



MAÍZIFICANDO CONCIENCIA

XII CONGRESO NACIONAL DE MAÍZ

Eje

Genética y mejoramiento

8, 9 y 10 de Noviembre
Pergamino, BA
UNNOBA



Secretaría de Agricultura,
Ganadería y Pesca
Ministerio de Economía
Argentina

20
22





INTROGRESIÓN DE FUENTES DE RESISTENCIA A ROYA COMÚN Y TIZÓN FOLIAR EN LÍNEAS ENDOCRIADAS DE MAÍZ (*Zea mays* L.)

Peñas Ballesteros A^{1,2}; Montenegro LD³; Defacio RD^{2,3}; Martínez E^{2,3}; Ferrer ME³; Iglesias J^{2,3*}.

¹ Centro de Investigaciones y Transferencia del Noroeste de la provincia de Buenos Aires CITNOBA (UNNOBA - UNSAdA - CONICET), Monteagudo 2772, Pergamino, Buenos Aires, Argentina.

² Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria-Estación Experimental Pergamino (INTA EEA Pergamino), Av. Frondizi (Ruta 32) Km 4,5, Pergamino, Buenos Aires, Argentina.

³ Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Monteagudo 2772, Pergamino, Buenos Aires, Argentina.

* iglesias.juliana@inta.gob.ar

INTROGRESSION OF SOURCES OF DISEASE RESISTANCE TO COMMON RUST AND NORTHERN CORN LEAF BLIGHT INTO MAIZE (*Zea mays* L.) INBREED LINES

Abstract

Maize (*Zea mays* L.) is one of the most important crops worldwide and is affected by several pathogens that put productivity and grain quality at risk. Common rust (*Puccinia sorghi*) and northern corn leaf blight (*Exserohilum turcicum*) are among the most important diseases affecting maize at the Corn Belt region of Argentina. The aim of the present work was to characterize the potential of four maize landraces (ARZM05074, ARZM08096, ARZM13057 (*resistant ones*) and ARZM04044 (*susceptible*)) as donors of favorable alleles to improve disease resistance to both pathogens. In 2018/2019 landraces were crossed to three inbreed lines, used as a female parent (LP29 (*resistant*), LP221 (*moderately resistant*) and LP2542 (*susceptible*)). In 2019/2020 the G1 crosses (population x inbred), were evaluated under infection with *P. sorghi* and *E. turcicum*. A diallel analysis of G1 displayed important GCA values revealing that additive genetic effects were predominant for both traits. Indeed, ARZM05074 stands out as potential donor of favorable alleles for disease resistance to *P. sorghi* and *E. turcicum*. The results presented here would help to broaden the genetic base of maize breeding programs and to achieve food security in a sustainable manner. Further research should be conducted in a broader environmental range.

Palabras claves

Puccinia sorghi, *Exserohilum turcicum*, Poblaciones locales, Aptitud combinatoria general, Aptitud combinatoria específica

Keywords

Puccinia sorghi, *Exserohilum turcicum*, Landraces, General combining ability, Specific combining ability



Introducción

El maíz (*Zea mays L.*) es afectado por un gran número de enfermedades que disminuyen su producción y calidad y constituyen una amenaza a la seguridad alimentaria mundial. En este sentido, la roya común del maíz causada por *Puccinia sorghi* Schwein y el tizón foliar causado por *Exserohilum turcicum* (Pass.) son dos de las enfermedades de mayor prevalencia en la región maicera núcleo de Argentina. En campañas recientes la prevalencia de roya fue del 100% con niveles de severidad bajos a moderados, tanto en siembras tempranas como tardías. El tizón, en cambio, no encuentra condiciones favorables para su desarrollo en siembras tempranas y los valores de incidencia y severidad aumentan conforme se atrasa la fecha de siembra; llegando a citarse valores de incidencia >50% en híbridos sembrados en enero.

