



Facultad de Ciencias
Universidad de la República

UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA

FACULTAD DE CIENCIAS

Tesis para optar al Título de MAGISTER EN CIENCIAS
AMBIENTALES

**ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE
COLECCIONES DE MAÍZ (*Zea mays* L.)
DEL CONO SUR DE AMÉRICA**

MARIANA VILARÓ VARELA

Tutor:
TABARÉ ABADIE DE LEÓN, Dr. (PhD)

MONTEVIDEO, URUGUAY
2011

PAGINA DE APROBACIÓN

TUTOR Tabaré Abadie

TRIBUNAL Ana Berretta

Graciela García

Claudio Martínez

CALIFICACIÓN

AUTORA Mariana Vilaró

Setiembre de 2011

AGRADECIMIENTOS

Al cumplirse esta etapa, son muchas las personas a las que quiero agradecer. En primer lugar a mi tutor, Tabaré Abadie, por siempre darme la confianza para enfrentar nuevos desafíos.

A los miembros del Tribunal de Tesis, Graciela García, Claudio Martínez y Ana Berretta, les agradezco las sugerencias y la buena disposición.

Agradezco a Orlando Noldin (Paraguay), María José Hourquescos y Marcelo Ferrer (Argentina), Ivette Seguel (Chile) y Marilia Burle (Brasil), por aportar información, sugerencias y análisis que resultaron claves para el desarrollo de esta tesis.

Con Rafael Vidal intercambiamos ideas sobre el trabajo, así como información que me resultó de gran utilidad.

En distintos momentos del proyecto recibí la colaboración y el apoyo de varias personas: Cristina Mazzella, Ramiro Suárez, Mercedes Rivas, Enrique Estramil, Daniel Panario, Nestor Mazzeo, Sabina Vidal.

Lucía Gutiérrez y Valentín Picasso siempre estuvieron dispuestos a una lectura crítica y a aportar comentarios valiosos.

A mis amigos, especialmente a Ofelia y Ana Laura, por tener en todo momento una palabra de aliento.

A mis padres. A Serrana y Alejandro, a Valeria y Eduardo. A Yamil.

A Federico, mi agradecimiento por todo su apoyo, paciencia y comprensión. A Julieta y a Felipe.

TABLA DE CONTENIDO

PAGINA DE APROBACIÓN	2
AGRADECIMIENTOS	3
TABLA DE CONTENIDO	5
RESUMEN.....	6
ABSTRACT.....	7
INTRODUCCIÓN	8
CAPÍTULO 1	11
1.1 Diversidad genética de maíz en América del Sur	11
1.1.1 Clasificación por tipo de grano (tipo de endosperma).....	12
1.1.2 Importancia de la conservación de la diversidad genética del maíz..	15
1.2 Los Sistemas de Información Geográfica en estudios de diversidad genética	17
1.2.1 Aplicaciones de SIG en Recursos Genéticos	19
<u>1.2.1.1 SIG en la conservación de diversidad genética.....</u>	<u>20</u>
<u>1.2.1.2 SIG en la clasificación de diversidad genética.....</u>	<u>21</u>
1.3 Objetivos	22
1.3.1 Objetivo general	22
1.3.2 Objetivos específicos	22
1.3.3 Justificación de los objetivos propuestos	23
1.4 Hipótesis de trabajo.....	24
1.5 Materiales y Métodos.....	24
1.5.1 Información sobre las accesiones.....	25
1.5.2 Análisis geográfico	26
1.5.3 Asignación de coordenadas geográficas.....	27
1.6 Resultados y Discusión	28
1.6.1 Mapa de las colecciones de germoplasma.	28
1.6.2 Diversidad genética de maíz.....	31
CAPITULO 2	35
2.1 Las colecciones núcleo como una herramienta para conservar la diversidad genética	35
2.2 Colecciones núcleo de maíz en la Región.....	36
2.3 Objetivos	37
2.4 Materiales y métodos	38
2.4.1 Universo de muestreo.....	38
2.4.2 Clasificación.....	38
2.4.3 Tamaño de la muestra	40
2.4.4 Estrategia de asignación entre clases	41
2.4.5 Selección de accesiones dentro de clases	41
2.4.6 Verificación.....	42
2.5 Resultados y Discusión	42
CAPITULO 3	49
3.1 Conclusiones principales.....	49
3.2 Investigación futura.....	51
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	52

RESUMEN

En los países del Cono Sur de Sudamérica se encuentra una gran riqueza de genotipos de maíz (*Zea mays* L.), los cuales constituyen un reservorio de gran interés para el desarrollo genético del cultivo a nivel mundial. Una adecuada conservación y conocimiento de las colecciones de germoplasma es fundamental para evitar pérdidas de diversidad genética y avanzar hacia el desarrollo de una agricultura sostenible. Una gran parte de las variaciones en la diversidad genética vegetal están determinadas por variaciones en el rango geográfico que ocupan las poblaciones. Esta relación entre la diversidad genética y el espacio geográfico es la base para el uso de información georreferenciada en la conservación de recursos fitogenéticos, utilizando Sistemas de Información Geográfica (SIG). El objetivo del presente trabajo es contribuir al estudio de la diversidad genética del maíz en la región del Cono Sur. Para ello se mapea la distribución geográfica de las accesiones de maíz, y se analiza la diversidad genética del mismo, en función de la variable tipo de grano, lo que permite identificar patrones de variabilidad. En este estudio se utiliza la información sobre las colecciones disponible en los catálogos de recursos genéticos de maíz de la región. Este proyecto contribuye a un conocimiento más global de la variabilidad genética del maíz del Cono Sur.

Palabras clave: maíz, diversidad genética, conservación *ex situ*, variedades locales, Sistemas de Información Geográfica,

ABSTRACT

The countries of the Southern Cone of South America have a great amount of maize (*Zea mays* L.) genotypes, which constitute an important reserve for the genetic development of the crop at a worldwide scale. An adequate conservation and knowledge of germplasm collections is a key issue to avoid losses of genetic diversity, and to achieve a sustainable agriculture. An important part of the variations in plant genetic diversity are determined by the geographic range that the populations occupy. This relationship between genetic diversity and geographic range is the basis for the use of georeferenced information in the conservation of plant genetic resources, using Geographic Information Systems (GIS). The objective of this work is to contribute to the knowledge of maize genetic diversity in the region of the Southern Cone. In order to achieve this, the geographic distribution of maize accessions is mapped, and genetic diversity is analyzed, according to the variable grain type, allowing us to identify variability patterns. In this study, the information available in the region's maize germplasm catalogs is used. This project contributes to a better knowledge of the genetic variability of maize in the Southern Cone.

Keywords: maize, genetic diversity, *ex situ* conservation, local varieties, Geographic Information Systems

INTRODUCCIÓN

La conservación y el uso de la diversidad genética vegetal son esenciales para el desarrollo de una agricultura sostenible¹. En primer lugar, porque la variabilidad genética presente en las poblaciones y especies determina su adaptación a cambios en el ambiente, asegurando su sobrevivencia y evolución futura (Frankel *et al.*, 1995). Por otro lado, la diversidad genética vegetal es la materia prima para el mejoramiento genético (van Hintum, 1994). La clave para la creación de variedades de mejor rendimiento, más resistentes a enfermedades y más adaptadas está dada por el mejoramiento genético.

Si bien el mejoramiento genético vegetal ha producido cultivares con mayores rendimientos y más adaptados, en muchos casos se ha reducido la diversidad genética. Muchas variedades criollas² de cultivos han sido sustituidas por cultivares mejorados de mayor rendimiento pero muy uniformes, o por otros cultivos más productivos y/o más rentables. Con el desarrollo de la agricultura posteriormente a la Segunda Guerra Mundial, los mejoradores comenzaron a introducir nuevas variedades, y los productores fueron impulsados a utilizar éstas y a descartar sus variedades tradicionales altamente diversas. Por lo tanto, la

¹ **Agricultura sostenible:** concepto acuñado por el CGIAR en la década del 80, que se refiere a la necesidad de una *nueva agricultura*, capaz de armonizar el incremento de la producción de alimentos y fibras con el aprovechamiento racional, equilibrado y económico de los recursos naturales y la calidad del medioambiente (Jiménez Díaz, 2002).

² **variedades criollas** (o variedades locales): poblaciones vegetales de especies cultivadas con gran variabilidad genética; formadas por procesos de selección natural a una cierta región y selección artificial por parte de los agricultores.

diversidad genética utilizada comenzó a disminuir, lentamente al principio y luego a tasas aceleradas (Hawkes, 1990). En el último tiempo viene ocurriendo un proceso de pérdida tanto de genes individuales como de combinaciones particulares de genes, lo que determina la pérdida de diversidad de algunas especies (Guarino, 1995). Esto toma gran relevancia desde la perspectiva de la seguridad alimentaria, por el riesgo que supondría para la humanidad, la pérdida de estas importantes fuentes de variabilidad genética.

El maíz (*Zea mays* L.), junto con el trigo y el arroz, constituyen la base alimenticia de la población mundial. En América Latina el cultivo ha sido el sustento alimenticio por miles de años, siendo su principal destino el consumo humano directo (Galinat, 1979). En los países del Cono Sur de Sudamérica (Argentina, Bolivia, Chile, Paraguay, Brasil y Uruguay) se encuentra una gran riqueza de genotipos de maíz (Brieger *et al.*, 1958; Paterniani y Goodman, 1977). La región constituye un importante centro de adaptación secundaria para el cultivo, con un rico desarrollo de variedades locales (Berretta *com pers.*, 2010). Estos países cuentan con importantes colecciones de germoplasma de maíz, provenientes de distintas misiones de colecta, realizadas previo a la difusión comercial de los híbridos y los transgénicos. Gran parte de estas colectas han sido realizadas en campos de agricultores en la década del 70, como es el caso de Uruguay, aunque en algunos países también se han realizado colectas en la década del 50. Estas colectas abarcan distintos rangos ecogeográficos de Sudamérica.

Existen evidencias de que las condiciones ambientales cumplen un rol fundamental en estructurar la diversidad genética de las poblaciones vegetales. En maíz, el origen ecogeográfico y la variable tipo de grano han demostrado ser de utilidad para dividir las colecciones en grupos homogéneos (Abadie et al., 1998; Abadie et al., 1999; Malosetti y Abadie, 2001). Teniendo en cuenta estos antecedentes, en este proyecto se busca mapear geográficamente las colecciones de germoplasma, y analizar la diversidad genética del maíz en la región al momento de su colecta a través de la variable tipo de grano.

