

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

Peñas Ballesteros A<sup>1,2</sup>; Montenegro LD<sup>3</sup>; Defacio RD<sup>2,3</sup>; Martínez E<sup>2,3</sup>; Ferrer ME<sup>3</sup>; Iglesias J<sup>2,3\*</sup>

1 Centro de Investigaciones y Transferencia del Noroeste de la provincia de Buenos Aires CITNOBA (UNNOBA - UNSaDA - CONICET),

2 Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria-Estación Experimental Pergamino (INTA EEA Pergamino),

3 Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA). \*[iglesias.juliana@inta.gob.ar](mailto:iglesias.juliana@inta.gob.ar)

## 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.
- ❖ 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.
- ❖ Las poblaciones locales de maíz han demostrado ser una fuente de alelos útiles en el mejoramiento para el desarrollo de germoplasma resistente, aunque su uso ha sido limitado debido a la escasez de información de sus atributos.

## OBJETIVOS

- ❖ Cuantificar el potencial de un grupo de poblaciones locales de maíz como donantes de alelos favorables para la resistencia a *P. sorghi* y *E. turcicum*.
- ❖ Estimar los componentes genéticos de ACG y ACE involucrados en la expresión de esta resistencia a partir de combinaciones híbridas población×línea.

## RESULTADOS

Los materiales testeados se pueden discriminar de acuerdo a su comportamiento frente a roya común y tizón foliar del maíz (Figura 1).

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Genotipos:

Cuatro poblaciones locales del Banco Activo Pergamino (BAP), tres líneas estabilizadas del Programa de Mejoramiento Genético de Maíz de la Estación Experimental Agropecuaria (EEA) INTA Pergamino, las 12 cruzas población×línea (G1) y los híbridos simples (HS) de las líneas.

### Experimentos a campo:

Los genotipos fueron evaluados en ensayos comparativos durante la campaña agrícola 2019/2020 en la EEA INTA Pergamino (Buenos Aires).

### Fenotipado de enfermedades:

Roya: tipo y tamaño de pústula (tipo de infección) y porcentaje del área foliar afectado (severidad).

Tizón foliar: severidad de la infección.

### Análisis de datos:

Análisis de Componentes Principales (ACP) mediante INFOSAT. Efectos de ACG y ACE usando AGD-R

Los valores de ACG para la respuesta a roya fueron, en términos generales, más importantes que los de ACE (Tablas 1 y 2).

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
ARZM04044	0,861	1,509	-0,219
ARZM05074	-0,251	-1,382	-1,054
ARZM08096	-0,018	0,435	-0,414
ARZM13057	-0,004	-0,152	0,616

Tabla 1. Valores de aptitud combinatoria general en ensayos de comparación de genotipos de maíz por resistencia a roya común y tizón foliar del maíz.

Aptitud combinatoria específica (ACE)		
Cruzas	Roya	
	Pústula	Severidad
<b>G1</b>		
LP29×ARZM04044	-0,079	0,232
LP29×ARZM05074	-0,052	-0,691
LP29×ARZM13057	0,135	1,704
LP221×ARZM04044	0,145	2,08
LP221×ARZM05074	-0,075	-0,965
LP221×ARZM08096	-0,009	-0,193
LP221×ARZM13057	-0,012	-1,4
LP2542×ARZM04044	0,158	0,425
LP2542×ARZM05074	0,062	-0,852
LP2542×ARZM08096	0,004	0,981
LP2542×ARZM13057	-0,123	-0,58
<b>Híbridos simples</b>		
LP2542×LP29	-0,065	-1,03
LP2542×LP221	-0,087	0,288

Tabla 2 Valores de aptitud combinatoria específica en ensayos de comparación de genotipos de maíz por resistencia a roya común.

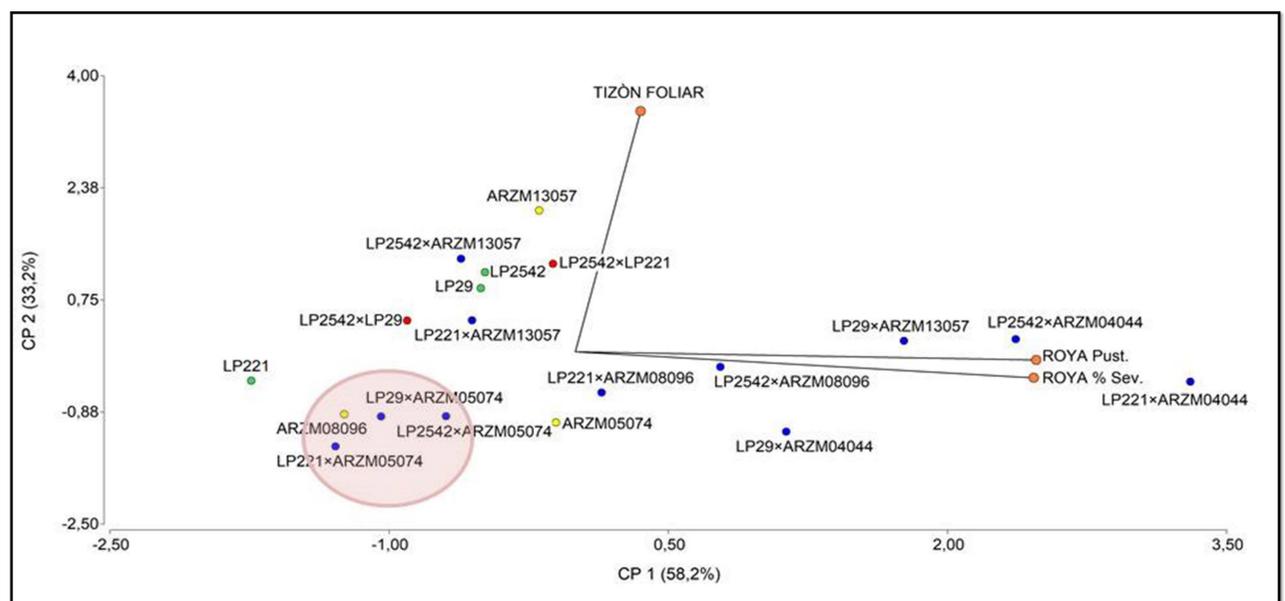


Figura 1. Biplot de componentes principales a partir de las medias de severidad de síntomas de roya (*Puccinia sorghi*) y tizón foliar (*Exserohilum turcicum*) per se. Los puntos de colores representan los genotipos de las medias de severidad de síntomas de roya (verde: líneas per se, amarillo: poblaciones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

## CONCLUSION

Los valores de ACG fueron más importantes que los de ACE, revelando una mayor importancia de los efectos aditivos para la herencia de la resistencia a *P. sorghi* y *E. turcicum* en los genotipos ensayados.

Se destaca el comportamiento de ARZM05074 como donante favorable de alelos de resistencia a dos enfermedades de relevancia en la región y podría ser introgresada en nuevas combinaciones híbridas para ampliar la base genética de maíz para la resistencia a enfermedades.

Este trabajo formó parte de la beca de grado EVC-CIN de LDM y estuvo financiado por UNNOBA- SIB 2019 EXP. 0598/2019 y Proyecto INTA 2019-PE-E6-1128.

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.

CONICET  
UNNOBA  
UNSA DA

C I T N O B A