

EVALUACIÓN DEL POTENCIAL DE GERMOPLASMA DE MAÍZ EN LA PRODUCCIÓN DE BIOMASA RESIDUAL PARA BIOETANOL DE SEGUNDA GENERACIÓN

Sarlinga, Elda R ^{1*}; Incognito, Salvador J. P.^{2,4}; López, Cesar G.^{2,3,4}

¹División Tecnología Agropecuaria, Departamento de Tecnología, Universidad Nacional de Luján (UNLu).

²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora (UNLZ). ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). ⁴Instituto de Investigación sobre Producción Agropecuaria, Ambiente y Salud – Comisión de Investigación Científica (IIPAAS-CIC)

* sarlagro.3513@gmail.com

EVALUATION OF THE POTENTIAL OF MAIZE GERMPLASM IN THE PRODUCTION OF RESIDUAL BIOMASS FOR SECOND-GENERATION BIOETHANOL

ABSTRACT

This study evaluated the genetic potential of eight native Argentine maize populations as sources of favorable alleles for second-generation (2G) bioethanol production. The research addresses the need to diversify the narrow genetic base of commercial hybrids, traditionally focused on grain, to improve lignocellulosic biomass traits. Through crosses among eight landraces with four elite inbred lines, evaluated in diverse environments, parameters such as dry matter yield, cellulose and hemicellulose content, as well as theoretical potential bioethanol yield (RTPB) were determined. The results revealed significant genetic variability and combining ability effects for all bioenergetic variables. Specific crosses, such as ARZM 06020 x B73 and ARZM 17035 x B73, outperformed commercial controls in biomass production and TPB. The populations ARZM 03014, ARZM 04062, and ARZM 06020 stood out as the most promising donors of favorable dominant alleles according to the *lplμ*, *UBND*, and *PTC* estimators. It is concluded that native landraces constitute a highly competitive alternative for breeding programs aimed at bioenergy, allowing for the maintenance of production levels equivalent to commercial levels and increasing the genetic variability in a production essential for energy sustainability.

Palabras claves: Evaluación - Materia seca - Bioetanol – Genética

Keywords: Evaluation - Dry matter - Bioethanol - Genetics

INTRODUCCIÓN

La creciente demanda global de energías renovables y la necesidad de mitigar los efectos del cambio climático han impulsado el desarrollo de biocombustibles sostenibles, posicionando al bioetanol de segunda generación (2G) como una alternativa altamente estratégica. A diferencia del bioetanol de primera generación, el 2G se producen a partir de biomasa lignocelulósica residual posterior a la cosecha de grano, evitando la competencia de área dedicada a la producción alimentaria y agregando valor a los residuos agrícolas. En este contexto, el rastrojo de maíz representa una de las fuentes de materia prima más abundantes, accesibles y estables en las regiones agrícolas de Argentina.

La eficiencia de la conversión industrial de rastrojo a biocombustible está sometida tanto a la productividad física por hectárea como a la composición de la pared celular. Parámetros como el rendimiento de rastrojo, el contenido de azúcares estructurales (celulosa y hemicelulosa) y los niveles de lignina inciden en el Rendimiento Teórico Potencial de Bioetanol. Dado que los caracteres involucrados son de naturaleza cuantitativa, se encuentran regulados por una compleja arquitectura genética y exhiben una marcada susceptibilidad a las variaciones ambientales, manifestando interacciones genotipo x ambiente que modifican la estabilidad de la producción y las proporciones estructurales del tejido a través de diferentes localidades y campañas.

Frente a la estrecha base genética de los híbridos comerciales modernos, seleccionados casi exclusivamente para rendimiento de grano, los bancos de germoplasma que poseen poblaciones locales, surgen como reservorios de variabilidad genética de caracteres relacionados a la aptitud bioenergética. Sin embargo, la introgresión eficiente de este germoplasma exótico o local en programas de mejoramiento de líneas élite requiere conocer parámetros genéticos para la selección de poblaciones locales que contengan alelos favorables no presentes en germoplasma elite.