CAPÍTULO 1

1.1 Diversidad genética de maíz en América del Sur

Las culturas precolombinas que habitaban América Central domesticaron el maíz hace entre 6.000 y 10.000 años (Matsuoka *et al.*, 2002). Posteriormente, el cultivo fue introducido en un amplio rango de ambientes, desde Canadá hasta el sur de Argentina (Doebley *et al.*, 1985). Esto permitió su adaptación a un amplio rango de ambientes contrastantes (Vigouroux, *et. al.*, 2008), originando una importante diversidad genética. El maíz es cultivado en la actualidad en prácticamente todos los continentes, y en condiciones muy diversas, por lo que existen adaptaciones específicas.

Se han realizado esfuerzos por coleccionar y conservar las variedades de maíz nativas de América del Sur desde la década del 50 (Paterniani y Goodman, 1977). El primer intento de clasificación subespecífica del maíz fue realizado por Sturtevant (1899), el cual dividió la variabilidad del maíz en 6 grupos principales, de acuerdo a textura de grano, forma y color. Posteriormente, Anderson y Cutler (1942) sugirieron una clasificación que incluyera conocimientos de arqueología y genética. Definieron raza como "un grupo de individuos con suficientes características en común como para permitir su reconocimiento como grupo" (Anderson y Cutler (1942). Más adelante, Brieger *et al.* (1958) definieron raza

como “un grupo de poblaciones que presentan un número suficiente de características distintas en común, que se mantienen por panmixis y ocupan áreas definidas”.

Los estudios de McClintock en nudos cromosómicos de varias razas de maíz de Sudamérica, México y América Central llevaron a concluir que el maíz actual puede derivar de varios centros distintos. McClintock estudió cómo los cromosomas podían ser utilizados para trazar el origen y las rutas de migración de las razas de maíz en las Américas. Entre otros estudios, buscó una relación entre la formación de nudos cromosómicos y la altitud, y notó que los nudos eran altamente conservados. El estudio de los nudos cromosómicos fue una herramienta útil para la clasificación racial y geográfica de las razas de maíz, sirviendo también de indicación de la diversidad racial (McClintock et al., 1981).

1.1.1 Clasificación por tipo de grano (tipo de endosperma)

De las aproximadamente 300 razas de maíz que se han descrito para la región, alrededor de 40% de las mismas tienen endosperma de tipo harinoso, 30% son de endosperma duro, 20% dentado, 10% pipoca y 3% son de endosperma dulce. La distribución de tipos de endosperma se debe fundamentalmente a preferencias humanas, dándose una prevalencia de maíces de tipo harinoso entre poblaciones de descendencia indígena; mientras que la mayoría de las razas utilizadas en

programas de mejoramiento son los dentados y duros provenientes de Estados Unidos, México y América Central (Paterniani y Goodman, 1977).

A continuación se describen los principales tipos de grano:

Harinoso: el endosperma es harinoso y blando. Este tipo de maíz es prácticamente utilizado en su totalidad como alimento humano, no interviniendo en el comercio internacional.

Duro: los granos son redondos, duros y suaves al tacto; con una baja composición de almidón y alta proteína, lo que le confiere al endosperma una apariencia córnea. El color puede ser blanco, amarillo, anaranjado o rojo. Son cultivados especialmente en Argentina y Brasil.

Dentado: el endosperma del grano tiene más almidón blando que los tipos duros, y el almidón duro está limitado a los lados del grano, por lo que al perder humedad el grano, se produce una hendidura en la corona, dando una apariencia de diente. Los granos son de color amarillo o blanco. Son característicos de la producción de Estados Unidos, México, Europa y Sudáfrica.

Pipoca (o Pisingallo): el endosperma es córneo, muy duro, y contiene solo una pequeña fracción de almidón encerrado en un pericarpio denso y resistente. Hay dos tipos de grano: uno blanco pequeño, terminado en punta y otro de grano más

grande, amarillo, de corona redondeada. Son los maíces más primitivos utilizados por los indígenas.

Dulce: posee un gen que previene o retarda la normal conversión del azúcar en almidón durante el desarrollo del endosperma, y el grano acumula un polisacárido soluble en agua. Los granos en su madurez tienen aspecto arrugado. Es el maíz de mesa o azucarado, que se consume fresco en estado de grano lechoso, inmaduro.

Los tipos de grano se relacionan con distintas etapas del proceso de domesticación. En etapas tempranas, los granos se asemejan a los de tipo pipoca, por lo que se cree que el maíz más temprano fue de tipo pipoca, apareciendo luego maíces con granos mayores (Goodman, 1976).

Un grupo muy importante, por presentar adaptaciones ecológicas muy significativas, es el de los *Catetos*. Se presume que son originarios del área costera sur, desde Brasil hasta Argentina, siendo luego cultivados por los indios de la costa Atlántica de Argentina hasta las Guyanas, y de ahí distribuyéndose hacia el interior. Es uno de los grupos más distribuidos en América del Sur. Con el nombre *Catetos* se conoce a todo un grupo de maíces duros amarillos o anaranjados, conocidos también por los nombres: *Amarillo*, *Cuarentón* y *Colorado* de Argentina y Uruguay (Paterniani y Goodman, 1977).

1.1.2 Importancia de la conservación de la diversidad genética del maíz

Las aproximadamente 300 razas que se han identificado y descrito en nuestra región comprenden entre un 90 y un 95% de la variación genética total del cultivo en el mundo (Dowswell *et al.*, 1996). En las razas indígenas es donde se encuentra la mayor variabilidad genética (Valente *et al.*, 1999).

La diversidad genética del maíz representa una fuente importante de variabilidad natural. Muchas características de interés agronómico provenientes de estos maíces pueden ser incorporadas en programas de mejoramiento. La conservación de las razas indígenas es fundamental por la gran diversidad que encierran, y además porque en muchos casos han sido reemplazadas por híbridos más productivos (Gimenes y Lopes, 2000). Los productores mantienen las variedades locales como poblaciones de polinización abierta. El reemplazo de las variedades tradicionales por materiales mejorados lleva a que en muchos casos se pierdan tradiciones indígenas de cultivo, lo que hace que el cultivo de determinados tipos de maíz sea abandonado. Esto significa que gran parte de esas muestras no podrán ser colectadas nuevamente (Valente *et al.*, 1999).

Los cambios en la agricultura uruguaya de las últimas décadas acarrearón una reducción en el número de productores, en su mayoría pequeños. En el caso del maíz, los cultivadores pasaron a ser una décima parte en treinta años (DIEA, 2010). Dado que los pequeños productores son muy eficientes en la conservación

de la diversidad (Vaz Patto *et al.*, 2009) su desaparición puede impactar negativamente en la conservación de la diversidad de este cultivo. El incremento del área sembrada con variedades modernas como los híbridos y la introducción de cultivares transgénicos son también amenazas para el mantenimiento de las variedades locales (Galeano *et al.*, 2009; Vidal *com pers.*, 2010).

Los países del Cono Sur de América del Sur cuentan con importantes colecciones de germoplasma de maíz. Un aspecto fundamental para una adecuada conservación de estos recursos fitogenéticos es conocer el material que está representado en las colecciones. Los programas de recursos genéticos tienen la doble tarea de conservar la diversidad genética para el futuro y hacer que ésta esté disponible para los mejoradores (van Hintum, 1994). El aumento en el conocimiento de la variabilidad genética y la posibilidad de contar con documentación completa y actualizada fomenta el uso del germoplasma en los distintos programas de mejoramiento, aspecto primordial para evitar la erosión genética y para propender al desarrollo de una agricultura sostenible.

En América Latina se han desarrollado proyectos dirigidos a promover el uso de la diversidad genética existente en el maíz. Entre estos se puede citar el Latin American Maize Project (LAMP), cuyo objetivo fue facilitar a los mejoradores el acceso al germoplasma evaluado y a la información. Este proyecto fue ejecutado en 11 países latinoamericanos y Estados Unidos, cubriendo prácticamente todas las regiones maiceras de América. La diversidad genética se evaluó en las

condiciones ambientales particulares de cada país, aumentando la probabilidad de expandir el área de adaptación de los cultivares derivados (LAMP, 1997). En su última etapa (año 1993), comenzó a funcionar el Germplasm Enhancement of Maize Project (GEM). En este proyecto participó el Departamento de Agricultura de Estados Unidos (USDA), universidades de ese país, empresas semilleras internacionales, la Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuaria (EMBRAPA) y el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Su objetivo era el desarrollo de germoplasma a partir del cruzamiento de materiales genéticos no utilizados corrientemente, con otros elite, pertenecientes a empresas e instituciones. Se pretendía ampliar la base genética del maíz de Estados Unidos a través de la introducción de germoplasma de distintas partes del mundo (GEM, 2003).

1.2 Los Sistemas de Información Geográfica en estudios de diversidad genética

Las condiciones ambientales de un determinado sitio se encuentran generalmente asociadas a patrones de diversidad genética, reflejando procesos de adaptación del germoplasma a los factores ambientales. Una gran parte de las variaciones en la diversidad genética están determinadas por variaciones en el rango geográfico que ocupan las poblaciones (Hamrick y Godt, 1990). Se han registrado evidencias de diferenciación geográfica en varias especies a través del estudio de datos de

caracterización³ y evaluación⁴ (Spagnoletti Zeuli y Qualset, 1987; Jana y Singh, 1993; Cordeiro *et al.*, 1995; Damania *et al.*, 1999; Abadie *et al.*, 1998, 1999), así como de datos moleculares (Doebley *et al.*, 1985; Gepts, 1998).

La relación existente entre la diversidad genética vegetal y su base física es uno de los fundamentos para que Guarino (1995) y Guarino *et al.* (1999) plantearan un modelo de uso de información georeferenciada en la conservación y uso de los recursos fitogenéticos, utilizando Sistemas de Información Geográfica (SIG). Los SIG son programas de computación diseñados para trabajar con información referida a coordenadas geográficas. En un sentido estricto, son programas de computación usados para el almacenamiento, recuperación, mapeo y análisis de información geográfica, incluyendo también el personal de operación y los datos que entran al sistema (NWGIS, 2002). Los SIG permiten organizar, entender y formular preguntas acerca de los datos espaciales que han sido colectados. Cualquier variable que puede ser localizada espacialmente puede ser incluida en un SIG.

