



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS



FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS

Cuernavaca, Morelos, 16 de diciembre de 2020.

Asunto: Voto Aprobación de Tesis.

MTRO. JESÚS EDUARDO LICEA RESÉNDIZ
DIRECTOR DE LA FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS.
P R E S E N T E.

Por medio del presente informo a usted que después de revisar el trabajo de tesis titulado: **“DIVERGENCIA MORFO-GENÉTICA ENTRE LÍNEAS ENDOGÁMICAS DE MAÍZ Y FORMACIÓN DE VARIEDADES SINTÉTICAS TOLERANTES A SEQUÍA”** que presenta: **M. C. MARÍA DE LOS ÁNGELES ACEVEDO CORTÉS**, mismo que fue desarrollado bajo mi dirección y que servirá como requisito parcial para obtener el grado de **Doctor en Ciencias Agropecuarias y Desarrollo Rural**, lo encuentro satisfactorio, por lo que emito mi **VOTO DE APROBACIÓN** para que la alumna continúe con los trámites necesarios para presentar el examen de grado correspondiente.

Sin más por el momento y agradeciendo de antemano su valiosa colaboración, quedo de usted.

Atentamente
Por una humanidad culta
Una universidad de excelencia

DR. ANTONIO CASTILLO GUTIÉRREZ
Comité Evaluador

C.i.p. Archivo

Av, universidad 1001 Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos, México 62209
Tel (777)3297046, 3297000 Ext. 3304. fagropecuarias@uaem.mx





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS

Se expide el presente documento firmado electrónicamente de conformidad con el ACUERDO GENERAL PARA LA CONTINUIDAD DEL FUNCIONAMIENTO DE LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS DURANTE LA EMERGENCIA SANITARIA PROVOCADA POR EL VIRUS SARS-COV2 (COVID-19) emitido el 27 de abril del 2020.

El presente documento cuenta con la firma electrónica UAEM del funcionario universitario competente, amparada por un certificado vigente a la fecha de su elaboración y es válido de conformidad con los LINEAMIENTOS EN MATERIA DE FIRMA ELECTRÓNICA PARA LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE ESTADO DE MORELOS emitidos el 13 de noviembre del 2019 mediante circular No. 32.

Sello electrónico

ANTONIO CASTILLO GUTIERREZ | Fecha:2021-01-13 19:48:26 | Firmante

0hPg1WJXGv2QQpkcVpiVS/IDDBIPqrGNUeGdw9At0Mz4V3+x/o/bQbdZ44mrgsTa5OqhaWN40IWknUUx3QGRpQ0k1vMRsBVApo/w8QQuoA0qYVhCMGRcG4LzTvieuK+Q+h6EZSj5beOh9tHhsW04iyvCRsqZtsWWXcVKJyBaPbMieDz1WlxBDcriXITUe6jc468sb7IfG5u1W8rdkY88Mxouo2a+/ubGCjzxiIB8M/YyWq6cjj4vjAobO6xWjwkFjWuKFkE1BjxDI
MpAZgD8ukRjyq6wsmZTKjTQdmkxhKfsYI/PRzkmgzP6RohaMibmrJ0Dsb6kkw80e3QpNyFw==

Puede verificar la autenticidad del documento en la siguiente dirección electrónica o
escaneando el código QR ingresando la siguiente clave:



YpK2Jq

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/czZpqR8OID3hTveNXW26Qy7NxZtuXwBU>





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS



FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS

Cuernavaca, Morelos, 16 de diciembre de 2020.

Asunto: Voto Aprobación de Tesis.

MTRO. JESÚS EDUARDO LICEA RESÉNDIZ
DIRECTOR DE LA FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS.
P R E S E N T E.

Por medio del presente informo a usted que después de revisar el trabajo de tesis titulado: **“DIVERGENCIA MORFO-GENÉTICA ENTRE LÍNEAS ENDOGÁMICAS DE MAÍZ Y FORMACIÓN DE VARIEDADES SINTÉTICAS TOLERANTES A SEQUÍA”** que presenta: **M. C. MARÍA DE LOS ÁNGELES ACEVEDO CORTÉS**, mismo que fue desarrollado bajo la dirección del **DR. ANTONIO CASTILLO GUTIÉRREZ** y que servirá como requisito parcial para obtener el grado de **Doctor en Ciencias Agropecuarias y Desarrollo Rural**, lo encuentro satisfactorio, por lo que emito mi **VOTO DE APROBACIÓN** para que la alumna continúe con los trámites necesarios para presentar el examen de grado correspondiente.

Sin más por el momento y agradeciendo de antemano su valiosa colaboración, quedo de usted.

Atentamente
Por una humanidad culta
Una universidad de excelencia

DRA. MARÍA EUGENIA NÚÑEZ VALDEZ
Comité Evaluador

C.i.p. Archivo

Av, universidad 1001 Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos, México 62209
Tel (777)3297046, 3297000 Ext. 3304. fagropecuarias@uaem.mx





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS

Se expide el presente documento firmado electrónicamente de conformidad con el ACUERDO GENERAL PARA LA CONTINUIDAD DEL FUNCIONAMIENTO DE LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS DURANTE LA EMERGENCIA SANITARIA PROVOCADA POR EL VIRUS SARS-COV2 (COVID-19) emitido el 27 de abril del 2020.

El presente documento cuenta con la firma electrónica UAEM del funcionario universitario competente, amparada por un certificado vigente a la fecha de su elaboración y es válido de conformidad con los LINEAMIENTOS EN MATERIA DE FIRMA ELECTRÓNICA PARA LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE ESTADO DE MORELOS emitidos el 13 de noviembre del 2019 mediante circular No. 32.

Sello electrónico

MARIA EUGENIA NUÑEZ VALDEZ | Fecha:2021-01-13 17:58:07 | Firmante

dwKYvRs1M9qBVeW3uhMFcdJwSUQAISus0PsT9EVRbYnlXwWvjlv1Soo+OXLj9Veioq8SxOenXfmx2ld/4LvaGyKIX46YJSU+CVrl19L4D4wr1nl7XLZgcpyfFLEbl2Y8B5SzhXZsfzTCBRtqV74bTNUqPLYioK8GI79DRXlvfnUr6aaNQocb8ISTJTh14GBrMFYNTnNTINMb1tFq+JuzSvdWGT1v52kINACbro5MPaUPPDZ8dyXSqAPa5zQ3tdrpcoyOLmkcVptaluEYsd1ulxKD5FWIXZZFznJ+ec93NVMITvi6IRaXXqvz4tuwXWDFVSCVfDcPhg1STJl8FzxDyw==

Puede verificar la autenticidad del documento en la siguiente dirección electrónica o escaneando el código QR ingresando la siguiente clave:



GojxM0

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/gOqSld8wRAcfyPIUze1uUJ7keLUhxHyH>





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS



FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS

Cuernavaca, Morelos, 16 de diciembre de 2020.

Asunto: Voto Aprobación de Tesis.

MTRO. JESÚS EDUARDO LICEA RESÉNDIZ
DIRECTOR DE LA FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS.
P R E S E N T E.

Por medio del presente informo a usted que después de revisar el trabajo de tesis titulado: **“DIVERGENCIA MORFO-GENÉTICA ENTRE LÍNEAS ENDOGÁMICAS DE MAÍZ Y FORMACIÓN DE VARIEDADES SINTÉTICAS TOLERANTES A SEQUÍA”** que presenta: **M. C. MARÍA DE LOS ÁNGELES ACEVEDO CORTÉS**, mismo que fue desarrollado bajo la dirección del **DR. ANTONIO CASTILLO GUTIÉRREZ** y que servirá como requisito parcial para obtener el grado de **Doctor en Ciencias Agropecuarias y Desarrollo Rural**, lo encuentro satisfactorio, por lo que emito mi **VOTO DE APROBACIÓN** para que la alumna continúe con los trámites necesarios para presentar el examen de grado correspondiente.

