



**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





GENOTIPOS DE MAIZ: COLONIZACIÓN DE LA RAÍZ POR HONGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES

Copia PA¹; Lorea RD²; Farroni A²; Galizia LA⁴; Beribe M.J.¹; Restovich SB¹; Garcia-Parisi P³

¹ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Pergamino. Av. Frondizi (Ruta 32) km 4,5 CC 31- B2700WAA, Pergamino, Buenos Aires, Argentina. *copia.pablo@inta.gob.ar*

² Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires.

³ IFEVA, Universidad de Buenos Aires, CONICET, Facultad de Agronomía, Buenos Aires, Argentina.

⁴ Cátedra de Genética, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires. Av. San Martín 4453, C1417DSE Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

MAIZE GENOTYPES: ROOT COLONIZATION BY ARBUSCULAR MYCORRHIZAL FUNGI

Abstract

Maize is one of the most important crops in the world and, in particular, in Argentina. On the other hand, arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) are receiving increasing interest in agricultural systems because they can promote plant growth and crop yield. The objective of this study was to evaluate and compare the percentage of AMF colonization in the roots of thirteen maize genotypes. The evaluation showed that there were differences in the percentage of mycorrhization among the genotypes evaluated. The H. EXP 3 (L5CxL12C) LP17P genotype presented greater mycorrhizal colonization than the H. EXP 4 (L21CxLP17P) and H. EXP 1 (LP12CxL21C)LP17P genotypes. These results suggest that there are genotypes that have a greater capacity to associate with AMF available in the soil and, therefore, to obtain its benefits. This information that can be useful for future maize breeding programs.

Palabras claves

Mejoramiento genético, sustentabilidad, simbiosis

Keywords

Breeding, sustainability, symbiosis



Introducción

El maíz es uno de los cultivos más importantes del mundo y, en particular, de la Argentina, ocupando el segundo lugar en superficie sembrada, después de la soja. El maíz no solo es importante desde el punto de vista económico, sino también, desde el aporte a la sustentabilidad de los agroecosistemas. Su inclusión proporciona estabilidad en la producción mientras que aumenta la materia orgánica del suelo, la eficiencia en el uso del agua y mejora la estructura edáfica (Mazzilli et al., 2015).

Por otro lado, dentro del suelo habitan un vasto número de microorganismos, los cuales llevan a cabo un amplio rango de funciones ecosistémicas. Entre ellos se encuentran los hongos micorrícicos arbusculares (HMA), que son los responsables de formar micorrizas. Las micorrizas son asociaciones simbióticas entre las raíces vegetales y estos hongos, que se dan en el 70-90% de las plantas, incluyendo al maíz, donde ocurre una transferencia de nutrientes en ambas direcciones. El hongo transfiere particularmente fósforo y nitrógeno, desde el suelo a la planta y la planta transfiere carbohidratos al hongo. Adicionalmente, los HMA pueden suprimir enfermedades, mejorar la estructura edáfica, incrementar la biomasa aérea y radical y la cantidad de agua obtenida por parte del cultivo (Rilling et al., 2019).

Los HMA reciben un interés cada vez mayor en los sistemas agropecuarios debido a que pueden promover el crecimiento y el rendimiento de las plantas (Berger y Gutjahr, 2021). No obstante, la colonización en las raíces por los HMA puede verse modulada debido al uso de fertilizantes, pesticidas, labranzas, como así también por el mejoramiento genético de las plantas, incluyendo a organismos genéticamente modificados. Esto puede deberse a que distintos genotipos pueden diferir tanto en la calidad como en la cantidad de sus exudados radicales. Dichos exudados ejercen una gran influencia en la comunidad microbiana, incluidos los HMA, afectando su abundancia y diversidad. Por tal motivo, es importante saber si el uso de diferentes genotipos tiene efectos sobre la colonización por HMA.

