

POBLACIONES RACIALES DE MAÍZ (*Zea mays ssp. mays*) DE LA PROVINCIA DE SALTA. EVALUACION DE CRUZAMIENTOS «F₂»

P. MELCHIORRE¹ y N. BARTOLONI²

Recibido: 10/01/98

Aceptado: 07/08/98

RESUMEN

Caracteres cuantitativos (morfológicos y fenológicos) son estudiados en cruzamiento «F₂» de poblaciones raciales de maíz para conocer su variabilidad genética y la divergencia racial. Las poblaciones «F₁», son incluidas con fines comparativos. El análisis canónico muestra que las tres primeras variables canónicas (vc) representan la casi totalidad de las diferencias observadas entre las poblaciones estudiadas (99,8%). Los caracteres discriminantes asociados con la primera vc son aquellos correlacionados con la morfología de la espiga (diámetros en el punto medio, en la base y en el ápice) y, en particular, con la anchura del cariopse. La segunda vc está vinculada con el ciclo vegetativo de la planta (antes de las flores estaminadas y pistiladas (días) y el número de hojas totales por planta. La tercera vc está correlacionada, principalmente, con el número de hileras de grano, por espiga. Del análisis de agrupamiento se observa que las poblaciones «F₁» se muestran más afines al progenitor femenino mientras que las «F₂» están más cercanas a su progenitor masculino en casi todos los grupos analizados. La elevada segregación transgresiva en «F₂» para casi todos los caracteres indica un alto grado de recombinación. Estos resultados sugieren una elevada variabilidad genética oculta en las poblaciones raciales, la que puede ser de utilidad en planes de mejoramiento.

Palabras clave: Maíz (*Zea mays ssp. mays*); razas de maíz; heterosis; germoplasma; análisis canónico, evolución.

RACIAL POPULATIONS OF MAIZE (*ZEA MAYS L. SSP. MAYS*) FROM SALTA (ARGENTINA): EVALUATION OF «F₂» CROSSINGS

SUMMARY

Quantitative traits (both morphological and phenological) were studied in the «F₂» generations of crossings of maize racial populations in order to investigate genetic variability and racial divergence. «F₁» populations were included for comparative purposes. In Canonical analysis the first three variables account for almost all (=99.8%) of the differences observed among populations. Discriminant traits associated to the first canonical variable (cv) were correlated to ear shape (basal ear diameter, midpoint ear diameter and apical ear diameter) and particularly to kernel width. The second cv are linked to vegetative cycle length (tassel flowering time and to silking flowering time (days)) and total leaf number per plant. The principal trait linked to the 3rd. cv is the row number of grains per ear. «F₁» populations were more related to the female progenitor, while «F₂» were largely closer to their male progenitor. The high transgressive segregation in «F₂» for almost all the characters indicates a high degree of recombination. These results suggest a high degree of hidden genetic variability in racial populations, which would be useful for plant breeders.

Key words: Maize (*Zea mays ssp. mays*); races of maize; heterosis; canonical analysis; germplasm; evolution.

¹Cátedra de Botánica Agrícola, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires. Laboratorio de Recursos Genéticos Vegetales «N. Vavilov», Avda. San Martín 4453, 1417 Buenos Aires, Argentina.

²Cátedra de Genética, de la misma Facultad. E.mail: melchio@criba.edu.ar

INTRODUCCIÓN

En la mayoría de las poblaciones locales de maíz existe una elevada variabilidad genética. Sólo una pequeña parte de esa variabilidad ha sido descrita. La existencia de esa variación genética es una condición necesaria para su evolución (La Cadena, 1981). En particular los estudios morfológicos, de poblaciones «F₂», son importantes para un mejor conocimiento de la variabilidad genética y del grado de parentesco entre las poblaciones raciales de maíz (Goodman, 1978, Martínez, 1981; Martínez *et al.*, 1983). La heterosis observada en cruzamientos de poblaciones F₁ y F₂ puede revelar divergencia genética que no es expresada por los progenitores. Los cruzamientos entre poblaciones raciales de parentesco lejano originan a menudo grados elevados de heterosis de suma importancia biológica. En cambio, grados bajos de heterosis son frecuentes si se trata de poblaciones relativamente similares, adaptadas a condiciones ecológicas semejantes. La divergencia ecológica entre los progenitores generalmente también es importante en la heterosis de los híbridos. Se espera, en general, que en los cruzamientos F₂ entre poblaciones raciales similares, se conserve la mitad de la heterosis original, mientras que en los cruzamientos entre poblaciones raciales diver-

gentes la heterosis muchas veces se pierde y se puede recuperar en planes de mejoramiento (Hiorth, 1985). El objetivo de este trabajo es la evaluación de cruzamientos «F₂», para conocer la variabilidad genética y la divergencia entre las poblaciones raciales. Los caracteres cuantitativos empleados son, en su mayoría, de distribución continua y poseen, potencialmente, importancia para la evolución y el mejoramiento genético de especies cultivadas como el maíz (Camussi, 1979).

