

Director/a: DEFACIO, Raquel

Título del Trabajo Final: “Regeneración de poblaciones de maíz procedentes de la región Andina, en zonas de baja altitud, mediante la reducción del fotoperíodo.”

Tesista: LLANES, Soledad

Resumen: El maíz (*Zea mays L.*) es actualmente es el cereal de mayor producción en el mundo, por encima del trigo y el arroz. La elevada variabilidad morfológica y de adaptación ambiental que presenta esta especie, permitió que se cultive desde el nivel del mar hasta los 4.000 msnm., adaptabilidad que junto con la selección realizada por los agricultores generó más de 300 formas raciales las cuales contienen entre el 90 y 95% de la variabilidad del cultivo en el mundo. Desde la aparición de los híbridos comerciales, el cultivo de poblaciones nativas ha sido paulatinamente desplazado por variedades más rendidoras pero muy uniformes desde el punto de vista genético. En Argentina el Banco Activo de Germoplasma de la EEA INTA Pergamino (BAP) conserva poblaciones nativas de maíz ofreciendo la oportunidad de disponer de las mismas para incluir en Programas de Mejoramiento Genético. Sobre la hipótesis de que las poblaciones nativas de maíz originarias de la región central de Argentina presentan variabilidad genética, la cual puede ser utilizada en la ampliación de la base genética de los programas de Mejoramiento Genético; nos propusimos determinar la existencia tal variabilidad en función de descriptores morfológico y agronómico. En este trabajo se evaluó el comportamiento a campo de 25 poblaciones locales originarias de las Provincias de Buenos Aires, Santa Fe, Córdoba, La Pampa y Entre Ríos conservadas en el BAP. Se incluyeron como testigos siete poblaciones sintéticas mejoradas, también conservadas en el BAP. Se realizaron 3 ensayos comparativos a campo, dos de ellos en la EEA-INTA de Pergamino y uno en la Escuela Agrotécnica Salesiana de la localidad de Ferré. Se ejecutaron los tres ensayos con un Diseño de Bolques Completos al azar y con dos repeticiones para cada población. La unidad experimental consistió en dos surcos de cada población de cinco metros de longitud cada uno, separados por 0,7 metros entre sí con una densidad de siembra de 5 plantas/m lineal de surco. Se registraron 22 variables cuantitativas de interés agronómico: altura de mazorca, altura de hoja bandera, altura de planta, número de hojas por espiga, número de hojas totales, largo y ancho de hoja, diámetro de tallo, días a floración masculina y femenina, intervalo entre la floración femenina y masculina, largo y diámetro de mazorca, número de hileras por mazorca, número de granos por hilera, ancho y largo de grano, peso de mazorca, porcentajes de quebrado y vuelco de plantas, peso de 1.000 granos y rendimiento. A partir de estos datos se calcularon medidas descriptivas, se realizó un Análisis de la variancia multifactorial con interacción, se calculó la matriz de correlaciones de Pearson, se realizaron un Análisis de Componentes Principales (sobre la base de la matriz de correlaciones de las variables originales) y un Análisis de Clusters jerárquico (a partir de la matriz de distancia euclídea de los datos originales estandarizados por rango con el criterio de ligamiento Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean). Por último, utilizando la matriz de distancias genéticas (euclídea) y la de distancia geográfica se aplicó el Test de Mantel. Todos los resultados obtenidos nos permitieron corroborar que las poblaciones nativas de maíz colectadas en la región central Argentina y conservadas en el BAP presentan variabilidad para los caracteres agronómicos y morfológicos evaluados. Además, estas poblaciones pueden ser agrupadas en 6 grupos a partir del ACP y los del Análisis de

Conglomerados ya que se pueden evidenciar a partir de estos similares patrones de comportamientos en cuanto a las variables analizadas para cada una de las poblaciones evaluadas, con lo cual sería factible realizar a partir de este trabajo una selección preliminar de las mismas para su posterior incorporación y utilización en programas de mejoramiento. Por otro lado, la variabilidad encontrada entre las poblaciones no está asociada con sus localizaciones de origen, ya que el agrupamiento obtenido a partir de las distancias genéticas no se relaciona con las distancias geográficas ($r = -0,00918$).

Palabras claves: Banco Activo de Germoplasma, variabilidad genética, caracteres agronómicos

Año de la defensa: 2014