³ **caracterización:** registro de caracteres de alta heredabilidad, fácilmente identificables y de expresión poco influenciada por el ambiente de una colección de germoplasma (Frankel y Brown, 1995).

⁴ **evaluación:** descripción de la variación existente en una colección para atributos con alta influencia ambiental, útiles desde el punto de vista agronómico (Abadie y Berreta, 2001).

1.2.1 Aplicaciones de SIG en Recursos Genéticos

Los sistemas de información geográfica tienen un gran potencial para ser utilizados en la conservación de los recursos genéticos. Para lograr este objetivo, la información generada en el proceso de conservación debe ser “georeferenciada” (Guarino *et al.*, 1999), es decir: referida a un sitio geográfico particular. Guarino *et al.* (1999) realizan una revisión detallada de la tecnología de sistemas de información geográfica, y discuten sus posibles usos para coleccionar y manejar los recursos fitogenéticos. De acuerdo a estos autores, los SIG se pueden utilizar en estudios ecogeográficos, permitiendo identificar: áreas donde debería encontrarse una determinada especie o taxón que presente adaptación específica; áreas altamente diversas en términos de ambientes, taxones o diversidad genética; áreas distintas de otras; áreas no representadas al momento de coleccionar accesiones⁵ para las colecciones de germoplasma y áreas amenazadas de sufrir erosión genética.

En segundo lugar, los SIG son útiles en exploraciones de campo, permitiendo entre otras tareas completar información de pasaporte faltante como por ejemplo latitud y longitud en los sitios de colecta (“retroclasificación”). En la conservación *ex situ*⁶ son de gran utilidad ya que conocer las condiciones ambientales de los sitios de colecta es fundamental para el adecuado almacenamiento de semilla y para la etapa de regeneración. El uso de SIG puede ser una herramienta de gran

⁵ **accesión:** muestra de una planta, cepa o población mantenida en un banco genético para su conservación o uso.

⁶ **conservación ex situ:** es la conservación de genes o genotipos de vegetales que se realiza fuera de su hábitat natural.

utilidad para completar información faltante sobre los sitios de colecta (Thome *et al.*, 1995). En la conservación *in situ* se utilizan para el diseño, manejo y monitoreo de reservas genéticas. Por último, estos sistemas tienen importancia en la evaluación del germoplasma, y pueden fomentar el uso del mismo (Guarino *et al.*, 1999), aspecto que es actualmente citado como uno de los principales problemas en el manejo de los recursos genéticos (van Hintum, 1995).

1.2.1.1 SIG en la conservación de diversidad genética

Las técnicas de SIG han sido utilizadas en la conservación de los recursos genéticos de varias especies de importancia económica. Una aplicación muy importante son los estudios que describen patrones de distribución de la diversidad genética de especies y genotipos de interés. La finalidad de dichos estudios puede ser: a) producir mapas de distribución de diversidad genética de especies (Hijmans, 2001; Steiner, 1999); b) explorar la distribución y diversidad genética de parientes silvestres de cultivos que pueden servir como fuente de genes en mejoramiento (Thome *et al.*, 1995; Jones *et al.*, 1997); y c) ayudar a encontrar tolerancia a determinados estreses ambientales (Afonin y Greene, 1999; Burle *et al.*, 2003). Los mapas resultantes de estos estudios son muy útiles ya que permiten planificar colectas de germoplasma con objetivos bien definidos (Jones *et al.*, 1997).

1.2.1.2 SIG en la clasificación de diversidad genética

Una aplicación de SIG que presenta perspectivas interesantes es en la clasificación de germoplasma conservado *ex situ*, ya que ayuda a caracterizar las colecciones para luego dividir las en grupos homogéneos entre sí. La clasificación de las colecciones es fundamental para lograr una adecuada conservación del germoplasma, y a su vez para promover su uso por parte de los programas de mejoramiento. Varios estudios han registrado que el origen ecogeográfico puede constituir un criterio simple y efectivo para la clasificación y estratificación del germoplasma (Greene y Hart, 1996; Steiner, 1999; Guarino *et al.*, 1999; Malosetti y Abadie, 2001).

En maíz se han empleado criterios de clasificación basados en origen ecogeográfico y tipo de grano (Abadie *et al.*, 1998; Abadie *et al.*, 1999; Malosetti y Abadie, 2001). El criterio de origen ecogeográfico fue efectivo para diferenciar accesiones en la clasificación de variedades criollas de maíz provenientes de Brasil (Abadie *et al.*, 1998); mientras que la mejor clasificación de las accesiones se obtuvo utilizando el origen ecogeográfico junto con el tipo de grano. Estos dos criterios (origen ecogeográfico y tipo de grano) fueron utilizados a su vez para establecer la colección núcleo⁷ de germoplasma de Brasil (Abadie *et al.*, 1999). Posteriormente, se realizó el análisis geográfico de la colección de Brasil en relación al tipo de grano (Burle *et al.*, 2002). La combinación del origen

⁷ **colección núcleo**: muestra de tamaño reducido de una colección de germoplasma en la cual se incluye el espectro de variabilidad genética de un cultivo con un mínimo de repeticiones.

ecogeográfico con el tipo de grano también fue utilizado para clasificar accesiones de maíz provenientes de Uruguay (Malosetti y Abadie, 2001).

Los distintos tipos (texturas) de grano: pipoca, duros, harinosos, dentados y dulces, se relacionan con distintas etapas en el proceso de domesticación del maíz (Goodman, 1976) así como con distintos usos del cultivo y preferencias de los agricultores (Paterniani y Goodman, 1977). Es probable que haya ocurrido una asociación entre la variable discreta tipo de grano y otras variables durante el proceso de domesticación del cultivo, lo que podría estar explicando la utilidad de este carácter en la clasificación del maíz (Gutiérrez et al., 2003).

1.3 Objetivos

1.3.1 Objetivo general

Estudiar la diversidad genética del maíz en la región para facilitar la conservación y utilización de las colecciones de germoplasma.

1.3.2 Objetivos específicos

a) Estudiar la distribución geográfica de las colecciones de maíz de Uruguay, Bolivia, Chile, Paraguay, Argentina y Brasil

b) Evaluar y mapear la diversidad genética del maíz en la región a través de la variable tipo de grano.

1.3.3 Justificación de los objetivos propuestos

Un mayor conocimiento de las colecciones de germoplasma, así como una mejora en la organización de la información, favorecen la conservación de la diversidad genética, haciéndola disponible para futuras generaciones. El proyecto permitirá contar con información sistematizada acerca de las colecciones de maíz de los distintos países y de la región en su conjunto. Esto permitirá un conocimiento más global de la variabilidad disponible, lo que ayudará en el establecimiento de objetivos de conservación adecuados. Además funcionará como un buen indicador de las necesidades de crecimiento y de dirección de búsqueda de nuevo germoplasma tanto para ser utilizado en los programas de mejoramiento como para enriquecer las colecciones existentes. Las actividades propuestas en los objetivos específicos facilitarán la tarea de curadores de bancos de germoplasma y de los mejoradores, los cuales se beneficiarán con esta nueva información.

1.4 Hipótesis de trabajo

Las colectas de accesiones de maíz no se distribuyen homogéneamente en el todo el Cono Sur de América del Sur.

La diversidad genética del maíz no se distribuye homogéneamente en todo el Cono Sur.

En las colecciones de maíz del Cono Sur existe correlación entre el origen ecogeográfico de las accesiones y algunas características de grano.

Las características cualitativas de grano permiten clasificar el germoplasma de maíz del Cono Sur que se encuentra depositado en las colecciones.

1.5 Materiales y Métodos

La mayor parte de las actividades de esta tesis se llevaron a cabo en el marco de un proyecto financiado por la Comisión Sectorial de Investigación Científica (CSIC) denominado: “Estudios de la diversidad genética del maíz para mejorar su conservación y utilización”, coordinado por el Dr. Tabaré Abadie durante los años 2003 y 2004 en el Departamento de Biología Vegetal de la Facultad de Agronomía (Universidad de la República).

1.5.1 Información sobre las accesiones

Las bases de datos utilizadas fueron los catálogos de recursos genéticos de maíz de Uruguay, Chile y Bolivia (Fernández *et al.*, 1983; Paratori *et al.*, 1990; Avila *et al.*, 1998). Los datos de las accesiones de Argentina y Paraguay fueron proporcionados por cooperadores de INTA y CRIA (Hourquescos *com pers.*, 2003 y Noldin *com pers.*, 2003). La información sobre las accesiones de Brasil proviene del BAG (Banco Activo de Germoplasma) de Embrapa Milho e Sorgo, y fue suministrada por Marilia Lobo Burle (*com pers.*, 2004). Se dispone de estos catálogos en formato electrónico.

Los catálogos son el producto de las actividades de caracterización y evaluación del germoplasma procedente de los distintos países, realizado en distintos momentos en sus regiones de origen. Son publicaciones donde se incluye información sobre la identificación y localización geográfica de las accesiones, que son los denominados datos de "pasaporte", cuyos descriptores son: el Identificador único, el número o nombre de la colección y el nombre del Banco de Germoplasma o institución donde la colección está almacenada, la primera y segunda división política del país, el lugar de colección con sus datos sobre latitud, longitud y altura sobre el nivel del mar. Además de los descriptores de pasaporte, también se incluyen descriptores morfológicos y agronómicos, tales como descriptores de mazorca y grano, de planta y panoja y correspondientes a plagas y enfermedades. Los catálogos también contienen una clasificación racial

de las accesiones, entendiéndose por raza: "un conjunto de individuos de maíz con suficientes características en común como para permitir su reconocimiento como grupo" (Anderson y Cutler, 1942).

El total de accesiones evaluadas por este proyecto es 7.680. La colección de Uruguay se compone de 852 accesiones; la de Chile de 898; Bolivia 601; Argentina 2.111; Paraguay 467 y Brasil 2.751.

1.5.2 Análisis geográfico

Para el estudio de la distribución geográfica de las accesiones se utilizó el programa DIVA-GIS (Hijmans *et al.*, 2001). Este es un programa de SIG desarrollado por el Centro Internacional de la Papa. Es específico para el manejo y análisis de bases de datos de bancos de germoplasma y herbario, y su objetivo principal es elucidar patrones genéticos, ecológicos y geográficos en la distribución de especies silvestres y cultivadas, así como mapear las localizaciones de las accesiones colectadas.

En primer lugar, se mapeó la distribución geográfica de las accesiones. Luego se mapeó la riqueza y diversidad genética presente en las colecciones de maíz para la variable discreta textura de grano.