Los resultados pueden ser de gran utilidad para la selección de materiales a emplear en planes de mejoramiento.

MATERIALES Y METODOS

El material empleado (Cuadro N° 1) para los cruzamientos interraciales pertenece a la colección de maíces del noroeste argentino (provincia de Salta) y se conserva en el Banco de Germoplasma de la EERA-INTA de Pergamino.

La elección de las poblaciones raciales parentales y el diseño de los cruzamientos fue realizada sobre la base de resultados de clasificación fenotípica de las razas de maíz de Salta (Cámara Hernández y Miente Alzogaray, 1979; Melchiorre, 1992).

El material evaluado de los cruzamientos «F₂» consistió en 15 muestras de 66 granos cada una, extraídas de espigas provenientes de cruzamientos controla-

Cuadro N° 1. Razas de maíz nativas de la provincia de Salta (Argentina) y sus cruzamientos «F₁» y «F₂».

Nombres locales y símbolos	Número de colección	Localidad de procedencia Altitud (m.s.l.m)
1. Pisinga Púrpura (PP)	INTA /633	Metán (700)
2. Chaucha (CHA)	INTA 6/48	Horcones (732)
3. Amarillo de Ocho (AO)	INTA 6/15	La Candelaria (1.000)
4. Criollo Amarillo (CA)	INTA 6/108	Puerto La Paya (2.200)
5. Ocho Rayas (OR)	VAV 5112	El Barrial (1.710)
6. Blanco Ocho Rayas (BOR)	VAV 5213	Alemania Palacios (1.175)
7. Amarillo Ancho (AA)	VAV 5254	Las Costas (1.190)
8. Orgullo Cuarentón (OC)	INTA 6/11	El Jardín (410)
9. Negro (N)	187 VAV/78	Misión Franciscana (1.217)
10. Perla (PE)	VAV 5094	Monte Carmelo (1.710)
11. C1 (PPxCHA)*(PPxCHA)		
12. C2 (AOxCA)*(AOxCA)		
13. C3 (ORxBOR)*(ORxBOR)		
14. C4 (AAxOC)*(AAxOC)		
15. C5 (PExN)*(PExN)		

dos («SIB») entre plantas «F₁» (un número variable de plantas «F», se polinizó con mezcla de polen, coleccionado de plantas de la misma población). El diseño experimental empleado es el de bloques completos aleatorizados: 3 bloques divididos en 5 parcelas. En cada parcela (6 hileras de 11 plantas, distanciadas 75 cm entre hileras y 33 cm entre plantas) se realizó el relevamiento, sobre plantas individuales, de los siguientes caracteres cuantitativos: **morfológicos vegetativos** (altura de la espiga distal [cm](AES), número de hojas a la espiga distal (NHES), altura total [cm] (AT) y número total de hojas (HT)) y los fenológicos: floración masculina (FM) y floración femenina (FF) [en días] y los reproductivos (número de espigas por planta (NE), peso de la espiga distal [g] (PE), producción total de espigas/planta [g] (PET), número de hileras de granos/espiga (NHI), número de cariopses por hilera (CHI), longitud de la espiga [cm] (LE), diámetro de la espiga en el ápice [cm] (DEA), diámetro de la espiga en la base [cm] (DEB), diámetro de la espiga en el punto medio [cm] (DEM), peso de 50 cariopses [g] (P50C), longitud promedio de 10 cariopses [mm] (LC), anchura promedio de 10 cariopses [mm] (AC), espesor promedio de 10 cariopses [mm](EC) y

los índices 1 y 2 (IN₁: DME/LE; IN₂:EC/LC). En Melchiorre (1992) se describe la manera en que fueron relevados y medidos los caracteres.

Métodos estadísticos

Con los datos individuales de cada población F₂ se obtuvo un valor promedio, la desviación estándar y el coeficiente de variación (CV(%)) para cada uno de los caracteres considerados (Cuadros N° 2, 3 4, 5 y 6). Se incluyeron en el análisis, las poblaciones parentales y las «F₁», con el fin de establecer comparaciones.

A partir del conjunto de datos originales (poblaciones parentales, «F₁» y «F₂») se confeccionó una matriz básica (MBD) (compuesta por 1103 filas=plantas y 20 columnas=caracteres), que fue analizada mediante las técnicas estadísticas multivariadas (análisis canónico y de agrupamiento) (Sneath y Sokal (1973), Morrison (1976)).

Análisis Canónico (AC)

Mediante el análisis canónico las 20 variables originales se transformaron en variables canónicas, (com-

Cuadro N° 2. Valores promedios correspondientes a las poblaciones parentales (PP= Pisinga Púrpura y CHA= Chaucha) y a los cruzamientos "F₁" y "F₂".