Si bien existen métodos de control químico para estas enfermedades, la legislación vigente, aparición de nuevos patotipos y una constante demanda por una gestión sostenible de los ecosistemas plantean nuevos desafíos en cuanto a su uso. En este sentido, el desarrollo de resistencia genética a través del mejoramiento constituye un medio efectivo, no solo para la prevención y manejo sanitario, sino también como alternativa de manejo sustentable y durable en el control de las enfermedades del maíz.

Generalmente, los programas de mejoramiento utilizan materiales propios elite en el desarrollo de materiales comerciales. Esta estrategia resulta eficiente en el corto plazo pero lleva a un estrechamiento paulatino de la base genética del germoplasma de trabajo y a una tasa de ganancia genética cada vez más reducida. La primera premisa a tener en cuenta a la hora de hacer mejoramiento es contar con fuentes de alelos para poder seguir mejorando el cultivo. Si la variabilidad se acota, la capacidad de mejorar un genotipo también. En este sentido, las poblaciones locales de maíz (también llamadas “landraces”, variedades de los agricultores, poblaciones nativas, razas locales) han demostrado ser una fuente de alelos útiles en el mejoramiento, aunque su uso ha sido siempre muy limitado debido a la escasez de información en cuanto a sus atributos (i.e resistencia a enfermedades).

En el Banco Activo de Germoplasma de la Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Pergamino (BAP) existe una subcolección de 200 poblaciones locales, que durante los últimos años ha sido exhaustivamente caracterizada por su comportamiento frente a estreses abióticos y bióticos (varias enfermedades) (Defacio et al., 2018). Esta colección incluye materiales pertenecientes a 26 formas raciales colectadas en diversas regiones agroecológicas del país y posee un registro completo de características agromorfológicas. De esta forma, al identificar poblaciones locales con alelos favorables para resistencia a enfermedades, es posible evaluarlas como fuentes de resistencia y como potenciales donantes de alelos favorables en cruza planeadas con material elite. Las cruza dialélicas permiten estimar los componentes de la variación genética, identificar las combinaciones superiores y seleccionar los mejores progenitores para el diseño de métodos de mejoramiento eficientes. Así se define la aptitud combinatoria general (ACG) como el comportamiento promedio de una línea en sus combinaciones híbridas, y la aptitud combinatoria específica (ACE) como los casos en los cuales ciertas combinaciones híbridas específicas se expresan favorablemente o no con respecto al comportamiento promedio de sus progenitores.

Con base a lo anteriormente expresado, el objetivo de este trabajo fue cuantificar el potencial de un grupo de poblaciones locales de maíz como donantes de alelos favorables para la resistencia a P.



sorghii y *E. turcicum*, como así también estimar los componentes genéticos de ACG y ACE involucrados en la expresión de esta resistencia a partir de combinaciones híbridas población×línea.

Materiales y métodos

Material genético: El material genético estuvo formado por cuatro poblaciones locales del Banco Activo Pergamino (BAP) (Tabla 1), tres líneas estabilizadas del Programa de Mejoramiento Genético de Maíz de la Estación Experimental Agropecuaria (EEA) INTA Pergamino (Tabla 2), las 12 cruzas población×línea (G1) y los híbridos simples (HS) LP2542×LP29 y LP2542×LP221.

Tabla 1: Descripción y origen de las poblaciones locales de maíz selectas del BAP utilizadas en las cruzas G1 como progenitor masculino en ensayos de comparación de genotipos de maíz por resistencia a roya común (*P. sorghii*) y tizón foliar del maíz (*E. turcicum*).