Se realizaron análisis de diversidad en base a la ubicación geográfica (coordenadas) y atributos adicionales de los datos. Mediante el Programa DIVA-GIS se crea un *grid* (gradilla), lo cual consiste en dividir una determinada superficie en una serie de celdas de igual superficie. Luego se realizan los cálculos dentro de cada una de estas celdas. Se realizan análisis de Riqueza e Índices de Diversidad (Índice de Shannon) para la variable textura de grano.

1.5.3 Asignación de coordenadas geográficas

Para algunos países se contó con los datos de coordenadas geográficas (latitud y longitud) con un buen nivel de precisión: grados, minutos y segundos (para Paraguay y Brasil) y grados y minutos (para Bolivia y Argentina). Por otro lado, los catálogos de Chile y Uruguay presentan una baja precisión, contando únicamente con la información de grados. Esta variable depende de la fecha en la que fue realizada la colecta, ya que en algunos países como Paraguay, las colectas más recientes son más precisas; se realizaron expediciones de colecta en el año 1998, tomándose coordenadas mediante GPS, lo que otorga una precisión de segundos (Noldin com pers., 2003).

En el caso de Uruguay, dado que se contaba con información adicional de descripción de los sitios de colecta (CIMMYT, 1988), se procedió a realizar una asignación a posteriori de la ubicación geográfica de las accesiones. Al ser realizada de esta manera la asignación de coordenadas, la resultante es un valor

aproximado al sitio de colecta. Para realizar esta asignación se utilizaron tres fuentes de información: 1) listados de localidades con sus coordenadas geográficas (*gazetteer*) disponibles en internet en formato electrónico (GNS, 2003); 2) mapas de rutas nacionales en formato papel, donde se ubicaron intersecciones de rutas, centros poblados, etc; 3) mapa del mundo en formato digital Map Source (GARMIN Corp., 1999), donde se midieron los kilómetros sobre distintas rutas, así como localidades y centros poblados, entre otros.

En cuanto a los datos de Chile, para asignar las coordenadas geográficas con un mayor nivel de precisión que el que presentaba el catálogo, se procedió a ubicar coordenadas al nivel de las distintas localidades (o centros poblados). Se le asignó a cada localidad (centro poblado en algunos casos) un valor de latitud y longitud, lo cual mejoró la precisión con respecto al dato del catálogo. Para esto se utilizaron los listados de localidades con sus coordenadas geográficas (*gazetteer*) (GNS, 2003), así como mapas del país.

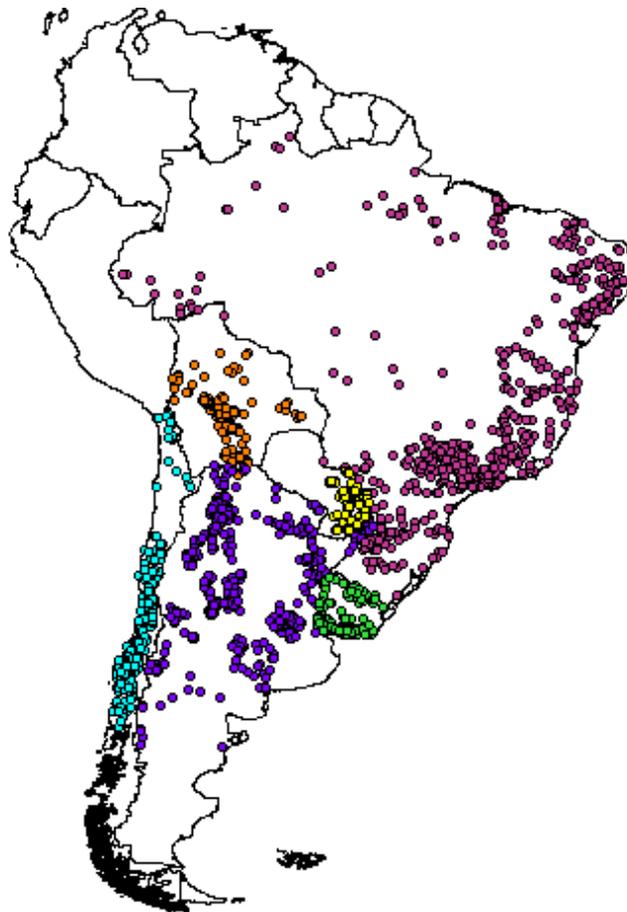
1.6 Resultados y Discusión

1.6.1 Mapa de las colecciones de germoplasma.

En la Figura 1 se observa el mapa de la región con la distribución geográfica de las accesiones que componen las colecciones de maíz de Uruguay, Bolivia, Chile,

Paraguay, Argentina y Brasil. Los puntos representan las ubicaciones geográficas correspondientes a los sitios de colecta de una o varias accesiones (dependiendo de cada caso particular).

Figura 1. Ubicación geográfica de los sitios de colecta de las colecciones de maíz de los países del Cono Sur de América.



La colección de Argentina se compone de accesiones que fueron colectadas desde el norte del país hasta la provincia de Chubut, al sur. Se detectan concentraciones de accesiones en las provincias de Jujuy, Salta, Catamarca, La Rioja, Misiones y Buenos Aires. En la colección boliviana las mayores concentraciones se producen en las regiones centro y sur (Cochabamba, Chuquisaca y Tarija). En cuanto a la colección de Brasil, se observa una concentración de accesiones en las regiones sureste, sur y noreste (estados de Sao Paulo, Minas Gerais; Río Grande do Sul y extremo noreste de Bahía, Alagoas, Pernambuco, Paraíba y Ceará). Chile presenta una concentración de accesiones en la zona central, abarcando las regiones de los Lagos, Araucanía, Bio Bio, Maule, Libertador General O' Higgins, Metropolitana de Santiago, Valparaíso, Coquimbo y Atacama. También se observan algunas accesiones en el norte, en la región de Tarapacá. Con respecto a la colección paraguaya, en un sector del país no se registran colectas (regiones de Alto Paraguay, Boquerón y Presidente Hayes). Hacia el este, el país se puede subdividir en cuatro regiones: norte (Concepción y San Pedro); centrosur (Caaguazu, Guaira, Paraguari, Caazapa y Misiones); noreste (Amambay y Canindeyu) y sureste (Alto Paraná e Itapua). En todos estos departamentos se observa una distribución relativamente uniforme de accesiones. En Uruguay, las accesiones se concentran en tres regiones fundamentalmente: los departamentos de Canelones y San José, al sur; Tacuarembó y Rivera, al noreste y Soriano y Colonia en el litoral oeste.

1.6.2 Diversidad genética de maíz.

A partir de los mapas de Riqueza e Índice de Shannon para la variable tipo de grano (Figuras 2 y 3), se observa la distribución de la diversidad genética del maíz.

Figura 2. Riqueza de tipos de grano de las colecciones de los países de la región.

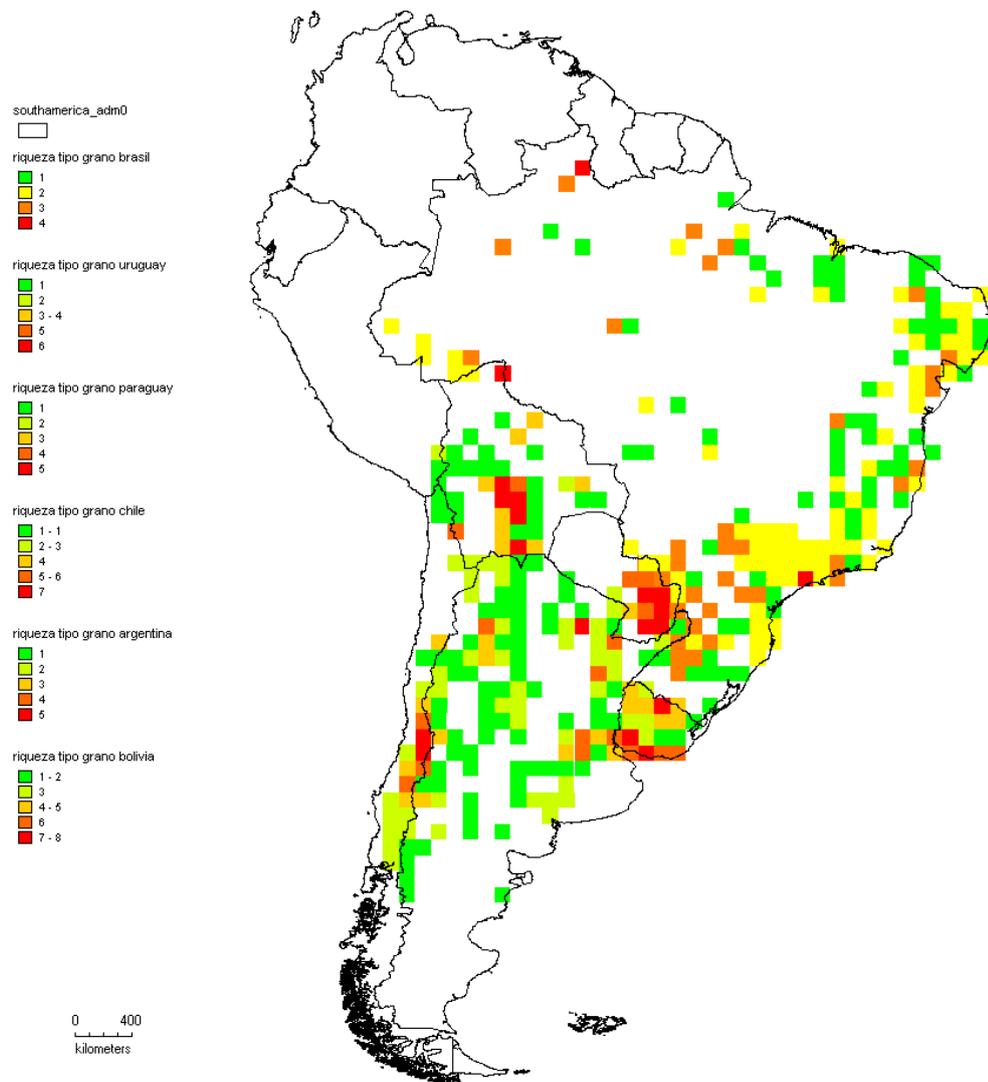
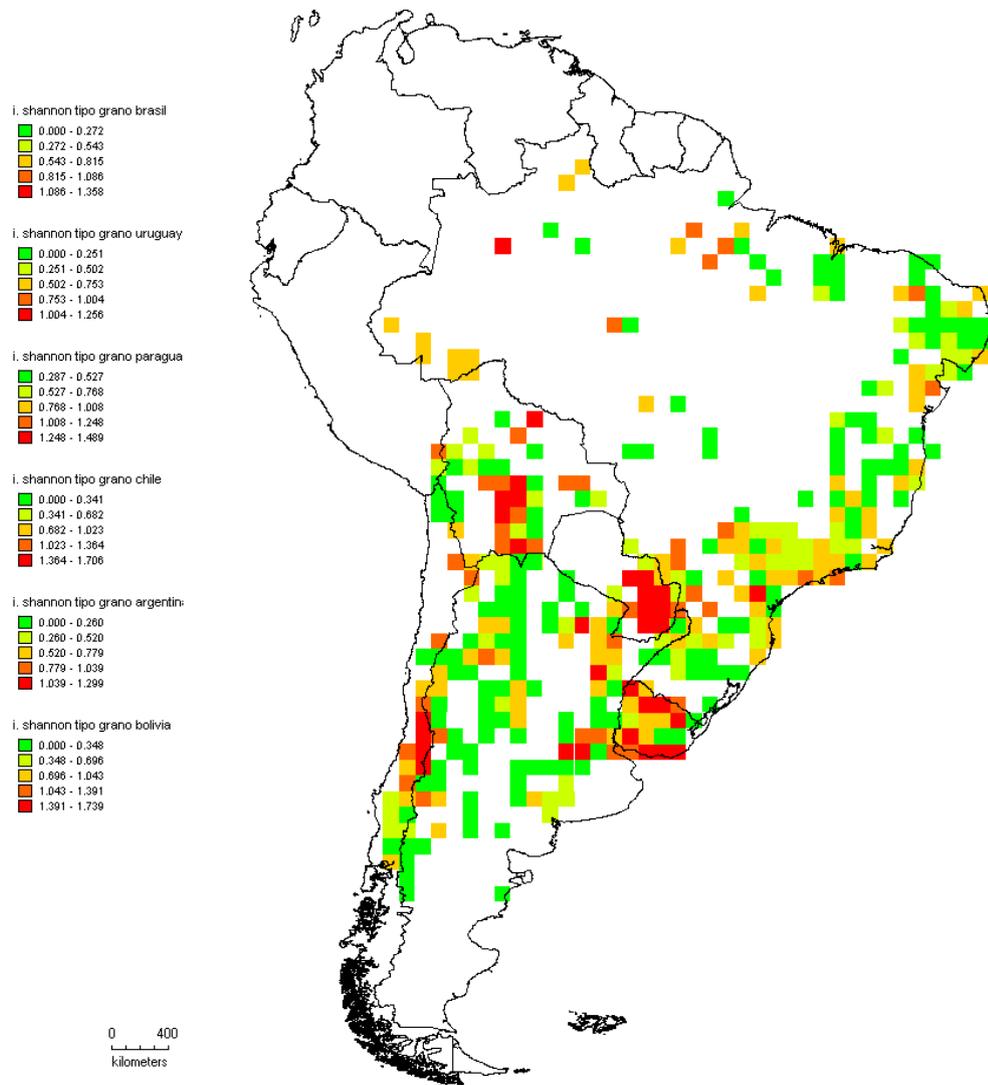