El objetivo de este estudio fue evaluar y comparar el porcentaje de colonización de HMA en las raíces de trece genotipos de maíz. La finalidad fue generar información que pueda ser utilizada en futuros programas de mejoramiento genético que contribuyan en la búsqueda de sistemas agrícolas productivos y sustentables.

Materiales y métodos

Para llevar adelante el objetivo propuesto, se realizó un ensayo dentro de la Estación Experimental de INTA Pergamino, en donde se sembraron trece genotipos de maíz (Tabla 1) con un diseño completamente aleatorizado con cinco repeticiones. Los genotipos fueron sembrados en parcelas de 2 surcos de 5 metros de largo y 0,70 metros de separación entre ellos (7 m²). Los genotipos participan de una red de evaluación de materiales avanzados de INTA y fueron elegidos sin ningún criterio previo respecto a las micorrización, sino que se esperaba encontrar diferentes respuestas ya que hay variedades, híbridos simples y triples. El ensayo fue implantado en un suelo Argiudol típico, serie Pergamino, bajo el sistema de siembra directa con una densidad de 65000 plantas por hectárea. El control de malezas y plagas se realizó según las necesidades para mantener los experimentos libres de ellas. Al momento de la siembra se aplicó, como arrancador, una fertilización en línea utilizando una dosis de 150 kg/ha de una mezcla química que contiene nitrógeno, fósforo y azufre (7,



40, 5 % respectivamente). Adicionalmente, se le aplicaron 180 kg N ha⁻¹ como urea en el entre surco a la siembra.

Tabla 1. Genotipos de maíz sembrados

1	H. EXP 4 (L21CxLP17P)
2	H. EXP 1 (LP12CxL21C)LP17P
3	H. EXP 5 (LP562xLP564)LP919
4	Candelaria Dúo INTA
5	Sombra INTA
6	H. EXP 2 (L5CxL21C)LP17P
7	H. EXP 7 (LP12CxLP17P)
8	ACA473VT3P
9	H. EXP 6 (LP562xLP564)LP14B
10	Charao INTA
11	ACA514
12	Variedad Experimental A
13	H. EXP 3 (L5CxL12C)LP17P

En el estadio fenológico de V₆₋₇, se tomaron cinco plantas de cada genotipo. Posteriormente, se lavaron las raíces con agua corriente y de cada planta se seleccionaron las raíces más finas y tiñeron por el método de Phillips y Hayman (1970), modificado. La evaluación de la micorrización de las raíces de cada genotipo se realizó en microscopio óptico bajo el objetivo 20x, se cuantificó el porcentaje de colonización micorrícica diferenciando la presencia de hifas, arbuscúlos y vesículas. (Figura 1).