| Identificador | Forma racial | Procedencia | Origen colecta | Comportamiento sanitario promedio | Roya | | Tizón |
|------------------|--------------------------|-------------|----------------|-----------------------------------|---------|------|-------|
| | | | | | Pústula | Sev. | |
| ARZM04044 | Tusón | BAP | Corrientes | Susceptible | 4 | 4 | 2 |
| ARZM05074 | Venezolano | BAP | Misiones | Resistente | 2 | 1 | 1 |
| ARZM08096 | Amarillo de ocho hileras | BAP | Salta | Resistente | 2 | 2 | 2 |
| ARZM13057 | Cristalino colorado | BAP | La Rioja | Resistente | 1,50 | 1 | 2,50 |

* Según escala de a) Tipo de pústula: 1 al 4 (siendo 4 el grado más alto), y escala de severidad de síntomas del 1-5 (siendo 5 el grado más alto) según porcentaje de la hoja afectado. Más detalles en el texto.

Tabla 2: Descripción y origen de las líneas endocriadas de maíz selectas del Programa de Mejoramiento Genético de Maíz de EEA INTA Pergamino y usadas como progenitor femenino en las cruzas G1 en ensayos de comparación de genotipos de maíz por resistencia a roya común (*P. sorghii*) y tizón foliar del maíz (*E. turcicum*).

| Línea endocriada | Pedigrí | Origen | Grupo heterótico | Comportamiento sanitario promedio | Roya* | | Tizón* |
|------------------|-----------------|---|-------------------------------|-----------------------------------|---------|------|--------|
| | | | | | Pústula | Sev. | |
| LP2542 | Fam. BS13 | Población BS13 | Dentado Ciclo completo | Susceptible | 2,10 | 1,40 | 3,25 |
| LP29 | Fam. CCP | Compuesto Colorado Precoz | Semiflint Ciclo intermedio | Intermedia | 2,30 | 1 | 3 |
| LP221 | Fam. Can × Arg. | Cross Local F2 Flint × Canadian Dent F2 | Semiflint Ciclo intermedio | Resistente | 1,11 | 1 | 1,50 |

* Según escala de a) Tipo de pústula: 1 al 4 (siendo 4 el grado más alto), y escala de severidad de síntomas del 1-5 (siendo 5 el grado más alto) según porcentaje de la hoja afectado. Más detalles en el texto.



Las cuatro poblaciones del BAP fueron selectas por su comportamiento ante enfermedades en ensayos previos de evaluación (Defacio et al., 2018). Las tres líneas endocriadas fueron selectas en base a su aptitud combinatoria y comportamiento frente a múltiples enfermedades (Kistner et al., 2022). También se buscó representar patrones heteróticos flint y dentado. Por otra parte, cabe aclarar que se incluyen materiales susceptibles para contar con los testigos “negativos” de las cruzas.

Experimento a campo: Durante la campaña 2018/2019 se realizaron los cruzamientos población×línea (G1), utilizando las líneas como progenitores femeninos. Los cruzamientos fueron evaluados en ensayos comparativos durante la campaña agrícola 2019/2020, incluyendo testigos resistentes y susceptibles (no mostrado).

En ambas campañas, los experimentos fueron implantados en la EEA INTA Pergamino (Buenos Aires) en fecha de siembra tardía para favorecer el desarrollo de enfermedades. Se utilizó un diseño de bloques completos aleatorizados con dos repeticiones. Las parcelas constaron de 2 surcos de 5m separados por 0,7m y sembrados a una densidad de 5 plantas por metro.

Fenotipado para enfermedades: La evaluación de severidad de síntomas de roya común (*P. sorghi*) se llevó adelante en el estadio fenológico R4 y bajo infección natural por tratarse de una enfermedad endémica de la región. Se usaron dos estrategias para evaluar el comportamiento de los genotipos. Por un lado, se evaluó el tipo y tamaño de pústula (tipo de infección) y por el otro, el porcentaje del área foliar afectado (severidad). Para evaluar el tipo de infección se utilizó una escala de 4 puntos donde 1: corresponde a ausencia de síntomas y/o ausencia de reacción de hipersensibilidad, 2: Pústulas errumpentes con o sin puntos necróticos, 3: Pústulas grandes errumpentes con tendencia a alinearse formando “listas”, 4: Pústulas grandes con áreas necróticas que se unen, produciendo rotura y quiebre de la hoja. Para evaluar la severidad se utilizó una escala diagramática de 5 puntos donde 1 corresponde al 1%, 2 al 5%, 3 al 10%, 4 al 20% y 5 al 50% de severidad.