Figura 3. Índice de Shannon para la variable tipo de grano para las colecciones de los países de la región.



Las figuras muestran, por un lado, la dispersión geográfica de las accesiones que se encuentran conservadas en bancos de germoplasma. Estas colectas abarcan distintos rangos ecogeográficos y climáticos del Cono Sur de América. También se observa que existe diversidad genética en el maíz colectado, y que la misma presenta patrones de concentración.

En cuanto a la Riqueza y el Índice de Shannon para tipo de grano, el país que presenta mayores valores de Riqueza es Bolivia (registrándose un máximo de 8 tipos de grano diferentes); en este país se registra también el mayor Índice de Shannon (1.739). Al comparar con valores encontrados para las colecciones de otros países, Li *et al.* (2002) registran promedios de Índices de Shannon de 1.408 para países de América, 1.077 para Europa y 1.370 para “otros” que incluye países de Asia, África y Oceanía.

Posiblemente no exista una única explicación para los patrones de concentración de diversidad de tipos de grano. Tampoco es objetivo de este trabajo buscar una explicación causal a lo descripto, sin embargo se puede realizar una primera aproximación planteando que es altamente probable que incidan factores de índole agroclimático y socio-económico.

Las restricciones agroclimáticas determinan que algunos tipos de maíz se encuentren mejor adaptados a ciertas regiones, en muchos casos debido a muchos años de coevolución con las condiciones ecogeográficas predominantes.

Dentro de los factores socio-económicos existen muchas variables involucradas. En primer lugar, el tamaño de las explotaciones, registrándose relación en muchos casos entre la diversidad de maíces colectados con la presencia de predios de pequeños productores. A su vez el destino dado al grano por sus cultivadores es un gran determinante de los tipos encontrados en una región.

No se debe perder de vista el hecho que se está describiendo un escenario que se remonta, en la mayoría de los países, a la década del 70, cuando se realizaron estas colectas, previamente a la difusión comercial de los híbridos y los transgénicos. En algunos países las colectas son anteriores a esta fecha, de la década del 50. En la actualidad, en la mayor parte de estas regiones, los maíces más sembrados y comercializados son con destino animal, y a lo largo de grandes extensiones, verificándose de esta forma una disminución en la diversidad genética de los tipos tradicionales antiguamente sembrados. Esto tiene implicancias del punto de vista de la importancia de revalorizar aquellas regiones donde todavía existen usos diversos asociados a agriculturas de tipo tradicional, con miras a la conservación de este recurso.

Conocer las condiciones ambientales de los sitios donde han sido colectadas las muestras de germoplasma tiene una importancia fundamental, ya que generalmente estas condiciones se encuentran asociadas a patrones de variabilidad genética, y muchas veces reflejan procesos de adaptación a factores ambientales (Burle *et al.*, 2003). Mediante el uso de SIG es posible estimar las condiciones

ambientales de distintos sitios de colecta (retro-clasificación) (Steiner y Greene, 1996). Esta herramienta puede ayudar a conocer mejor la variabilidad genética de estas grandes colecciones, aportando información valiosa que permitirá utilizarlas más eficientemente en programas de mejoramiento (Burle *et al.*, 2003).

CAPITULO 2

2.1 Las colecciones núcleo como una herramienta para conservar la diversidad genética

Las colecciones de germoplasma de maíz, así como las de muchos otros cultivos, han tenido un importante aumento en tamaño, que no necesariamente ha sido acompañado por un adecuado conocimiento y uso de lo conservado (Frankel y Brown, 1984). Para mejorar el uso de las grandes colecciones de germoplasma, se ha propuesto el concepto de *Colección Núcleo* (Abadie, 2005). Una colección núcleo constituye una muestra de tamaño reducido de la colección, en la cual se incluye el espectro de variabilidad genética de un cultivo y sus especies emparentadas, con un mínimo de redundancia (Frankel y Brown, 1984).

El objetivo principal de establecer una colección núcleo es obtener una colección de tamaño reducido para utilizar de manera más eficiente los recursos destinados a la conservación y utilización de las colecciones de germoplasma. De esta forma,

se simplifican las tareas de conservación, caracterización y evaluación, intercambio y crecimiento de las colecciones, así como la búsqueda de nuevos caracteres de interés (Abadie, 2005).

Las colecciones núcleo han sido ampliamente aceptadas como una herramienta eficiente para mejorar la conservación y uso de las colecciones, lo que se refleja en el gran número de ellas que se han propuesto (Brown, 1995; Hamon *et. al.*, 1995; Basigalup *et. al.*, 1995; Ortiz *et. al.*, 1998; Cordeiro *et. al.*, 1999; Malosetti *et al.*, 2000; Malosetti y Abadie, 2001). A su vez, la FAO (1996) recomienda el uso de las colecciones núcleo como una de las actividades prioritarias para mejorar el uso de los recursos genéticos.

2.2 Colecciones núcleo de maíz en la Región

Desde el año 1997 en adelante, se han designado colecciones núcleo de maíz para Uruguay, Brasil, Chile, Bolivia, Argentina y Paraguay. Por un desarrollo en profundidad del tema, se refiere al lector al documento “Desarrollo de Colecciones Núcleo de Maíz en el Cono Sur de América Latina: Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, Paraguay y Uruguay”. (PROCISUR, 2005). En el citado documento, se recogen los resultados de un estudio sobre las colecciones núcleo de maíz en los países del Cono Sur.

En el caso particular de Argentina y Paraguay, en el año 2003, en el marco de la Red de Recursos Genéticos del Cono Sur (REGENSUR) del PROCISUR, se realizó un Taller en el Departamento de Biología Vegetal de la Facultad de Agronomía (Universidad de la República), en el cual se avanzó en la designación de las colecciones núcleo de estos países. El trabajo fue coordinado por el Dr. Tabaré Abadie, participando la Dra. Ana Berretta, investigadores de los dos países (INTA Pergamino, Argentina y Programa de Investigación Maíz, Sorgo y Girasol - CRIA/MAG, Capitán Miranda, Paraguay); y dos Ayudantes de Investigación del Departamento de Biología Vegetal. El Taller se planteó como objetivo designar las colecciones núcleo de maíz de Argentina y Paraguay, para mejorar la eficiencia en la manipulación del germoplasma conservado. Los resultados obtenidos fueron publicados, ver Hourquescos *et. al.* (2005) y Noldin *et. al.* (2005). En el marco del citado trabajo, se realizaron análisis de diversidad genética y de distribución geográfica de las accesiones, mediante sistemas de información geográfica.

2.3 Objetivos

2.3.1 Analizar la distribución geográfica de las colecciones núcleo propuestas para Argentina y Paraguay, comparándola con la de las colecciones base.

2.3.2 Estudiar la diversidad genética de las colecciones núcleo propuestas para Argentina y Paraguay, comparándola con la de las colecciones base.

2.4 Materiales y métodos

2.4.1 Universo de muestreo

En el caso de Argentina, la base de datos utilizada fue el Catálogo de Germoplasma de Maíz de Argentina de Solari, correspondiente al año 1997, aportado por Hourquescos com pers. (2003). Se consideraron en este estudio 2111 accesiones.

Para la designación de la colección núcleo de Paraguay se utilizaron 467 accesiones, aportadas por Noldin com pers. (2003).

