimaciones de las distancias genéticas de Prevosti, las primeras tres coordenadas principales explicaron 20,3, 11,1 y 8,6% de la variación total, respectivamente (Figura 8). Las líneas probadoras se separaron claramente

entre sí: LH195 y B73 se ubicaron muy cercanas entre sí, en concordancia con su origen común. A su vez, en el Análisis de Cluster jerárquico (Figura 9) para las variedades locales, obtenido a partir de la matriz de distancias genéticas de Prevosti, se puede observar que ARZM01073 (la población de menor heterocigosis promedio y porcentaje de loci polimórficos) se encuentra separada de las demás, y ARZM02023 y ARZM16008 forman un grupo que se distingue del resto de las poblaciones.

Figura 8. Gráfico del Análisis de Coordenadas Principales de las quince poblaciones y las cinco líneas probadoras basado en la distancia genética de Prevosti. PC1 y PC2 son la primera y segunda coordenadas principales, respectivamente. Las notaciones cercanas a los puntos corresponden a los genotipos según descripción numérica en la Tabla 1 (No figura la codificación ARZM de cada población, para no sobrecargar el gráfico).

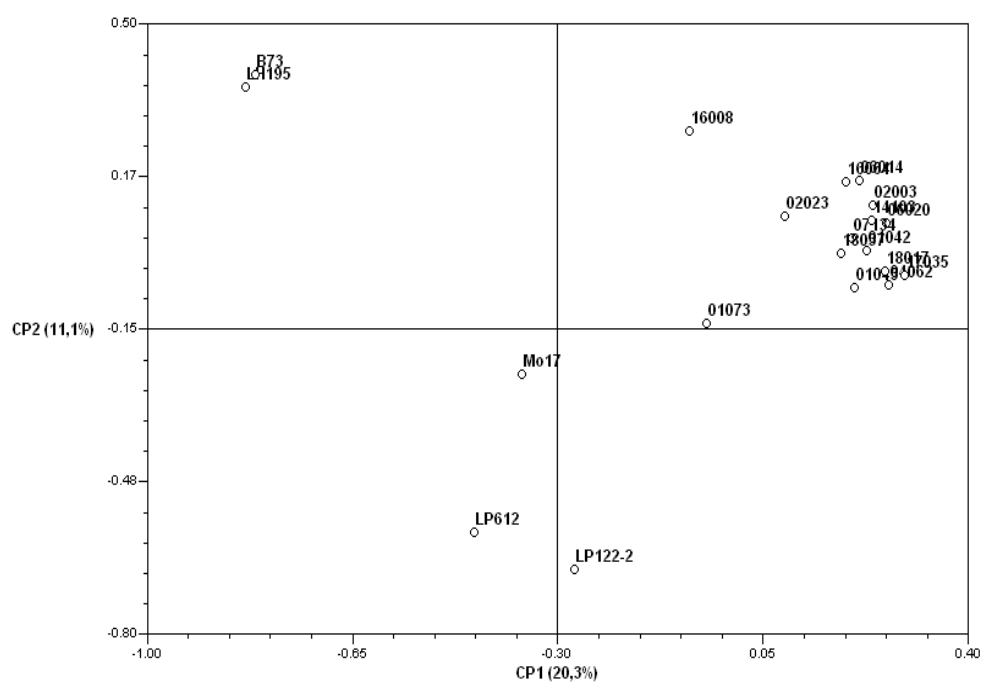
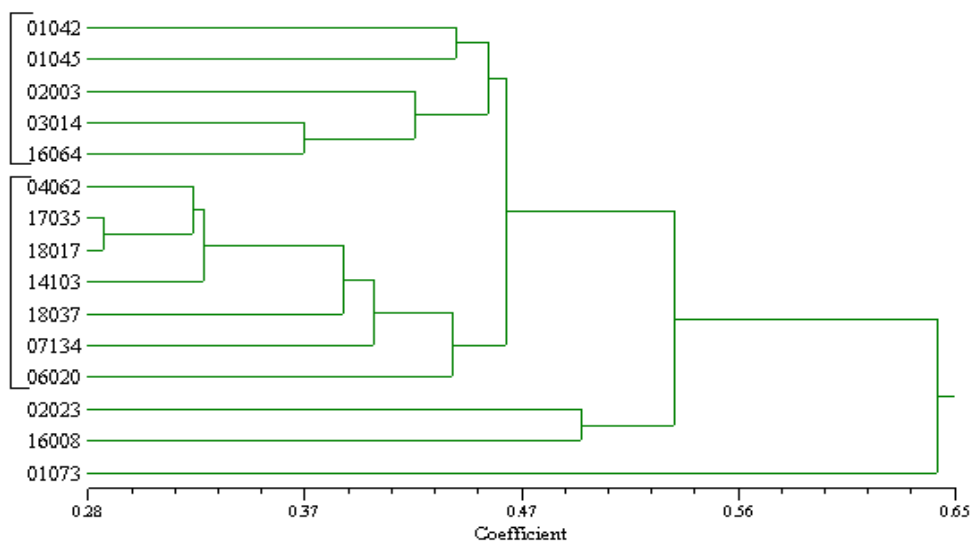


Figura 9. Análisis de Cluster jerárquico con criterio de encadenamiento UPGMA de las quince poblaciones analizadas *per se* a partir de la matriz de distancias genéticas de Prevosti.



3.4. DISCUSIÓN

3.4.1. Diversidad genética entre y dentro de las poblaciones

En este trabajo se encontraron, en promedio a través de las quince poblaciones evaluadas, 11,27 alelos por locus (Tabla 25). Reif *et al.* (2006) reportaron un promedio de 7,84 alelos por locus estudiando 25 poblaciones de razas de maíz originarias de Méjico, y 25 marcadores SSR. Para las siete poblaciones tropicales de maíz del CIMMYT que evaluaron Warburton *et al.* (2002) mediante 85 loci SSR, el número promedio de alelos fue de 6,3, y el rango entre 2 y 16 alelos. El número total de alelos por locus encontrado en el presente trabajo, fue mayor que lo reportado previamente en la literatura. Este hecho, y el alto número de alelos por población, sugieren que las variedades locales en estudio cuentan con una amplia base genética.

Las poblaciones ARZM04062, ARZM14103 y ARZM18017 son las que presentaron mayor diversidad genética (Tabla 25), seguidas por las poblaciones ARZM06020 y ARZM17035. El valor más bajo de diversidad genética se observó para la población ARZM01073, originaria de la provincia de Buenos Aires, departamento de Chacabuco. El ranking de las poblaciones basado en la diversidad genética (D) se encuentra en concordancia con el número promedio de alelos por locus, ya que las variedades de mayor D son las que presentaron los mayores valores de alelos promedio por locus (5,36 a 6,64), y la población ARZM01073, de menor valor de D, mostró también el menor valor de alelos promedio por locus (2,73).

Los datos de variabilidad genética hallados para las poblaciones, junto con el alto porcentaje (75,20%) de la varianza molecular dentro de las poblaciones revelado por el AMOVA (Tabla 27), evidencian una amplia base genética y variabilidad de los materiales evaluados. Reif *et al.* (2003) encontraron también un alto porcentaje (89,8%) de la varianza molecular revelado por el AMOVA dentro de las siete poblaciones tropicales de maíz (seis

poblaciones tropicales tardías de maíz blanco y un pool genético desarrollado por CIMMYT) que analizaron con marcadores microsatélites, resultado que era esperable dada la amplia base genética de los materiales utilizados en su síntesis.

Según nuestros resultados (AMOVA, ACoP) las variedades locales analizadas mostraron ser muy heterogéneas a nivel molecular, pero poco diferenciadas entre sí. Esta alta heterogeneidad, más los altos rendimientos evidenciados por algunas cruces variedad x línea, indican que las mismas podrían contribuir a incrementar la diversidad genética disponible para selección por parte de los mejoradores.

3.4.2. Relación entre las variedades locales y las líneas probadoras

Como se puede observar en el gráfico de Análisis de Coordenadas Principales (Figura 8), las líneas probadoras se separaron claramente entre sí según el origen de las mismas, mientras la mayor parte de las poblaciones se agruparon en uno de los cuadrantes del biplot, en concordancia con el bajo porcentaje de varianza molecular entre las poblaciones hallados en el AMOVA con respecto a la varianza molecular dentro de las mismas (24,80% entre las poblaciones y 75,20% dentro de las poblaciones) (Tabla 27).

Para el primer eje de Coordenadas Principales (Figura 8), la línea dentada Mo17 presenta un valor negativo (-0,36), a su vez las líneas B73 y LH195, presentan también valores negativos prácticamente iguales, pero de mayor valor absoluto (B73=-0,82 y LH195=-0,83). Este eje se corresponde con el patrón heterótico Reid Yellow Dent x Lancaster Sure Crop (B73 y LH195 vs. Mo17). LH195 presenta gran similitud con la línea B73, ya que deriva de ésta y de B37 (Gerdes *et al.* 1993), por lo que pertenecen al mismo grupo heterótico. Para el segundo eje, las líneas flint locales presentan valores negativos (LP612=-0,58 y LP122-2=-0,66), mientras que las líneas dentadas de origen norteamericano B73 y LH195 muestran valores positivos (LH195=0,37 y B73=39), y Mo17 tiene un valor negativo menor que el que evidencian las líneas flint en valor absoluto (-0,24). Estos resultados se corresponden también con la existencia del patrón heterótico Flint Anaranjado Argentino x Dentado Amarillo de Estados Unidos. Consecuentemente, las variedades locales evaluadas pueden ser asignadas a los distintos grupos heteróticos analizados, en función de su ubicación en el gráfico de Coordenadas Principales, es decir, según similitud con las líneas representativas de dichos grupos (a mayor cercanía entre ellas en el gráfico, mayor similitud). Por ejemplo la población ARZM16008 es la que figura más cercana a las líneas dentadas B73 y LH195, por lo que se la podría asignar al grupo heterótico al cual representan, uno de los grupos norteamericanos dentados, conocido como Reid Yellow Dent. Sin embargo, y como se mencionó en el párrafo anterior, la mayoría de las poblaciones se ubicaron agrupadas en el mismo cuadrante del biplot, con lo cual se dificulta determinar la relación espacial de cada una de ellas con líneas probadoras.

En el Análisis de Cluster jerárquico obtenido a partir de la matriz de distancias genéticas de Prevosti (Figura 9), y teniendo en cuenta el sitio de recolección de las variedades locales en los distintos grupos (Tabla 1), se puede observar que el origen geográfico de las poblaciones no se relaciona con su agrupamiento, de manera similar a lo que sucedió con los agrupamientos a partir de las interacciones variedad local x línea probadora. Estos resultados sugieren que el hecho de que las poblaciones se hayan desarrollado aisladas y separadas en el espacio unas de otras no necesariamente resulta en la fijación de determinados alelos, y como consecuencia en una diferenciación genética de las

mismas. Por consiguiente, la evaluación y utilización de este tipo de germoplasma requiere de análisis que permitan determinar sus distancias genéticas, tal como los análisis de marcadores moleculares.

CAPÍTULO 4 RELACIÓN ENTRE LOS PARÁMETROS BIOMÉTRICOS Y MOLECULARES

4.1. INTRODUCCIÓN

Las configuraciones geométricas obtenidas mediante escalas multidimensionales, coordenadas principales u otras técnicas similares, ofrecen una de las maneras más clásicas de representar la estructura y relación empírica de un conjunto de elementos o individuos a los cuales se les ha observado simultáneamente una serie de atributos (Bramardi, 2000). En muchos casos, la orientación de las dimensiones es arbitraria, y cuando se han obtenido varias configuraciones sobre la misma muestra de elementos ya sea porque se realizaron en diferentes momentos o por distintos observadores o técnicas, no es posible compararlas con un sentido completo sin antes rotarlas y adecuarlas en forma óptima. Varias técnicas, frecuentemente llamadas en la literatura procesos *matching* permiten hacerlo, entre ellas quizás la más tradicional sea el Análisis de Procrustes (Bramardi, 2000). Bajo el criterio de rotar una matriz para ajustarla a otra, es posible rotar varias matrices a una matriz centroide común, ésto es lo que se conoce con el nombre de Análisis de Procrustes Generalizados. Gower (1975) describe la matriz centroide como una representación de configuración promedio o de consenso e incluye la traslación y el escalamiento de las matrices previa estandarización de las mismas. Las aplicaciones de este método en el campo de la genética son muy escasas a pesar de su potencial, y se refieren tan sólo para el estudio de estabilidad varietal (Peltonen-Saino *et al.* 1993), como en la caracterización conjunta de caracteres genéticos y agronómicos (Faccioli *et al.* 1995). En este capítulo proponemos utilizar esta metodología para comparar y examinar la consistencia de las ordenaciones obtenidas a partir de los parámetros biométricos y moleculares.