La evaluación de severidad de síntomas de tizón foliar (*E. turcicum*) se llevó adelante bajo infección artificial mediante granos de sorgo cocultivados con un aislamiento conocido de *E. turcicum* de la raza 0, prevalente en la región y en Argentina (Ludwig Navarro et al., 2021, Colección laboratorio Dra. Iglesias INTA). Los genotipos se inocularon en estadio fenológico V5 colocando en el cogollo una alícuota de aproximadamente 20 granos de sorgo colonizados. Se hicieron chequeos visuales semanales de los genotipos para evidenciar la efectividad de la técnica. Los genotipos fueron evaluados 35 días después de la inoculación con una escala de 5 puntos donde: 1: Infección muy leve a leve con 1-2 lesiones dispersas en hojas inferiores, 2: Infección ligera, número moderado de lesiones en hojas inferiores, 3: Infección moderada, las lesiones abundantes están en la parte inferior, pocas lesiones en estrato medio, 4: Infección fuerte, las lesiones abundan en las hojas del estrato medio e inferior y comienzan a extenderse a las hojas superiores y 5: Infección muy fuerte, lesiones abundantes en casi todos los estratos foliares, plantas prematuramente secas o muertas por la enfermedad.

Análisis de los datos: El comportamiento de las líneas *per se*, poblaciones *per se*, cruzas G1 y los HS frente a cada una de las enfermedades consideradas fue analizado a través de un biplot de componentes principales con INFOSTAT (Di Rienzo et al., 2015). Para conocer el mérito genético de las poblaciones locales como parentales en las cruzas, se calcularon los efectos de ACG y ACE usando AGD-R v.5.0 (Rodríguez et al., 2018).



Resultado y discusion

Los resultados obtenidos en el presente trabajo permitieron discriminar los materiales testeados de acuerdo a su comportamiento frente a roya común y tizón foliar del maíz (Figura 1). En la evaluación del comportamiento frente a la roya, las cruzas G1 en las que la población ARZM04044 estuvo involucrada como parental fueron las más susceptibles. Le siguieron con menor susceptibilidad las cruzas G1 con ARZM08096 y ARZM13057 como parentales. Por otra parte, las cruzas G1 con ARZM05074 como parental, fueron las de mejor respuesta con valores promedio de tipo de infección (pústula) y severidad <2 (ver Figura 1, área destacada). En la evaluación de severidad de síntomas frente al tizón foliar, esta población también fue la que presentó el mejor comportamiento promedio en las cruzas G1, con valores de severidad <1.