El objetivo general de este trabajo es evaluar el potencial genético de ocho poblaciones nativas de maíz provenientes del Banco de Germoplasma del INTA Pergamino, en cruzamiento con cuatro líneas endocriadas élite (representantes de los patrones heteróticos dentados y colorados duros), para identificar donantes de alelos favorables y establecer estrategias de introgresión eficientes para maximizar la producción de bioetanol 2G.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se evaluaron ocho poblaciones de maíz del Banco de Germoplasma del INTA (EEA Pergamino) denominadas ARZM 01073 (P1), ARZM 02023 (P2), ARZM 03014 (P3), ARZM 04062 (P4), ARZM 06020 (P5), ARZM 07-134 (P6), ARZM 14-103 (P7) y ARZM 17-035 (P8) para estimar su potencial en producción y calidad de biomasa y rendimiento teórico de bioetanol. Las poblaciones se cruzaron con cuatro líneas endocriadas, dos de tipo dentado B73 (L1) y MO17 (L4) y dos de tipo colorado duro, LP612 (L3) y LP122-2 (L2), generando cruza población x probador, híbridos entre líneas y comparaciones con híbridos comerciales.

Los materiales fueron evaluados en dos localidades de la provincia de Buenos Aires (Virrey del Pino y Vicente Casares) durante dos campañas 2008/2009 y 2009/2010, bajo un diseño en bloques completos aleatorizados con tres repeticiones. Se determinó el rendimiento de materia seca de caña más hoja (RMSC+H), contenido y porcentaje de celulosa y hemicelulosa (CC, CH. %C y %H), y se estimó el rendimiento teórico potencial de bioetanol (RTPB) mediante la fórmula
$$\text{RTPB (L/ha)} = \frac{[\text{celulosa (\%)} + \text{hemicelulosa (\%)}] * \text{RMS C+H (t/ha)} * 1,11 * 0,85 * 0,51 * 0,85 * 1000}{0,79}$$

donde: RTPB es el rendimiento teórico potencial de bioetanol en l/ha. RMS C+H es el rendimiento de materia seca de caña más hoja en t/ha. 1,11 es el factor de conversión de celulosa y hemicelulosa en azúcar. 0,85 es la eficiencia del pasaje de celulosa y

hemicelulosa en azúcar. 0,51 es el factor de conversión de azúcar en etanol. 0,85 es la eficiencia del pasaje de azúcar en etanol y 0,79 es el peso específico del etanol en g/ml. Esta estimación se basa en las eficiencias estequiométricas teóricas de conversión de azúcares estructurales a etanol, siguiendo los lineamientos del Departamento de Energía de EE.UU. (USDOE) descritos por Lorenz et al. (2009). El peso total de cada parcela y el porcentaje de materia seca permitieron estimar el rendimiento de biomasa residual y el contenido lignocelulósico (celulosa, hemicelulosa y lignina). Estos componentes se determinaron mediante espectroscopía NIRS, utilizando la curva de calibración desarrollada por el laboratorio de Cereales y Forrajes de la FCA-UNLZ, según Bertoia y Aulicino (2014).

Se realizaron análisis de varianza combinados mediante un modelo mixto, considerando genotipos como efectos fijos y ambientes como aleatorios, utilizando el programa GENES (versión 2013.5.1). Para la estimación de los parámetros genéticos, se empleó el Análisis Dialélico Combinado Parcial basado en los principios de Griffing (1956). Este análisis implicó la presencia de p progenitores correspondientes a un grupo (Grupo I = Poblaciones nativas) y q progenitores correspondientes a otro (Grupo II = Líneas), entre los cuales se producen $p \times q$ combinaciones híbridas (Cruz y Regazzi, 1994). El modelo estadístico para el análisis combinado a través de ambientes se describe mediante la siguiente ecuación:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + g_i + g_j + s_{ij} + (ag)_{il} + (ag)_{jl} + s_{ijk} + (as)_{ijl} + e_{ijkl}$$

Donde: Y_{ijk} : Valor observado del cruce entre el progenitor i y j en el ambiente l . μ : Media general. α_i : Efecto del i -ésimo ambiente. g_i, g_j : Efectos de la Aptitud Combinatoria General (ACG) para los progenitores i y j . s_{ij} : Efecto de la Aptitud Combinatoria Específica (ACE) para el cruce entre i y j . (ag) , (as) : Interacciones de la ACG y ACE con el ambiente, respectivamente y e_{ijkl} : Error experimental. La comparación de medias se efectuó con InfoStat (versión 2020p).