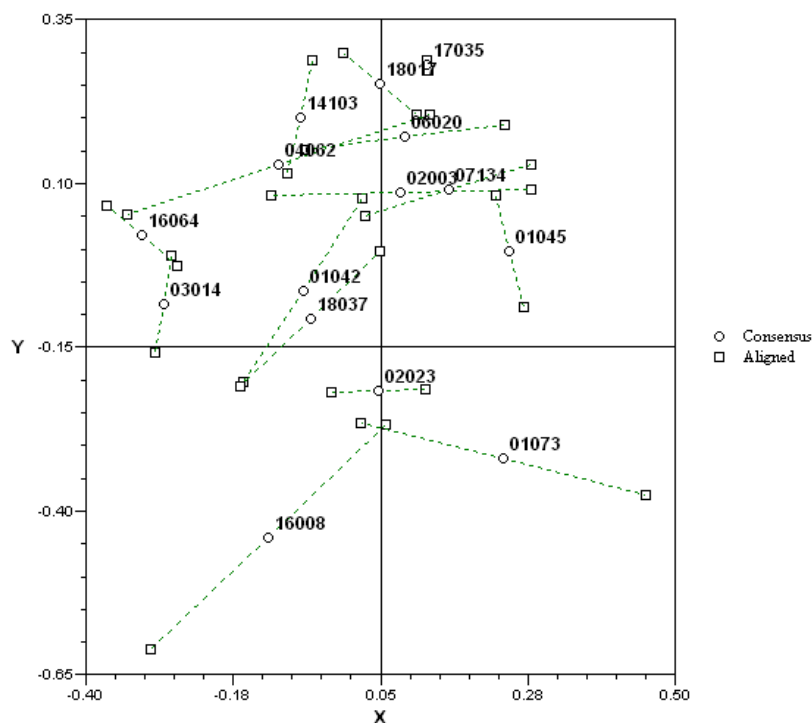
4.2. RESULTADOS

Se estableció la correlación entre las matrices de distancia Euclídea para las variedades locales a partir de los datos de rendimiento en grano a través de ambientes y de distancias genéticas entre ellas. No se detectó correlación entre la matriz de distancia Euclídea obtenida a partir de los valores para las tres primeras componentes principales de la interacción variedad local x línea probadora del análisis AMMI y la matriz de distancias genéticas de las poblaciones analizadas ($r = -0,05266$, estadístico normalizado Z de Mantel). Este resultado alerta sobre un aporte diferencial de información dado por los distintos tipos de variables (datos biométricos y moleculares), por lo cual no se podría prescindir de ninguna de ellas, siendo lo más adecuado recurrir a alguna técnica que nos permita tratar todas las variables en conjunto y así poder hallar una configuración *consenso*.

Se obtuvo entonces una configuración consenso a partir del Análisis de Procrustes Generalizados (Gower 1975) de los dos tipos de caracterizaciones, biométrica y molecular, con el fin de determinar si ellas expresan la misma o diferente variabilidad intraespecífica (Faccioli *et al.* 1995). En la Figura 10 el punto denominado *consensus* corresponde a las coordenadas obtenidas para cada variedad local luego de aplicar el análisis de procrustes, y los puntos marcados como *aligned* pertenecen a las caracterizaciones a partir de los datos fenotípicos y moleculares, respectivamente. Cuanto menor es la distancia entre

ambos puntos ($\%aligned$), mayor es el grado de consenso entre ambas caracterizaciones. Se puede observar que existen poblaciones que presentan mayor consenso (e.g., ARZM17035, ARZM02023, ARZM16064), mientras que otras variedades locales, como ARZM16008, ARZM04062 y ARZM01073, presentan las mayores discrepancias entre ambas configuraciones.

Figura 10. Configuración consenso a partir del Análisis de Procrustes Generalizados entre distancias genéticas de las poblaciones y similitudes estimadas a partir de los parámetros biométricos.



4.3. DISCUSIÓN

Teniendo en cuenta los efectos de A.C.E. de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de ambientes para rendimiento en grano (Tabla 8) por un lado, y las distancias genéticas de Prevosti halladas entre las variedades locales y las líneas probadoras (Tabla 26) por otro, se puede observar que algunos de los mayores valores de A.C.E. se corresponden con los valores más elevados de distancia genética, e.g. las combinaciones ARZM03014xLP122-2, ARZM16008xLP122-2, ARZM16064xLP122-2, ARZM04062xB73, ARZM17035. Pero esta correspondencia no se da en todos los casos. Para los híbridos simples entre las líneas probadoras, ocurre lo mismo, es decir, existe una relación positiva entre distancia genética y A.C.E. (teniendo en cuenta las medias de rendimiento a través de ambientes, Tabla 3) sólo en algunos casos, como para los híbridos LP122-2xB73 y LH195xLP122-2.

Si comparamos el biplot obtenido a partir del análisis AMMI para rendimiento en grano a través de ambientes (Figura 4) con el de Coordenadas Principales obtenido a partir de los datos moleculares (Figura 8), se puede notar que las líneas probadoras se separan en ambos gráficos según su origen genético. Las líneas dentadas B73 y LH195, se ubican muy cercanas entre sí, lo

cual es consistente con su parentesco, ya que la segunda deriva de la primera, como ya se ha mencionado. Asimismo, en los dos gráficos las líneas dentadas evidenciaron signos opuestos, para el primer eje en el caso del análisis AMMI, y para el segundo eje en el de los datos moleculares, representando el patrón heterótico dentado x dentado norteamericano, Reid Yellow Dent x Lancaster Sure Crop (B73xMo17, LH195xMo17). Sin embargo, existen ciertas diferencias: en el biplot correspondiente al análisis AMMI las líneas probadoras se ubicaron en distintos cuadrantes, mientras que en el gráfico de Coordenadas Principales la separación de las líneas no es tan clara. Por ejemplo, en el primer caso, la línea dentada Mo17 y las líneas flint LP122-2 y LP612 presentaron valores de signo opuesto para el primer eje de componentes principales, en correspondencia con la existencia del patrón heterótico flint local x dentado norteamericano (LP122-2xMo17, LP612xMo17). Por el contrario, estas tres líneas revelaron signos negativos para el primer eje de coordenadas principales en el caso de la información molecular.

Por otro lado, en el gráfico de componentes principales resultante del análisis AMMI, se puede observar una distribución más clara de las distintas variedades locales con respecto a las líneas probadoras, mientras que en el Análisis de Coordenadas Principales a partir del análisis de marcadores, no es tan clara dicha distribución, debido principalmente a la menor varianza molecular hallada entre las poblaciones que dentro de ellas (ya mencionado anteriormente).

Al comparar el análisis de cluster jerárquico de las variedades locales a partir de sus valores para las tres primeras componentes principales de la interacción variedad local x línea probadora del análisis AMMI para la variable rendimiento en grano a través de ambientes (Figura 5) con el agrupamiento obtenido a partir de la matriz de distancias genéticas de Prevosti y según los datos de marcadores moleculares (Figura 9), se puede observar que en algunos casos las agrupaciones establecidas se corresponden, e.g. en el agrupamiento según los datos biométricos, las variedades ARZM01042, ARZM01045, ARZM03014 y ARZM16064 forman parte de un mismo grupo, lo cual también ocurre en el caso de los datos moleculares. De la misma manera, las poblaciones ARZM07134, ARZM06020, ARZM14103, ARZM18017 y ARZM17035 se ubican dentro de un mismo grupo en ambos análisis de cluster jerárquico.

Investigaciones teóricas (Charcosset *et al.* 1991) y modelos biométricos (Bernardo 1992) han demostrado que con cruzamientos entre líneas del mismo o distinto grupo heterótico, la correlación entre divergencia genética (DG) y heterosis media (MPH), disminuye si (i) los QTL que se encuentren influenciando la heterosis no están fuertemente ligados a los marcadores utilizados para el cálculo de las estimaciones de DGs, o si (ii) los marcadores que se emplearon para el cálculo de las DGs están directamente no ligados a estos QTLs. Por lo tanto, con sólo incrementar la densidad de marcadores no mejorará necesariamente la habilidad de predecir MPH a partir de las estimaciones de DG; los marcadores a utilizar deberían ser seleccionados según su ligamiento a QTL que afecten la heterosis del carácter objetivo en el germoplasma en estudio (Melchinger 1999).

La baja correlación entre las matrices de distancia Euclídea para rendimiento en grano y de distancias genéticas de las 15 variedades locales se puede deber mayormente al hecho de que los marcadores microsatélites se corresponden con regiones hipervariables y no codificantes del genoma. En consecuencia, evidencian estimaciones de la diversidad neutral, es decir de rasgos que no son determinados por fuerzas selectivas, mientras que los genes

determinantes del rendimiento y sus componentes, corresponden a regiones codificantes. La heterosis presente en un cruzamiento dependerá de la distancia genética entre los padres en estas regiones codificantes, por lo tanto, los marcadores podrían estar estimando distancias que no se traducirán en respuesta heterótica. En el caso del AMMI, los resultados se basan en rendimiento en grano, determinado por combinación de genes que probablemente no tengan relación con los microsatélites estudiados y que sí han estado bajo fuerzas selectivas. Adicionalmente, estos caracteres fenotípicos se encuentran muy influenciados por el ambiente, con lo cual también representan estimaciones de la variación adaptativa (Jiménez y Collada 2000).

La configuración consenso a partir del Análisis de Procrustes Generalizados (Gower 1975, Figura 10) revela las relaciones entre las variedades locales en un único gráfico en base a sus variables cualitativas (marcadores) y cuantitativas. Los resultados del análisis de procrustes demostraron que la mayor parte de las variedades locales también se encuentran agrupadas, como ocurrió en el gráfico de Análisis de Coordenadas Principales (Figura 8), salvo algunas de ellas, como ARZM16008 y ARZM01073, que en ambas configuraciones se separan de las demás. A su vez, estas poblaciones fueron las que presentaron las mayores discrepancias entre los dos tipos de caracterizaciones, dadas las ubicaciones espaciales de ambas notablemente diferenciadas en la configuración correspondiente.

CAPÍTULO 5 CAPÍTULO FINAL

5.1. DISCUSIÓN GENERAL

5.1.1. Potencial de las variedades locales evaluadas

De acuerdo a nuestros resultados, las poblaciones ARZM14103, ARZM06020, ARZM01042, ARZM16008, ARZM18017, ARZM03014, ARZM16064 y ARZM07134 poseen potencial para su incorporación a programas de mejora, y se sugiere la formación de los siguientes grupos heteróticos: ARZM03014 y ARZM16008, que revelaron buen comportamiento en combinación con las líneas flint locales LP122-2 y LP612; ARZM16064, ARZM01042, ARZM14103 y ARZM18017, que evidenciaron muy buen comportamiento en interacción con las líneas dentadas norteamericanas, B73 y LH195, del grupo heterótico Reid Yellow Dent; y ARZM07134 y ARZM06020, cuya interacción con la línea dentada Mo17, representativa del grupo heterótico Lancaster Sure Crop fue positiva.

5.1.2. Utilización de marcadores moleculares en la asignación de las poblaciones a grupos heteróticos

Los análisis basados en marcadores moleculares, y particularmente en SSRs, constituyen una herramienta efectiva para determinar la diversidad genética dentro y entre las poblaciones de maíz. En cuanto a la asignación de estas variedades locales a distintos grupos heteróticos para su uso en el mejoramiento de híbridos de maíz, hubiera sido conveniente que ellas presentaran una mayor varianza entre poblaciones. El AMOVA reveló, en cambio, una elevada varianza dentro de las poblaciones.

Los marcadores tipo microsatélites proveen una herramienta valiosa también para agrupar germoplasma y son un buen complemento de los experimentos a campo para identificar agrupaciones de germoplasma genéticamente similares. Como consecuencia, los ensayos a campo para determinar patrones heteróticos promisorios pueden ser planificados más eficientemente en base a la información *a priori* obtenida a partir de análisis de SSRs (Reif *et al.* 2003).

El agrupamiento establecido en este trabajo de tesis, a partir de los datos moleculares separó a las poblaciones en estudio en dos grandes grupos, de los cuales uno reúne poblaciones que forman parte de dos de los compuestos propuestos, y el otro incluye las variedades locales sugeridas para formar el tercer compuesto, según lo establecido mediante los análisis de los datos biométricos. Por consiguiente, los marcadores microsatélites permitieron determinar las similitudes genéticas entre estas variedades locales, las cuales se correspondieron en gran medida con su asignación a los grupos heteróticos analizados.

5.1.3. Utilización conjunta de datos biométricos y moleculares

La aplicación de modelos de efectos principales aditivos y multiplicativos de interacción (AMMI) para el estudio de las interacciones entre variedades locales y líneas probadoras, junto con las medias de rendimiento en grano a través de ambientes y los valores de aptitud combinatoria revelados por las

variedades locales, fueron utilizados para agrupar las ocho poblaciones selectas para formar tres compuestos intervarietales. La correspondencia evidenciada entre estas diferentes fuentes de información muestran la utilidad de los modelos AMMI en el análisis de cruzamientos variedad local x línea probadora, ya que generalmente se usan en la evaluación de las interacciones genotipo x ambiente. En este tipo de análisis los cuadrados medios de las variedades locales y de las líneas probadoras corresponden a la variación de los efectos de A.C.G., y el cuadrado medio de la interacción a la variación de los efectos de A.C.E. A partir de esta última variación, que es la que se encuentra asociada a efectos de acción génica no-aditiva, se obtuvieron las componentes principales. La información que las mismas arrojaron fue sumamente útil en la clasificación de las variedades locales evaluadas en grupos heteróticos, debido a que permitió relacionarlas directamente con las líneas probadoras divergentes. Las evaluaciones realizadas en este trabajo sugieren, en consecuencia, la conveniencia de utilizar los modelos AMMI cuando se necesite evaluar germoplasma en relación a los distintos grupos y patrones heteróticos en uso.

Por otra parte, los resultados de nuestro trabajo indican que los análisis basados en marcadores moleculares, y particularmente en marcadores SSRs, determinan de forma confiable y efectiva la diversidad genética entre y dentro de las poblaciones de maíz. Una mayor varianza entre ellas hubiera sido favorable en el establecimiento de grupos heteróticos para su utilización en el mejoramiento de híbridos.