Caracteres	Poblaciones parentales		Cruzamientos			
	PP	CHA	"F ₁ "	CV(%)	"F ₂ "	CV(%)
AES	63,10	59,08	63,23	16,16	71,82	31,90
NHES	11,68	12,28	12,97	6,67	10,81	13,62
AT	111,74	107,88	107,40	12,22	124,05	23,50
HT	16,32	16,96	17,33	5,82	15,58	10,44
FM	45,19	49,24	51,27	10,87	39,28	22,90
FF	49,81	54,48	57,33	13,86	43,37	21,80
NE	1,32	1,28	1,07	24,24	1,60	37,58
PE	57,56	50,44	41,07	42,31	69,81	44,76
NHI	16,65	12,08	13,67	10,40	13,90	16,90
CHI	29,97	28,16	28,87	24,95	30,77	24,61
LE	130,23	140,08	137,00	20,63	142,59	20,12
DEA	23,16	21,60	20,10	13,25	22,97	20,13
DEB	35,32	28,44	28,00	12,91	35,38	15,10
DME	31,90	28,04	27,03	11,00	31,22	15,80
P50C	7,22	7,14	5,09	26,38	7,25	31,60
LC	85,23	79,00	76,83	7,82	82,94	12,43
AC	49,00	64,36	49,43	15,16	59,52	13,84
EC	35,03	38,48	36,37	11,08	37,69	12,63
DME/LE	0,25	0,20	0,20	22,62	0,23	32,33
EC/LC	0,41	0,49	0,48	12,99	0,46	28,30
Nro.de plantas	31	25	29		353	

binaciones lineales de las v. originales) lo que permite: a) reducir el número de variables necesarias para la clasificación, b) obtener la ortogonalización de las variables y c) maximizar las diferencias entre poblaciones y minimizar las diferencias dentro de cada población.

Análisis de agrupamiento

A partir de las variables canónicas se obtuvieron las matrices de distancias euclidianas entre UTO's (Unidades Taxonómicas Operacionales) para cada conjunto. El agrupamiento de los UTO's sobre la base de las distancias euclidianas, se realizó por medio del método UPGMA (Unweighted Pair-Group method using arithmetic averages) técnica del ligamiento promedio, que origina menor distorsión (Sneath y Sokal, 1973).

Muestras del material original y el derivado de los cultivos experimentales se conservan en el Laboratorio de Recursos Genéticos Vegetales "N.I.Vavilov", Fac. Agronomía de la Universidad de Buenos Aires.

RESULTADOS

La comparación de los valores promedios (Cuadros N° 2, 3, 4, 5 y 6) de la F_2 con aquellos de sus progenitores indica la presencia de una elevada segregación transgresiva para casi todos los caracteres.

Análisis canónico (AC)

Los resultados del AC, se muestran en el Cuadro N° 7. Las tres primeras variables canónicas (vc) sintetizan el 99,8 % de la variabilidad total; la primera vc. resume el 99,4 %, mientras que la segunda v.c. y la tercera resumen solamente el 0,4 % (Cuadro N° 7, parte inferior). Ello indica que son suficientes las dos primeras variables para resumir la variación encontrada y poder representarla en gráficos bidimensionales (Figs.1,

Cuadro N° 3. Valores promedios correspondientes a las poblaciones parentales (AO= Amarillo de Ocho, CA= Criollo Amarillo) y los cruzamientos "F₁" y "F₂".

Caracteres	Poblaciones parentales		Cruzamientos			
	AO	CA	"F ₁ "	CV(%)	"F ₂ "	CV(%)
AES	64,20	65,77	74,70	20,91	83,64	25,46
NHES	10,82	12,13	12,42	10,46	10,34	73,74
AT	114,59	113,10	128,58	15,21	140,83	19,20
HT	15,38	17,17	17,64	7,74	14,79	10,81
FM	38,91	41,30	45,21	9,72	32,92	24,85
FF	41,68	46,30	50,33	12,53	37,93	22,70
NE	1,32	1,40	1,36	35,82	1,43	36,91
PE	58,18	75,73	59,94	45,47	76,89	46,43
NHI	9,47	10,20	9,64	16,78	9,57	14,13
CHI	27,18	27,63	23,91	27,59	24,92	33,13
LE	129,52	132,20	123,18	19,66	135,98	21,72
DEA	23,65	30,10	27,67	13,36	26,09	12,73
DEB	31,59	40,57	35,94	16,40	37,49	12,32
DME	30,09	39,00	34,85	14,96	35,94	12,73
P50C	10,91	13,82	13,01	29,49	16,41	69,75
LC	89,85	103,80	97,21	11,45	101,40	10,27
AC	77,21	93,33	90,24	13,53	91,97	10,01
EC	38,79	38,27	41,70	15,47	43,14	15,84
DME/LE	0,24	0,31	0,29	24,08	0,27	22,42
EC/LC	0,44	0,37	0,43	17,47	0,43	21,09
N° de plantas	34	30	33		182	

Cuadro N° 4. Valores promedios correspondientes a las poblaciones parentales (OR= Ocho Rayas y BOR= Blanco y Ocho Rayas) y de los cruzamientos "F₁" y "F₂".