2.4.2 Clasificación

Al clasificar las accesiones se busca ordenar la variabilidad, minimizando la variación dentro de grupos y maximizando la variación entre grupos. En maíz las clasificaciones más utilizadas son realizadas teniendo en cuenta aspectos geográficos y de tipo de grano. Estos criterios fueron utilizados para desarrollar las colecciones núcleo de Brasil (Abadie *et. al.*, 1999), Chile (Abadie *et. al.*, 2001)

y Uruguay (Malosetti y Abadie, 2001). En el caso de la colección núcleo de Argentina, también se utilizaron estos dos criterios. El país fue subdividido en 6 regiones que presentan características agroclimáticas similares. En cuanto a tipo de grano, se clasificaron las diferentes razas de maíz de Argentina en 6 grupos: dulce, harinoso, dentado, cristalino, reventón y miscelánea.

Cuadro 1. Clasificación de Argentina según zonas agroclimáticas.

Zona	Provincias
Pampeana	Santa Fe, Córdoba, La Pampa, Buenos Aires
Mesopotamia	Entre Ríos, Corrientes, Misiones
Noreste	Chaco, Formosa
Noroeste	Salta, Catamarca, Jujuy, Tucumán, Sgo. del Estero
Cuyo	San Luis, San Juan, Mendoza
Patagonia	Río Negro, Chubut, Santa Cruz

En el caso de Paraguay, las accesiones fueron clasificadas siguiendo los criterios origen geográfico y tipo de grano. Para definir las zonas ecogeográficas, se tuvieron en cuenta características de suelo y clima. Se consideró la Region Oriental, por ser en esta donde se encuentra alrededor del 99% de la superficie cultivada de maíz (Salhuana y Machado, 1999, citado por Noldin *et. al.*, 2005). En este estudio se establecieron 4 zonas: Noreste, Noroeste, Centro sur y Sureste.

Para el criterio tipo de grano, se contemplaron cuatro texturas diferentes: amiláceo, cristalino, dentado y reventón (Noldin *et. al*, 2005).

Cuadro 2. Clasificación de Paraguay según zonas agroclimáticas.

Zona	Departamentos
Norte	Concepción, San Pedro
Noroeste	Amambay, Canindeyú
Centro sur	Caaguazú, Caazapá, Guairá, Misiones,Paraguari
Sureste	Alto Paraná, Itapúa

2.4.3 Tamaño de la muestra

Una muestra de aproximadamente 10% de la colección base puede tener buenos niveles de retención de variabilidad (Abadie, 2005). En el caso de la colección argentina, se seleccionaron 191 accesiones (9,1% de la colección base) para conformar la colección núcleo.

Para la colección núcleo de Paraguay, se seleccionó un tamaño de muestra de 48 accesiones (10.3% de la colección base).

2.4.4 Estrategia de asignación entre clases

El peso relativo de cada uno de los grupos se asignó mediante la estrategia logarítmica en ambos casos.

2.4.5 Selección de accesiones dentro de clases

Las accesiones seleccionadas deben ser aquellas que mejor representen los distintos grupos (Abadie, 2005). A través del análisis geográfico, se buscó maximizar la dispersión geográfica de las accesiones que forman parte de la colección núcleo. A su vez, se incluyeron poblaciones que se consideró debían estar representadas por ser de interés por presentar distintos caracteres (por ejemplo resistencia a enfermedades, características deseables de calidad, entre otras). Al menos una accesión por raza dentro de cada accesión fue seleccionada.

En la selección de accesiones de Paraguay, se tuvieron en cuenta los siguientes criterios: a) las accesiones debían ser típicas de cada raza; b) las mismas se debían encontrar bien dispersas dentro de cada zona; c) se incluyeron accesiones de todas las razas presentes en cada zona; y d) se debían encontrar duplicadas en por lo menos uno de los Bancos de Germoplasma del CIMMYT o NCGRP.

2.4.6 Verificación

Para verificar la representatividad de la colección núcleo obtenida, se compararon los índices de Shannon de la diversidad fenotípica y la distribución geográfica de las accesiones de la colección base y la colección núcleo.

2.5 Resultados y Discusión

En las Figuras 4 y 5 se observa la distribución de las accesiones de la colección base y de la colección núcleo de Argentina. Se verifica que las accesiones abarcan un amplio espectro de dispersión geográfica.

Figura 4. Mapa de distribución geográfica de las accesiones de la colección base de Argentina.

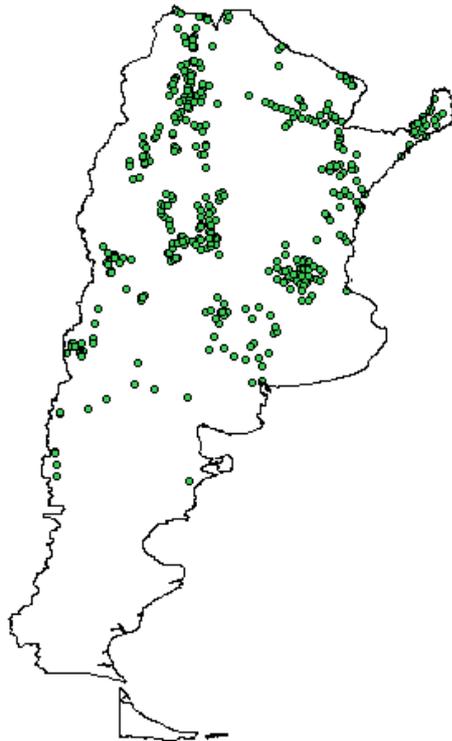
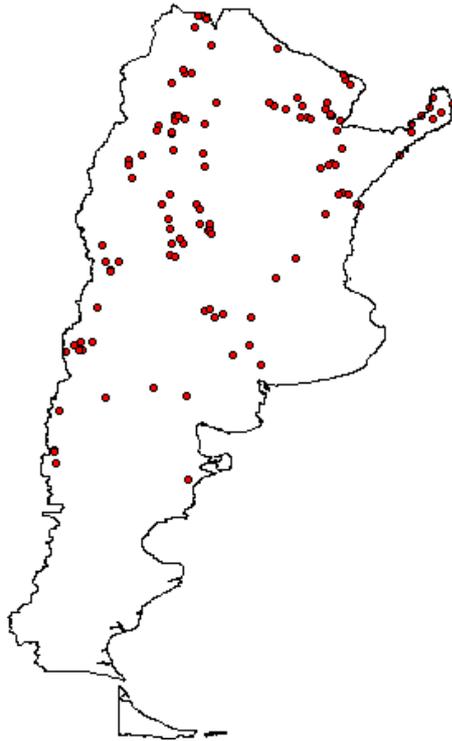


Figura 5. Mapa de distribución geográfica de las accesiones de la colección núcleo de Argentina.



Al comparar los Índices de Shannon, se observa que estos fueron superiores en la colección núcleo para todas las regiones exceptuando la Noreste, lo cual refleja que en la colección núcleo se estaría manteniendo la variabilidad de la colección base.

Cuadro 3. Índice de Shannon según zona para la colección base y la colección núcleo de Argentina

Región	I. Shannon CB	I. Shannon CN
Pampeana	0.472	0.519
Mesopotamia	0.468	0.612
Noroeste	0.442	0.555
Noreste	0.931	0.727
Cuyo	0.535	0.555
Patagonia	0.226	0.428

En las Figuras 6 y 7 se representa la distribución geográfica de las accesiones que forman parte de la colección base y la colección núcleo de Paraguay, respectivamente. Se aprecia que las accesiones seleccionadas se encuentran ampliamente distribuidas en cada zona.

Figura 6. Mapa de distribución geográfica de las accesiones de la colección base de Paraguay.

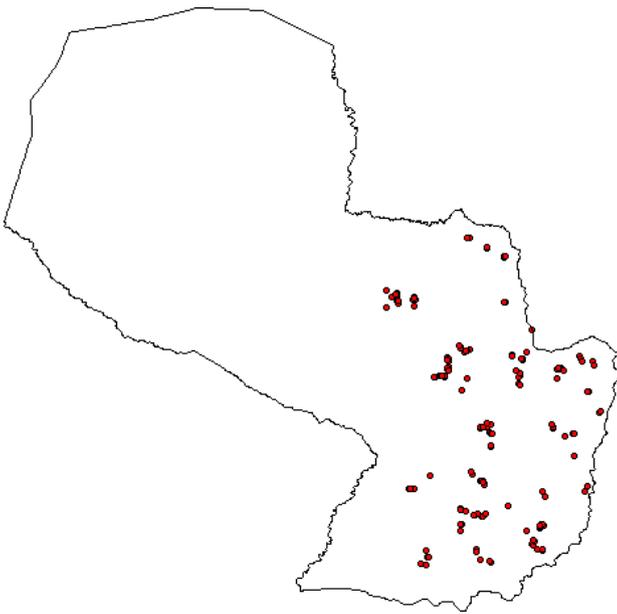
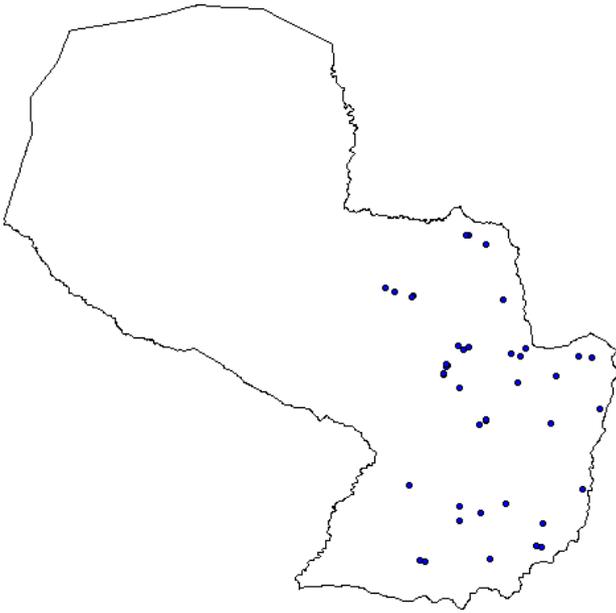


Figura 7. Mapa de distribución geográfica de las accesiones de la colección núcleo de Paraguay.



Los índices de Shannon de la colección núcleo fueron superiores a la colección base en todas las zonas.