5.2. ESTRATEGIAS DE UTILIZACIÓN DEL GERMOPLASMA EVALUADO E INVESTIGACIONES FUTURAS

Más de una estrategia puede tenerse en cuenta a la hora de utilizar los compuestos propuestos para el mejoramiento de líneas. En todos los casos, la realización de un esquema de selección recurrente para reducir el vuelco y quebrado debe ser tenida en cuenta. Éste debe realizarse conjuntamente con el rendimiento en grano, para lo cual podría seguirse un esquema de selección recurrente utilizando la línea probadora contrastante correspondiente a cada grupo heterótico definido. Por ejemplo, el compuesto formado por las variedades ARZM03014 y ARZM16008, que combinaron bien con las líneas flint, podría autofecundarse y seleccionarse por su comportamiento en cruza con estas líneas. Una alternativa a esta estrategia, consiste en entrecruzar las poblaciones de uno de los compuestos con las líneas con las cuales demostraron mayor cercanía genética (es decir, las que en el biplot del AMMI presentaron *scores* de distinto signo), con el fin de que éstas mejoren las características agronómicas de las poblaciones, permitiendo de esta forma acortar los tiempos de mejoramiento del compuesto y obtener líneas de buen comportamiento agronómico. A continuación sí, se podrían probar las líneas extraídas de este compuesto mejorado, en cruzamiento con líneas contrastantes (las que en el biplot del AMMI presentaron signos similares a las poblaciones, es decir, se ubicaron en el mismo cuadrante), para la posterior selección de líneas. Una tercer alternativa para la utilización de estos compuestos, puede ser realizar esquemas de selección recurrente recíproca y posterior selección de líneas teniendo en cuenta compuestos asignados a grupos heteróticos contrastantes, e.g. ARZM03014 - ARZM16008 y ARZM06020 . ARZM07134, para lo cual habría que realizar un análisis dialélico entre compuestos con el fin de evaluar el comportamiento de cada uno de ellos. Finalmente, otra de las alternativas puede consistir en cruzar líneas extraídas de compuestos de distintos grupos heteróticos, formados cada uno de ellos por variedades locales en combinación

con las líneas del mismo grupo heterótico, según su asignación a partir del AMMI. En este caso también, sería necesario evaluar la aptitud combinatoria específica de las líneas que se deriven de estos compuestos mejorados, a través de un análisis dialéctico entre las mismas.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Andrade FH, Cirilo AG, Uhart SA, Otegui ME (1996) Determinación del rendimiento. En *Ecofisiología del cultivo de maíz* (Ed La Barrosa) pp. 81-96.
- Balzarini M, Di Rienzo J (2003) Info-Gen: Software para análisis estadístico de datos genéticos. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Córdoba. (Argentina).
- Balzarini M, Arroyo A, Bruno C, Di Rienzo J (2006) Análisis de datos de marcadores con Info-Gen. XXXV Congreso Argentino de Genética (San Luis, Argentina).
- Bernardo R (1992) Relationship between single-cross performance and molecular marker heterozygosity. *Theoretical and Applied Genetics* **83**, 628-634.
- Bolaños J, Edmeades GO (1993) Eight cycles of selection for drought tolerance in lowland tropical maize. I. Responses in grain yield, biomass, and radiation utilization. *Field Crops Research* **31**, 233-252.
- Borrás L, Otegui ME (2001) Maize kernel weight response to postflowering source-sink ratio. *Crop Science* **41**, 1816-1822.
- Bosch L, Casañas F, Ferret A, Sánchez E, Nuez F (1994) Screening tropical maize populations to obtain semixotic forage hybrids. *Crop Science* **34**, 1089-1096.
- Botstein D, White RL, Skolnick M, Davis RW (1980) Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics* **32**, 314-331.
- Bramardi SJ (2000) Estrategias para el análisis de datos en la caracterización de recursos fitogenéticos. Tesis Doctoral. Universidad Politécnica de Valencia. 390 pp.
- Brieger FG, Gurgel, JTA, Paterniani E, Alleoni MR (1958) Races of Maize in Brasil and other Eastern South American countries. *National Academy of Sciences - National Research Council Publication* **593**, p. 283.
- Brun EL, Dudley JW (1989) Breeding potential in the USA and Argentina of corn populations containing different proportions of flint and dent germplasm. *Crop Science*. **29**, 570-577.
- Calinski T, Harabasz J (1974) A dendrite method for cluster analysis. *Communications in Statistics* **3**, 1-27.
- Carbonell EA, Pérez-Panadés J, Bramardi SJ, Asíns MJ (2002) Estudio comparativo de técnicas estadísticas para la caracterización de recursos fitogenéticos mediante marcadores moleculares codominantes multialélicos. II. Distancias genéticas. V Congreso Latinoamericano de Sociedades de Estadística. p. 47. (Buenos Aires).
- Carbonell, E.A.; Pérez-Panadés, J.; Bramardi, S.J.; Asíns, M.J. (2003) Statistical issues in the characterization of genetic resources using multiallelic molecular markers. II Meeting Caribbean and Central American Region of International Biometry Society (Mayaguez, Puerto Rico).
- Charcosset A, Lefort-Buson M, Gallais A (1991) Relationship between heterosis and heterozygosity at marker loci: a theoretical computation. *Theoretical and Applied Genetics* **81**, 571-575.
- Cirilo AG, Andrade FH (1994) Sowing date and maize productivity: I. Crop growth and dry matter partitioning. *Crop Science* **34**, 1039-1043.
- Cirilo AG, Andrade FH (1994) Sowing date and maize productivity: II. Kernel number determination. *Crop Science* **34**, 1044-1046.

- Comstock RE, Moll RH (1963) Genotype-environment interactions. En *Statistical genetics and plant breeding* (Eds WD Hanson, HF Robinson) Pub. **982**. (NAS-NRC: USA).
- Crossa J, Gauch JR. HG, Zobel RW (1990) Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Science* **30**, 493-500.
- Crossa J, Hernandez CM, Bretting P, Eberhart SA, Taba S (1993) Statistical genetic considerations for maintaining germplasm collections. *Theoretical and Applied Genetics* **86**, 673-678.
- Cruz CD (2006a) Programa Genes: Biometria. (Editora UFV) p. 382. (Viçosa, MG).
- Cruz CD (2006b) Programa Genes: Estatística experimental e matrizes. (Editora UFV) p. 285. (Viçosa, MG).
- D'Andrea KE, Otegui ME, Cirilo AG, Eyhéabide G (2006) Genotypic variability in morphological and physiological traits among maize inbred lines - Nitrogen responses. *Crop Science* **46**, 1266-1276.
- Duda RO, Hart PE (1973) *Pattern Classification and Scene Analysis* (John Wiley & Sons, Inc.: New York).
- Dudley JW (1987) Modification of methods for identifying populations to be used for improving parents of elite single crosses. *Crop Science* **27**, 940-943.
- Dudley JW (1988) Evaluation of maize populations as sources of favorable alleles. *Crop Science* **28**, 486-491.
- Dudley JW, Lamkey KR; Geadelmann JL (1996) Evaluation of populations for their potential to improve three maize hybrids. *Crop Science* **36**, 1553-1559.
- Eberhart SA, Salhuana W, Sevilla R, Taba S (1995) Principles for tropical maize breeding. *Maydica* **40**, 339-355.
- Elder JK, Southern EM (1987) Computer-aided analysis of one dimensional restriction fragment gels. En *Nucleic acid and protein sequence analysis: a practical approach* (Eds Bishop MJ, Rawlings CJ) (IRL Press: Oxford).
- Eyhéabide GH, González AS (1997) Interactions between Testers and Argentine Maize Landraces. *Maydica* **42**, 29-38.
- Eyhéabide G, Presello D, Lorea R (2006) Análisis del comportamiento de cultivares de maíz en experimentos en varios ambientes. *Jornada de Actualización Técnica de Maíz* **2006**.
- Faccioli P, Terzi V, Monetti A, Nicola J, Pecchioni N (1995) B-hordein STS markers for barley genotype identification: comparison with RFLPs, hordein A-PAGE and morpho-physiological traits. *Seed Science and Technology* **23**, 415-427.
- Franco J, Crossa J, Ribaut JM, Bertran J, Warburton ML, Khairallah M (2001) A method for combining molecular markers and phenotypic attributes for classifying plant genotypes. *Theoretical and Applied Genetics* **103**, 944-952.
- Gambín BL, Borrás L, Otegui ME (2006) Source-sink relations and kernel weight differences in maize temperate hybrids. *Field Crops Research* **95**, 316-326.
- Gauch JR. HG, Zobel RW (1988) Predictive and postdictive success of statistical analysis of yield trials. *Theoretical and Applied Genetics* **76**, 1-10.
- Gerdes JT, Behr CF, Coors JG, Tracy WF (1993) *Compilation of North American Maize Breeding Germplasm* (Ed Committee Tracy WF, Coors JG, Geadelmann JL, Viney ML) (CSSA).
- Gollob HF (1967) Cross-validation using samples of size one. Annual meeting of the American Psychological Association, Washington, D.C.

- Goodman MM (1988) U.S. maize germplasm: origins, limitations, and alternatives. En *Recent advances in the conservation and utilization of genetic resources. Proceedings of the global maize germplasm workshop*.pp. 130-138. (CIMMYT: Mexico, D.F.).
- Gower JC (1966) Some distance properties of latent root and vector methods in multivariate analysis. *Biometrika* **53**, 315-328.
- Gower JC (1975) Generalized Procrustes analysis. *Psychometrika* **40**, 33-51.
- Gregorius H-R (1974) Genetischer Abstand zwischen Populationen. I. Zur Konzeption der genetischen Abstandsmessung. *Silvae Genetica* **23**, 22-27.
- Gregorius H-R (1984) A unique genetic distance. *Bio-metrical Journal* **26**, 13-18.
- Griffing B (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences* **9**, 463-493.
- Hallauer AR, Russel WA, Lamkey KR (1988) Corn breeding. pp 463-565. En *Corn and corn improvement* (Eds GF Sprague, JW Dudley). Agronomy Monograph no. **18**, 3rd. edition (ASA-CSSA-SSSA: Madison, Wisconsin, USA).
- Hallauer AR (1990) Methods used in developing maize inbreds. *Maydica* **35**, 1-16.
- Heckenberger M, Bohn M, Klein D, Melchinger AE (2005) Identification of essentially derived varieties obtained from biparental crosses of homozygous lines: II. Morphological distances and hererosis in comparison with simple sequence repeat and amplified fragment length polymorphism data in maize. *Crop Science* **45**, 1132-1140.
- Holley RN, Goodman MM (1988) Yield potential of tropical hybrid maize derivatives. *Crop Science* **28**, 213-218.
- Hourquescos MJ, Eyhéabide GH, Ferrer ME (2003) Actas IV Simposio Internacional de Recursos Genéticos para América Latina y el Caribe. (INTA . UBA . UNMdP).
- Hourquescos MJ, Ferrer M, Suárez R, Vilaró M, Abadie T (2005) Colección Núcleo de Argentina. En *Desarrollo de Colecciones Núcleo de Maíz en el Cono Sur de América Latina: Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, Paraguay y Uruguay* pp. 57-64. (REGENSUR. PROCISUR).
- Jiménez P, Collada C (2000) Técnicas para la evaluación de la diversidad genética y su uso en los programas de conservación. Evaluación de la Diversidad Genética. En *Invest. Agr.: Sist. Recur. For.* Fuera de Serie n.º **2**. pp. 237-248.
- Kleinhofs A, Kilian A, Maroof MAS, Biyashev RM, Hayes P, Chen FQ, Lapitan N, Fenwick A, Blake TK, Kanazin V, Ananiev E, Dahleen L, Kudrna D, Bollinger J, Knapp SJ, Liu B, Sorrels M, Heun M, Franckowiak JD, Hoffman D, Skadsen R, Steffenson BJ (1993) A molecular, isozyme and morphological map of the barley (*Hordeum vulgare*) genome. *Theoretical and Applied Genetics* **86**, 705-712.
- Lafitte HR, Edmeades GO, Taba S (1997) Adaptative strategies identified among tropical maize landraces in nitrogen-limited environments. *Field Crops Research* **49**, 187-204.
- Liu BH (1998) Statistical Genomics. (CRC. Press: Boca Raton, NY).
- Lorea RD, Eyhéabide GH, López CG, Delucchi C, Castellarín J, Presello DA (2008) Poblaciones nativas argentinas de maíz (*Zea mays*, L.) como fuente de alelos favorables para rendimiento. Programa Cooperativo