La selección de poblaciones donantes se basó en la metodología de Dudley (1987), que estima la frecuencia de alelos favorables presentes en una población y ausentes en un híbrido élite, a partir de medias de cruzamientos y líneas per se. Este enfoque permite identificar loci de interés para introgresión, determinar la línea parental más adecuada para el cruzamiento (mediante la relación población-línea, RPL) y definir la estrategia de mejoramiento posterior (autofecundación o retrocruzamiento). Según la frecuencia relativa de alelos favorables, también se estimó el Límite superior mínimo (UBND) propuesto por Gerloff y Smith (1988) que estima el límite superior del número relativo de alelos favorables dominantes que una población donante puede aportar y que están ausentes en los progenitores de un híbrido y el Predictor de cruzamiento de tres vías (PTC) propuesto por Hallauer y Miranda Filho (1988) que predice el comportamiento de una cruce de tres vías que involucra a una población donante y a las dos líneas progenitoras de un híbrido simple de referencia.

Además, se utilizó el estadístico net improvement (NI) propuesto por Bernardo (1990), que estima la ganancia neta esperada de alelos favorables. Todos los estimadores fueron calculados mediante un programa desarrollado en SAS.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN



50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

El análisis de varianza combinado mostró efectos significativos ($p < 0,05$) de genotipo, ambiente e interacción genotipo $\times$ ambiente para RMS C+H, CC, CH, %H y RTPB, indicando variabilidad genética y comportamiento diferencial según ambiente, excepto %C.

El análisis dialélico combinado mostró diferencias altamente significativas ($p < 0,01$) para la ACG I en todas las variables evaluadas. La ACG II, la ACE y sus interacciones con el ambiente fueron significativas ($p < 0,05$) para algunas variables, mientras que para %C y %H no hubo efectos significativos.

Tabla 1. Medias para las 6 variables para las poblaciones nativas, los cruzamientos población nativa $\times$ línea, línea $\times$ línea, testigos comerciales a través de cuatro ambientes. La codificación asignada fue P1=ARZM01073, P2=ARZM02023, P3=ARZM03014, P4=ARZM04062, P5=ARZM06020, P6=ARZM07134, P7=ARZM14103 y P8=ARZM17035 para las poblaciones nativas; L1=B73, L2=LP122-2, L3=LP612 y L4=Mo17 para las líneas y los testigos comerciales para el primer grupo homogéneo.

RMS C+H (Kg/ha)		CC (Kg/ha)		CH (Kg/ha)		%C		%H		RTPB (L/ha)	
Genotipo	Medias	Genotipo	Medias	Genotipo	Medias	Genotipo	Medias	Genotipo	Medias	Genotipo	Medias
L3xL2	10915,03	L3xL2	3237,82	P8xL1	3001,45	L2xL4	31,87	P1xL3	28,81	L3xL2	3224,82
P5xL1	10597,72	P5xL1	3202,09	L3xL2	2990,93	L3xL4	31,07	P1xL2	28,75	P5xL1	3195,26
P8xL1	10590,31	P8xL1	3156,82	P5xL1	2969,57	P2xL3	30,91	P1xL4	28,67	P8xL1	3188,32
Testigo	10267,08	P3xL2	3095,89	P3xL2	2874,66	P1xL3	30,74	P6xL3	28,55	P3xL2	3091,14
P4xL1	10266,25	L3xL4	3038,56	P4xL1	2861,52	P2xL2	30,7	L3xL4	28,52	P4xL1	3045,77
P3xL2	10145,33	P4xL1	3021,41	Testigo	2809,56	P2xL4	30,62	P3xL3	28,4	L3xL4	3017,2
P8xL2	9811,66	P5xL2	2947,34	L3xL4	2789,17	P2	30,59	Testigo	28,37	Testigo	2970,21
P5xL2	9797,12	Testigo	2927,41	P8xL2	2774,14	P7xL4	30,46	P6	28,32	P8xL2	2935,76
P4xL3	9794,11	P1xL3	2903,37	P1xL3	2726,55	P1xL4	30,44	P7xL3	28,31	P5xL2	2922,46
P3xL2	9725,71	P8xL2	2896,29	P4xL3	2708,89	P6xL4	30,42	P6xL2	28,31	P1xL3	2914,78

Valor crítico de LSD 5%, DMS para RMS C+H, CC, CH, %C, %H y RTPB es 1454,40, 454,67, 422,02, 1,52, 0,96 y 445,87 respectivamente.

El análisis de comparación de medias (tabla 1) reveló que el primer grupo homogéneo de cruzamientos no presentó diferencias estadísticas significativas ($p > 0.05$) respecto al testigo comercial de mayor desempeño, para las variables de rendimiento y biomasa (RMS C+H, CC, CH y RTPB).