Sin más por el momento y agradeciendo de antemano su valiosa colaboración, quedo de usted.

Atentamente
Por una humanidad culta
Una universidad de excelencia

DR. RAMÓN SUAREZ RODRÍGUEZ
Comité Evaluador

C.i.p. Archivo

Av, universidad 1001 Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos, México 62209
Tel (777)3297046, 3297000 Ext. 3304. fagropecuarias@uaem.mx





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS

Se expide el presente documento firmado electrónicamente de conformidad con el ACUERDO GENERAL PARA LA CONTINUIDAD DEL FUNCIONAMIENTO DE LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS DURANTE LA EMERGENCIA SANITARIA PROVOCADA POR EL VIRUS SARS-COV2 (COVID-19) emitido el 27 de abril del 2020.

El presente documento cuenta con la firma electrónica UAEM del funcionario universitario competente, amparada por un certificado vigente a la fecha de su elaboración y es válido de conformidad con los LINEAMIENTOS EN MATERIA DE FIRMA ELECTRÓNICA PARA LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE ESTADO DE MORELOS emitidos el 13 de noviembre del 2019 mediante circular No. 32.

Sello electrónico

RAMON SUAREZ RODRIGUEZ | Fecha:2020-12-10 18:44:09 | Firmante

EXQNrJNyOvsm8rQcrxvBn+CpC4FNKek1bruzbFSKKmbN3JDOgyIFIEKMw7xBoV6k2hvtUc15F0w4HFkGQxoVjDrUoIrrnuOvm0fHH7hhpoJ+GtIlsjwL4GMnMzJoBtvGiy9Jel99
+itE6Vp2WMwF8Fmz+P/W7c9rTdvPOYmCco7x5xWT+6E7RanIQ4PMaRfUQxSXx9SP2SxV2tHEqaWibQvn3xKgQPZCQ0KNQmV0zwa15OJnoEZ4EbLU05BJ3+yV6NoFgHCs7
nPMRwuBYclXoL4TbKFUINyM6cd6r5wZ6wPfiN0CyYTH16FEW7sngpW3yLCAV9+UonC2/ScF5pixQ==

Puede verificar la autenticidad del documento en la siguiente dirección electrónica o
escaneando el código QR ingresando la siguiente clave:



yjlc2V

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/TxtfsgAPSV9Bv8kQBBxEQUxkjp0W9q1>





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS



FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS

Cuernavaca, Morelos, 16 de diciembre de 2020.

Asunto: Voto Aprobación de Tesis.

MTRO. JESÚS EDUARDO LICEA RESÉNDIZ
DIRECTOR DE LA FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS.
P R E S E N T E.

Por medio del presente informo a usted que después de revisar el trabajo de tesis titulado: **“DIVERGENCIA MORFO-GENÉTICA ENTRE LÍNEAS ENDOGÁMICAS DE MAÍZ Y FORMACIÓN DE VARIEDADES SINTÉTICAS TOLERANTES A SEQUÍA”** que presenta: **M. C. MARÍA DE LOS ÁNGELES ACEVEDO CORTÉS**, mismo que fue desarrollado bajo la dirección del **DR. ANTONIO CASTILLO GUTIÉRREZ** y que servirá como requisito parcial para obtener el grado de **Doctor en Ciencias Agropecuarias y Desarrollo Rural**, lo encuentro satisfactorio, por lo que emito mi **VOTO DE APROBACIÓN** para que la alumna continúe con los trámites necesarios para presentar el examen de grado correspondiente.

Sin más por el momento y agradeciendo de antemano su valiosa colaboración, quedo de usted.

Atentamente
Por una humanidad culta
Una universidad de excelencia

DRA. MARÍA ANDRADE RODRÍGUEZ
Comité Evaluador

C.i.p. Archivo

Av, universidad 1001 Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos, México 62209
Tel (777)3297046, 3297000 Ext. 3304. fagropecuarias@uaem.mx





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS

Se expide el presente documento firmado electrónicamente de conformidad con el ACUERDO GENERAL PARA LA CONTINUIDAD DEL FUNCIONAMIENTO DE LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS DURANTE LA EMERGENCIA SANITARIA PROVOCADA POR EL VIRUS SARS-COV2 (COVID-19) emitido el 27 de abril del 2020.

El presente documento cuenta con la firma electrónica UAEM del funcionario universitario competente, amparada por un certificado vigente a la fecha de su elaboración y es válido de conformidad con los LINEAMIENTOS EN MATERIA DE FIRMA ELECTRÓNICA PARA LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE ESTADO DE MORELOS emitidos el 13 de noviembre del 2019 mediante circular No. 32.

Sello electrónico

MARIA ANDRADE RODRIGUEZ | Fecha:2021-01-12 17:52:29 | Firmante

UAKKgi/xmk0SBxFiY8AgBE/t5M5dYw4iJ+w0G0i7+bJRnOJZt1eiZtL0mq6bb5kMIHFsjRXc1Q0UftAbHuKr0yrG/4dcNi7RVXUsiWgFifTeKaYeM8cKLSNmQUtfvncrWNHGdofNHlidAV8JJrZ9yK9FZOGMqknRdhx/3grPGai5vZ/iJWLkjaRJYwo368bl5OOplMj0HwU/HkA/VnOQtGSpA13A1127d2d+8lqdU2pn9YfvuKSmu2EDFUQdNVx4yuNHveufMNkf35vcYgrWd7NYfzpktmowlaab77JTeAF/E4mYW94DfzzkmqH1XsEU6aBGtonlcrLZ8GYDNJGyYQ==

Puede verificar la autenticidad del documento en la siguiente dirección electrónica o escaneando el código QR ingresando la siguiente clave:



t4pFml

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/05Ee59DH2q4MaQCF4a6JPt8rse3BHTxW>





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS



FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS

Cuernavaca, Morelos, 16 de diciembre de 2020.

Asunto: Voto Aprobación de Tesis.

MTRO. JESÚS EDUARDO LICEA RESÉNDIZ
DIRECTOR DE LA FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS.
P R E S E N T E.

Por medio del presente informo a usted que después de revisar el trabajo de tesis titulado: **“DIVERGENCIA MORFO-GENÉTICA ENTRE LÍNEAS ENDOGÁMICAS DE MAÍZ Y FORMACIÓN DE VARIEDADES SINTÉTICAS TOLERANTES A SEQUÍA”** que presenta: **M. C. MARÍA DE LOS ÁNGELES ACEVEDO CORTÉS**, mismo que fue desarrollado bajo la dirección del **DR. ANTONIO CASTILLO GUTIÉRREZ** y que servirá como requisito parcial para obtener el grado de **Doctor en Ciencias Agropecuarias y Desarrollo Rural**, lo encuentro satisfactorio, por lo que emito mi **VOTO DE APROBACIÓN** para que la alumna continúe con los trámites necesarios para presentar el examen de grado correspondiente.

Sin más por el momento y agradeciendo de antemano su valiosa colaboración, quedo de usted.

Atentamente
Por una humanidad culta
Una universidad de excelencia

DR. FRANCISCO PERDOMO ROLDAN
Comité Evaluador

C.i.p. Archivo

Av, universidad 1001 Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos, México 62209
Tel (777)3297046, 3297000 Ext. 3304. fagropecuarias@uaem.mx



Se expide el presente documento firmado electrónicamente de conformidad con el ACUERDO GENERAL PARA LA CONTINUIDAD DEL FUNCIONAMIENTO DE LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS DURANTE LA EMERGENCIA SANITARIA PROVOCADA POR EL VIRUS SARS-COV2 (COVID-19) emitido el 27 de abril del 2020.

El presente documento cuenta con la firma electrónica UAEM del funcionario universitario competente, amparada por un certificado vigente a la fecha de su elaboración y es válido de conformidad con los LINEAMIENTOS EN MATERIA DE FIRMA ELECTRÓNICA PARA LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE ESTADO DE MORELOS emitidos el 13 de noviembre del 2019 mediante circular No. 32.