- Centroamericano para el Mejoramiento de Cultivos y Animales, PCCMCA, **54**. (San José, Costa Rica).
- Luque SF (2000) Physiological bases of the genetic gain in grain yield of maize in Argentina during the last 30 years. MSc thesis. Univ. of Bs. Aires. 111 pp.
- Luque SF, Cirilo AG, Otegui ME (2006) Genetic gains in grain yield and related physiological attributes in Argentine maize hybrids. *Field Crops Research* **95**, 383-397.
- Mantel NA (1967) The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research* **27**, 209-220.
- Matthiess W, Cárcova J, Cirilo A, Otegui M (1999) Cambios introducidos por el mejoramiento genético en los distintos componentes del rendimiento del maíz. En *Proceedings of the XXIX National Conference of the Argentine Society of Genetics* p. 432. (Rosario, Santa Fe, Argentina).
- Maunder AB (1992) Identification of useful germplasm for practical plant breeding programs. En *Plant breeding in the 1990s. Proceedings of the Symposium on Plant breeding in the 1990sq* (Eds HT Stalker, JP Murphy) pp. 147-169. (CAB International: United Kingdom).
- Melchinger AE (1993) Use of RFLP markers for analysis of genetic relationship among breeding materials and prediction of hybrid performance. En *International Crop Science* pp 621. (CSSA, Madison, WI).
- Melchinger AE, Gumber RK (1998) Overview of Heterosis and Heterotic Groups in Agronomic Crops. En *Concepts and Breeding of Heterosis in Crop Plants* Special Publication no. **25**. (CSSA: Crop Science Society of America).
- Melchinger AE (1999) Genetic diversity and heterosis. En *The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops* (Eds JG Coors, S Pandey) pp. 99-118. (American Society of Agronomy & Crop Science Society of America: Madison, Wisconsin, USA).
- Moll RH, Lonquist JH, Vélez Fortunato J, Johnson EC (1965). The relationship of heterosis and genetic divergence in maize. *Genetics* **52**, 139-144.
- Ordás A (1991) Heterosis in crosses between American and Spanish populations of maize. *Crop Science* **31**, 931-935.
- Ornella LA (2004) Predicción de aptitud combinatoria de maíz (*Zea mays* L.) utilizando marcadores moleculares y teoría de modelos lineales mixtos. Tesis para optar al grado de Magister Scientiae: Área Biometría y Mejoramiento. Escuela para Graduados . Facultad de Agronomía. Universidad de Buenos Aires.
- Otegui ME (1995) Prolificacy and grain yield components in modern Argentinian maize hybrids. *Maydica* **40**, 371-376.
- Otegui ME, Nicolini MG, Ruiz RA, Dodds PA (1995) Sowing date effects on grain yield components for different maize genotypes. *Agronomy Journal* **87**, 29-33.
- Pandey S, Gardner CO (1992) Recurrent selection for population, variety, and hybrid improvement in tropical maize. *Advances in Agronomy* **48**, 1-87.
- Paterniani E, Goodman MM (1977) Races of maize in Brasil and adjacent areas. p. 95. (CIMMYT: Mexico, D.F.).
- Peltonen-Saino P, Moore K, Pehu E (1993) Phenotypic stability of oats measured with different stability analysis. *Journal of Agricultural Science* **121**, 13-19.
- Prevosti A (1974) La distancia genética entre poblaciones. *Miscellanea Alcobé Public Univ Barcelona* **68**, 109-118.
- Reif JC, Melchinger AE, Xia XC, Warburton ML, Hoisington DA, Vasal SK, Srinivasan G, Bohn M, Frisch M (2003) Genetic distance based on Simple

- Sequence Repeats and Heterosis in tropical maize populations. *Crop Science* **43**, 1275-1282.
- Reif JC, Warburton ML, Xia XC, Hoisington DA, Crossa J, Taba S, Muminovi J, Bohn M, Frisch M, Melchinger AE (2006) Grouping of accessions of Mexican races of maize revisited with SSR markers. *Theoretical and Applied Genetics* **113**, 177-185.
- Rohlf FJ (2002) NTSYSpc: Numerical taxonomy system, ver. 2.1. (Exeter Publishing, Ltd.: Setauket, NY).
- SAS INSTITUTE 1999 SAS/ STAT. Release **8.2**. (SAS Institute Inc.: Cary, NC).
- Smith JSC, Smith OS, Wright S, Wall SJ, Walton M (1992) Diversity of U.S. hybrid maize germplasm as revealed by restriction fragment length polymorphisms. *Crop Science* **32**, 598-604.
- Sneath PHA, Sokal RR (1973) Numerical taxonomy. (San Francisco. W. H. Freeman & Co).
- Staub JE, Serquen F, Gupta M (1996) Genetic markers, map construction and their application in plant breeding hort science, vol. 31(5), 729-741.
- Stuber CW, Goodman MM (1983) Allozyme genotypes for popular and historically important inbred lines of corn, (*Zea mays* L.). ARR-S-16. (USDA-ARS: Raleigh, NC).
- Stuber CW (1986) Use of exotic sources of germplasm for maize improvement. En *Breeding of silage maize*. Proc. Congr. Maize Morghum Section EUCARPIA, 13th, Wageningen, the Netherlandsq (Eds Dolstra O, Miedema P) pp. 19-31. (PUDOC: Wageningen, the Netherlands).
- Warburton ML, Xia X, Crossa J, Franco J, Melchinger AE, Frisch M, Bohn M, Hoisington D (2002) Genetic characterization of CIMMYT inbred maize lines and open pollinated populations using large scale fingerprinting methods. *Crop Science* **42**, 1832-1840.
- Ward JH (1963) Hierarchical grouping to optimize an objective function. *J.A.S.A.* **58**, 236-244.
- Wilkes G (1993) Germplasm collections: their use, potential, social responsibility and genetic vulnerability. En *International Crop Science Iq* (Eds Buxton DR, Shibles R, Forsberg RA, Blad BL, Asay KH, Paulsen GM, Wilson RF) pp. 445-490. (Crop Science Society of America, Inc.: Madison, Wisconsin, USA).
- Williams ME (1995) Genetic engineering for pollination control. *Trends in Biotechnology* **13**, 745-754.
- Wright S (1978) Variability within and among natural populations. En *Evolution and the Genetics of Populations*, vol. 4q (University of Chicago Press: Chicago, IL).
- Yan W, Hunt LA (2002) Biplot analysis of diallel data. *Crop Science* **42**, 21-30.
- Zuber MS, Darrah LL (1980) 1979 U.S. corn germplasm base. En *Proc. Annu. Corn and Sorghum Industry Res. Conf.*, 35th, Chicagoq pp. 234-249. (Am. Seed Trade Assoc.: Washington, DC).

APÉNDICE**Experimentos a campo****Tabla A1.** Medias de los cruzamientos variedad local x línea probadora en el ambiente Santa Isabel 2005/06 para rendimiento en grano (kg/ha).

Genotipo	Rendimiento ----- kg ha ⁻¹ -----	Genotipo	Rendimiento ----- kg ha ⁻¹ -----
LH 195 x Mo17	14254,6	ARZM07134xLP122-2	10337,8
ARZM18037xLH195	13640,4	ARZM16008xB73	10293,3
ARZM18037xLP612	13390,9	ARZM02003xLH195	10292,0
ARZM16064xB73	13304,0	ARZM07134xLH195	10279,1
ARZM16008xLH195	13126,0	ARZM02003xB73	10272,2
ARZM14103xMo17	13030,0	ACA 2000	10176,6
ARZM06020xLP612	12703,0	ARZM01042xLP612	10114,2
ARZM06020xMo17	12695,9	ARZM06020xLH195	10106,0
LP 122-2 x Mo 17	12620,0	ARZM01073xLP612	10018,8
ARZM18037xLP122-2	12523,0	ARZM16008xLP122-2	9954,6
ARZM01042xLP122-2	12479,0	ARZM14103xLP122-2	9931,9
ARZM01045xLP122-2	12374,0	ARZM16008xLP612	9927,8
ARZM16064xLH195	12204,1	ARZM03014xB73	9891,9
ARZM18017xLP122-2	12154,5	ARZM14103xLH195	9839,0
ARZM14103xB73	12151,5	ARZM03014xMo17	9800,9
ARZM02003xMo17	12126,6	ARZM01045xMo17	9789,5
ARZM18017xMo17	11931,2	ARZM18037xMo17	9696,6
ARZM02023xLP122-2	11894,0	LP 612 x Mo 17	9676,4
ARZM03014xLP122-2	11877,9	ARZM16064xMo17	9647,8
ARZM18017xB73	11751,3	ARZM02023xB73	9605,8
ARZM03014xLH195	11646,4	NIDERA 895	9571,9
ARZM01045xLH195	11594,7	LP 122-2 x B 73	9564,1
ARZM18017xLH195	11581,2	ARZM06020xB73	9520,9
ARZM17035xMo17	11560,4	ARZM04062xLH195	9459,6
LH 195 x LP612	11458,9	ARZM02023xLP612	9367,2
ARZM04062xB73	11372,3	ARZM01073xLH195	9332,0
ARZM02023xMo17	11258,5	ARZM16064xLP612	9316,5
ARZM16064xLP122-2	11246,5	ARZM17035xB73	9283,8
ARZM01073xB73	11195,7	ARZM14103xLP612	9264,9
ARZM01042xMo17	11116,5	ARZM07134xB73	9235,9
ARZM04062xLP122-2	11058,6	ARZM18037xB73	9192,7
ARZM02023xLH195	11055,5	ARZM01073xLP122-2	9185,8
ARZM18017xLP612	11043,3	ARZM01042xB73	9077,7
ARZM04062xLP612	11030,9	ARZM04062xMo17	8897,1
ARZM16008xMo17	11022,4	ARZM02003xLP612	8875,4
ARZM17035xLH195	11019,7	ARZM07134xMo17	8859,5
ARZM01042xLH195	10923,2	LP 122-2 x LP 612	8834,1
ARZM17035xLP122-2	10900,7	ALBION CL	8748,5
LP 612 x B 73	10838,7	ARZM17035xLP612	8729,0
ARZM03014xLP612	10791,0	ARZM01073xMo17	8699,2
ARZM01045xLP612	10657,9	ARZM06020xLP122-2	8434,2
ARZM02003xLP122-2	10481,8	ARZM01045xB73	7535,4
ARZM07134xLP612	10442,7	DK 747 MG	7173,8
LH 195 x LP122-2	10387,1		

C.M.E.: 2584093

DMS (5%): 3151

Tabla A2. Análisis de Varianza Combinado y Análisis Dialélico Combinado Parcial para largo de espiga (cm) a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06 y 2006/07, Ferré 2005/06).

F.V.	G.L.	C.M.	F	Probabilidad
BLOQUES/AMB	5	3,83		
TRATAMIENTOS	74	3,74	5,70	0,00000
ACG I	14	6,07	8,61	0,00000
ACG II	4	33,17	21,86	0,00000
ACE	56	1,05	1,80	0,00141
AMBIENTES	4	70,50	128,43	0,00000
TRATxAMB	296	0,66	1,19	0,05239
ACG I x AMB	56	0,70	1,28	0,09389
ACG II x AMB	16	1,52	2,76	0,00032
ACE x AMB	224	0,58	1,06	0,30785
RESIDUO COMBINADO	370	0,55		
TOTAL	749			
MEDIA GENERAL		17,2		
CV (%)		4,3		

OBS.: el test F fue realizado considerando los efectos de los genotipos fijos y de ambientes aleatorios.

Tabla A3. Análisis de Varianza Combinado y Análisis Dialélico Combinado Parcial para diámetro de espiga (cm) a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06 y 2006/07, Ferré 2005/06).

F.V.	G.L.	C.M.	F	Probabilidad
BLOQUES/AMB	5	0,24		
TRATAMIENTOS	74	0,22	5,86	0,00000
ACG I	14	0,38	8,69	0,00000
ACG II	4	1,90	27,20	0,00000
ACE	56	0,06	1,83	0,00113
AMBIENTES	4	4,37	131,41	0,00000
TRATxAMB	296	0,04	1,14	0,11132
ACG I x AMB	56	0,04	1,33	0,06670
ACG II x AMB	16	0,07	2,10	0,00788
ACE x AMB	224	0,03	1,03	0,40426
RESIDUO COMBINADO	370	0,03		
TOTAL	749			
MEDIA GENERAL		4,8		
CV (%)		3,8		

OBS.: el test F fue realizado considerando los efectos de los genotipos fijos y de ambientes aleatorios.

Tabla A4. Análisis de Varianza Combinado y Análisis Dialélico Combinado Parcial para número de hileras de la espiga a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06 y 2006/07, Ferré 2005/06).

F.V.	G.L.	C.M.	F	Probabilidad
BLOQUES/AMB	5	2,84		
TRATAMIENTOS	74	8,61	16,73	0,00000
ACG I	14	19,95	39,76	0,00000
ACG II	4	74,91	93,20	0,00000
ACE	56	1,03	2,08	0,00009
AMBIENTES	4	7,22	16,83	0,00000
TRATxAMB	296	0,51	1,20	0,04895
ACG I x AMB	56	0,50	1,17	0,20131
ACG II x AMB	16	0,80	1,87	0,0215
ACE x AMB	224	0,50	1,16	0,10681
RESIDUO COMBINADO	370	0,43		
TOTAL	749			
MEDIA GENERAL		15,1		
CV (%)		4,3		

OBS.: el test F fue realizado considerando los efectos de los genotipos fijos y de ambientes aleatorios.

Tabla A5. Análisis de Varianza Combinado y Análisis Dialélico Combinado Parcial para peso de 1000 granos (kg) a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06 y 2006/07, Ferré 2005/06).

F.V.	G.L.	C.M.	F	Probabilidad
BLOQUES/AMB	5	0,002		
TRATAMIENTOS	74	0,002	1,692	0,00118
ACG I	14	0,002	1,394	0,186834
ACG II	4	0,010	4,924	0,008819
ACE	56	0,001	1,274	0,112287
AMBIENTES	4	0,136	181,275	0,00000
TRATxAMB	296	0,001	1,367	0,002185
ACG I x AMB	56	0,001	1,508	0,014794
ACG II x AMB	16	0,002	2,725	0,000395
ACE x AMB	224	0,001	1,235	0,036919
RESIDUO COMBINADO	370	0,001		
TOTAL	749			
MEDIA GENERAL		0,311		
CV (%)		8,8		

OBS.: el test F fue realizado considerando los efectos de los genotipos fijos y de ambientes aleatorios.

Tabla A6. Análisis de Varianza Combinado y Análisis Dialélico Combinado Parcial para número de granos/m² a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06 y 2006/07, Ferré 2005/06).

F.V.	G.L.	C.M.	F	Probabilidad
BLOQUES/AMB	5	720005		
TRATAMIENTOS	74	497349	1,65	0,00195
ACG I	14	349526	2,84	0,00286
ACG II	4	2941009	3,97	0,01999
ACE	56	359758	1,14	0,24843
AMBIENTES	4	11701429	58,16	0,00000
TRATxAMB	296	301620	1,50	0,00011
ACG I x AMB	56	123205	0,61	1,00000
ACG II x AMB	16	740054	3,68	0,00000
ACE x AMB	224	314908	1,57	0,00007
RESIDUO COMBINADO	370	201192		
TOTAL	749			
MEDIA GENERAL		2382		
CV (%)		18,8		

OBS.: el test F fue realizado considerando los efectos de los genotipos fijos y de ambientes aleatorios.