Caracteres	Poblaciones parentales		Cruzamientos			
	OR	BOR	"F ₁ "	CV(%)	"F ₂ "	CV(%)
AES	95,24	70,67	79,77	22,18	78,32	23,19
NHES	14,95	13,58	13,70	11,99	11,83	11,34
AT	146,95	131,83	128,13	16,10	137,97	16,38
HT	20,00	18,88	18,67	10,37	16,80	8,96
FM	65,52	56,13	56,80	18,75	48,02	13,36
FF	72,48	65,00	63,33	22,08	55,80	11,27
NE	1,10	1,00	1,20	33,87	1,47	44,32
PE	47,81	57,50	46,37	41,41	70,69	55,66
NHI	10,00	10,46	11,07	18,22	8,63	11,07
CHI	26,19	25,67	25,50	27,13	23,57	39,98
LE	129,57	129,67	129,10	16,06	141,77	21,56
DEA	25,00	26,71	23,50	18,18	25,63	9,98
DEB	34,33	36,21	32,27	19,53	36,42	12,52
DME	33,05	36,38	30,97	19,25	33,70	9,80
P50C	8,43	10,31	8,33	26,08	16,80	23,30
LC	83,52	85,33	84,03	12,36	93,37	11,04
AC	84,43	92,29	76,70	20,13	101,77	7,65
EC	38,29	39,75	39,50	11,70	48,87	20,10
DME / LE	0,26	0,29	0,24	23,28	0,25	23,83
EC/LC	0,46	0,47	0,48	17,91	0,53	27,45
Nro.de plantas	21	24	30		60	

Cuadro N° 5. Valores promedios correspondientes a las poblaciones parentales (AA= Amarillo Ancho y OC= Orgullo Cuarentón) y a los cruzamientos "F₁" y "F₂".

Caracteres	Poblaciones parentales		Cruzamientos			
	AA	OC	"F ₁ "	CV(%)	"F ₂ "	CV(%)
AES	61,88	72,33	111,32	15,29	87,26	39,73
NHES	13,00	14,50	16,14	8,18	11,48	18,87
AT	125,69	125,43	159,27	12,75	146,87	25,93
HT	19,06	20,23	21,73	8,30	17,36	11,97
FM	59,69	59,93	71,86	5,23	48,25	15,76
FF	67,75	66,93	77,27	5,18	53,51	14,26
NE	1,13	1,27	1,00	2,05	1,10	28,10
PE	75,00	64,73	55,95	52,09	97,29	45,96
NHI	12,75	12,93	15,36	13,56	12,97	17,57
CHI	26,25	25,57	22,59	25,36	23,95	29,96
LE	153,24	140,30	117,36	21,25	135,48	26,07
DEA	29,00	27,33	32,18	13,55	26,09	12,69
DEB	41,38	39,43	43,32	9,93	45,14	13,40
DME	40,19	36,63	42,73	10,69	42,29	12,08
P50C	10,72	9,02	8,02	18,25	15,05	26,65
LC	85,06	78,87	82,86	6,84	92,70	10,81
AC	84,56	76,77	76,91	7,15	90,98	9,69
EC	46,31	43,17	40,14	9,08	46,69	17,72
DME / LE	0,28	0,27	0,38	24,23	0,34	49,69
EC/LC	0,55	0,54	0,49	11,87	0,51	23,15
Nro. de plantas	16	30	22		298	

Cuadro N° 6 . Valores promedios correspondientes a las poblaciones parentales (PE= Perla y N= Negro) y a los cruzamientos derivados "F₁" y "F₂".

Caracteres	Poblaciones parentales		Cruzamientos			
	PE	N	"F ₁ "	CV(%)	"F ₂ "	CV(%)
AES	114,91	95,64	132,42	10,78	102,32	29,62
NHE	16,45	15,95	16,00	5,89	12,05	14,99
AT	172,82	142,50	193,32	7,48	158,42	22,54
HT	21,91	21,73	21,68	4,63	17,60	11,14
FM	75,00	64,71	66,16	7,13	45,49	20,22
FF	85,36	72,95	71,84	5,73	50,91	18,44
NE	1,09	1,09	1,05	21,86	1,20	36,40
PE	42,09	58,59	75,16	50,57	126,25	44,03
NHI	13,45	13,68	16,00	16,14	13,39	15,15
CHI	23,36	24,59	23,47	31,81	27,68	28,08
LE	118,18	139,77	126,42	24,91	161,98	48,06
DEA	24,55	29,41	31,79	11,84	30,99	11,56
DEB	34,36	40,45	44,79	13,65	47,06	12,12
DEM	34,18	38,73	43,05	12,35	43,96	10,29
P50C	6,26	7,71	8,80	19,21	15,94	29,35
LC	73,64	86,23	81,84	9,72	96,72	15,24
AC	72,64	72,90	77,68	7,24	92,88	11,97
EC	40,73	43,82	42,89	13,39	46,48	15,41
DME / LE	0,30	0,28	0,36	23,70	0,29	26,00
EC / LC	0,56	0,52	0,53	19,62	0,49	26,73
Nro. de Plantas	11	22	19		210	