Cuadro 4. Índice de Shannon según zona para la colección base y la colección núcleo de Paraguay

Región	I. Shannon CB	I. Shannon CN
Noroeste	1.68	1.99
Centro sur	1.82	2.11
Noreste	1.91	2.15
Sureste	1.58	2.02

Las colecciones núcleo designadas representan una amplia porción de la diversidad genética del maíz de ambos países. A partir de ellas, es posible realizar una búsqueda de caracteres de interés para programas de mejoramiento, con un menor costo, así como intercambiar materiales con otras instituciones. A su vez, un menor número de accesiones facilita la evaluación y caracterización preliminar por características agronómicas, de calidad o sanitarias. También permiten identificar duplicaciones en el material conservado, o áreas escasamente representadas dentro de la colección (Abadie, 2005).

CAPITULO 3

3.1 Conclusiones principales

Las colecciones de germoplasma de maíz de los países del Cono Sur de América presentan una amplia dispersión geográfica, abarcando rangos ecogeográficos muy diversos. Estas colecciones contienen una importante diversidad genética, lo que se demuestra por la riqueza y diversidad de tipos de grano y razas presentes. Se postula como altamente probable que incidan factores de índole agroclimático y socio-económico en la distribución de la diversidad genética del maíz.

Al integrar el conocimiento sobre las condiciones ambientales de los sitios de colecta, con el conocimiento de la variabilidad genética de las colecciones, es posible utilizar más racionalmente las colecciones, y se contribuye al establecimiento de objetivos de conservación adecuados.

Esta tesis aporta información para conocer más globalmente la variabilidad genética disponible en las colecciones de germoplasma, contribuyendo a un mejor acceso y utilización de las mismas. El aumento en el conocimiento de la variabilidad genética y la posibilidad de contar con documentación completa y actualizada fomenta el uso del germoplasma en los distintos programas de mejoramiento, pudiéndose utilizar para desarrollar nuevos genotipos (adaptados a determinadas condiciones ambientales, resistentes a plagas y enfermedades, con

mayor rendimiento o calidad). En particular, el grupo de los *Catetos* (maíces amarillos y anaranjados originarios del sur de Brasil hasta Argentina) tiene perspectivas interesantes para ser utilizado en programas de mejoramiento, ya que sus granos de textura dura, con mayores contenidos de proteínas y carotenos que otros maíces, presentan calidad superior a otros tipos. Por otra parte, a través de una mayor diversificación de cultivares es posible prevenir riesgos de vulnerabilidad genética, fomentando el desarrollo de una agricultura sostenible.

Esta tesis también apoya la tarea de designar las colecciones núcleo de Argentina y Paraguay. A través de las mismas se pretende facilitar el uso de las colecciones, al tiempo que dinamizar el intercambio de germoplasma, facilitando emprendimientos regionales.

Con este trabajo se intenta a su vez difundir el valor estratégico de los recursos fitogenéticos, las ventajas de su conservación y uso en las actividades productivas y los riesgos de la erosión genética. Es ampliamente conocido que las razas indígenas encierran una gran diversidad, y que las mismas están siendo reemplazadas por híbridos, perdiéndose también en muchos casos tradiciones indígenas de cultivo. Es de gran importancia revalorizar aquéllas regiones donde todavía existen usos diversos asociados a agriculturas de tipo tradicional.

3.2 Investigación futura

En base a los resultados obtenidos, se plantean algunas posibles propuestas de trabajo a futuro:

- Una propuesta sería realizar análisis de correlaciones entre la diversidad genética y determinadas variables ambientales (se sugiere con tipos de suelo o patrones de precipitación).
- La caracterización genética de las variedades criollas es una herramienta que se ha comenzado a utilizar en años recientes, reportándose diversos trabajos que utilizan marcadores moleculares como un método útil para monitorear la diversidad genética (Barcaccia *et al.*, 2003). El presente trabajo podría ser complementado con el uso de marcadores RFLP, o basados en PCR, por ejemplo.
- Sería importante financiar nuevos proyectos de bioprospección de variedades locales que aún están siendo cultivadas, para relevar la diversidad genética existente y aumentar la diversidad disponible. Una posibilidad sería realizar comparaciones entre la situación actual y la situación al momento de las colectas.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abadie, T., Magalhaes, J.R., Cordeiro, C.T., Parentoni, S., de Andrade, R. 1998. A classification for Brazilian maize landraces. *Plant Genetic Resources Newsletter* 114: 43-44.
- Abadie, T., Magalhaes, J.R., Parentoni, S., Cordeiro, C.T., de Andrade, R. 1999. The Core Collection of Maize Germplasm of Brazil. *Plant Genetic Resources Newsletter* 117: 55-56.
- Abadie, T., Pezoa, A., Cubillos, A., Paratori, O. y León, P. 2001. Clasificación de germoplasma de maíz de Chile para desarrollar una colección núcleo. In: III Simposio de Recursos Genéticos para América Latina y el Caribe. Pp. 619-620. Londrina, SP, Brasil.
- Abadie, T. 2005. ¿Cómo se desarrolla una colección núcleo? In: Desarrollo de Colecciones Núcleo de Maíz en el Cono Sur de América Latina: Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, Paraguay y Uruguay. Abadie, T. y Berreta, A. (coord.), Suarez, R. (ed.). Serie Documentos. REGENSUR. PROCISUR/IICA. Montevideo, Uruguay.
- Afonin, J., Greene, S.L. 1999. Germplasm collecting using modern GIS technologies: directions explored by the Vavilov institute. In *Linking Genetic Resources and Geography: Emerging Strategies for Conserving and Using Crop Biodiversity*. Greene, S.L., Guarino, L. (eds). American Society for Agronomy. Special Publication 27. ASA, CSSA and SSSA, Madison, Wisconsin
- Anderson, E., Cutler, H.C. 1942. Races of *Zea mays*: I. Their recognition and classification. *Ann. Mo. Bot. Gard.* 29:69-89.
- Avila, G., Guzmán, L., Céspedes, M. 1998. Catálogo de recursos genéticos de maíces bolivianos conservados en el banco de germoplasma del Centro de Investigaciones Fitoecogenéticas de Pairumani. Centro de Investigaciones Fitoecogenéticas de Pairumani. Cochabamba, Bolivia. 208 pp.
- Basigalup, D.H., Barnes, D.K., Stucker, R.E. 1995. Development of a core collection for perennial *Medicago* plant introductions. *Crop Sci.* 35:1163-1168.
- Berretta, A. 2005. In: Desarrollo de Colecciones Núcleo de Maíz en el Cono Sur de América Latina: Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, Paraguay y Uruguay. Abadie, T. y Berreta, A. (coord.), Suarez, R. (ed.). Serie Documentos. REGENSUR. PROCISUR/IICA. Montevideo, Uruguay. P7.
- Brieger, F.G., Gurgel, J.T.A., Paterniani, E., Blumenschein, A., Alleoni, M.R. 1958. Races of maize in Brazil and other Eastern South American Countries. *Nat. Acad. Sci. - Nat. Res. Council Publication N° 593*. 283 pp.
- Brown, A.H.D. 1995. The core collection at the crossroads. In: Hodgkin, T., Brown, A.H.D., Hintum, T.J.L., van, Morales E.A.V. (eds.). *Core Collections of plant genetic resources*. John Wiley and Sons, New York.
- Burle, M.L., Abadie, T., das Neves Alves, R.B., de Andrade, R.V. 2002. Análise geográfica da coleção de germoplasma de milho em SIG: distribuição da diversidade e aplicação de descritores ecológicos. Resumo Expandido XXIV Congresso Nacional de Milho e Sorgo - 01 a 05 de setembro de 2002 - Florianópolis – SC.
- Burle, M.L., Torres Cordeiro, C. M., Fonseca, J.R., Palhares de Melho, L.A. M., das Neves Alves, R.B., Abadie, T. 2003. Characterization of germplasm according to environmental conditions

- at the collecting site using GIS- two case studies from Brazil. *Plant Genetic Resources Newsletter*, 2003, N°135:1-11.
- CIMMYT. 1988. Maize Germplasm Bank Inquiry System. Versión en CD-ROM. CIMMYT, Mexico.
- Cordeiro, C.M.T., Morales, E.A.V., Ferreira, P., Rocha, D.M.S., Costa, I.R.S., Valois, A.C.C., Silva, S. 1995. Towards a Brazilian core collection of cassava. pp. 155-167. *In* Core Collections of plant genetic resources. Core collections of plant genetic resources. Hodgkin, T., Brown, A.H.D., van Hintum, T.J.L., Morales, E.A.V. (Eds) John Wiley & sons, New York.
- Cordeiro, C.M.T., Abadie, T., Fukuda, W.M.G., Barreto, J.F., Burle, M.L., Cardoso, E.R., Cavalcanti, J., Costa, I.R.S., Fialho, J.F., Magalhaes, J.R., Marshalek, R., Rocha, D.M.S., Valle, T.L. 1999. The Brazilian core collection of cassava. Pp 102-110. *In*: Carvalho, L.J.C.B., Thro, A.M., Vilarinhos, A.D. (eds.) *Cassava Biotechnology: IV International Scientific Meeting – CBN*. Brasilia: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnología/CBN, 2000. 626 p.
- Damania, A.B., Pecetti, L., Quaset, C.O., Humeid, B.O. 1999. Diversity and geographic distribution of adaptive traits in *Triticum turgidum* L (durum group), wheat landraces from Turkey. *Genetic Resources and Crop Evolution* 43:409-422.
- DIEA, 2010. Encuesta Agrícola Invierno 2009. Serie Encuestas 279, MGAP 42 p.
- Doebley, J.F., Goodman, M.M., Stuber, C.W. 1985. Isozyme variation in the races of maize of Mexico. *American Journal of Botany* 72:629-39.
- Dowswell, C.R., Paliwal, R.L., Cantrell, R.P. 1996. *Maize in the Third World*. Westview Press, Inc. Boulder, Colorado. 268 pp.
- FAO. 1996. The State of the World's Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. International Technical Conference on Plant Genetic Resources. Leipzig, Germany. 17-23 June, Rome, Italy.
- Fernández, G., Frutos, E., Maiola, C. 1983. Catálogo de Recursos Genéticos de Maíz de Sudamérica-Uruguay. E.E.R.A. - Pergamino INTA CIRF. Pergamino, Argentina.
- Frankel, O.H., Brown, A.H.D., Burdon, J.J. 1995. *The conservation of Plant Biodiversity*. Cambridge University Press, UK. 299 pp.
- Frankel, O.H., Brown A.H.D. 1984. Plant genetic resources today: a critical appraisal. *In*: Crop genetic resources: conservation and evaluation. Holden J.H.W. and Williams J.T. (eds.). Pp. 249-257. George Allen and Unwin, London.
- Galeano, P.; Martínez Debat, C.; Ruibal, F.; Franco, L., Galván, G. 2010. Transgenic and non-transgenic maize crops in Uruguay [submitted]. *Environmental Biosafety Research*, 2010
- Galinat, W.C. 1979. Botany and origin of maize. *In* Maize. CIBA-GEIGY AGROCHEMICALS. Technical Monograph. CIBA-GEIGY Ltd., Basle, Switzerland. Pp 6-12.
- GARMIN Corp. 1999. MapSource version 3.02
- GEM. 2003. Germplasm Enhancement of Maize. <http://www.public.iastate.edu/~usdagem/index.htm> (Consultado 5/09/11).
- Gepts, P. 1998. What can molecular markers tell us about the process of domestication in common