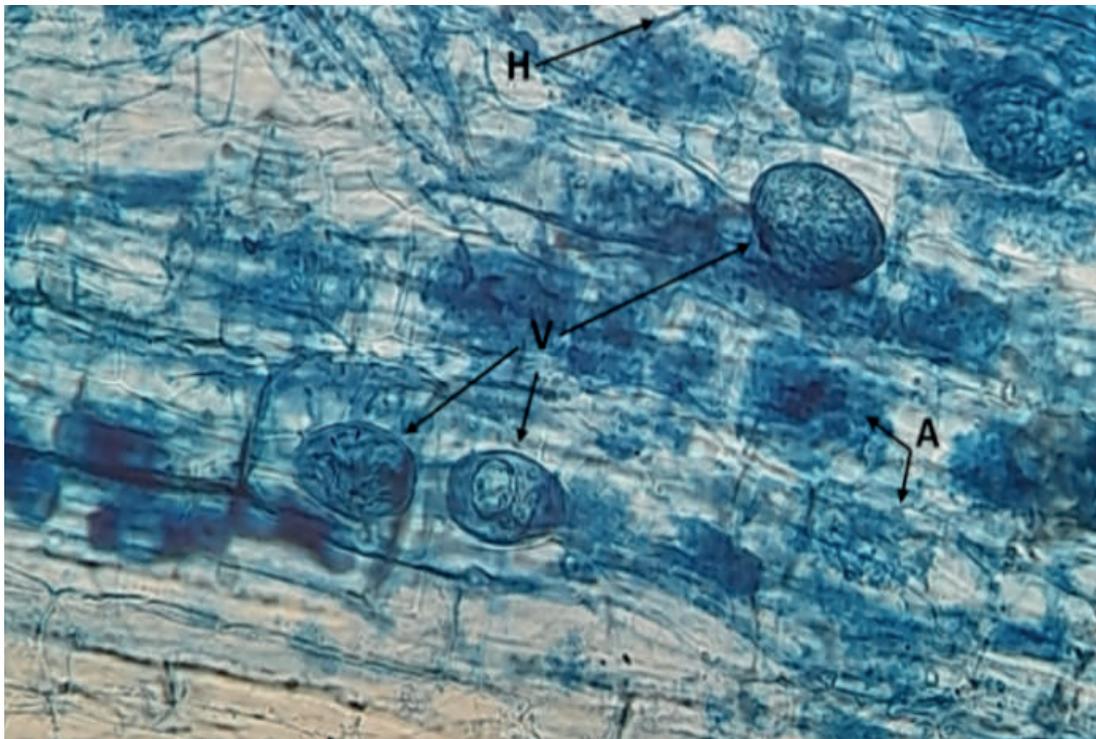


Figura 1. Imagen de la corteza radical de uno de los genotipos de maíz evaluados donde se observan las diferentes estructuras de hongos micorrícicos arbusculares. A) arbuscúlos, H) hifas, V) vesículas



Para la evaluación estadística del porcentaje de micorrización en los diferentes genotipos de maíz se realizó un análisis de la varianza mediante modelos lineales mixtos, el cual nos permitió modelar la matriz de varianza covarianza de los errores en el caso en que no se cumplieran los supuestos sobre los mismos. Se realizaron las comparaciones múltiples según el método de la mínima diferencia significativa ($p > 0,05$) (LSD, del inglés least significant difference), utilizando el programa estadístico Infostat (Di Rienzo et al., 2020).

Resultados y discusión

En los resultados obtenidos se observó que todos los híbridos de maíz estuvieron colonizados por micorrizas y se pudieron observar las diferentes estructuras de los HMA (hifas, arbuscúlos, vesículas). Los porcentajes de micorrización estuvieron entre 8,75 y 27,80 % y, en general, los valores fueron bajos, en comparación con los encontrados para el maíz en la bibliografía. Estos resultados, pueden estar asociados al uso de fertilizantes al momento de la siembra del maíz. En este sentido, numerosos estudios reportan que el uso de fertilizantes nitrogenados impacta en forma negativa en los niveles de micorrización. No obstante, existen diferentes opiniones sobre el efecto de los fertilizantes sobre la microbiota del suelo debido a que depende del clima, el tipo de suelo y la diversidad de la vegetación huésped (Chen et al., 2014).

A partir del análisis estadístico se observó que existió efecto significativo del genotipo para el porcentaje de micorrizas promedio ($p < 0,01$). Los genotipos 1 (H. EXP 4 (L21CxLP17P)) y 2 (H. EXP 1 (LP12CxL21C) LP17P) presentaron los menores porcentajes de micorrización en comparación con el genotipo 13 (H. EXP 3 (L5CxL12C) LP17P) (Figura 2). El resto de los genotipos presentaron colonizaciones micorrícicas intermedias. Si bien las diferencias significativas se produjeron solo entre los valores extremos se observa una clara tendencia que indica la presencia de genotipos con mayor respuesta que otros. No se buscó asociación entre pedigree y micorrización.