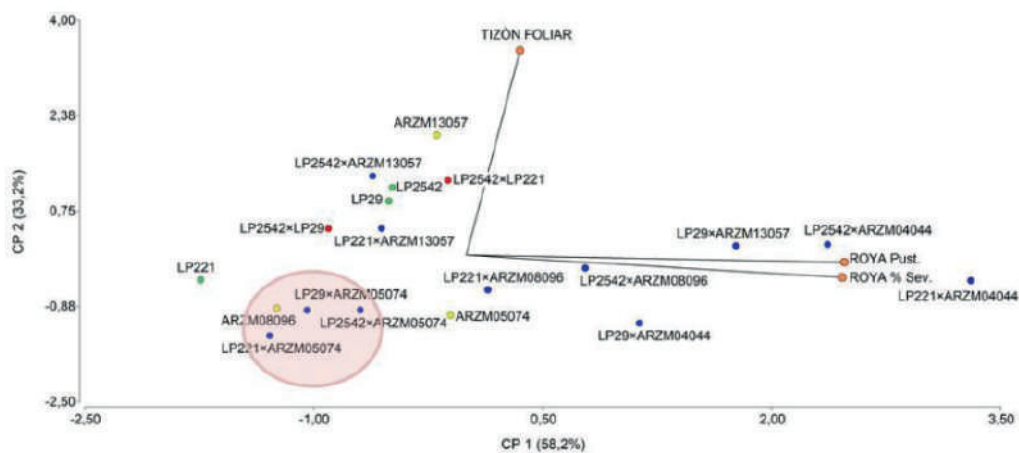


Figura 1: Biplot de componentes principales a partir de las medias de severidad de síntomas de roya (*Puccinia sorghi*) y tizón del maíz (*Exserohilum turcicum*). Los vectores representan las variables tizón (severidad) y roya (tipo de lesión/Pústulas y severidad). Los puntos de colores representan los genotipos ●verde: líneas *per se*, ●amarillo: poblaciones locales *per se*, ●azul: cruzas G1 población×línea, ●rojo: híbrido simple entre líneas. El área destacada en bordó representa las mejores cruzas G1.

En cuanto a los parámetros genéticos, los valores de ACG para la respuesta a roya fueron en términos generales más importantes que los de ACE (Tablas 3 y 4). Las combinaciones G1 donde estuvo involucrado el padre ARZM05074 fueron las que mostraron mejor comportamiento con el mejor valor de ACG; mientras que las combinaciones donde estuvo involucrado el padre ARZM04044 fueron las más susceptibles con el valor menos favorable de ACG. Los valores de ACE evidenciaron que la cruz LP221×ARZM13057 tuvo el mejor comportamiento frente a roya y las cruzas LP29×ARZM13057 y LP221×ARZM04044 fueron las más susceptibles (Tabla 4). En estas dos cruzas la combinación específica resultó evidentemente desfavorable (efectos no aditivos).



| Aptitud combinatoria general (ACG) | | | |
|---|---------|-----------|-----------|
| Parentales | Roya | | Tizón |
| | Pústula | Severidad | Severidad |
| LP29 | -0,239 | 0,119 | -0,025 |
| LP221 | -0,147 | -0,105 | 0,279 |
| LP2542 | -0,199 | -0,423 | 0,816 |
| ARZM0404 | | | |
| 4 | 0,861 | 1,509 | -0,219 |
| ARZM0507 | | | |
| 4 | -0,251 | -1,382 | -1,054 |
| ARZM0809 | | | |
| 6 | -0,018 | 0,435 | -0,414 |
| ARZM1305 | | | |
| 7 | -0,004 | -0,152 | 0,616 |

Tabla 3: Valores de aptitud combinatoria general en ensayos de comparación de genotipos de maíz por resistencia a roya común (*P. sorghi*) y tizón foliar del maíz (*E. turcicum*).

Para tizón, los valores de ACG fueron sustanciales, mientras que los de ACE fueron de escasa o nula importancia (no mostrado). Nuevamente, las combinaciones que involucraron el parental ARZM05074 fueron las mejores, destacándose con el mejor valor de ACG en cualquiera de las combinaciones G1 con las líneas (Tablas 3 y 4).

| Aptitud combinatoria específica (ACE) | | |
|--|---------|-----------|
| Cruzas | Roya | |
| | Pústula | Severidad |
| G1 | | |
| LP29×ARZM0404 | -0,079 | 0,232 |
| LP29×ARZM05074 | -0,052 | -0,691 |
| LP29×ARZM13057 | 0,135 | 1,704 |
| LP221×ARZM0404 | 0,145 | 2,08 |
| LP221×ARZM05074 | -0,075 | -0,965 |
| LP221×ARZM08096 | -0,009 | -0,193 |
| LP221×ARZM13057 | -0,012 | -1,4 |
| LP2542×ARZM0404 | | |
| 4 | 0,158 | 0,425 |
| LP2542×ARZM0507 | | |
| 4 | 0,062 | -0,852 |
| LP2542×ARZM0809 | | |
| 6 | 0,004 | 0,981 |
| LP2542×ARZM1305 | | |
| 7 | -0,123 | -0,58 |
| Híbridos simples | | |
| LP2542×LP29 | -0,065 | -1,03 |
| LP2542×LP221 | -0,087 | 0,288 |