- bean? pp 198-209. *In* The origins of crop adaptation. Damania AB, Valkoun J, Willcox G, Qualset CO (eds.) ICARDA Aleppo Syria, 345p.
- Gimenes, M.A., Lopes, C.R. 2000. Isoenzymatic variation in the germplasm of Brazilian races of maize (*Zea mays* L.) Genet. Mol. Biol. vol. 23 n. 2
- GNS. 2003. (Geonet Names Server) <http://164.214.2.59/gns/html/index.html>
- Goodman, M.M. 1976. Maize. (*Zea mays* Gramineae-Maydeae). *In*: N. W. Simmonds (ed.). Evolution of crop plants. Longman Scientific and Technical. New York, USA. 339 p.
- Greene, S.L., Hart, T. 1996. Plant genetic resource collections: an opportunity for the evolution of global data sets. *In* Third International Conference/Workshop on Integrating GIS and Environmental Modeling CD-ROM. Enero 21-25, 1996. Santa Fe, New Mexico, USA http://www.ncgia.ucsb.edu/conf/SANTA_FE_CD-ROM
- Guarino, L., Ramanatha Rao, V., Reid, R. 1995. Collecting Plant Genetic Diversity. Technical Guidelines. Cambridge University Press. Cambridge, U.K.
- Guarino, L., Maxted, Sawkins. 1999. Linking genetic resources and geography: emerging strategies for conserving and using crop biodiversity. *In* Linking Genetic Resources and Geography: Emerging Strategies for Conserving and Using Crop Biodiversity. Greene, S.L., Guarino L, (eds). American Society for Agronomy. Special Publication 27. ASA, CSSA and SSSA, Madison, Wisconsin
- Gutiérrez, L. Franco, J., Crossa, J., Abadie, T. 2003. Comparing a Preliminary Racial Classification with a Numerical Classification of the Maize Landraces of Uruguay. *Crop Sci.* 43:718-727.
- Hamon, S., Dussert, S., Noirot, M., Anthony, F., Hodgkin, T. 1995. Core collections – accomplishments and challenges. *Plant Breeding Abstracts*. Vol. 65, N° 8.
- Hamrick, J.L., Godt, M.J. 1990. Allozyme diversity in plant species. *In* Plant population genetics, breeding, and genetic resources. Brown, A.H.D., Clegg, M.T., Kahler, A.L., Weir, B.S. (Eds.) Sinauer associates Inc. Sunderland, Massachusetts. Pp 43-63.
- Hawkes, J. 1990. What are genetic resources and why should they be conserved? *In* Conserving and managing our genetic resources. Moore, H. (Ed.) UNESCO, UK. pp 97-106.
- Hijmans, R.J., Cruz, M., Rojas, E., Guarino, L., Franco, T.L. 2001. Diva-GIS versión 1.4. Un Sistema de Información Geográfico para el manejo y análisis de datos sobre Recursos Genéticos. Manual. Centro Internacional de la Papa, Lima, Perú.
- Hourquescos, M.J., M. Ferrer, R. Suárez, M. Vilaró, T. Abadie. 2005. Colección Núcleo de Argentina. *In* Desarrollo de Colecciones Núcleo de Maíz en el Cono Sur de América Latina: Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, Paraguay y Uruguay. Abadie, T. y Berreta, A. (coord.), Suarez, R. (ed.). Serie Documentos. REGENSUR. PROCISUR/IICA. Montevideo, Uruguay. pp.59-64.
- Jana, S., Singh, K. 1993. Evidence of geographical divergence in Kabuli Chickpea from germplasm evaluation data. *Crop Sci* 33:626-632.
- Jiménez Díaz, R.M. 2002. Agricultura sostenible para satisfacer el reto medioambiental de la producción agrícola. Jornada temática “Aspectos medioambientales de la agricultura”. Madrid, julio de 2002. *In*:

http://www.libroblancoagricultura.com/libroblanco/jtematica/aspectos_medioamb/ponencias/pdf/jdiaz.pdf (Consultada setiembre 2011)

- Jones, P.G., Beebe, S.E., Thome, J., Galwey, N.W. 1997. The use of geographical information systems in biodiversity exploration and conservation. *Biodiversity and Conservation* 6:947-958.
- LAMP. 1997. Final report. Latin American Maize Project. Salhuana, W., Sevilla, R., Eberhart, S.A. (Eds.). 147 pp.
- Li, Y., Shi, Y.S., Cao, Y.S., Wang, T.Y. 2002. A phenotypic diversity analysis of maize germplasm preserved in China. *Maydica* 47:107-114.
- Malosetti, M., Abadie, T., German, S. 2000. Comparing strategies for selecting a core subset for the Uruguayan barley collection. *Plant Genetic Resources Newsletter*, N° 121:20-26.
- Malosetti, M., Abadie, T. 2001. Sampling strategy to develop a core collection of Uruguayan maize landraces based on morphological traits. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 48:381-390.
- Matsuoka, Y., Vigouroux, M., Goodman, M., Sánchez, J., Buckler, E., Doebley, J. 2002. A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 99:6080-6084.
- McClintock, B., T. Kato y A. Blumenschein. 1981. *Chromosome Constitution of Races of Maize. Its Significance in the Interpretation of Relationships Between Races and Varieties in the Americas*. Colegio de Posgraduados, Chapingo, Mexico.
- Noldin, O., M. Vilaró, R. Suárez, T. Abadie. 2005. Colección Núcleo de Paraguay. In *Desarrollo de Colecciones Núcleo de Maíz en el Cono Sur de América Latina: Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, Paraguay y Uruguay*. Abadie, T. y Berreta, A. (coord.), Suarez, R. (ed.). Serie Documentos. REGENSUR. PROCISUR/IICA. Montevideo, Uruguay. pp.69-76.
- NWGIS. 2002. Geographic Information Systems. <http://www.nwgis.com/gisdefn.htm>
- Ortiz, R., Ruiz-Tapia, E.N., Mujica-Sánchez, A. 1998. Sampling strategy for a core collection of Peruvian quinoa germplasm. *Theor. Appl. Genet.* 96:475-483.
- Paratori, O., Sbarbaro, H., Villegas, C. 1990. Catálogo de recursos genéticos de maíz de Chile. *Boletín Técnico* 165. INIA. Santiago, Chile.
- Paterniani, E., Goodman, M.M. 1977. Races of maize in Brazil and adjacent areas. México, CIMMYT. 95 pp.
- Paterniani, E., Lourenço Nass, L., dos Santos, M.X. 2000. O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil. Uma abordagem histórica da utilização do germoplasma. In *Uma história brasileira do milho - o valor dos recursos genéticos*. Villafañe Udry, C., Duarte, W. (org.) Brasília: Paralelo 15, 2000. pp 11-41.
- PROCISUR. 2005. *Desarrollo de Colecciones Núcleo de Maíz en el Cono Sur de América Latina: Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, Paraguay y Uruguay*. Abadie, T. y Berreta, A. (coord.), Suarez, R. (ed.). Serie Documentos. REGENSUR. PROCISUR/IICA. Montevideo, Uruguay. 90 Pp.
- Spagnoletti Zeuli, P.L., Qualset, C.O. 1987. Geographical diversity for quantitative spike characters

- in a world collection of durum wheat. *Crop Sci.* 27:235-241.
- Steiner, J.J., Greene S.L. 1996. Proposed ecological descriptors and their utility for plant germplasm collections. *Crop Science* 36:439–451.
- Steiner, J.J. 1999. Exploring the relationship of plant genotype and phenotype to ecogeography. In *Linking Genetic Resources and Geography: Emerging Strategies for Conserving and Using Crop Biodiversity*. Greene S L, Guarino L, (eds). American Society for Agronomy. Special Publication 27. ASA, CSSA and SSSA, Madison, Wisconsin
- Sturtevant, E. 1899. Varieties of corn. U. S. Dept. Agr. Office Exp. Sta. Bull. 57:19pp.
- Thome, J., Jones, P., Beebe, S., Iwanga, M. 1995. The combined use of agroecological and characterization data to establish the CIAT *Phaseolus vulgaris* collection. In *Core collections of plant genetic resources*. Hodgkin, T.; Brown, A.H.D; van Hintum T.J.L; Morales, E.A.V. (Eds.). John Wiley and Sons, New York. pp 95-107.
- Valente, E.S.D.S., Gimenes, M.A., Lopes, C.R. 1999. Variabilidade isoenzimática em oito raças de milho. *Bragantia* vol. n. 1. pp 29-31.
- van Hintum, T.J.L. 1994. Drowning in the Genepool, managing genetic diversity in genebank collections. Thesis, Swedish University of Agricultural Sciences, Department of Plant Breeding Research, S-268 31 Svalöv, Sweden. 33 pp.
- van Hintum, T.J.L. 1995. Hierarchical approaches to the analysis of genetic diversity in crop plants. pp 23-34. In *Core Collections of plant genetic resources*. Hodgkin, T., Brown, A.H.D., van Hintum, T.J.L., Morales, E.A.V. (Eds). John Wiley & sons, New York.
- Vaz Patto M.C., Alves, M.L., Almeida, N.F., Santos, C., Mendes Moreira, P., Satovic Z, Brites, C. 2009. Is the bread making technological ability of Portuguese traditional maize landraces associated with their genetic diversity? *Maydica* 54: 279-311
- Vigouroux, Y., Glaubitz, J. C., Matsuoka, Y., Goodman, M., Sánchez, J., Doebley, J. 2008. Population structure and genetic diversity of New World maize races assessed by DNA microsatellites. *American Journal of Botany* 95(10):1240-1253.