Sello electrónico

FRANCISCO PERDOMO ROLDAN | Fecha:2021-01-18 09:37:31 | Firmante

mApdhRH64c84qa+ExaMXF1TBcRKefG6RCaMm0OZarGW7N+7Gwy0au1+ULpwc/chGutE+Ca7Fvd+geycMM/Nq8SumIHw4kWkBM2dlcYPakkUm1XrmgeGoGkPZOIC4BxJYV
ZlJxVZTbXaduRp9o/wkstS3+KcYaDMAUTv4hzmsWO3bLvK5vJdG2P4uW0WCkj7+/qKvwj6vuuJnuIM0t15r2XEnFWp5ITP5Mp7FeDApJAVoK8AxQgKDNMPcrI4Hj9VryB7iGtroS
MBV/RUePIKmcwPFVTt5T4nJa6+ACC6B+mb6MPZ7byG7IT90e3dRy/f4kXrQY8USymkSQHt4nAGsFA==

Puede verificar la autenticidad del documento en la siguiente dirección electrónica o
escaneando el código QR ingresando la siguiente clave:



d0rMuF

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/2hXJ8cxoWWpoWRVcmzGb2K3CE1mn7YDL>



Cuernavaca, Morelos, 15 de diciembre de 2020.

Asunto: Voto Aprobación de Tesis.

MTRO. JESÚS EDUARDO LICEA RESÉNDIZ
DIRECTOR DE LA FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS
PRESENTE

Por medio del presente informo a usted que después de revisar el trabajo de tesis titulado: **“DIVERGENCIA MORFO-GENÉTICA ENTRE LÍNEAS ENDOGÁMICAS DE MAÍZ Y FORMACIÓN DE VARIEDADES SINTÉTICAS TOLERANTES A SEQUÍA”** que presenta: **M. C. MARÍA DE LOS ÁNGELES ACEVEVO CORTÉS**, mismo que fue desarrollado bajo la dirección del **DR. ANTONIO CASTILLO GUTIÉRREZ** y que servirá como requisito parcial para obtener el grado de **Doctor en Ciencias Agropecuarias y Desarrollo Rural**, lo encuentro satisfactorio, por lo que emito mi **VOTO DE APROBACIÓN** para que la alumna continúe con los trámites necesarios para presentar el examen de grado correspondiente.

Sin más por el momento y agradeciendo de antemano su valiosa colaboración, quedo de usted.

Atentamente
Por una humanidad culta
Una universidad de excelencia

DR. OSCAR GABRIEL VILLEGAS TORRES
Comité Evaluador

C.i.p. Archivo



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS

Se expide el presente documento firmado electrónicamente de conformidad con el ACUERDO GENERAL PARA LA CONTINUIDAD DEL FUNCIONAMIENTO DE LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS DURANTE LA EMERGENCIA SANITARIA PROVOCADA POR EL VIRUS SARS-COV2 (COVID-19) emitido el 27 de abril del 2020.

El presente documento cuenta con la firma electrónica UAEM del funcionario universitario competente, amparada por un certificado vigente a la fecha de su elaboración y es válido de conformidad con los LINEAMIENTOS EN MATERIA DE FIRMA ELECTRÓNICA PARA LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE ESTADO DE MORELOS emitidos el 13 de noviembre del 2019 mediante circular No. 32.

Sello electrónico

OSCAR GABRIEL VILLEGAS TORRES | Fecha:2020-12-15 16:08:35 | Firmante

I1YXtD2QVCQzwULykiuADmC+UKVIKHylirinphclKopqDZfM+6LyfWRBTa5opSsxDLMfNCHA0ZPD44yZnnn/snqdsDOCxhw3fzrayKTdznd5mBD/uDL7l2a8R5j8T3j1b355FDc4ki nTcZgqbMGU9ttONsRswnsxIXA7ddHFBO1nwg9Bwlza+okPCL/X2qkm7NuKwl5NZIOXN9eNSEkjisKCY0816ewRmlGMtuLC50HXm8Xuco0O+28j7jnOCRCkQ7K7Gj6m/G3ppQ0r 2nsk8G8CXCMylRfJZoE4yKhhKVJJ7Sh9FM1hhwOCNntxi5u/cAsPKN4PlqNX1iRjagHQ==

Puede verificar la autenticidad del documento en la siguiente dirección electrónica o escaneando el código QR ingresando la siguiente clave:



[uPASmD](#)

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/UraomJTPNoUsoH4xe2fySIHtqiLQ0Yei>





Cuernavaca, Morelos, 16 de diciembre de 2020.
Asunto: Voto Aprobación de Tesis.

MTRO. JESÚS EDUARDO LICEA RESÉNDIZ
DIRECTOR DE LA FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS.
P R E S E N T E.

Por medio del presente informo a usted que después de revisar el trabajo de tesis titulado: **“DIVERGENCIA MORFO-GENÉTICA ENTRE LÍNEAS ENDOGÁMICAS DE MAÍZ Y FORMACIÓN DE VARIEDADES SINTÉTICAS TOLERANTES A SEQUÍA”** que presenta: **M. C. MARÍA DE LOS ÁNGELES ACEVEDO CORTÉS**, mismo que fue desarrollado bajo la dirección del **DR. ANTONIO CASTILLO GUTIÉRREZ** y que servirá como requisito parcial para obtener el grado de **Doctor en Ciencias Agropecuarias y Desarrollo Rural**, lo encuentro satisfactorio, por lo que emito mi **VOTO DE APROBACIÓN** para que la alumna continúe con los trámites necesarios para presentar el examen de grado correspondiente.

Sin más por el momento y agradeciendo de antemano su valiosa colaboración, quedo de usted.

Atentamente
Por una humanidad culta
Una universidad de excelencia

DR. PORFIRIO JUÁREZ LÓPEZ
Comité Evaluador

C.i.p. Archivo

Av, universidad 1001 Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos, México 62209
Tel (777)3297046, 3297000 Ext. 3304. fagropecuarias@uaem.mx





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS

Se expide el presente documento firmado electrónicamente de conformidad con el ACUERDO GENERAL PARA LA CONTINUIDAD DEL FUNCIONAMIENTO DE LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS DURANTE LA EMERGENCIA SANITARIA PROVOCADA POR EL VIRUS SARS-COV2 (COVID-19) emitido el 27 de abril del 2020.

El presente documento cuenta con la firma electrónica UAEM del funcionario universitario competente, amparada por un certificado vigente a la fecha de su elaboración y es válido de conformidad con los LINEAMIENTOS EN MATERIA DE FIRMA ELECTRÓNICA PARA LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE ESTADO DE MORELOS emitidos el 13 de noviembre del 2019 mediante circular No. 32.