2, 3, 4, y 5). En los diagramas de dispersión (Fig. 1 y 2), se observa que los puntos (valores medios de las vc) que representan a las dos poblaciones raciales parentales (PP y CHA; AO y CA) se ubican dentro del rango de variación de la población F₂, ya sea considerando la primera (en abcisas) o la segunda (en ordenadas) de las variables canónicas. Este resultado sugiere que ambos progenitores poseen una población ancestral común. En los diagramas de dispersión siguientes (Figs. 3, 4 y 5) se observa que los puntos que representan a las dos poblaciones raciales parentales se ubican dentro del rango de variación de la población F₂, sólo considerando a la primera variable canónica. Este resultado, si bien no excluye la existencia de poblaciones ancestrales comunes, sugiere que ambas poblaciones parentales poseen un grado mayor de divergencia (en cuanto a los caracteres asociados a la 2da vc.) **La contribución de los caracteres** a la primera, segunda y tercera variable canónica, se resume en la parte superior

del Cuadro N° 7. Los caracteres con mayor valor ligados a la primera vc son los referidos a la morfología de la espiga (diámetros de la espiga en la base (DEB), en su punto medio (DME); y en el ápice (DEA) y en particular a la **anchura del cariopse (AC)**). Los caracteres que muestran mayor peso relativo en la segunda vc son los que están vinculados con el ciclo vegetativo de la planta (**antesis de las flores estaminadas (FM)** y pistiladas (FF)) y el **número hojas totales**. La **tercera variable canónica** está correlacionada también con los diámetros de la espiga en el punto medio y en la base, pero principalmente con el **número de hileras de grano por espiga (NHI)**.

Análisis de agrupamiento

El agrupamiento de las UTO's (las poblaciones raciales parentales y los cruzamientos «F₁» y «F₂») se observa en los **Fenogramas** de distancia entre UTO's (Figs. 6, 7, 8, 9 y 10).