Tabla A7. Medias de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de 5 ambientes evaluados para longitud (Lesp) y diámetro de espiga (Desp), número de hileras (Hil), peso de 1000 granos (P1000) y número de granos por m² (No.gr/ m²).

Pedigree	Lesp	Desp	Hil.	P1000	No.gr/m ²
ARZM01042xLP612	17,7	4,5	13,5	0,314	2404
ARZM01045xLP612	17,9	4,8	14,4	0,299	2402
ARZM01073xLP612	18,2	4,7	14,5	0,315	2315
ARZM02003xLP612	17,8	4,9	14,4	0,312	2394
ARZM02023xLP612	17,1	4,8	15,7	0,313	2322
ARZM03014xLP612	16,9	4,7	14,8	0,296	2680
ARZM04062xLP612	17,0	4,8	14,3	0,283	2551
ARZM06020xLP612	17,1	4,8	14,2	0,313	2426
ARZM07134xLP612	17,3	4,7	14,3	0,316	2510
ARZM14103xLP612	17,4	4,8	14,4	0,318	2195
ARZM16008xLP612	17,9	4,9	15,4	0,344	2202
ARZM16064xLP612	17,4	5,1	16,1	0,320	2315
ARZM17035xLP612	17,4	4,8	14,5	0,314	2144
ARZM18017xLP612	17,4	4,8	14,4	0,322	2145
ARZM18037xLP612	16,7	4,6	14,2	0,296	2262
ARZM01042xLP122-2	16,7	4,8	16,3	0,279	2980
ARZM01045xLP122-2	16,5	5,0	15,6	0,298	2583
ARZM01073xLP122-2	16,9	4,7	15,1	0,294	2589
ARZM02003xLP122-2	16,1	5,0	16,0	0,290	2577
ARZM02023xLP122-2	16,4	5,0	17,6	0,293	2110
ARZM03014xLP122-2	16,1	4,9	15,8	0,299	2686
ARZM04062xLP122-2	16,0	4,8	15,8	0,295	2382
ARZM06020xLP122-2	16,4	4,9	14,9	0,321	2303
ARZM07134xLP122-2	16,8	4,9	15,6	0,304	2335
ARZM14103xLP122-2	16,4	4,9	15,4	0,310	2744
ARZM16008xLP122-2	16,3	5,0	16,2	0,286	2875
ARZM16064xLP122-2	16,7	5,3	17,6	0,300	2840

Tabla A7 (continuación).

Pedigree	Lesp	Desp	Hil.	P1000	No.gr/m2
ARZM17035xLP122-2	16,9	4,9	15,3	0,287	2631
ARZM18017xLP122-2	16,5	4,9	15,4	0,305	2425
ARZM18037xLP122-2	15,8	4,8	15,4	0,289	2608
ARZM01042xMo17	17,3	4,6	14,2	0,312	2214
ARZM01045xMo17	18,2	4,8	13,7	0,321	2177
ARZM01073xMo17	19,3	4,5	13,3	0,304	2350
ARZM02003xMo17	17,4	4,8	14,3	0,313	2336
ARZM02023xMo17	16,9	4,7	15,7	0,315	2222
ARZM03014xMo17	17,3	4,6	14,5	0,293	2119
ARZM04062xMo17	18,0	4,7	14,0	0,323	1979
ARZM06020xMo17	18,0	4,7	13,6	0,310	2382
ARZM07134xMo17	17,7	4,6	13,6	0,328	2639
ARZM14103xMo17	18,1	4,7	13,7	0,330	2460
ARZM16008xMo17	17,3	4,7	15,0	0,327	2145
ARZM16064xMo17	17,7	4,8	14,9	0,309	1750
ARZM17035xMo17	17,5	4,7	14,4	0,301	2190
ARZM18017xMo17	17,3	4,5	13,6	0,323	2115
ARZM18037xMo17	16,7	4,5	13,4	0,320	2002
ARZM01042xB73	17,3	4,9	15,6	0,317	2348
ARZM01045xB73	17,3	5,0	15,3	0,304	2076
ARZM01073xB73	17,8	4,8	15,1	0,307	2168
ARZM02003xB73	17,3	5,0	15,8	0,313	2251
ARZM02023xB73	16,3	4,8	16,7	0,297	2034
ARZM03014xB73	16,8	4,9	15,2	0,331	2108
ARZM04062xB73	16,9	4,9	15,0	0,308	2223
ARZM06020xB73	17,5	5,0	15,0	0,329	2183
ARZM07134xB73	16,6	4,9	15,3	0,313	2410
ARZM14103xB73	17,1	4,8	14,9	0,327	2444
ARZM16008xB73	16,6	4,9	15,8	0,306	2497
ARZM16064xB73	17,1	5,1	17,3	0,310	2630
ARZM17035xB73	17,1	5,0	15,8	0,305	2489
ARZM18017xB73	17,1	5,2	15,5	0,318	2510
ARZM18037xB73	16,8	4,8	15,0	0,291	2514
ARZM01042xLH195	17,6	4,9	15,7	0,321	2581
ARZM01045xLH195	17,9	4,8	14,5	0,320	2458
ARZM01073xLH195	18,0	4,6	14,6	0,307	2573
ARZM02003xLH195	17,4	4,8	15,2	0,322	2410
ARZM02023xLH195	16,7	5,0	16,8	0,301	2157
ARZM03014xLH195	17,2	4,8	14,9	0,328	2268
ARZM04062xLH195	17,4	4,9	14,8	0,324	2386
ARZM06020xLH195	17,8	4,8	15,2	0,327	2300
ARZM07134xLH195	17,3	4,9	15,0	0,318	2521
ARZM14103xLH195	17,8	4,8	14,4	0,322	2563
ARZM16008xLH195	16,5	4,7	15,6	0,305	2487
ARZM16064xLH195	17,0	5,0	16,1	0,325	2347
ARZM17035xLH195	17,7	4,8	15,1	0,313	2597
ARZM18017xLH195	17,1	4,9	15,2	0,310	2606
ARZM18037xLH195	17,1	4,8	14,9	0,325	2513

Tabla A8. Análisis de Varianza Combinado y Análisis Dialélico Combinado Parcial para altura de inserción de espiga principal (cm) a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06 y 2006/07).

F.V.	G.L.	C.M.	F	Probabilidad
BLOQUES/AMB	4	1031,6		
TRATAMIENTOS	74	390,9	7,85	0,00000
ACG I	14	1405,1	33,94	0,00000
ACG II	4	1040,3	11,51	0,00045
ACE	56	91,0	1,86	0,00135
AMBIENTES	3	17549,8	397,56	0,00000
TRATxAMB	222	49,8	1,13	0,16674
ACG I x AMB	42	41,4	0,94	1,00000
ACG II x AMB	12	90,4	2,05	0,02036
ACE x AMB	168	49,0	1,11	0,21805
RESIDUO COMBINADO	296	44,1		
TOTAL	599			
MEDIA GENERAL		122,9		
CV (%)		5,4		

OBS.: el test F fue realizado considerando los efectos de los genotipos fijos y de ambientes aleatorios.

Tabla A9. Análisis de Varianza Combinado y Análisis Dialélico Combinado Parcial para altura de planta (cm) a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06 y 2006/07).

F.V.	G.L.	C.M.	F	Probabilidad
BLOQUES/AMB	4	2370,9		
TRATAMIENTOS	74	389,8	3,74	0,00000
ACG I	14	845,8	7,93	0,00000
ACG II	4	2211,9	8,22	0,001967
ACE	56	145,7	1,58	0,013519
AMBIENTES	3	66981,2	826,17	0,00000
TRATxAMB	222	104,4	1,29	0,021469
ACG I x AMB	42	106,7	1,32	0,101571
ACG II x AMB	12	268,9	3,32	0,000156
ACE x AMB	168	92,0	1,14	0,172511
RESIDUO COMBINADO	296	81,1		
TOTAL	599			
MEDIA GENERAL		244,6		
CV (%)		3,7		

OBS.: el test F fue realizado considerando los efectos de los genotipos fijos y de ambientes aleatorios.

Tabla A10. Análisis de Varianza Combinado y Análisis Dialélico Combinado Parcial para ciclo hasta 50% de antesis (grados/día) a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06, Pergamino I 2006/07).

F.V.	G.L.	C.M.	F	Probabilidad
BLOQUES/AMB	3	5290,7		
TRATAMIENTOS	74	2642,3	3,80	0,00000
ACG I	14	7176,6	9,82	0,00000
ACG II	4	13544,9	5,40	0,020959
ACE	56	730,0	1,31	0,112962
AMBIENTES	2	697264,0	1373,19	0,00000
TRATxAMB	148	695,0	1,37	0,017133
ACG I x AMB	28	730,6	1,44	0,078754
ACG II x AMB	8	2510,5	4,94	0,000028
ACE x AMB	112	556,5	1,10	0,281414
RESIDUO COMBINADO	222	507,8		
TOTAL	449			
MEDIA GENERAL		975,9		
CV (%)		2,3		

OBS.: el test F fue realizado considerando los efectos de los genotipos fijos y de ambientes aleatorios.

Tabla A11. Análisis de Varianza Combinado y Análisis Dialélico Combinado Parcial para ciclo hasta 50% de emisión de estigmas (grados/día) a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06, Pergamino I 2006/07).

F.V.	G.L.	C.M.	F	Probabilidad
BLOQUES/AMB	3	6018,0		
TRATAMIENTOS	74	2630,7	4,2	0,00000
ACG I	14	7588,7	11,4	0,00000
ACG II	4	10581,5	10,5	0,00285
ACE	56	823,3	1,4	0,07216
AMBIENTES	2	977221,5	1510,7	0,00000
TRATxAMB	148	629,4	1,0	1,00000
ACG I x AMB	28	666,2	1,0	0,42966
ACG II x AMB	8	1006,6	1,6	0,13940
ACE x AMB	112	593,3	0,9	1,00000
RESIDUO COMBINADO	222	646,9		
TOTAL	449			
MEDIA GENERAL		1014,3		
CV (%)		2,5		

OBS.: el test F fue realizado considerando los efectos de los genotipos fijos y de ambientes aleatorios.

Tabla A12. Análisis de Varianza Combinado y Análisis Dialélico Combinado Parcial para intervalo antesis . aparición de estigmas (grados/día) a través de ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06, Pergamino I 2006/07).

F.V.	G.L.	C.M.	F	Probabilidad
BLOQUES/AMB	3	27,1		
TRATAMIENTOS	74	375,2	1,69	0,00362
ACG I	14	509,8	2,10	0,046254
ACG II	4	2689,1	3,34	0,068684
ACE	56	176,2	1,01	0,47946
AMBIENTES	2	50493,6	311,72	0,00000
TRATxAMB	148	222,0	1,37	0,01678
ACG I x AMB	28	242,9	1,50	0,057705
ACG II x AMB	8	804,0	4,96	0,000027
ACE x AMB	112	175,2	1,08	0,309409
RESIDUO COMBINADO	222	162,0		
TOTAL	449			
MEDIA GENERAL		38,4		
CV (%)		33,1		

OBS.: el test F fue realizado considerando los efectos de los genotipos fijos y de ambientes aleatorios.

Tabla A13. Medias de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de 4 ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06 y 2006/07) para altura de inserción de espiga principal (Aesp).

Genotipo	Aesp -----cm-----	Genotipo	Aesp -----cm-----
ARZM01045xLP612	134,9	LP 612 x B 73	123,0
ARZM01045xLP122-2	134,8	ARZM03014xMo17	122,9
ARZM16064xLP612	134,7	ARZM07134xLP612	122,8
LP 122-2 x LP 612	134,2	ARZM18037xLP612	122,7
ARZM01045xB73	134,0	ARZM07134xB73	122,0
ARZM03014xB73	133,9	ARZM06020xMo17	121,8
ARZM02003xLH195	133,4	ARZM03014xLH195	121,7
ARZM01045xLH195	133,3	ARZM16064xLH195	121,5
ARZM02003xLP122-2	131,8	ARZM04062xLH195	121,1
ARZM02003xB73	131,4	ARZM07134xMo17	121,0
ARZM01042xB73	130,1	ARZM17035xMo17	120,8
ARZM18017xB73	130,0	LP 122-2 x Mo 17	120,6
ARZM16064xB73	129,4	ARZM14103xB73	120,4
ARZM02003xLP612	129,3	ARZM18017xMo17	120,3
ARZM04062xLP612	129,1	ARZM14103xLP122-2	119,7
ARZM03014xLP122-2	129,1	LP 612 x Mo 17	119,3
ARZM04062xB73	129,1	ARZM18017xLH195	119,3
ARZM06020xB73	128,8	ARZM18037xLP122-2	117,6
LP 122-2 x B 73	128,8	ARZM16008xB73	117,4
ARZM16064xLP122-2	128,4	ARZM01073xB73	117,1
ARZM04062xLP122-2	128,2	ARZM01042xLH195	116,9
ARZM17035xLP122-2	127,5	ARZM02023xLP122-2	116,7
ARZM01042xLP612	126,7	ARZM14103xMo17	116,5
ARZM01045xMo17	126,7	ARZM07134xLH195	115,9
ARZM04062xMo17	126,6	ARZM01042xMo17	115,3
ARZM03014xLP612	126,5	ARZM02023xLP612	115,2
ARZM18017xLP122-2	126,5	ARZM18037xLH195	114,4
ARZM01042xLP122-2	126,2	ARZM01073xLP612	114,0
ARZM07134xLP122-2	125,9	ARZM18037xMo17	113,7
ARZM06020xLP122-2	125,4	ARZM16008xLP122-2	113,6
ARZM06020xLP612	125,1	ARZM16008xLP612	113,5
ARZM01073xLH195	125,1	LH 195 x Mo17	113,1
ARZM17035xLH195	125,0	LH 195 x LP122-2	112,5
ARZM17035xLP612	125,0	ACA 2000	112,1
ARZM06020xLH195	124,6	ARZM16008xMo17	111,8
ARZM01073xLP122-2	124,5	ARZM01073xMo17	110,5
ARZM14103xLP612	124,2	ARZM02023xB73	109,9
ARZM18037xB73	124,0	ARZM02023xMo17	109,4
ARZM14103xLH195	123,9	ARZM02023xLH195	107,3
ARZM17035xB73	123,7	ALBION CL	105,0
LH 195 x LP612	123,6	ARZM16008xLH195	104,9
ARZM02003xMo17	123,5	DK 747 MG	100,6
ARZM16064xMo17	123,3	NIDERA 895	89,2
ARZM18017xLP612	123,1		

C.M.E.: 43,4 DMS (5%): 6,4

Tabla A14. Medias de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de 4 ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06 y 2006/07) para altura de planta (Apta).