Sello electrónico

PORFIRIO JUAREZ LOPEZ | Fecha:2020-12-08 10:36:24 | Firmante

2JpZ1Tm+zHI3RuaOzYEj9Dz0fGFijBUsohagnbOtYLGhZkou72gBXhtv5uvXXH39n+8opWoffrvMWHAWk/MxYRNRnhCo160bUd2XocWMLIfmNCuNIKJL6zWROKY9wAzAOXmS
BVPZvzXdg29vF4AtHopZYX+hcdtKsUsp7zgU4uxlynnQRQmx00I6S8IbidRF3vpXKPM1DcysorK3217myH0OUoyIQLSRGKuBYeVjSofpnZkTPT9Wso9Ebu3oUvUQJafCVNuD
xOk6kf7gTgvbU70GSVWaD3I96fD1v60fh3O2s4POmyYukrtf8KYnQuuZ41UNKYLIIfSezdO6BcmTA==

Puede verificar la autenticidad del documento en la siguiente dirección electrónica o
escaneando el código QR ingresando la siguiente clave:



[Jzn2wr](#)

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/A4SZxikcBNupoyUCI5XrI5H4mPaQuSgB>





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS

FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS

**DIVERGENCIA MORFO-GENÉTICA ENTRE LÍNEAS
ENDOGÁMICAS DE MAÍZ Y FORMACIÓN DE VARIEDADES
SINTÉTICAS TOLERANTES A SEQUÍA**

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE

**DOCTOR EN CIENCIAS AGROPECUARIAS Y
DESARROLLO RURAL**

P R E S E N T A:

M. C. MARÍA DE LOS ÁNGELES ACEVEDO CORTÉS

DIRECTOR DE TESIS:

Dr. Antonio Castillo Gutiérrez



**FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS**

Cuernavaca, Morelos. Enero de 2021

DIVERGENCIA MORFO-GENÉTICA ENTRE LÍNEAS ENDOGÁMICAS DE MAÍZ Y FORMACIÓN DE VARIEDADES SINTÉTICAS TOLERANTES A SEQUÍA

Tesis realizada por **M. C. María de los Ángeles Acevedo Cortés** bajo la dirección del Comité Revisor indicado, aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

DOCTOR EN CIENCIAS AGROPECUARIAS Y DESARROLLO RURAL

COMITÉ REVISOR

Director de Tesis: _____

Dr. Antonio Castillo Gutiérrez

Revisor: _____

Dra. María Eugenia Núñez Valdez

Revisor: _____

Dr. Ramón Suarez Rodríguez

Revisor: _____

Dra. María Andrade Rodríguez

Revisor: _____

Dr. Francisco Perdomo Roldan

Revisor: _____

Dr. Oscar Gabriel Villegas Torres

Revisor: _____

Dr. Porfirio Juárez López

Cuernavaca, Morelos. Enero de 2021

AGRADECIMIENTOS

A Dios por la vida, su gran amor y sus cuidados permanentes.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca otorgada para mi formación como Doctora en Ciencias.

A la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Autónoma del Estado de Morelos por permitirme realizar mis estudios de Doctorado.

A la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc, perteneciente a la Universidad Autónoma del Estado de Morelos, por proporcionar germoplasma de su programa de Mejoramiento de Maíz, así como facilitarme las instalaciones para llevar a cabo los experimentos de campo y trabajo de laboratorio.

Al Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) por proporcionar parte del germoplasma de la presente investigación.

Al Dr. Antonio Castillo Gutiérrez, por su dirección y guía desde la conformación del proyecto, desarrollo y conclusión de ésta investigación, por su dedicación en los trabajos de campo y laboratorio, tiempo otorgado a mi trabajo, conocimientos compartidos y por su amistad.

A la Dra. María Eugenia Nuñez Valdez, por su tiempo y sugerencias realizadas para mejorar este trabajo.

Al Dr. Ramón Suarez Rodríguez, por su apoyo, orientación y aporte de conocimientos durante mi formación doctoral.

A la Dra. María Andrade Rodríguez, por su amable colaboración, consejos y sugerencias para mejorar la calidad del trabajo de investigación.

Al Dr. Francisco Perdomo Roldan, por su apoyo y sugerencias realizadas.

Al Dr. Oscar Gabriel Villegas Torres, por sus consejos y oportuna participación durante mi formación académica.

Al Dr. Porfirio Juárez López por su amable colaboración y sugerencias.

Al Ing. Jorge Anrubio Tlazola por su amable apoyo incondicional para establecer experimentos en Tepalcingo.

Al Centro de Bachillerato Tecnológico Agropecuario No. 39 de Temoac, por proporcionar terreno para establecer uno de los experimentos en campo que integraron esta investigación de tesis.

A la Dra. Teresa de Jesús Rodríguez Rojas, a la Dra. Yessica Flor Cervantes Adame y a la M.C. Elizabeth Ibarra Sánchez, por su apoyo y orientación en la etapa molecular.

A mis amigas y amigos que me han brindado su apoyo sincero, consejos y por compartir sus conocimientos.

DEDICATORIAS

A mis padres: **José Acevedo Moreno y Nicasia Cortés Hernández[†]** con amor y admiración, quienes me han brindado su apoyo en cada momento de mi vida.

A mi esposo **Alfredo López Rueda**, por su amor, comprensión y apoyo incondicional.

A mis hijos: **Dulce Esmeralda y José Esteban** por su paciencia, comprensión y apoyo.

A mi hermana **Ruvid A. C.** por sus consejos y palabras de ánimo.

CONTENIDO

| | Página |
|--|--------|
| ÍNDICE GENERAL | i |
| ÍNDICE DE CUADROS | iv |
| ÍNDICE DE FIGURAS | vi |
| RESUMEN GENERAL | vii |
| GENERAL ABSTRACT | ix |
| | |
| CAPITULO I. INTRODUCCIÓN GENERAL | 1 |
| 1.1 Hipótesis..... | 4 |
| 1.2 Objetivos..... | 4 |
| | |
| CAPITULO II. APTITUD COMBINATORIA Y POTENCIAL AGRONÓMICO DE LÍNEAS DE MAÍZ CON DIFERENTE NIVEL DE ENDOGAMIA.. | 6 |
| 2.1 Resumen..... | 7 |
| 2.2 Abstract | 8 |
| 2.3 INTRODUCCIÓN..... | 9 |
| 2.4 MATERIALES Y MÉTODOS..... | 12 |
| 2.4.1 Germoplasma Base | 12 |
| 2.4.2 Formación y evaluación de mestizos..... | 13 |
| 2.4.3 Formación y evaluación de cruzas dialélicas..... | 14 |
| 2.4.4 Evaluación de líneas <i>per se</i> | 16 |
| 2.5 RESULTADOS Y DISCUSIÓN..... | 17 |
| 2.5.1 Evaluación de mestizos..... | 17 |
| 2.5.2 Evaluación de cruzas dialélicas..... | 21 |
| 2.5.3 Evaluación <i>per se</i> | 25 |
| 2.6 CONCLUSIONES..... | 27 |
| 2.7 LITERATURA CITADA..... | 28 |

| | |
|---|-----------|
| CAPITULO III. RESPUESTA MORFOLÓGICA, FISIOLÓGICA E ÍNDICES DE TOLERANCIA A SEQUÍA EN VARIEDADES SINTÉTICAS DE MAÍZ..... | 32 |
| 3.1 Resumen..... | 33 |
| 3.2 Abstract..... | 34 |
| 3.3 INTRODUCCIÓN..... | 35 |
| 3.4 MATERIALES Y MÉTODOS..... | 38 |
| 3.4.1 Germoplasma de estudio | 38 |
| 3.4.2 Descripción de experimentos | 38 |
| 3.4.3 Diseño experimental y variables de estudio | 39 |
| 3.4.4 Análisis estadístico | 39 |
| 3.5 RESULTADOS Y DISCUSIÓN..... | 41 |
| 3.6 CONCLUSIONES..... | 51 |
| 3.7 LITERATURA CITADA..... | 52 |
| | |
| CAPITULO IV. DIVERGENCIA MORFOLÓGICA Y GENÉTICA ENTRE LÍNEAS ENDOGÁMICAS DE MAÍZ Y SU RELACIÓN CON LA HETEROSIS DE HIBRIDOS F₁..... | 57 |
| 4.1 Resumen..... | 58 |
| 4.2 Abstract..... | 59 |
| 4.3 INTRODUCCIÓN..... | 60 |
| 4.4 MATERIALES Y MÉTODOS..... | 62 |
| 4.4.1 Material genético..... | 62 |
| 4.4.2 Análisis morfológico..... | 62 |
| 4.4.2.1 Descripción de experimentos..... | 63 |
| 4.4.2.2 Análisis estadísticos..... | 63 |
| 4.4.3 Análisis molecular..... | 64 |
| 4.4.3.1 Extracción de ADN..... | 64 |
| 4.4.3.2 Marcadores de ADN moleculares utilizados..... | 65 |

| | |
|--|-----------|
| 4.4.3.3 Amplificación por la Reacción en Cadena de al Polimerasa (PCR)..... | 67 |
| 4.4.3.4 Análisis Estadístico. | 68 |
| 4.5 RESULTADOS Y DISCUSIÓN..... | 69 |
| 4.5.1 Análisis de la variación entre líneas..... | 69 |
| 4.5.2 Análisis de la similitud morfológica y genética de líneas..... | 71 |
| 4.5.3 Análisis de la correlación de la divergencia de líneas y heterosis.. | 76 |
| 4.6 CONCLUSIÓN..... | 78 |
| 4.7 LITERATURA CITADA..... | 79 |
| CAPITULO V. CONCLUSIONES GENERALES..... | 83 |
| CAPITULO VI. BIBLIOGRAFÍA GENERAL..... | 85 |