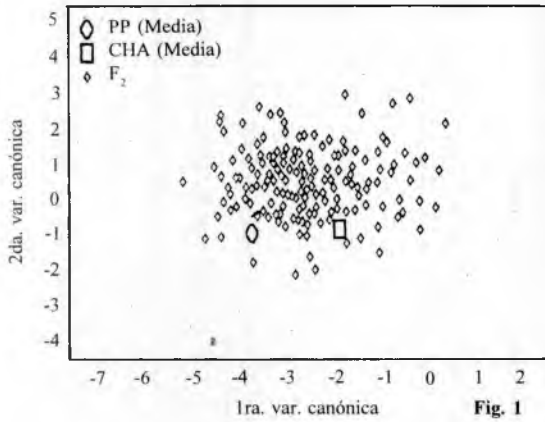


Fig. 1

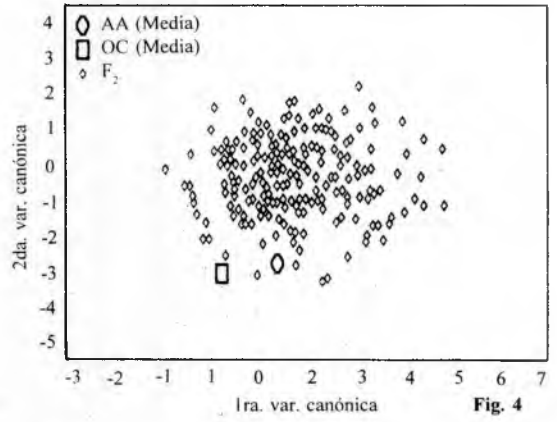


Fig. 4

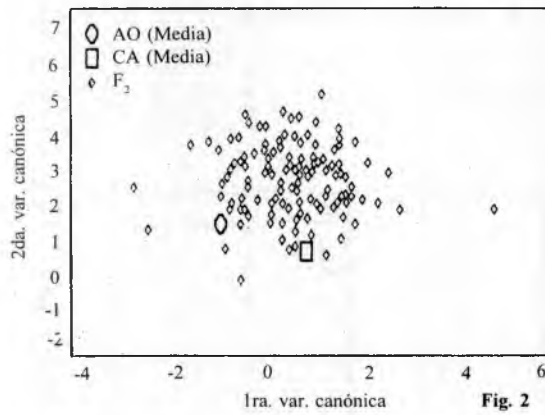


Fig. 2

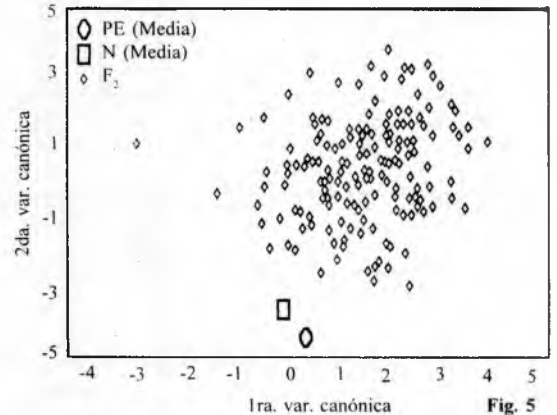


Fig. 5

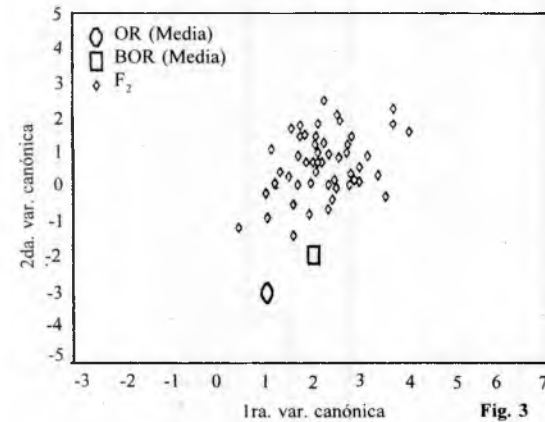


Fig. 3

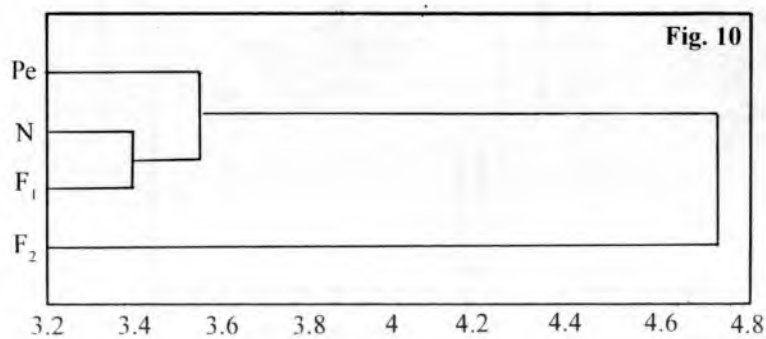
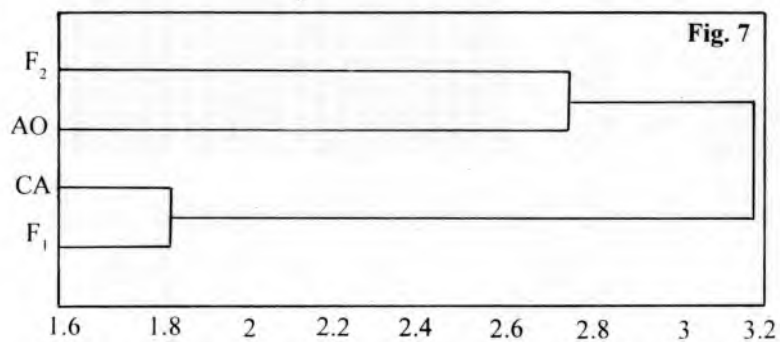
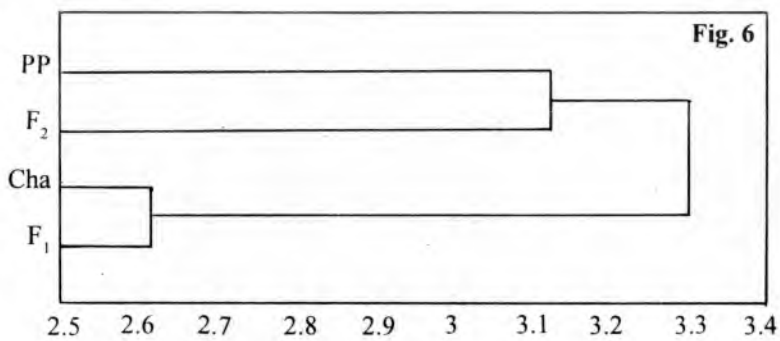
Figura 1. Diagrama de dispersión según las medias de las dos primeras variables canónicas para el conjunto 1: comparación de la variación de la población "F₂" [(PPxCHA) * (PPxCHA)] con sus medias parentales.

Figura 2. Diagrama de dispersión según las medias de las dos primeras variables canónicas para el conjunto 2: comparación de la variación de la población "F₂" [(AOxCA) * (AOxCA)] con sus medias parentales.

Figura 3. Diagrama de dispersión según las medias de las dos primeras variables canónicas para el conjunto 3: comparación de la variación de la población "F₂" [(ORxBOR) * (ORxBOR)] con sus medias parentales.

Figura 4. Diagrama de dispersión según las medias de las dos primeras variables canónicas para el conjunto 4: comparación de la variación de la población "F₂" [(AAxOC) * (AAxOC)] con sus medias parentales.

Figura 5. Diagrama de dispersión según las medias de las dos primeras variables canónicas para el conjunto 5: comparación de la variación de la población "F₂" [(PExN) * (PExN)] con sus medias parentales.