El grado en que una planta responde a las micorrizas se denomina "capacidad de respuesta a las micorrizas" (Berger y Gutjahr, 2021). La capacidad de respuesta se puede evaluar midiendo la diferencia del crecimiento o el rendimiento entre las plantas cultivadas en presencia y ausencia de HMA, u otros rasgos que cambian en respuesta a las micorrizas como la acumulación de transcritos, proteínas o metabolitos secundarios, los cuales pueden tener valor nutricional o medicinal.

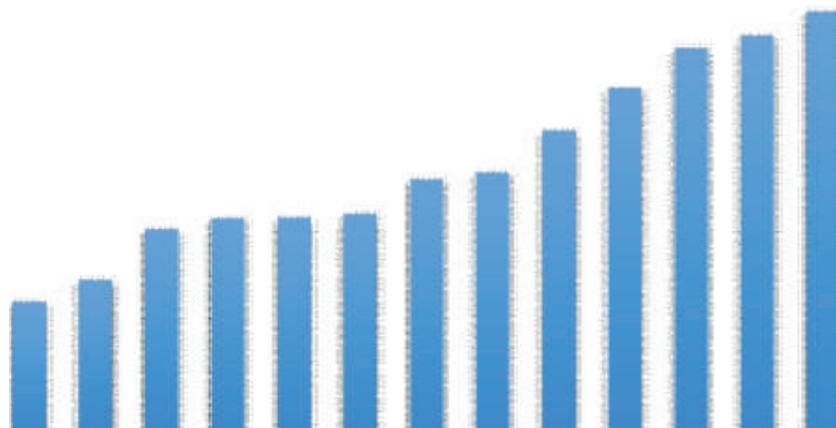


Figura 2. porcentajes medios de micorrización de los trece genotipos evaluados. Las medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0,05$).

Conclusión

Los resultados del trabajo indican que hay genotipos que tienen mayor capacidad que otros de asociarse con HMA disponibles en el suelo y, por lo tanto, podrían aprovechar mejor los beneficios de esta simbiosis. Teniendo en cuenta que distintos factores como el suelo y clima pueden incidir en la micorrización, sería interesante evaluar estos genotipos bajo diferentes condiciones edafoclimáticas. Además, sería importante complementar este estudio con parámetros de interés agronómico.

Apoyo financiero

El financiamiento de esta investigación fue otorgado por el proyecto SIB exp 0645/219, UNNOBA y por el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA, Argentina) a través del proyecto 2019-PD-E2-I037-002.

Referencias bibliográficas

Berger, F.; Gutjahr, C. 2021. Factors affecting plant responsiveness to arbuscular mycorrhiza. *Current Opinion in Plant Biology* 59: 101994. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2020.101994>

Mazzilli, S.R.; Kemanian, A.R.; Ernst, O.R.; Jackson, R.B.; Pineiro, G. 2015. Mayor humificación del carbono de la biomasa subterránea que aérea en materia orgánica del suelo particulado en cultivos de maíz y soja sin labranza. *Biología y bioquímica del suelo*. 85: 22-30

Chen, Y.L.; Zhang, X.; Ye, J.S.; Han, H.Y.; Wan, S.Q.; Chen, B.D. 2014. Six-year fertilization modifies the biodiversity of arbuscular mycorrhizal fungi in a temperate steppe in Inner Mongolia. *Soil Biology and Biochemistry* 69: 371-381. <http://dx.doi.org/10.1016/j.soilbio.2013.11.020>

Phillips, J.M.; Hayman, D.S. 1970. Improved procedures for clearing roots and staining parasitic and vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi for rapid assessment of infection. *Transactions of the British mycological Society*. 55(1): 158-161.

Rillig, M.C.; Aguilar-Trigueros, C.A.; Camenzind, T.; Cavagnaro, T.R.; Degruner, F.; Hohmann, P.; Lammel, D.R.; Mansour, I.; Roy, J.; Van Der Heijden, M.G.A.; Yang, G. 2019. Why farmers should manage the arbuscular mycorrhizal symbiosis. *New Phytologist* 222: 1171-1175. [10.1111/nph.15602](https://doi.org/10.1111/nph.15602)