En cuanto a la aptitud combinatoria (datos no mostrados) de los parentales, se observó una especialización clara según la variable evaluada, las líneas L1 y L2, en combinación con las poblaciones P8, P5 y P3, obtuvieron las medias más altas en RMS C+H, CC y CH y RTPB. Se destacaron particularmente los cruzamientos P5xL1 y P8xL1, que superaron a los testigos y a los cruces LxL. Para %C y %H, las mejores respuestas se obtuvieron con las líneas L3 y L4 y las poblaciones P1 y P2, siendo los cruzamientos P2xL3 y P1xL3 los de mayor media registrada. El cruzamiento P1xL3 exhibió los mayores efectos de ACE para RMS C+H, CC, CH y RTPB. La superioridad observada en algunas cruces que involucran poblaciones nativas frente a testigos comerciales, indica el potencial del germoplasma evaluado. Históricamente, los programas de mejoramiento de líneas élite se han centrado en maximizar el índice de cosecha y la resistencia al vuelco (Barten et al., 2022). Esta presión de selección ha resultado en tallos altamente



50 AÑOS
PENSANDO
EL FUTURO

XIII
CONGRESO
NACIONAL
DE MAÍZ

lignificados y con una matriz lignocelulósica recalcitrante, limitando la accesibilidad enzimática (Zoghiami & Paës, 2019). Por el contrario, las poblaciones nativas evaluadas, al no haber estado sometidas a esta estricta selección por arquitectura de planta en altas densidades, conservan una mayor proporción de biomasa vegetativa y, por ende, paredes celulares con enlaces de lignina menos complejos, lo que favorece un mayor contenido relativo de celulosa y hemicelulosa disponible (Wang et al., 2025). Lorenz et al. (2009) reportaron rendimientos teóricos de etanol a partir de rastrojo de maíz que oscilan entre 2000 y 3500 L/ha dependiendo de la interacción genotipo-ambiente. El hecho de que las cruas nativas alcancen el límite superior del rango de producción de bioetanol indica que la introgresión de alelos exóticos no generó una penalidad detectable en la conversión de la biomasa a bioetanol. Los efectos de ACE más significativos para %C y %H se observaron en los cruzamientos P6xL4 y P2xL3. Las poblaciones P4 y P8 mostraron una ACG superior para biomasa y rendimiento de bioetanol, con mayor estabilidad al interactuar con la línea L1, resultando en los mayores efectos de ACE.

Tabla 2. Numero relativos de alelos favorables dominantes ($lplu$), ganancia neta (NI), limite superior mínimo (UBND) y predictor de cruzamiento de tres vías (PTC) previsto de ocho poblaciones locales de maíz para rendimiento de materia seca de caña + hoja (RSMC+H) y rendimiento teórico potencial de bioetanol (RTPB) en cuatro ambientes para cada hibrido objetivo LP612 x LP122-2.

	<i>lplu</i>		NI		UBND		PTC	
Padre donante	RSMC+H	RTPB	RSMC+H	RTPB	RSMC+H	RTPB	RSMC+H	RTPB
ARZM 01073	-0.27	-0.04	-0.78	-0.24	2.8	1.18	8.61	2.68
ARZM 02023	-1.11 *	-0.31	-1.88	-0.59	0.91	0.49	6.37	2.14
ARZM 03014	0.5	0.13	-1.04	-0.32	2.81	1.02	9.49	2.96
ARZM 04062	0.2	0.11	-0.56	-0.17	3.5	1.31	9.51	2.96
ARZM 06020	0.31	0.14	-1.06	-0.33	2.34	1	9.3	2.9
ARZM 07-134	-0.57	-0.13	-1.29	-0.4	1.88	0.86	7.94	2.47
ARZM 14-103	-0.32	-0.03	-1.14	-0.36	2.6	0.95	8.42	2.62
ARZM 17-035	0.31	0.13	-1.15	-0.36	2.58	0.95	9.21	2.87