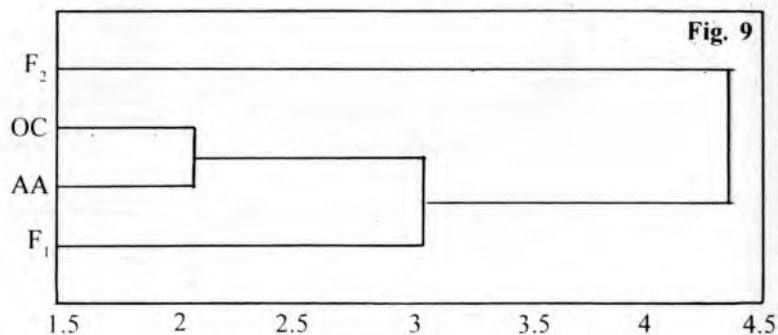
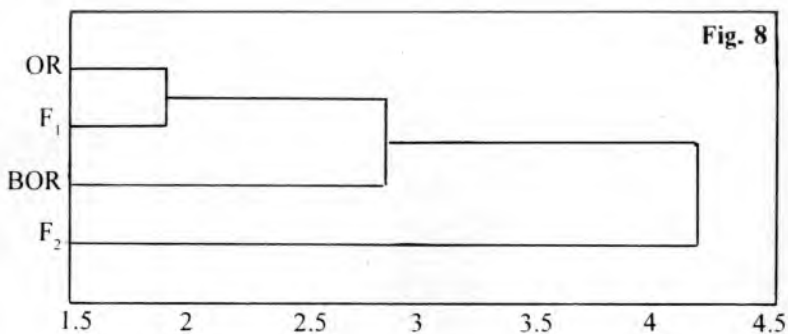


Figura 6. Fenograma (UPGMA) de distancias euclidianas para el conjunto 1: cruzamientos F_1 , F_2 y sus progenitores PP and CHA.

Figura 7. Fenograma (UPGMA) de distancias euclidianas para el conjunto 2: cruzamientos F_1 , F_2 y sus progenitores AO and CA.

Figura 8. Fenograma (UPGMA) de distancias euclidianas para el conjunto 3: cruzamientos F_1 , F_2 y sus progenitores OR and BOR.

Figura 9. Fenograma (UPGMA) de distancias euclidianas para el conjunto 4: cruzamientos F_1 , F_2 y sus progenitores AA and OC.

Figura 10. Fenograma (UPGMA) de distancias euclidianas para el conjunto 4: cruzamientos F_1 , F_2 y sus progenitores PE and N.

Conjunto 1 (Fig. 6): incluye a las razas parentales Pisinga Púrpura (PP), Chaucha (CHA) y a las poblaciones «F₁» y «F₂» derivadas. Se distinguen dos núcleos: el primero de ellos (N₁) está formado por la población «F₁» y CHA. El segundo núcleo (N₂) incluye a «F₂» y PP. La población «F₁» se muestra más cercana al progenitor femenino (CHA) que la población «F₂» en relación al progenitor masculino (=PP).

Conjunto 2 (Fig.7): Se distingue el núcleo formado por la población «F₁» (AOxCA) y CA del segundo núcleo constituido por la población F₂ (AOxCA) y AO. A igual que en el grupo 1, la población «F₁» presenta más afinidad con el progenitor femenino y la «F₂» (menor) afinidad con el progenitor masculino.

Cuadro N° 7. Coeficientes más significativos (multiplicados por 100), correspondientes a las tres primeras variables canónicas(cv), seleccionados de la matriz de factores resultado del análisis canónico.

CARACTERES	VARIABLES CANONICAS		
	1	2	3
AES	19		-18
NHES		-26	12
AT	-21		-19
HT	23	-57	
FM	20	-68	-15
FF	-22	-69	-20
NE	-16	15	
PE	19		-43
NHI	-19	-33	-69
CHI	-16	-60	-66
LE			-14
DEA	40		-31
DEB	-40		-64
DME	50		58
P50C	36	26	
LC	25	-30	41
AC	86	29	17
EC	31		
DME/LEL	19		14
EC/LC			
EIOGEN VALORES.	3.3	1.8	1.2
% RELATIVO V.T	99.4	0.3	0.1
% ACUMULADO .%		99.7	99.8

Conjunto 3 (Fig.8)

Se distinguen el **Subgrupo 1** compuesto por las poblaciones parentales **Ocho Rayas (OR)** y **(BOR)** y la «F₁» derivada del cruzamiento entre ambas y el **Subgrupo 2** que permanece alejado del anterior. La «F₁» se encuentra mas cercana al Progenitor masculino (OR).

Conjunto 4 (Fig.9)

Se distingue el subgrupo formado por las poblaciones parentales **Amarillo Ancho (AA)**, **Orgullo Cuarentón (OC)** y su cruzamiento «F₁» de la población «F₂» que permanece aislada. En el subgrupo se manifiesta la mayor similitud entre AA y OC.

Conjunto 5 (Fig.10)

Se distingue el subgrupo formado por las poblaciones «F₁» (PEXN) y sus progenitores (PE y N) de la «F₂» que permanece aislada. La «F₁» muestra una mayor similitud con el progenitor femenino (N).