ÍNDICE DE CUADROS

| Cuadro | Página |
|---|--------|
| 2.1 Genealogía de líneas de maíz..... | 12 |
| 2.2 Sitios de evaluación de mestizos. Primavera-verano 2017..... | 14 |
| 2.3 Cuadrados medios del análisis de varianza combinado a través de localidades en la evaluación de mestizos. Ciclo primavera-verano 2017..... | 18 |
| 2.4 Estimación de Aptitud Combinatoria General en cuatro variables, promedio de tres ambientes. Primavera-verano 2017..... | 20 |
| 2.5 Cuadrados medios del análisis de varianza en la evaluación de cruzas dialélicas, ciclo otoño-invierno 2017-2018..... | 21 |
| 2.6 Valores estimados de aptitud combinatoria general (ACG) de líneas de maíz. Diseño IV de Griffing. Ciclo otoño-invierno 2017-2018..... | 22 |
| 2.7 Efectos de la Aptitud Combinatoria Especifica (ACE) de treinta y seis cruzas de maíz. Ciclo otoño-invierno 2017-2018..... | 24 |
| 2.8 Características agronómicas y rendimiento de grano en líneas de maíz tolerantes a sequía. Primavera-verano 2018..... | 26 |
| 3.1 Cuadrados medios del análisis de varianza combinado en Ayala y Tepalcingo en ambiente de riego y sequía, ciclo O-I 2018-2019..... | 42 |
| 3.2 Comportamiento promedio de las características morfológicas y fisiológicas de variedades sintéticas y testigos bajo condiciones de riego y sequía, ciclo O-I 2018-2019..... | 44 |
| 3.3 Índices de tolerancia a la sequía en variedades sintéticas de maíz y testigos. O-I 2018-2019..... | 49 |
| 3.4 Coeficientes de correlación entre el rendimiento de grano en riego (RG_r) y sequía (RG_s) con los índices de tolerancia a sequía | 50 |
| 4.1 Líneas endogámicas de maíz con diferente nivel de endogamia evaluadas en la presente investigación..... | 62 |

| | | |
|-----|---|----|
| 4.2 | Marcadores SSR y RAPD que presentaron polimorfismo en nueve líneas endogámicas | 66 |
| 4.3 | Cuadrados medios de las variables morfológicas medidas en las líneas endogámicas de maíz en el ciclo P-V 2018..... | 69 |
| 4.4 | Promedio de las características estudiadas en nueve líneas endogámicas de maíz, en el ciclo agrícola P-V 2018..... | 70 |
| 4.5 | Distancias morfológicas de Mahalanobis (diagonal superior) y distancias genéticas de Nei (diagonal inferior) estimadas en nueve líneas de maíz..... | 72 |
| 4.6 | Correlación entre las distancias morfológicas y genéticas y caracteres relacionados al rendimiento de grano de híbridos F ₁ de nueve líneas endogámicas de maíz..... | 77 |

ÍNDICE DE FIGURAS

| Figura | Página |
|---|--------|
| 3.1 Contenido de clorofila y Temperatura foliar en ambiente de riego (R) y sequía (S). ξ : Interrupción de riego, Ψ : Medio riego y ϕ : Reanudación de riego..... | 47 |
| 3.2 Contenido de humedad en el suelo a) por el método de tensiómetros y b) método gravimétrico | 48 |
| 4.1 Agrupamiento de las líneas endogámicas de maíz, generado por las similitudes morfológicas, con base en las distancias de Mahalanobis (1936)..... | 73 |
| 4.2 Agrupamiento de las líneas endogámicas de maíz, generado por las similitudes genéticas, con base en la distancia de Nei (1972)..... | 75 |

RESUMEN GENERAL

La sequía impacta a nivel mundial la producción de los cultivos, causando pérdidas de más del 50 %. En maíz el bajo rendimiento de grano se debe principalmente a las deficiencias hídricas en el periodo de floración y llenado de grano, presentándose pérdidas de hasta 6 y 8 %, respectivamente, por día en estrés. En México, se siembra bajo condiciones de temporal aproximadamente 5.5 millones de hectareas de maíz, con un rendimiento promedio de 2.6 t ha⁻¹; la sequía afecta principalmente a estas zonas. Por lo que la formación y evaluación de variedades sintéticas con relativo alto rendimiento de grano y que además toleren déficit hídrico, son una alternativa de elevar la producción de maíz en zona de temporal. En programas de mejoramiento genético de maíz, un objetivo importante es seleccionar líneas endogámicas con alto potencial de rendimiento, buen comportamiento agronómico y buena aptitud combinatoria, para posteriormente ser utilizadas en la formación de variedades sintéticas o/y híbridos. Los objetivos de la presente investigación fueron: seleccionar líneas endogámicas de maíz por su aptitud combinatoria; Identificar la variedad sintética experimental con potencial para su uso en ambientes con baja disponibilidad de agua y Asociar distancias morfológicas y genéticas de líneas con la heterosis en híbridos F₁. El germoplasma base de estudio fueron quince líneas endogámicas de maíz con tolerancia a sequía, proporcionadas por el programa de mejoramiento genético de la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc (EESuX; 10 líneas) y el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT; 5 líneas). El proyecto se realizó en tres etapas: 1) Evaluación de líneas endogámicas de maíz, 2) Evaluación de variedades sintéticas experimentales con tolerancia a sequía, y 3) Análisis morfo-genético de líneas y su relación con el rendimiento de grano en híbridos F₁. En la etapa 1, se formó 15 mestizos y se evaluaron en tres localidades de Morelos, México (P-V 2017); también se evaluaron 36 cruza dialélicas (O-I 2018/2019), y 15 líneas endogámicas se evaluaron *per se* (P-V 2018), ambas en una localidad. Las variables analizadas fueron: Floración masculina (FM-días), altura de planta (AP-centímetros), peso de 100 semillas (P100S-gramos) y rendimiento de grano (RG-t ha⁻¹). Las líneas CML341, CML576 y CML549 resultaron con ACG positiva en mestizos y cruza