En concordancia con lo informado por García Stepien (2020), quien identificó variabilidad entre poblaciones locales de maíz argentino para el rendimiento de biomasa, la calidad de la fracción vegetativa y la producción potencial de bioetanol lignocelulósico, las poblaciones ARZM 03014 y ARZM 06020 se destacaron como los donantes más prometedores en el presente estudio. Ambas mostraron valores altos y positivos para RSMC+H y RTPB, lo que sugiere la presencia de alelos favorables para estos caracteres. ARZM 04062 y ARZM 017-035 también presentaron buen comportamiento, especialmente para RSMC+H y RTPB, mientras que ARZM 02023 mostró el menor potencial. ARZM 03014 tiene el valor más alto de $lplu$ para RSMC+H (0.50) y CH (0.18), pero todas las poblaciones tienen valores negativos para NI, siendo ARZM 04062 la menos negativa. ARZM 04062 presenta altos valores en RSMC+H (305) y RTPB (1.31) para UBND. En PTC, ARZM 04062 también tiene la predicción más alta para RSMC+H (9.51) y RTPB (2.96); ARZM 03014 muestra predicciones similares en RSMC+H (9.49) y RTPB (2.96).

Tabla 3. Numero relativos de alelos favorables dominantes ($lpl\mu$), ganancia neta (NI), límite superior mínimo (UBND) y predictor de cruzamiento de tres vías (PTC) previsto de ocho poblaciones locales de maíz para rendimiento de materia seca de caña + hoja (RMSC+H) y rendimiento teórico potencial de bioetanol (RTPB) en cuatro ambientes para cada híbrido objetivo LP612 x Mo17.

	<i>lplu</i>		NI		UBND		PTC	
Padre donante	RMSC+H	RTPB	RMSC+H	RTPB	RMSC+H	RTPB	RMSC+H	RTPB
ARZM 01073	0.12	-0.04	-0.4	-0.05	3.37	-176.92	8.77	2.46
ARZM 02023	-0.35	-0.09	-1.28 *	-0.41	1.12	-177.63	7.05	2.15
ARZM 03014	0.49	0.12	-0.44	-0.2	2.81	-177.21	8.81	2.61
ARZM 04062	0.85 *	0.25	0.06	-0.06	4.32	-176.95	10.28	2.85
ARZM 06020	0.51	0.14	-0.46	-0.19	2.76	-177.2	8.75	2.61
ARZM 07-134	0.44	0.14	-0.69	-0.26	2.3	-177.34	8.65	2.63
ARZM 14-103	0.42	0.12	-0.54	-0.21	2.6	-177.25	8.56	2.58
ARZM 17-035	0.59	0.16	-0.55	-0.23	2.58	-177.28	8.9	2.68

La población ARZM 04062 se destaca al tener los valores más altos en las variables RMSC+H (0.85) y RTPB (0.25). La población ARZM 17-035 tiene valores de 0.59 en RMSC+H y 0.16 en RTPB. ARZM 06020 muestra 0.51 en RMSC+H y 0.14 en RTPB. La población ARZM 02023 tiene todos los valores negativos en las cuatro variables. Para NI, ARZM 04062 tiene los valores menos negativos y un valor positivo (0.06) para RTPB. En UBND, ARZM 04062 también tiene el valor más alto en RMSC+H (4.32), aunque los valores de RTPB son negativos. Las poblaciones ARZM 01073 y ARZM 04062 son las menos negativas en estas variables. ARZM 04062 se destaca también en PTC para ambas variables, seguida de ARZM 17-035.

Asimismo, la independencia o baja correlación frecuentemente observada entre la producción de biomasa (RMS C+H) y la proporción de sus componentes de pared celular (%C y %H) explicaría por qué los efectos de ACE y las interacciones con el ambiente fueron significativos para el rendimiento volumétrico, pero mucho más estables para los porcentajes estructurales (López-Malvar et al., 2022). Esto indica que la mejora genética para bioetanol de segunda generación debe enfocarse en maximizar la acumulación de materia seca sin detrimento de la calidad lignocelulósica. Las poblaciones ARZM 04062 y ARZM 03014 demuestran poseer alelos dominantes favorables aún no explotados en el germoplasma comercial.

Tabla 4. Valores de relación población x línea $[(l_2 \times P_y) - (l_1 \times P_y) + \frac{1}{2}(l_1 - l_2)]$ y diferencia entre el numero relativo de alelos favorables dominantes ($lpl\mu$) y la frecuencia de alelos recesivos ($jqj\mu$ o $kqk\mu$) para rendimiento de materia seca de caña + hoja (RMSC+H) y rendimiento teórico potencial de bioetanol (RTPB) de las ocho poblaciones locales de maíz para dos híbridos de maíz que se mejoran en cuatro ambientes.