DISCUSION Y CONCLUSIONES

Los valores promedios de los híbridos frecuentemente exceden los valores de los progenitores en F₁ y/o F₂ (Horth, 1985) como se muestra en los Cuadros N° 2, 3, 4, 5 y 6. Si bien es común que haya segregación transgresiva en F₂, el grado de transgresión¹ es variable en cada conjunto analizado y para cada carácter. Cuando los genes (-) dominan, se espera en F₁ una transgresión negativa. Las transgresiones en F₂ son mayores cuanto más parejo estén distribuidos los genes (+) y (-) entre ambos progenitores.

El análisis canónico muestra que las dos primeras variables representan la casi totalidad de las diferencias observadas entre las poblaciones estudiadas (99,7%). El hecho que los valores medios de las poblaciones parentales estén fuera de los

¹Depende de la cantidad de genes (+ y -) presentes en los progenitores, siendo los genes (+) aquellos que aumentan las dimensiones y los (-) aquellos que la reducen

límites de variación de las progenies " F_2 " (Figs. 3, 4 y 5) es una evidencia de segregación transgresiva y de divergencia genética entre los padres, mientras que cuando los valores medios de los progenitores están dentro de los límites de variación, ellos indican la existencia de una población ancestral común de ambos progenitores y, por lo tanto, un mayor grado de afinidad (Goodman, 1978). Los **caracteres discriminatorios** más importantes asociados a la primera variable canónica (Cuadro N° 7) son los **caracteres reproductivos** referidos a la morfología de la espiga (diámetros en el punto medio (**DME**), en la base (**DEB**) y en el ápice (**DEA**)) y en particular al **tamaño de los granos (anchura del cariopse)**. Mientras que la **segunda variable canónica** está correlacionada con el **ciclo vegetativo de la planta (antesis de las flores estaminadas (FM) y pistiladas (FF))** y el **número de hojas totales por planta (HT)**. La **tercera variable canónica** está correlacionada también con los diámetros de la espiga en el punto medio y en la base, pero principalmente con el **número de hile-**

ras de grano por espiga (NHI). Del análisis de agrupamiento puede deducirse el grado de afinidad entre las poblaciones raciales estudiadas. Las poblaciones « F_1 » se muestran más afines al progenitor femenino, mientras que las « F_2 » están más cercanas a su progenitor masculino en casi todos los grupos analizados. La elevada segregación transgresiva observada en las poblaciones « F_2 » para casi todos los caracteres, y variable en cada conjunto, puede atribuirse a un alto grado de recombinación ocurrida en dicha generación. Estos resultados sugieren una elevada variabilidad genética oculta en las poblaciones raciales estudiadas. Esta variabilidad puede ser utilizada para la elección de materiales a emplear en planes de mejoramiento.

AGRADECIMIENTOS

Al Profesor Ing. Agr. J.A. Cámara Hernández por facilitarnos las "semillas" de los genotipos utilizados en los cruzamientos y por la lectura crítica del manuscrito.

BIBLIOGRAFIA

- CÁMARA HERNÁNDEZ J., y A. MIANTE ALZOGARAY, 1979. Las razas de maíz de la provincia de Salta. *Resúmenes XVII Jorn. Arg. de Botánica*, Santa Rosa.
- CAMUSSI, A., 1979. Numerical taxonomy of Italian populations of maize based on quantitative traits. *Maydica* 24: 161-174.
- GOODMAN, M.M., 1978. A brief survey of races of maize and current attempts to infer racial relationships. In D. B. Walden (de.), *Maize Breeding and Genetics*. John Wiley, N. Y.
- HIORTH, G. E., 1985. Genética cuantitativa. Ib: Fundamentos Biológicos. Universidad Nacional de Córdoba, Fac. C. Agropecuarias. Córdoba, Argentina. 249pp.
- LA CADENA R. J., 1981. Genética. A.G.E.S.A.-Rodríguez. Madrid. 3ª. Edición, 1303 pp.
- MARTÍNEZ O. J., 1981. Multivariate analysis of maize F_2 populations to measure racial differentiation. *Ph.D. thesis*. Deps. of Statistics and Crop Science, North Carolina State Univ., Raleigh, N.C. 98pp.
- MARTÍNEZ O.J., M.M GOODMAN, and D.H. TIMOTHY, 1983. Measuring Racial Differentiation in Maize Using Multivariate Distance Measures Standardized by Variation in F_2 Population. *Crop Science* 23: 775-781.
- MELCHIORRE, P., 1992. Phenetic relationships among different races of maize (*Zea mays* ssp. *mays*) from Salta (Argentina). *Maydica* 37:329-338.
- MORRISON D. F., 1976. *Metodi di analisi statistica multivariata*. Casa editrice Ambrosiana- Milano. Italia. 343 pp.
- SNEATH P.H.A. and R.R. SOKAL, 1973. *Numerical Taxonomy. The principles and practice of numerical classification*. Freeman and Co., San Francisco. 573 pp.