dialélicas, y las líneas CML340, CML342, CML341, LUM124 y LUM194 fueron las de mayor rendimiento de grano en evaluación *per se*. Las evaluaciones realizadas permitieron determinar la aptitud combinatoria de líneas de maíz y seleccionar líneas con potencial. En la etapa 2, se evaluaron seis variedades sintéticas experimentales tolerantes a sequía en condiciones de riego y sequía inducida, en dos localidades del estado de Morelos (O-I 2018/2019). En los experimentos se evaluó la floración masculina (FM-días) y femenina (FF-días), Intervalo anthesis-emergencia de estigmas (ASI-días), altura de planta (AP-centímetros) y mazorca (AM-centímetros), longitud de mazorca (LM-centímetros), número de hileras (NH), número de granos por hilera (NG), diámetro de mazorca (DM-centímetro), peso de 100 semillas (PCS-gramos), contenido relativo de clorofila (CRC-unidades SPAD), temperatura foliar (TF- °C) y rendimiento de grano (RG-t ha⁻¹). La variedad sintética VSUM-6 y los testigos comerciales fueron los que mejor comportamiento morfológico y fisiológico presentaron, coincidiendo con ser los más tolerantes a sequía. En la etapa 3, El germoplasma base fueron nueve líneas endogámicas de maíz y sus 36 híbridos F₁; las líneas se evaluaron *per se* en el ciclo de primavera-verano 2018 y los híbridos en otoño-invierno 2018/2019. Se midieron siete variables morfológicas. Se obtuvieron patrones electroforéticos de las nueve líneas, usando ocho marcadores SSR y seis RAPD. Con los datos de las variables se estimaron distancias morfológicas y con los datos de los marcadores se determinaron distancias genéticas. Los resultados indicaron ausencia de correlación entre distancias morfológicas y genéticas, lo mismo que entre los dos tipos de distancias con el rendimiento de grano de los híbridos F₁, aptitud combinatoria específica y heterosis. Sin embargo, se encontraron altas correlaciones entre el rendimiento de grano de los híbridos con la aptitud combinatoria (0.69**) y con la heterosis (0.72**), y una correlación intermedia entre aptitud combinatoria específica y la heterosis (0.51**), las cuales son de utilidad en la toma de decisiones para la formación de híbridos experimentales.

Palabras clave: *Zea mays* L, tolerancia a deficit hídrico, distancias morfo-genéticas, marcadores de ADN, aptitud combinatoria.

GENERAL ABSTRACT

Drought impacts crop production globally, causing losses of more than 50 %. In maize the low grain yield is mainly due to water deficiencies in the flowering and filling period of grain, presenting losses of up to 6 and 8 %, specifically, per day in stress. In Mexico, approximately 5.5 million hectares of maize are sown under temporary conditions, with an average yield of 2.6 t ha⁻¹; drought mainly affects these areas. Therefore, the formation and evaluation of synthetic varieties with relative high grain yield and which also tolerate water deficits, are an alternative to raising maize production in a time zone. In maize genetic improvement programs, an important objective is to select inbred lines with high yield potential, good agronomic behavior and good combinatorial aptitude, and then be used in the formation of synthetic varieties or/and hybrid. The objectives of this research were: to select inbred maize lines for their combinatorial aptitude; Identify the experimental synthetic variety with potential for use in environments with low water availability and Associate morphological and genetic distances of lines with heterosis in F₁ hybrids. The base-of-study germplasm was fifteen drought-tolerant maize inbred lines, provided by the genetic improvement program of the Xalostoc School of Higher Studies (EESuX; 10 lines) and the International Corn and Wheat Improvement Centre (CIMMYT; 5 lines). The project was carried out in three stages: 1) Evaluation of maize inbred lines, 2) Evaluation of experimental synthetic varieties with drought tolerance and 3) Morpho-genetic analysis of lines and their relationship to grain yield in F₁ hybrids. In stage1, 15 half-breeds were formed and evaluated in three locations in Morelos, Mexico (P-V 2017); 36 dialectical crosses (O-I 2018/2019) were also evaluated, and 15 inbred lines were evaluated per se (P-V 2018), both in one location. The variables analyzed were: Male flowering (FM-days), plant height (AP-centimeters), weight of 100 seeds (P100S-grams) and grain yield (RG-t ha⁻¹). Lines CML341, CML576 and CML549 resulted in positive ACG in mestizos and dialectical crosses, and the CML340, CML342, CML341, LUM124 and LUM194 lines were the highest grain yields in evaluation per se. The evaluations carried out made it possible to determine the combinatorial aptitude of maize lines and select lines with potential. . In stage 2, six drought-tolerant experimental synthetic varieties were evaluated under

irrigation and induced drought conditions, in two locations in Morelos state (O-I 2018/2019). The experiments evaluated male (FM-days) and female (FF-days), early-emergency interval of stigmas (ASI-days), plant height (AP-centimeters) and cob (AM-centimeters), cob length (LM-centimeters), number of rows (NH), number of grains per row (NG), cob diameter (DM-centimeter), weight of 100 seeds (PCS-grams), relative chlorophyll content (CRC-SPAD units), foliar temperature (TF-C) and grain yield (RG-t ha⁻¹). The synthetic variety VSUM-6 and commercial witnesses were the ones that presented the best morphological and physiological behavior, coinciding with being the most tolerant of drought. In stage 3, base germplasm was nine inbred maize lines and their 36 F₁ hybrids; the lines were evaluated per se in the spring-summer 2018 cycle and hybrids in autumn-winter 2018/2019. Seven morphological variables were measured. Electrophoretic patterns of the nine lines were obtained, using eight SSR markers and six RAPDs. With the variable data, morphological distances were estimated and genetic distances were determined with the marker data. The results indicated no correlation between morphological and genetic distances, as well as between the two types of distances with grain yield of F₁ hybrids, specific combinatorial aptitude and heterosis. However, high correlations were found between the grain yield of hybrids with combinatorial aptitude (0.69**) and heterosis (0.72**), and an intermediate correlation between specific combining ability and heterosis (0.51**), which are useful in decision-making for the formation of experimental hybrids.

Key words: *Zea mays* L, hydric deficit tolerance, morph-genetic distances, DNA markers, combining ability.

CAPITULO I. INTRODUCCIÓN GENERAL

La sequía es un factor de gran impacto en la agricultura mundial, debido a que disminuye la producción de los cultivos y causa pérdidas de más del 50 % (Verma y Deepti, 2016). En el cultivo de maíz, se reporta una reducción de 39.3 % en el rendimiento de grano cuando la disponibilidad de agua disminuye un 40 % (Daryanto *et al.*, 2016). La reducción en el rendimiento de grano del maíz, se debe principalmente a deficiencias hídricas en el periodo de floración y llenado de grano (Stone *et al.*, 2001). Los efectos de la sequía en la floración, se manifiesta principalmente por que la emergencia de los estigmas se atrasa y pierde receptividad al polen; los granos de polen reducen su germinación y se reduce la formación del tubo polínico, causando una pobre polinización y reducción en el rendimiento de grano del orden del 8 % por día, en estrés severo (Jain *et al.*, 2019). En el llenado de grano, se presenta aborto en la formación del embrión y/o pobre desarrollo embrionario y del endospermo; por lo que, al afectarse el número de granos por hilera, número de hileras por mazorca y número de granos por mazorca, se disminuye el rendimiento de grano por planta; las pérdidas de rendimiento en esta etapa se estiman del 2 al 6 % por día de estrés (NeSmith y Ritchie, 1992; Jain *et al.*, 2019).

Para minimizar los efectos de la sequía, una de las estrategias eficientes ha sido el uso de variedades tolerantes a este factor de tensión (Raya *et al.*, 1996), lo que reduce la probabilidad de pérdida del cultivo de maíz en mas de 30 % (Sintowe *et al.*, 2019). Las variedades sintéticas de maíz, se han propuesto como una alternativa al uso de híbridos para evitar el alto costo de la semilla de éstos (Márquez-Sánchez, 2008), lo que en ocasiones representa hasta un 15 % del total de los costos de producción (Hallauer *et al.*, 2010; Márquez-Sánchez, 2013) y los agricultores de bajos recursos muchas veces no tienen acceso a éste tipo de germoplasma. Por lo que, la formación de variedades sintéticas con relativo alto rendimiento de grano y que además presenten tolerancia al déficit hídrico, son una alternativa para incrementar la producción de maíz en zonas de temporal.