Genotipo	Apta -----cm-----	Genotipo	Apta -----cm-----
ARZM16064xB73	261,2	ARZM17035xLP122-2	244,5
ARZM16064xLH195	256,8	ARZM01073xB73	244,4
ARZM16064xMo17	256,5	ARZM07134xLP122-2	244,4
ARZM02003xLH195	256,3	ARZM01042xLH195	244,0
ARZM03014xB73	256,0	ARZM07134xB73	243,6
LP 122-2 x B 73	255,6	ARZM16008xB73	243,1
ARZM06020xB73	255,1	ARZM06020xLP122-2	242,6
ARZM01045xLH195	255,1	ARZM03014xMo17	242,2
ARZM17035xB73	254,7	ARZM01045xMo17	242,1
ARZM02003xB73	254,5	ARZM06020xMo17	242,1
ARZM01045xB73	254,0	ARZM04062xLP122-2	241,9
ARZM16064xLP612	253,8	ARZM14103xMo17	241,8
ARZM01042xB73	253,2	ARZM16008xLP122-2	241,2
ARZM01073xLH195	253,1	ARZM18037xLP612	241,1
ARZM16064xLP122-2	252,9	ARZM01042xLP612	240,8
ARZM17035xLH195	252,7	ARZM04062xLP612	240,7
ARZM06020xLH195	252,5	LP 612 x Mo 17	240,6
ARZM04062xB73	249,8	ARZM07134xLP612	240,4
ARZM14103xB73	249,6	ARZM18037xLH195	240,4
ARZM07134xMo17	249,6	ARZM02023xB73	240,1
ARZM18017xB73	249,2	LH 195 x LP122-2	240,0
LH 195 x LP612	249,1	ARZM16008xMo17	238,9
LP 612 x B 73	248,6	ARZM17035xLP612	238,8
ARZM04062xMo17	248,5	ARZM02023xLH195	238,6
LH 195 x Mo17	248,1	ARZM02023xMo17	238,4
ARZM04062xLH195	248,0	ARZM03014xLP612	238,3
ARZM02003xLP122-2	247,9	ARZM01045xLP612	238,2
ARZM02003xMo17	247,8	ARZM18017xMo17	238,0
LP 122-2 x Mo 17	247,3	ARZM06020xLP612	237,9
ARZM01073xLP122-2	246,9	ARZM18037xLP122-2	237,3
ARZM18017xLP122-2	246,8	ARZM14103xLP612	237,1
ARZM03014xLP122-2	246,6	ARZM17035xMo17	236,9
ARZM18017xLH195	246,6	ARZM16008xLP612	236,6
ALBION CL	246,6	ARZM18017xLP612	236,2
ARZM14103xLH195	246,2	ARZM18037xMo17	235,8
ARZM01045xLP122-2	245,9	ARZM01073xMo17	235,0
DK 747 MG	245,6	ARZM01073xLP612	234,4
ARZM07134xLH195	245,3	ARZM14103xLP122-2	233,8
ARZM03014xLH195	245,3	ARZM01042xMo17	233,4
LP 122-2 x LP 612	245,3	ARZM02023xLP612	232,4
ARZM01042xLP122-2	245,1	ARZM16008xLH195	229,2
ARZM02003xLP612	245,0	ACA 2000	228,8
ARZM18037xB73	245,0	NIDERA 895	223,9
ARZM02023xLP122-2	244,7		

C.M.E.: 79,4 DMS (5%): 18,9

Tabla A15. Medias de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de 3 ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06, Pergamino I 2006/07) para ciclo hasta 50% de antesis (GDM).

Genotipo	GDM -----°Cd-----	Genotipo	GDM -----°Cd-----
ARZM16064xLH195	1025,4	ARZM18037xLP122-2	976,9
LH 195 x Mo17	1014,8	ARZM18037xLH195	976,1
ARZM03014xLH195	1012,9	ARZM06020xB73	976,1
ARZM02023xLH195	1012,6	ARZM02003xB73	975,0
ARZM16008xLH195	1007,2	ARZM06020xLP612	974,4
ARZM01045xLH195	1005,1	ARZM01042xMo17	971,6
ARZM04062xLH195	1004,7	ARZM07134xLP612	971,2
ARZM16064xLP122-2	1004,4	LP 122-2 x Mo 17	971,0
ARZM02003xMo17	1002,9	ARZM01073xLP122-2	970,8
ARZM03014xLP122-2	1001,9	ALBION CL	970,5
ARZM16064xLP612	1001,8	LP 122-2 x B 73	969,3
ARZM16064xMo17	999,4	ARZM17035xLP612	969,1
ARZM06020xLP122-2	997,8	ARZM01045xMo17	969,1
ARZM02003xLH195	994,8	ARZM16008xMo17	968,7
ARZM01045xLP612	994,4	ARZM17035xB73	968,6
ARZM16008xB73	994,3	ARZM16008xLP612	968,4
ARZM04062xLP122-2	992,1	ARZM01042xLP612	964,0
ARZM03014xLP612	991,8	ARZM01042xB73	963,5
ARZM03014xMo17	991,6	ARZM18037xLP612	963,4
LP 122-2 x LP 612	991,0	ARZM07134xMo17	962,5
ARZM01045xLP122-2	990,4	ARZM01073xB73	961,8
ARZM01042xLH195	989,3	ARZM14103xLP122-2	961,3
ARZM04062xB73	989,1	ARZM07134xB73	960,3
ARZM02003xLP122-2	987,5	ARZM17035xMo17	959,5
ACA 2000	987,5	ARZM18017xLP612	959,5
ARZM01042xLP122-2	987,4	NIDERA 895	958,6
ARZM18017xLH195	986,8	ARZM18017xMo17	956,6
ARZM04062xLP612	986,6	LP 612 x Mo 17	956,1
ARZM01073xLH195	985,4	ARZM01073xLP612	956,1
ARZM16064xB73	985,4	LP 612 x B 73	955,7
LH 195 x LP122-2	984,8	ARZM18017xB73	955,1
ARZM06020xLH195	984,5	ARZM01073xMo17	951,9
ARZM04062xMo17	983,2	ARZM14103xB73	950,6
ARZM16008xLP122-2	983,1	ARZM14103xLP612	948,3
ARZM03014xB73	982,3	ARZM18037xMo17	945,4
LH 195 x LP612	981,5	ARZM06020xMo17	943,2
ARZM14103xLH195	980,0	ARZM18037xB73	939,6
ARZM18017xLP122-2	979,5	ARZM02023xMo17	937,7
ARZM07134xLP122-2	979,4	ARZM02023xLP612	937,5
ARZM07134xLH195	979,1	ARZM14103xMo17	934,3
ARZM01045xB73	978,6	ARZM02023xLP122-2	931,5
ARZM17035xLP122-2	977,8	ARZM02023xB73	928,5
ARZM17035xLH195	977,7	DK 747 MG	927,2
ARZM02003xLP612	977,2		

C.M.E.: 480,9

DMS (5%): 24,7

Tabla A16. Medias de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de 3 ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06, Pergamino I 2006/07) para ciclo hasta 50% de emisión de estigmas (GDF).

Genotipo	GDF -----°Cd-----	Genotipo	GDF -----°Cd-----
ARZM16064xLH195	1059,6	ARZM02003xLP612	1012,8
ARZM16064xMo17	1055,4	ARZM06020xLP612	1012,8
ARZM02003xMo17	1052,9	ARZM06020xB73	1012,0
ARZM16064xLP122-2	1052,8	LP 122-2 x LP 612	1011,1
ARZM01045xLP122-2	1049,4	ARZM02003xB73	1010,5
ARZM06020xLP122-2	1046,2	ARZM14103xLH195	1010,1
ARZM03014xLP122-2	1044,8	ARZM18037xLH195	1009,4
ARZM02023xLH195	1044,5	ARZM16008xMo17	1009,3
LH 195 x Mo17	1042,0	ARZM07134xLP612	1008,8
ARZM03014xLH195	1041,4	ARZM01073xMo17	1006,0
ARZM01045xLH195	1040,4	LH 195 x LP612	1005,6
ARZM16064xLP612	1038,3	ARZM01073xLP122-2	1005,2
ARZM16008xLH195	1035,9	ARZM01042xLP612	1005,0
ARZM01045xMo17	1034,7	ARZM01042xB73	1004,8
ARZM04062xLH195	1034,4	ARZM17035xB73	1004,6
ARZM04062xLP122-2	1033,2	ARZM07134xMo17	1004,2
ARZM03014xMo17	1030,7	ARZM17035xMo17	1004,2
ARZM04062xB73	1030,7	LP 122-2 x B 73	1002,7
ARZM01045xLP612	1029,1	ARZM14103xLP122-2	1002,6
ARZM18017xLH195	1026,7	ARZM17035xLP612	1002,6
ARZM03014xLP612	1026,6	ARZM01073xB73	1000,5
ARZM01042xLP122-2	1025,9	ARZM18037xLP612	997,2
ARZM02003xLH195	1025,6	ARZM18017xLP612	997,1
ARZM02003xLP122-2	1024,1	ARZM16008xLP612	995,3
LH 195 x LP122-2	1024,0	ARZM07134xB73	994,7
ARZM04062xMo17	1022,0	ARZM02023xMo17	993,5
ARZM16008xLP122-2	1021,8	ARZM18017xMo17	992,4
ARZM01042xLH195	1021,6	ARZM06020xMo17	990,1
ARZM16008xB73	1021,1	ARZM02023xLP612	989,7
ARZM01073xLH195	1021,0	ALBION CL	989,1
ARZM07134xLP122-2	1018,7	ARZM14103xB73	987,7
ARZM16064xB73	1018,5	ARZM18037xMo17	984,9
ARZM03014xB73	1018,5	ARZM01073xLP612	982,3
ARZM17035xLP122-2	1018,2	LP 612 x Mo 17	980,0
ACA 2000	1018,0	NIDERA 895	979,2
ARZM06020xLH195	1017,6	ARZM02023xLP122-2	978,6
ARZM04062xLP612	1017,1	ARZM18017xB73	978,2
ARZM01042xMo17	1016,6	ARZM02023xB73	977,7
ARZM18037xLP122-2	1015,3	ARZM14103xLP612	976,5
ARZM18017xLP122-2	1015,2	LP 612 x B 73	975,7
ARZM07134xLH195	1015,1	ARZM14103xMo17	972,4
ARZM01045xB73	1014,2	ARZM18037xB73	970,9
LP 122-2 x Mo 17	1013,5	DK 747 MG	961,3
ARZM17035xLH195	1013,3		

C.M.E.: 611,5 DMS (5%): 27,8

Tabla A17. Medias de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de 3 ambientes (Pergamino I y Pergamino II, 2005/06, Pergamino I 2006/07) para intervalo antesis . aparición de estigmas (ASI).

Genotipo	ASI -----°Cd-----	Genotipo	ASI -----°Cd-----
ARZM01045xMo17	65,6	ARZM17035xB73	36,0
ARZM01045xLP122-2	59,0	ARZM18017xMo17	35,8
ARZM16064xMo17	56,1	ARZM18017xLP122-2	35,7
ARZM02023xMo17	55,8	ARZM17035xLH195	35,6
ARZM01073xMo17	54,1	ARZM02003xLP612	35,6
ARZM02023xLP612	52,2	ARZM02003xB73	35,6
ARZM02003xMo17	50,1	ARZM01045xB73	35,6
ARZM02023xB73	49,2	ARZM01073xLH195	35,6
ARZM16064xLP122-2	48,5	ARZM01045xLH195	35,3
ARZM06020xLP122-2	48,4	ARZM03014xLP612	34,8
ARZM02023xLP122-2	47,1	ARZM01045xLP612	34,7
ARZM06020xMo17	46,9	ARZM07134xB73	34,4
ARZM01042xMo17	45,0	ARZM01073xLP122-2	34,4
ARZM17035xMo17	44,7	ARZM16064xLH195	34,2
ARZM03014xLP122-2	42,8	DK 747 MG	34,1
LP 122-2 x Mo 17	42,5	ARZM18037xLP612	33,8
ARZM07134xMo17	41,7	LP 122-2 x B 73	33,4
ARZM04062xB73	41,6	ARZM17035xLP612	33,4
ARZM01042xB73	41,3	ARZM18037xLH195	33,3
ARZM14103xLP122-2	41,3	ARZM16064xB73	33,2
ARZM04062xLP122-2	41,1	ARZM06020xLH195	33,1
ARZM01042xLP612	41,0	ARZM01042xLH195	32,2
ARZM16008xMo17	40,6	ARZM02023xLH195	31,9
ARZM17035xLP122-2	40,4	ARZM18037xB73	31,2
ARZM18017xLH195	39,9	ARZM02003xLH195	30,9
ARZM18037xMo17	39,5	ARZM04062xLP612	30,5
ARZM07134xLP122-2	39,4	ACA 2000	30,5
LH 195 x LP122-2	39,2	ARZM14103xLH195	30,1
ARZM03014xMo17	39,1	ARZM04062xLH195	29,7
ARZM04062xMo17	38,8	ARZM16008xLH195	28,7
ARZM01073xB73	38,7	ARZM03014xLH195	28,5
ARZM16008xLP122-2	38,7	ARZM14103xLP612	28,2
ARZM01042xLP122-2	38,5	LH 195 x Mo17	27,2
ARZM06020xLP612	38,4	ARZM16008xLP612	26,9
ARZM18037xLP122-2	38,4	ARZM16008xB73	26,8
ARZM14103xMo17	38,1	ARZM01073xLP612	26,2
ARZM18017xLP612	37,6	LH 195 x LP612	24,1
ARZM07134xLP612	37,6	LP 612 x Mo 17	23,9
ARZM14103xB73	37,1	ARZM18017xB73	23,2
ARZM02003xLP122-2	36,6	NIDERA 895	20,6
ARZM16064xLP612	36,5	LP 122-2 x LP 612	20,1
ARZM03014xB73	36,1	LP 612 x B 73	20,0
ARZM07134xLH195	36,0	ALBION CL	18,6
ARZM06020xB73	36,0		

C.M.E.: 151,9 DMS (5%): 13,9

Tabla A18. Análisis de Varianza Combinado y Análisis Dialélico Combinado Parcial para porcentaje de quebrado a través de ambientes (Santa Isabel 2005/06, Pergamino I y Pergamino II 2006/07).