	LP612 X LP122-2				LP612 X Mo17			
	$[(l_2 \times P_y) - (l_1 \times P_y) + \frac{1}{2}(l_1 - l_2)]$ a		$lpl\mu - (jqj\mu \text{ o } kqk\mu)$ b		$[(l_2 \times P_y) - (l_1 \times P_y) + \frac{1}{2}(l_1 - l_2)]$ c		$lpl\mu - (jqj\mu \text{ o } kqk\mu)$ d	
Padre donante	RMSC+H	RTPB	RMSC+H	RTPB	RMSC+H	RTPB	RMSC+H	RTPB

ARZM 01073	-2,16	-0,66	-0,78	-0,24	-1,93	-0,78	-0,44	-0,47
ARZM 02023	-2,21	-0,38	-1,88	-0,59	0,34	-0,04	-0,94	-0,46
ARZM 03014	0,64	0,22	0,08	-0,04	0,22	0,05	-0,21	-0,12
ARZM 04062	-1,23	-0,37	-0,56	-0,17	-1,29	0,01	0,09	-0,08
ARZM 06020	0,33	0,12	-0,45	-0,14	0,43	0,03	-0,45	-0,11
ARZM 07-134	-1,45	-0,44	-1,03	-0,32	0,62	0,34	-0,24	-0,09
ARZM 14-103	-1,1	-0,33	-1,14	-0,36	0,17	0,07	-0,46	-0,15
ARZM 17-035	0,53	0,18	-1,14	-0,27	1,3	0,32	-0,2	-0,07

^aLos valores positivos indican una relación más cercana con LP612 y los valores negativos indican una relación más cercana con LP122-2.

^b $j_{qj\mu}$ cuando $[(l_2 \times P_y) - (l_1 \times P_y) + \frac{1}{2}(l_1 - l_2)]$ es positivo (LP612 debe mejorarse); $kqk\mu$ cuando es negativo (LP122-2 debe mejorarse)

^cLos valores positivos indican una relación más cercana con LP612 y los valores negativos indican una relación más cercana con Mo17.

^d $j_{qj\mu}$ cuando $[(l_2 \times P_y) - (l_1 \times P_y) + \frac{1}{2}(l_1 - l_2)]$ es positivo (LP612 debe mejorarse); $kqk\mu$ cuando es negativo (Mo17 debe mejorarse)

La Relación Población x Línea ayuda a elegir la mejor línea parental para cría, recomendando autofecundación o retrocruzamiento según las diferencias. La tabla 4 muestra que en el híbrido LP612 x LP122-2, las poblaciones ARZM03014, ARZM06020 y ARZM17035 son cercanas a LP612, pero solo ARZM03014 mejora LP612. En el híbrido LP612 x Mo17, ARZM01073 se acerca a Mo17 y ARZM04062 sugiere mejorar LP612, mientras que otras poblaciones deben mejorar Mo17.

CONCLUSION

Los resultados demuestran que algunas poblaciones nativas constituyen una fuente alternativa de germoplasma para mejorar los materiales comerciales. Adicionalmente, algunas cruza población x línea ubicadas en el primer grupo homogéneo de cruzamientos no presentó diferencias estadísticas significativas ($p > 0,05$) respecto al testigo comercial de mayor desempeño para las variables de rendimiento (RMS C+H y RTPB). Esto evidencia que la incorporación de germoplasma nativo permite tener rendimientos equivalentes a los comerciales, sumando variabilidad genética indispensable para programas de mejoramiento para bioenergía.

El mayor rendimiento de biomasa y producción teórica de bioetanol se destaca en los cruzamientos P5 x L1 (ARZM 06020 x B73) y P8 x L1 (ARZM 17035 x B73), ya que superaron a los testigos comerciales y a los híbridos entre líneas elite (L x L).

Población ARZM 03014 (P3) es la mejor opción para aportar alelos favorables de rendimiento de materia seca, debe usarse para a la línea parental LP612 para el híbrido objetivo LP612 x LP122-2. Las poblaciones ARZM 06020 (P5) y ARZM 04062 (P4) son también buenas alternativas, P5 aporta alelos favorables para las dos variables, mientras que P4 ofrece el mayor techo genético (UBND). Ambas deben cruzarse con el objetivo de mejorar a la línea parental LP122-2.