En la formación de variedades sintéticas, es importante identificar y seleccionar líneas con rendimientos superiores y buena aptitud combinatoria, por lo que, se requiere elegir características deseables en las líneas, definir el número de líneas involucradas, y diseñar las evaluaciones de campo (Costa *et al.*, 2014). Un objetivo fundamental en el desarrollo de variedades sintéticas, es generar líneas endogámicas con alto potencial de rendimiento, buen comportamiento agronómico y buena aptitud combinatoria general (Buenrostro-Robles *et al.*, 2017). En el fitomejoramiento se han desarrollado técnicas para estimar la magnitud de los efectos de la aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE), entre ellos destacan la prueba basada en la formación y evaluación de mestizos y la basada en cruza dialélicas. La prueba de mestizos es comúnmente utilizada, debido a la facilidad de realizarla y al relativo bajo costo de implementación con un gran número de líneas endogámicas (Castañón *et al.*, 1998), otra razón importante para su uso, es el alto grado de efectividad para discriminar y seleccionar líneas sobresalientes en ACG (Ledesma-Miramontes *et al.*, 2015). En cuanto al método de cruza dialélicas, este se utiliza frecuentemente para evaluación del potencial genético de líneas endogámicas y permite la estimación de los efectos tanto de ACG como de ACE (Hallauer *et al.*, 2010; Sánchez-Ramírez *et al.*, 2017). Por otro lado, se han desarrollado análisis estadísticos para la estimación de la ACG y ACE en cruza dialélicas, uno de ellos es el método IV de Griffing (1956), que evalúa únicamente las cruza F_1 directas.

La formación de variedades sintéticas de maíz, se realiza a partir de líneas con alta ACG; se ha determinado que las variedades sintéticas de mejor comportamiento agronómico, son aquellas que están integradas de cinco a seis líneas (Chaves, 1995). En la evaluación de germoplasma para determinar la respuesta a condiciones de sequía, un aspecto clave es el manejo de estrés considerando el momento de aplicación, la intensidad y uniformidad del estrés. En los programas de mejoramiento para tolerancia a sequía, el rendimiento de grano es el interés primordial, sin embargo, las características secundarias relacionadas con el rendimiento de grano, son útiles para mejorar la precisión con que se identifican los genotipos que toleran la sequía

(Bänzinger *et al.*, 2012). Por lo que, se han utilizado algunas características secundarias de la planta como criterios de selección (Musvosvi *et al.*, 2018), así como mecanismos morfofisiológicos relacionados con el rendimiento de grano (Wattoo *et al.*, 2018). Los caracteres secundarios más estudiados y con resultados sobresalientes son: corto intervalo de antesis-emergencia de estigmas (ASI), número de mazorcas por planta, peso del grano, temperatura del dosel (Bolaños y Edmeades, 1996; Bänzinger *et al.*, 2012; Edmeades *et al.*, 2000) y contenido de clorofila (Jokar *et al.*, 2018). Asimismo, se ha utilizado el índice de tolerancia a sequía, que facilita la selección de genotipos tolerantes (Anwar *et al.*, 2011).

También los marcadores moleculares de ADN, pueden ser una herramienta valiosa en la selección de genotipos con tolerancia a sequía. Las ventajas principales que tienen este tipo de marcadores son: 1) detección de variaciones pequeñas con mínima cantidad de material, 2) no tiene efectos sobre el fenotipo; 3) puede detectarse en cualquier estado de desarrollo de la planta; 4) se distribuye a todo lo largo del genoma; 5) la mayoría de ellos son codominantes; 6) no tiene efectos epistáticos ni pleiotrópicos; y 7) el polimorfismo es grande (Arús y Moreno-González, 1993; Cubero, 2003; Agarwal *et al.*, 2008). Por otro lado, los marcadores SSRs han sido utilizados con buenos resultados para construir mapeo de ligamiento (Rafalski *et al.*, 1996), estudios de mapeo por asociación entre genes y loci que controlan características cuantitativas (QTL), selección asistida por marcadores, identificación de variedades, análisis de la evolución (Yu *et al.*, 2017), estimación de diversidad genética (Forster *et al.*, 2005), estimación de distancias genéticas entre poblaciones o individuos (Bowcock *et al.*, 1994; Ponsuksili *et al.*, 1999; Bonamico *et al.*, 2004), y en la predicción del rendimiento mediante la estimación de distancias genéticas, sugiriendo que a mayor distancia genética entre líneas, mayor es el rendimiento en híbridos F₁ (Cho *et al.*, 2004; Mladenovic *et al.*, 2012). Por lo que, en la presente investigación se analizó la divergencia genética entre líneas de maíz con diferente nivel de endogamia y tolerancia a sequía, se formaron mestizos e híbridos F₁ para evaluar la aptitud combinatoria de las líneas, y seleccionar las líneas sobresalientes en potencial

agronómico y aptitud combinatoria general, para finalmente formar variedades sintéticas experimentales con tolerancia a sequía.

1.1. Hipótesis

1. Con base en un grupo de líneas endogámicas de maíz, de diferente origen genético, geográfico y nivel de endogamia, es posible identificar líneas sobresalientes en aptitud combinatoria general y potencial agronómico.
2. El rendimiento de grano en las variedades sintéticas experimentales de maíz formados con líneas tolerantes a la sequía, mostrarán un comportamiento agronómico competitivo con los testigos bajo condiciones de deficit hídrico.
3. La divergencia morfo-genética entre líneas progenitoras de híbridos F_1 , se asociará con el rendimiento de grano de los híbridos.

1.2. Objetivos

1.2.1. General

Seleccionar líneas endogámicas de maíz con base en su comportamiento agronómico y aptitud combinatoria general para generar variedades sintéticas experimentales con tolerancia a sequía, que sean competitivas con variedades testigos, así como determinar la similitud morfo-genética entre líneas a través de marcadores morfológicos y moleculares de ADN tipo SSR y RAPD.

1.2.2. Específicos

1. Seleccionar líneas de maíz con buena aptitud combinatoria general (ACG), por medio de prueba de mestizos.
2. Determinar si las líneas de alta ACG positiva en rendimiento de grano, pueden formar cruces de alta ACE positiva, cuando se cruzan con líneas de ACG negativa.
3. Evaluar el potencial agronómico de líneas de maíz de diferente nivel de endogamia, mediante cuatro características cuantitativas.
4. Determinar la respuesta morfológica de las variedades sintéticas en condiciones de riego y sequía inducida.
5. Evaluar el comportamiento fisiológico de las variedades sintéticas a través del contenido relativo de clorofila y temperatura foliar.
6. Seleccionar la variedad sintética con mayor uso potencial en ambientes con baja disponibilidad de agua, mediante índices de tolerancia a sequía.
7. Cuantificar la similitud morfológica de nueve de líneas endogámicas de maíz, basadas en siete variables cuantitativas.
8. Determinar la similitud genética para el mismo grupo de líneas, utilizando marcadores SSR y RAPD.
9. Evaluar el grado de asociación entre las distancias morfo-genéticas y el rendimiento de grano de híbridos F_1 , la aptitud combinatoria específica y la heterosis.

CAPITULO II

(Artículo Aceptado)

APTITUD COMBINATORIA Y POTENCIAL AGRONÓMICO DE LÍNEAS DE MAÍZ CON DIFERENTE NIVEL DE ENDOGAMIA

María de los Ángeles Acevedo-Cortés¹, Antonio Castillo-Gutiérrez^{1*}, María Andrade-Rodríguez¹, María Eugenia Nuñez-Valdez², Francisco Perdomo-Roldan¹, Ramón Suárez-Rodríguez³

¹Facultad de Ciencias Agropecuarias y Desarrollo Rural, Universidad Autónoma del Estado de Morelos (UAEM), Av. Universidad 1001, 62209, Chamilpa, Cuernavaca, Morelos, México.

²Centro de Investigación en Dinámica Celular (UAEM).

³Centro de Investigación en Biotecnología (UAEM).