F.V.	G.L.	C.M.	F	Probabilidad
BLOQUES/AMB	3	505,9		
TRATAMIENTOS	74	284,2	1,94	0,00034
CGC I	14	666,4	3,17	0,004539
CGC II	4	1333,5	2,65	0,112253
CEC	56	113,7	1,08	0,358738
AMBIENTES	2	23675,4	247,82	0,00000
TRATxAMB	148	146,6	1,53	0,001926
CGC I x AMB	28	210,2	2,20	0,000847
CGC II x AMB	8	503,3	5,27	0,00002
CEC x AMB	112	105,2	1,10	0,271059
RESIDUO COMBINADO	222	95,5		
TOTAL	449			
MEDIA GENERAL		18,5		
CV (%)		52,9		

OBS.: el test F fue realizado considerando los efectos de los genotipos fijos y de ambientes aleatorios.

Tabla A19. Análisis de Varianza Combinado y Análisis Dialélico Combinado Parcial para porcentaje de vuelco a través de ambientes (Santa Isabel 2005/06, Pergamino I y Pergamino II 2006/07).

F.V.	G.L.	C.M.	F	Probabilidad
BLOQUES/AMB	3	205,0		
TRATAMIENTOS	74	67,8	1,03	0,43686
CGC I	14	91,6	0,92	1,00000
CGC II	4	108,4	0,65	1,00000
CEC	56	59,0	1,17	0,23921
AMBIENTES	2	594,2	9,85	0,00008
TRATxAMB	148	66,0	1,09	0,271878
CGC I x AMB	28	99,7	1,65	0,02508
CGC II x AMB	8	165,9	2,75	0,006514
CEC x AMB	112	50,4	0,84	1,00000
RESIDUO COMBINADO	222	60,3		
TOTAL	449			
MEDIA GENERAL		7,8		
CV (%)		100,1		

OBS.: el test F fue realizado considerando los efectos de los genotipos fijos y de ambientes aleatorios.

Tabla A20. Medias de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de 3 ambientes a través de ambientes (Santa Isabel 2005/06, Pergamino I y Pergamino II 2006/07) para porcentaje de quebrado.

Genotipo	Q -----%-----	Genotipo	Q -----%-----
ARZM14103xMo17	37,3	ARZM01042xB73	16,7
ARZM02023xMo17	35,6	ARZM07134xLP122-2	16,0
ARZM01073xB73	35,3	ARZM02003xLH195	15,7
ARZM02023xB73	34,3	ARZM01042xMo17	15,6
ARZM02023xLP122-2	32,4	ARZM01045xLH195	15,6
ARZM02003xLP122-2	28,8	ARZM03014xLH195	15,2
ARZM16064xMo17	28,5	ARZM18017xLP122-2	14,8
LP 122-2 x B 73	28,1	ARZM16008xLH195	14,8
ARZM16064xLH195	27,1	ARZM02003xLP612	14,7
LP 612 x Mo 17	26,7	ARZM01042xLH195	14,2
ARZM03014xMo17	26,0	LP 612 x B 73	14,1
ARZM01045xLP122-2	25,0	ARZM01042xLP122-2	14,0
ARZM02003xMo17	24,9	ARZM18037xLP122-2	13,7
ARZM16064xLP122-2	24,3	ARZM01073xLH195	13,6
ARZM18017xB73	24,0	ARZM07134xLP612	13,6
ARZM18017xMo17	23,8	ARZM04062xMo17	13,5
ARZM01045xMo17	23,3	ARZM07134xLH195	13,4
ARZM01073xLP122-2	23,2	ARZM18017xLP612	13,3
ARZM06020xLP612	23,1	LP 122-2 x Mo 17	13,3
ARZM01073xMo17	23,0	ARZM14103xLP612	13,3
ARZM07134xMo17	23,0	ARZM18037xMo17	13,0
ARZM16064xLP612	23,0	ARZM18017xLH195	12,8
ARZM16064xB73	22,8	ARZM16008xLP122-2	12,5
ARZM16008xMo17	22,8	ARZM04062xB73	12,0
ARZM17035xB73	21,3	ARZM16008xLP612	11,6
ARZM02023xLP612	21,1	ARZM06020xMo17	11,4
ARZM17035xMo17	21,0	ARZM01045xLP612	11,1
ARZM03014xLP122-2	20,9	ARZM04062xLP122-2	10,7
ARZM16008xB73	20,7	ARZM17035xLH195	10,7
ARZM07134xB73	20,6	ARZM14103xLH195	10,4
ARZM17035xLP612	20,4	ARZM18037xLP612	10,0
ARZM01073xLP612	20,3	ARZM18037xLH195	9,8
ARZM17035xLP122-2	20,0	ARZM01042xLP612	9,5
ARZM06020xB73	19,9	ARZM06020xLH195	9,3
ARZM03014xB73	19,1	LH 195 x LP122-2	9,1
ARZM02003xB73	19,0	LP 122-2 x LP 612	7,6
ARZM02023xLH195	18,7	ARZM04062xLH195	7,5
ARZM01045xB73	18,1	NIDERA 895	5,1
ARZM18037xB73	17,3	ARZM04062xLP612	5,1
ARZM03014xLP612	17,3	LH 195 x Mo17	3,9
LH 195 x LP612	17,3	DK 747 MG	2,6
ARZM14103xLP122-2	17,0	ALBION CL	2,6
ARZM14103xB73	16,9	ACA 2000	2,2
ARZM06020xLP122-2	16,8		

C.M.E.: 98,2 DMS (5%): 11,2

Tabla A21. Medias de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de 3 ambientes a través de ambientes (Santa Isabel 2005/06, Pergamino I y Pergamino II 2006/07) para porcentaje de vuelco.

Genotipo	V -----%-----	Genotipo	V -----%-----
ARZM02023xMo17	16,7	ARZM18017xB73	6,5
ARZM01073xB73	16,0	ARZM01073xLP122-2	6,4
ARZM01073xMo17	13,7	ARZM03014xLH195	6,3
ARZM02003xLP122-2	13,5	ARZM01045xLH195	6,3
ARZM07134xLH195	13,4	ARZM04062xLP612	6,2
ARZM04062xMo17	13,2	ARZM18037xLP122-2	6,2
ARZM04062xLP122-2	13,1	ARZM02003xMo17	6,1
ARZM18017xMo17	13,0	ARZM01073xLH195	5,8
ARZM16064xLP122-2	12,6	ARZM16064xMo17	5,7
ARZM02003xB73	12,2	ARZM18037xMo17	5,6
ARZM01045xLP612	11,8	ARZM14103xLH195	5,6
ARZM01045xB73	11,5	ARZM01042xLP122-2	5,5
ARZM17035xLP612	11,3	ARZM06020xB73	5,4
ARZM18017xLH195	11,0	ARZM18037xB73	5,4
ARZM02023xLH195	11,0	ARZM02023xLP612	5,3
ARZM16064xLP612	10,8	ARZM16008xB73	5,1
ARZM01045xLP122-2	10,8	ARZM17035xLP122-2	5,0
ARZM02023xB73	10,7	ARZM06020xLP612	4,9
ARZM06020xMo17	10,5	ARZM16008xLH195	4,8
ARZM16064xB73	10,4	ARZM18017xLP612	4,8
ARZM02003xLH195	9,5	ARZM18017xLP122-2	4,6
ARZM03014xMo17	9,4	ARZM14103xMo17	4,0
ARZM03014xB73	9,3	ARZM16008xMo17	3,7
ARZM01042xLP612	9,0	ARZM16008xLP122-2	3,7
ARZM07134xLP122-2	9,0	ARZM01042xLH195	3,6
ARZM01042xB73	8,9	ARZM16008xLP612	3,4
ARZM14103xLP122-2	8,9	ARZM03014xLP612	3,4
ARZM06020xLH195	8,7	ARZM18037xLH195	3,3
ARZM06020xLP122-2	8,6	ARZM04062xLH195	2,8
ARZM17035xMo17	8,4	LP 612 x Mo 17	2,7
ARZM02023xLP122-2	8,2	ARZM18037xLP612	2,7
ARZM07134xMo17	8,2	ARZM07134xLP612	2,6
ARZM14103xLP612	7,8	LP 122-2 x B 73	2,4
ARZM17035xB73	7,1	ARZM01073xLP612	2,3
ARZM07134xB73	7,0	LP 122-2 x Mo 17	2,2
ARZM17035xLH195	7,0	ALBION CL	1,5
ARZM02003xLP612	7,0	LH 195 x LP612	0,9
ARZM04062xB73	6,9	DK 747 MG	0,6
ARZM03014xLP122-2	6,8	LP 122-2 x LP 612	0,4
ARZM01045xMo17	6,8	LH 195 x LP122-2	0,3
LP 612 x B 73	6,8	NIDERA 895	0,3
ARZM01042xMo17	6,6	LH 195 x Mo17	0,0
ARZM16064xLH195	6,6	ACA 2000	0,0
ARZM14103xB73	6,5		

C.M.E.: 53,6 DMS (5%): 8,2

Tabla A22. Análisis de Varianza Combinado y Análisis Dialélico Combinado Parcial para peso hectolítrico (kg/hl) a través de ambientes (Santa Isabel 2005/06 y 2006/07).

F.V.	G.L.	C.M.	F	Probabilidad
BLOQUES/AMB	2	1,41		
TRATAMIENTOS	74	5,58	0,91	1,00000
ACG I	14	7,14	0,67	1,00000
ACG II	4	0,95	0,18	1,00000
ACE	56	5,52	1,09	0,37894
AMBIENTES	1	1,08	0,22	1,00000
TRATxAMB	74	6,15	1,26	0,11604
ACG I x AMB	14	10,69	2,20	0,01035
ACG II x AMB	4	5,21	1,07	0,37354
ACE x AMB	56	5,08	1,04	0,40948
RESIDUO COMBINADO	148	4,87		
TOTAL	299			
MEDIA GENERAL		75,4		
CV (%)		2,9		

OBS.: el test F fue realizado considerando los efectos de los genotipos fijos y de ambientes aleatorios.

Tabla A23. Medias de los cruzamientos variedad local x línea probadora a través de 2 ambientes (Santa Isabel 2005/06 y 2006/07) para peso hectolítrico (Phect).

Genotipo	Phect -----kg/hl-----	Genotipo	Phect -----kg/hl-----
ARZM01042xLP612	72,4	ARZM07134xMo17	75,1
ARZM01045xLP612	76,0	ARZM14103xMo17	76,0
ARZM01073xLP612	76,9	ARZM16008xMo17	74,9
ARZM02003xLP612	74,5	ARZM16064xMo17	74,9
ARZM02023xLP612	75,3	ARZM17035xMo17	75,4
ARZM03014xLP612	76,5	ARZM18017xMo17	74,4
ARZM04062xLP612	76,4	ARZM18037xMo17	77,2
ARZM06020xLP612	77,4	ARZM01042xB73	74,9
ARZM07134xLP612	74,4	ARZM01045xB73	76,4
ARZM14103xLP612	76,0	ARZM01073xB73	74,6
ARZM16008xLP612	75,9	ARZM02003xB73	75,1
ARZM16064xLP612	76,9	ARZM02023xB73	75,6
ARZM17035xLP612	76,3	ARZM03014xB73	78,2
ARZM18017xLP612	74,4	ARZM04062xB73	77,3
ARZM18037xLP612	75,3	ARZM06020xB73	72,8
ARZM01042xLP122-2	75,8	ARZM07134xB73	75,0
ARZM01045xLP122-2	76,2	ARZM14103xB73	75,3
ARZM01073xLP122-2	74,9	ARZM16008xB73	75,6
ARZM02003xLP122-2	77,3	ARZM16064xB73	75,9
ARZM02023xLP122-2	76,7	ARZM17035xB73	74,8
ARZM03014xLP122-2	77,8	ARZM18017xB73	75,5
ARZM04062xLP122-2	76,2	ARZM18037xB73	73,9
ARZM06020xLP122-2	74,6	ARZM01042xLH195	75,0
ARZM07134xLP122-2	75,4	ARZM01045xLH195	76,4
ARZM14103xLP122-2	74,8	ARZM01073xLH195	76,4
ARZM16008xLP122-2	75,5	ARZM02003xLH195	74,1
ARZM16064xLP122-2	74,3	ARZM02023xLH195	75,3
ARZM17035xLP122-2	74,5	ARZM03014xLH195	75,9
ARZM18017xLP122-2	74,3	ARZM04062xLH195	75,7
ARZM18037xLP122-2	73,4	ARZM06020xLH195	73,4
ARZM01042xMo17	74,8	ARZM07134xLH195	74,1
ARZM01045xMo17	76,9	ARZM14103xLH195	73,1
ARZM01073xMo17	76,5	ARZM16008xLH195	75,2
ARZM02003xMo17	76,7	ARZM16064xLH195	74,8
ARZM02023xMo17	74,5	ARZM17035xLH195	77,3
ARZM03014xMo17	74,3	ARZM18017xLH195	76,9
ARZM04062xMo17	75,1	ARZM18037xLH195	76,2
ARZM06020xMo17	74,6		

Marcadores Moleculares

Tabla A24. Tamaño molecular, en pares de bases (pb) de los alelos observados para los once microsatélites analizados.