Tabla 4: Valores de aptitud combinatoria específica en ensayos de comparación de genotipos de maíz por resistencia a roya común (*P. sorghi*).



De esta forma, podemos decir que la población ARZM05074 podría considerarse un potencial donante de alelos favorables para la resistencia a roya y tizón del maíz. No solamente se observó un buen comportamiento sanitario de las cruzas G1 de esta población con las líneas LP29 y LP221, sino que también mejoró el comportamiento de la línea susceptible LP2542 (Figura 1). Las líneas elite templadas han sido históricamente selectas en ambientes donde la roya es endémica y por lo tanto su comportamiento suele ser en promedio bastante bueno, no así para el tizón por lo que fue de gran relevancia sumar una respuesta favorable y de buen comportamiento a esta enfermedad. Es a destacar que esta misma línea, LP2542, en combinaciones híbridas con LP29 y LP221 no mejoró su comportamiento mostrando un aumento leve de los síntomas de roya.

Conclusiones

En el contexto del presente trabajo, se encontró que los valores de ACG fueron más importantes que los de ACE lo que revela una mayor importancia de los efectos aditivos para la herencia de la resistencia a *P. sorghi* y *E. turcicum* en los genotipos ensayados.

Si bien los resultados aquí mostrados necesitan ser confirmados en un mayor número de ambientes y combinaciones, se destaca el comportamiento de ARZM05074 como donante favorable de alelos de resistencia a dos enfermedades de relevancia en la región. Esta población podría ser introgresada en nuevas combinaciones híbridas para ampliar la base genética de maíz para la resistencia a enfermedades.

Apoyo financiero

UNNOBA- SIB 2019 EXP. 0598/2019: “Introgresión de fuentes de resistencia a múltiples enfermedades en maíz”

Proyecto INTA 2019-PE-E6-I128: “Mejoramiento genético de maíz y sorgo”

Este trabajo formó parte de la beca de grado EVC-CIN de LDM.

Agradecimientos

Los autores agradecen al personal de apoyo del BAP de la EEA INTA Pergamino por su colaboración en la realización de los ensayos a campo.



Referencias bibliográficas

Defacio RA, Iglesias J, Kistner MB, Canteros FH, Parrado J, Ferrer ME. 2018. Las poblaciones locales de maíz como fuente para la resistencia a enfermedades. *Revista de Tecnología Agropecuaria* 10 (38).

Di Rienzo JA, Casanoves F, Balzarini MG, González L, Tablada M, Robledo C.W. InfoStat versión 2015. Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. URL <http://www.infostat.com.ar>

Kistner MB, Nazar L, Montenegro LD, Cervigni GDL, Galdeano E, Iglesias J. 2022. Detecting sources of resistance to multiple diseases in Argentine maize (*Zea mays* L.) germplasm. *Euphytica* 218:48.

Ludwig Navarro B, Ramos Romero L, Kistner MB, Iglesias J, von Tiedemann A. 2021. Monitoring of physiological races of *Exserohilum turcicum* isolates from maize in Argentina and Brazil. *Tropical Plant Pathology* 46:1-10.

Rodríguez F, Alvarado G, Pacheco A, Crossa J, Burgueño J. 2018. AGD-R (Analysis of Genetic Designs with R for Windows) Version 5.0. <http://hdl.handle.net/11529/10202> . International Maize and Wheat Improvement Center.