Para mejorar el híbrido objetivo LP612 x Mo17, la población ARZM 04062 (P4) se destacó para todas las variables, fue la única en asegurar una ganancia neta (NI) de alelos favorable positiva para rendimiento de materia seca de caña + hoja. Debe utilizarse para mejorar a la línea parental LP612. La población ARZM 17-035 (P8) es la segunda mejor alternativa para este híbrido debido a su alto aporte de alelos

favorables dominantes, orientando en este caso el trabajo de introgresión para mejorar a la línea parental Mo17

Para optimizar la producción de bioetanol de segunda generación, el camino práctico es avanzar en la cría y selección a partir de las poblaciones segregantes utilizando las poblaciones ARZM 04062, ARZM 03014 y ARZM 06020 cruzadas con las líneas endocriadas evaluadas.

BIBLIOGRAFÍA

- Bernardo. R., 1990, Identifying populations useful for improving parents of a single cross based on net transfer of alleles, *Theor. Appl. Genet.* 80: 340-352.
- Barten. T., Kosola. K. R., Dohleman. F. G., et al. (2022). Short-stature maize reduced wind damage during the 2020 midwestern derecho, improving yields and greenhouse gas outcomes. *Crop Science*, 62, 2439–2450. DOI: 10.1002/csc2.20823
- Bertoia. L.M; Aulicino. M.B. 2014, Maize forage aptitude: Combining ability of inbred lines and stability of hybrids, *Crop Journal* 2, 407-418.
- Cruz. C.D. y Regazzi, A.J. 1994. Análise dialélica. En Modelos biométricos aplicados al mejoramiento genético. Imprensa universitária. Visçosa – MG. p 131-273.
- Dudley. J.W. 1987, Modification of methods for identifying inbred lines useful for improving parents of elite single crosses, *Crop Sci.* 27:944-947.
- Griffing. B. 1956, Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems, *Australian Journal of Biological Sciences*, 9:463-493.
- Gerloff. J.E; O.S. Smith. 1988, Choice of method for identifying germplasm with superior alleles, 1, *Theoretical results*, *Theor. Appl. Genet.* 76:209–216. doi:10.1007/BF00257848
- Hallauer. A.R; J.B. Miranda Filho. 1988, *Quantitative Genetics in maize breeding*, 2nd. ed. Iowa State Univ. Press, Ames, IA.
- Incognito. S.J.P. 2011, Evaluación de poblaciones nativas de maíz (*Zea mays* L.) como fuente de alelos favorables para caracteres asociados a su potencial forrajero, Tesis, Magister en genética vegetal, Universidad de Rosario, Zavalla, Santa Fe, Argentina. 77 p.
- López-Malvar. A., Santiago. R., Souto. X. C., & Malvar. R. A. (2022). Cell wall composition impacts structural characteristics of the stems and thereby the biomass yield. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 70 (10), 3136-3141. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.1c06986>
- Lorenz. A. J., Coors, J. G., de Leon, N., Wolfrum, E. J., Hames, B. R., Sluiter, A. D., & Weimer, P. J. (2009). Characterization, genetic variation, and combining ability of maize traits relevant to the production of cellulosic ethanol. *Crop Science*, 49(1), 85-98.
- Muth. D. J., Bryden. K. M., & Nelson. R. G. (2013). Sustainable agricultural residue removal for bioenergy: A spatially comprehensive US national assessment. *Applied Energy*, 102, 403-417.
- García Stepien, L. E. (2020). *Variabilidad del germoplasma de maíz (Zea mays L.) en Argentina: la aptitud forrajera asociada a la producción de bioetanol lignocelulósico* [Tesis doctoral, Universidad Nacional de La Plata]
- Wang. J, Tuo. H, Cheng. P, Chen. F, Li. Y, Yuan. M, Lin. W, Bao. X, Sun. J, Guo. Y, Wang. Z, Wang. Y, Li. H, Mu. X, Zhang. Q, Yu. Y, Gou. M. Boosting lignocellulosic bioethanol production: fermentation of corn stalk using a lignin-reduced brown midrib 2 maize mutant. *Biotechnol Biofuels Bioprod.* 2025 Nov 26;19(1):1. doi: 10.1186/s13068-025-02722-6. PMID: 41299780; PMCID: PMC12764123.
- Zoghalmi. A., & Paës. G. (2019). *Lignocellulosic biomass: Understanding recalcitrance and predicting hydrolysis*. **Frontiers in Chemistry**, 7, 874. <https://doi.org/10.3389/fchem.2019.00874>