Alelos	phi 96100	bnlg 439	phi 034	phi 080	phi 072	bnlg 1714
1	268	200	120	146	139	195
2	275	202	124	151	142	199
3	279	207	139	156	143	209
4	283	209	141	161	150	211
5	289	215	142	166	153	213
6	294	217	144	167	154	215
7		219		170	157	220
8		222			162	224
9		225				227
10		227				231
11		229				233
12		231				234
13		234				236
14		236				239
15		246				242
16		248				245
17		256				247
18						248
19						250
20						252

Tabla A24 (continuación). Tamaño molecular, en pares de bases (pb) de los alelos observados para los once microsatélites analizados.

Alelos	bnlg 1839	bnlg 1811	bnlg 1006	phi 075	umc 2050
1	167	170	159	224	111
2	169	172	166	226	113
3	174	174	168	227	119
4	176	186	170	230	128
5	180	188	173	239	129
6	182	192	179		
7	187	195	182		
8	189	197	192		
9	199	199	197		
10	213	201	201		
11	215	204	202		
12		209	209		
13		215	215		
14		218	218		
15		237	220		
16		244	223		
17			229		
18			234		
19			237		
20			242		
21			244		
22			256		
23			282		

Tabla A25. Medidas de variabilidad genética para cada locus y para cada población.

Locus	Estadístico	ARZM 01042	ARZM 01045	ARZM 01073	ARZM 02003	ARZM 02023	ARZM 03014	ARZM 04062
phi96100	Diversidad genética	0,43	0,64	0,23	0,65	0,64	0,53	0,61
	Heterocigosis	0,47	0,77	0,27	0,63	0,60	0,69	0,50
	PIC	0,35	0,59	0,20	0,59	0,57	0,45	0,54
	Alelos efectivos	1,75	2,74	1,30	2,88	2,77	2,11	2,56
bnlg439	Diversidad genética	0,69	0,82	0,51	0,75	0,77	0,83	0,71
	Heterocigosis	0,60	0,87	0,60	0,54	0,77	0,93	0,80
	PIC	0,65	0,79	0,44	0,71	0,73	0,81	0,66
	Alelos efectivos	3,23	5,49	2,03	3,92	4,30	5,81	3,42
phi034	Diversidad genética	0,70	0,52	0,49	0,55	0,67	0,61	0,78
	Heterocigosis	0,60	0,38	0,37	0,60	0,73	0,63	0,50
	PIC	0,66	0,46	0,38	0,47	0,61	0,54	0,74
	Alelos efectivos	3,32	2,08	1,94	2,22	3,03	2,57	4,51
phi080	Diversidad genética	0,58	0,36	0,66	0,62	0,50	0,66	0,66
	Heterocigosis	0,59	0,36	0,23	0,57	0,47	0,33	0,59
	PIC	0,50	0,33	0,60	0,55	0,46	0,58	0,59
	Alelos efectivos	2,39	1,56	2,93	2,64	2,02	2,90	2,95
phi072	Diversidad genética	0,69	0,68	0,10	0,53	0,46	0,66	0,69
	Heterocigosis	0,47	0,67	0,10	0,53	0,43	0,70	0,38
	PIC	0,65	0,63	0,09	0,43	0,42	0,60	0,63
	Alelos efectivos	3,21	3,08	1,11	2,13	1,84	2,97	3,19
bnlg1839	Diversidad genética	0,50	0,03	0,29	0,52	0,54	0,77	0,74
	Heterocigosis	0,37	0,03	0,20	0,57	0,39	0,63	0,87
	PIC	0,47	0,03	0,27	0,43	0,44	0,73	0,70
	Alelos efectivos	2,01	1,03	1,41	2,07	2,18	4,27	3,88
bnlg1714	Diversidad genética	0,79	0,79	0,49	0,50	0,44	0,59	0,79
	Heterocigosis	0,60	0,83	0,60	0,55	0,20	0,47	0,53
	PIC	0,76	0,77	0,37	0,48	0,40	0,56	0,76
	Alelos efectivos	4,76	4,72	1,97	2,01	1,80	2,43	4,83
bnlg1811	Diversidad genética	0,84	0,78	0,44	0,71	0,51	0,82	0,77
	Heterocigosis	0,63	0,62	0,41	0,55	0,35	0,45	0,47
	PIC	0,82	0,75	0,34	0,68	0,43	0,80	0,74
	Alelos efectivos	6,34	4,57	1,79	3,48	2,02	5,55	4,37
bnlg1006	Diversidad genética	0,58	0,67	0,50	0,83	0,68	0,64	0,78
	Heterocigosis	0,43	0,23	0,00	0,30	0,60	0,47	0,53
	PIC	0,54	0,61	0,43	0,81	0,62	0,59	0,75
	Alelos efectivos	2,38	3,02	2,02	6,00	3,11	2,76	4,63
phi075	Diversidad genética	0,53	0,42	0,00	0,53	0,61	0,65	0,52
	Heterocigosis	0,47	0,53	0,00	0,53	0,47	0,70	0,33
	PIC	0,48	0,33	0,00	0,42	0,56	0,57	0,47
	Alelos efectivos	2,14	1,72	1,00	2,11	2,55	2,83	2,09
umc2050	Diversidad genética	0,41	0,45	0,40	0,50	0,24	0,65	0,61
	Heterocigosis	0,43	0,41	0,40	0,47	0,23	0,67	0,47
	PIC	0,32	0,35	0,33	0,45	0,23	0,58	0,54
	Alelos efectivos	1,68	1,82	1,67	2,00	1,32	2,82	2,54

Tabla A25 (continuación). Medidas de variabilidad genética para cada locus y para cada población.

Locus	Estadístico	ARZM 06020	ARZM 07134	ARZM 14103	ARZM 16008	ARZM 16064	ARZM 17035	ARZM 18017
phi96100	Diversidad genética	0,57	0,53	0,57	0,65	0,65	0,70	0,56
	Heterocigosis	0,33	0,63	0,67	0,53	0,67	0,70	0,53
	PIC	0,52	0,44	0,50	0,58	0,57	0,64	0,46
	Alelos efectivos	2,33	2,13	2,33	2,84	2,82	3,33	2,27
bnlg439	Diversidad genética	0,84	0,73	0,84	0,73	0,83	0,79	0,75
	Heterocigosis	0,60	0,63	0,73	0,77	0,73	0,70	0,70
	PIC	0,83	0,71	0,83	0,68	0,81	0,76	0,73
	Alelos efectivos	6,41	3,77	6,43	3,67	5,83	4,78	4,03
phi034	Diversidad genética	0,68	0,63	0,68	0,58	0,68	0,66	0,70
	Heterocigosis	0,63	0,63	0,47	0,37	0,50	0,48	0,53
	PIC	0,62	0,56	0,61	0,50	0,64	0,62	0,66
	Alelos efectivos	3,09	2,73	3,10	2,37	3,17	2,97	3,35
phi080	Diversidad genética	0,66	0,57	0,65	0,59	0,61	0,65	0,65
	Heterocigosis	0,36	0,53	0,48	0,33	0,63	0,43	0,30
	PIC	0,61	0,50	0,57	0,51	0,53	0,57	0,58
	Alelos efectivos	2,96	2,33	2,84	2,46	2,53	2,82	2,87
phi072	Diversidad genética	0,65	0,50	0,60	0,66	0,58	0,64	0,73
	Heterocigosis	0,77	0,47	0,60	0,63	0,53	0,38	0,47
	PIC	0,58	0,41	0,55	0,61	0,54	0,57	0,70
	Alelos efectivos	2,83	2,02	2,53	2,92	2,40	2,78	3,74
bnlg1839	Diversidad genética	0,71	0,69	0,69	0,68	0,70	0,71	0,83
	Heterocigosis	0,63	0,63	0,73	0,67	0,70	0,60	0,87
	PIC	0,66	0,64	0,63	0,63	0,64	0,66	0,81
	Alelos efectivos	3,40	3,27	3,20	3,12	3,36	3,43	6,04
bnlg1714	Diversidad genética	0,67	0,81	0,76	0,54	0,48	0,82	0,83
	Heterocigosis	0,27	0,50	0,57	0,37	0,43	0,67	0,45
	PIC	0,63	0,78	0,73	0,46	0,45	0,79	0,81
	Alelos efectivos	3,04	5,22	4,20	2,16	1,93	5,44	5,76
bnlg1811	Diversidad genética	0,78	0,75	0,86	0,61	0,77	0,63	0,72
	Heterocigosis	0,09	0,57	0,53	0,60	0,23	0,53	0,50
	PIC	0,74	0,71	0,84	0,53	0,73	0,61	0,68
	Alelos efectivos	4,46	4,02	6,90	2,58	4,26	2,71	3,57
bnlg1006	Diversidad genética	0,92	0,74	0,73	0,73	0,81	0,79	0,73
	Heterocigosis	0,27	0,69	0,43	0,40	0,67	0,53	0,37
	PIC	0,91	0,71	0,70	0,68	0,79	0,76	0,70
	Alelos efectivos	12,08	3,89	3,73	3,70	5,23	4,79	3,68
phi075	Diversidad genética	0,36	0,60	0,67	0,62	0,65	0,66	0,65
	Heterocigosis	0,13	0,50	0,37	0,63	0,63	0,70	0,67
	PIC	0,33	0,52	0,60	0,55	0,58	0,59	0,58
	Alelos efectivos	1,57	2,51	3,04	2,66	2,88	2,98	2,87
umc2050	Diversidad genética	0,63	0,64	0,60	0,49	0,47	0,47	0,51
	Heterocigosis	0,40	0,38	0,50	0,47	0,57	0,43	0,37
	PIC	0,56	0,56	0,52	0,37	0,36	0,40	0,39
	Alelos efectivos	2,72	2,75	2,47	1,97	1,90	1,90	2,02

Tabla A25 (continuación). Medidas de variabilidad genética para cada locus y para cada población.

Locus	Estadístico	ARZM						Total
		18037	LP612	LP122-2	Mo17	LH195	B73	
phi96100	Diversidad genética	0,60	0	0	0	0	0	0,68
	Heterocigosis	0,73	0	0	0	0	0	0,58
	PIC	0,54	0	0	0	0	0	0,61
	Alelos efectivos	2,53	1	1	1	1	1	3,09
bnlg439	Diversidad genética	0,43	0	0	0	0	0	0,86
	Heterocigosis	0,50	0	0	0	0	0	0,69
	PIC	0,40	0	0	0	0	0	0,84
	Alelos efectivos	1,76	1	1	1	1	1	6,95
phi034	Diversidad genética	0,73	0	0	0	0	0	0,76
	Heterocigosis	0,57	0	0	0	0	0	0,53
	PIC	0,68	0	0	0	0	0	0,73
	Alelos efectivos	3,65	1	1	1	1	1	4,23
phi080	Diversidad genética	0,50	0	0	0	0	0	0,69
	Heterocigosis	0,53	0	0	0	0	0	0,44
	PIC	0,43	0	0	0	0	0	0,63
	Alelos efectivos	2,00	1	1	1	1	1	3,25
phi072	Diversidad genética	0,73	0	0	0	0	0	0,73
	Heterocigosis	0,56	0	0	0	0	0	0,51
	PIC	0,69	0	0	0	0	0	0,70
	Alelos efectivos	3,67	1	1	1	1	1	3,72
bnlg1839	Diversidad genética	0,66	0	0	0	0	0	0,77
	Heterocigosis	0,50	0	0	0	0	0	0,55
	PIC	0,59	0	0	0	0	0	0,74
	Alelos efectivos	2,92	1	1	1	1	1	4,42
bnlg1714	Diversidad genética	0,75	0	0	0	0	0	0,79
	Heterocigosis	0,80	0	0	0	0	0	0,52
	PIC	0,72	0	0	0	0	0	0,78
	Alelos efectivos	4,05	1	1	1	1	1	4,79
bnlg1811	Diversidad genética	0,63	0	0	0	0	0	0,89
	Heterocigosis	0,30	0	0	0	0	0	0,46
	PIC	0,57	0	0	0	0	0	0,88
	Alelos efectivos	2,70	1	1	1	1	1	9,36
bnlg1006	Diversidad genética	0,70	0	0	0	0	0	0,87
	Heterocigosis	0,13	0	0	0	0	0	0,40
	PIC	0,65	0	0	0	0	0	0,86
	Alelos efectivos	3,36	1	1	1	1	1	7,66
phi075	Diversidad genética	0,26	0	0	0	0	0	0,65
	Heterocigosis	0,30	0	0	0	0	0	0,46
	PIC	0,24	0	0	0	0	0	0,58
	Alelos efectivos	1,36	1	1	1	1	1	2,84
umc2050	Diversidad genética	0,60	0	0	0	0	0	0,62
	Heterocigosis	0,73	0	0	0	0	0	0,46
	PIC	0,52	0	0	0	0	0	0,54
	Alelos efectivos	2,51	1	1	1	1	1	2,60