*Autor para correspondencia: antonio.castillo@uaem.mx

2.1. Resumen

En el desarrollo de líneas endogámicas de maíz, es de gran importancia determinar su aptitud combinatoria; por lo que, se evaluaron 15 mestizos en tres localidades de Morelos, México (P-V 2017), en una sola localidad se evaluaron 36 cruzas dialélicas (O-I 2018/2019), y 15 líneas endogámicas se evaluaron *per se* (P-V 2018), para estimar y seleccionar líneas con buena aptitud combinatoria a través de prueba de mestizos; determinar si las líneas de alta ACG positiva para rendimiento de grano, forman cruzas de alta ACE positiva, con líneas de ACG negativa y evaluar el potencial agronómico de líneas de diferente nivel de endogamia. Las variables analizadas fueron la floración masculina, altura de planta, peso de 100 semillas y rendimiento. Las líneas CML341, CML576 y CML549 resultaron con ACG positiva en mestizos y cruzas dialélicas, y las CML340, CML342, CML341, LUM124 y LUM194 fueron las de mayor rendimiento de grano.

Palabras clave: mestizos, cruzas dialélicas, evaluación *per se*, *Zea mays* L.

2.2. Abstract

In the development of inbred maize lines, it is of great importance to determine their combining ability; therefore, 15 top-crosses were evaluated in three localities from Morelos, Mexico (P-V 2017), 36 diallelic crosses were evaluated in a single locality (O-I 2018/2018/2019), and 15 inbred lines were evaluated *per se* (P-V 2018), with the objectives of estimating and selecting lines with good combining ability through topcrosses testing; determine if positive high ACG lines for grain yield, form positive high ACE crosses, with negative ACG lines, and evaluate the agronomic potential of lines of different level of inbreeding. Variables studied were male flowering, plant height, weight of 100 kernels and grain yield. The CML341, CML576 and CML549 lines resulted in positive ACG in topcrosses and diallelic crosses, and the CML340, CML342, CML341, LUM124 and LUM194 were the highest in grain yield.

Key words: top cross, diallelic crosses, evaluation *per se*, *Zea mays* L

2.3. INTRODUCCIÓN

En México, el maíz es uno de los cultivos de mayor importancia a nivel nacional, por lo que anualmente se siembran alrededor de 7.5 millones de hectáreas, de los cuales, en el ciclo primavera-verano se siembran aproximadamente 5.5 millones de hectáreas, con un rendimiento promedio de 2.6 t ha⁻¹ (SIAP, 2017); en el estado de Morelos, la superficie sembrada de maíz es de cerca de 33,412 ha, con promedio de rendimiento de 3.7 t ha⁻¹ (SAGARPA, 2017). Los rendimientos de grano obtenidos en temporal son bajos, lo que hace necesario implementar estrategias que incrementen el rendimiento de grano en dicho cultivo, una alternativa es el mejoramiento genético de éste cereal.

En programas de mejoramiento genético de maíz, un objetivo importante es generar líneas endogámicas con alto potencial de rendimiento, buen comportamiento agronómico y buena aptitud combinatoria (Buenrostro-Robles *et al.*, 2017). La aptitud combinatoria general (ACG) se asocia a la acción génica de tipo aditivo (Falconer y Mackay, 2006), en tanto que la aptitud combinatoria específica (ACE) es el resultado de la acción génica no aditiva (dominancia y epistasis) (Poehlman y Sleper, 2003). En el fitomejoramiento se han desarrollado técnicas para estimar la magnitud de los efectos de la ACG y ACE, destacan la prueba basada en la formación y evaluación de mestizos, la que facilita la estimación del valor genético aditivo del germoplasma (Sánchez-Ramírez *et al.*, 2020), y la basada en cruza dialélicas, que permite determinar tanto el valor aditivo como el no aditivo (Ramírez-Díaz *et al.*, 2019).

La prueba de mestizos es comúnmente utilizada, debido a la facilidad para realizarla, y al costo relativamente bajo de su implementación con un gran número de líneas endogámicas (Castañón *et al.*, 1998), otra razón importante de su uso es el alto grado de efectividad para discriminar y seleccionar líneas con ACG sobresaliente (Ledesma-Miramontes *et al.*, 2015), tanto en pruebas tempranas como en pruebas tardías (Ramírez *et al.*, 1998; Ramírez *et al.*, 2007). La principal ventaja de la prueba temprana, es que permite eliminar al menos un 50 % de líneas con baja o nula ACG, lo que reduce costos de evaluación de un gran número de líneas en generaciones

avanzadas (Sprague, 1946). La prueba temprana se sustenta en que la aptitud combinatoria de las líneas, se define en las primeras etapas de endogamia (Bernardo, 1992). En tanto que la evaluación tardía, se fundamenta en la selección de líneas en etapas tempranas, con base en la expresión fenotípica de características de importancia agronómica, para posteriormente formar mestizos e identificar las de mayor ACG (Ramírez *et al.*, 1998). Por otro lado, un elemento clave en la prueba de mestizos, es la elección del probador, lo que ha sido ampliamente estudiado y se sugiere que éste debe poseer una baja expresión fenotípica de la característica de interés y nula aptitud combinatoria (Hallauer *et al.*, 2010; Lobato-Ortiz *et al.*, 2010).

La prueba de mestizos formados con líneas S₅ y como probadores dos líneas del CIMMyT, permitió seleccionar líneas de alta ACG en la variable rendimiento de grano (kg ha⁻¹), valor de ACG que fluctuó entre 483 y 768 Kg ha⁻¹ (Castañón *et al.*, 1998). En otra evaluación de mestizos se encontraron seis sobresalientes con rendimientos de grano de 7215 a 7816 kg ha⁻¹, siendo estadísticamente igual a los testigos comerciales usados (Velázquez-Cárdelas *et al.*, 2018). Por otro lado, se ha reportado rendimientos de grano que oscilan de 4495 a 8074 Kg ha⁻¹ y rendimiento del probador de 3524 Kg ha⁻¹ (Ledesma-Miramontes *et al.*, 2015).

En cuanto a la formación y evaluación de cruzas dialélicas, se utiliza frecuentemente para evaluación del potencial genético de líneas endogámicas (Hallauer *et al.*, 2010; Sánchez-Ramírez *et al.*, 2017). Se reporta que las cruzas con efectos altos de ACE en rendimiento, son el resultado de líneas progenitoras con alta ACG (Escorcia-Gutiérrez *et al.*, 2010). Pérez-López *et al.* (2014) reportaron que en cruzas de alto rendimiento al menos una de las líneas progenitoras presentó alta ACG y mostró efectos altos en ACE; mientras que en cruzas cuyas dos líneas fueron de baja ACG presentaron efectos bajos de ACE. Otro estudio indicó que altos valores de ACE se deben a los altos rendimientos de las cruzas y a los valores bajos o negativos de la ACG de las líneas que intervienen en las cruzas, o a la combinación de una línea con alta ACG con otra de valores bajos o negativos de ACG (Wong-Romero *et al.*, 2006). En otras investigaciones se menciona que con base a los efectos genéticos de las cruzas se

encontraron efectos altos y positivos para rendimiento cuando intervienen tanto líneas con alta ACG, como con valores bajos y negativos (Guillen-de la Cruz *et al.*, 2009; Cervantes-Ortiz *et al.*, 2018). También se han desarrollado análisis estadísticos para estimar la ACG y ACE en cruzas dialélicas, uno de ellos es el método IV de Griffing (1956), que evalúa únicamente las cruzas F_1 directas.

El conocimiento del tipo de acción génica involucrada en la expresión de caracteres de interés es un factor que determina la utilidad futura y el potencial comercial de las líneas, ya sea para desarrollar híbridos (Hallauer *et al.*, 2010; Rodríguez-Pérez *et al.*, 2016; Akaogu *et al.*, 2017; López *et al.*, 2017) o sintéticos (Cervantes-Ortiz *et al.*, 2018).

En el programa de fitomejoramiento de maíz de la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc, perteneciente a la Universidad Autónoma del Estado de Morelos, se han desarrollado líneas tolerantes a sequía considerando el rendimiento *per se*, corto intervalo antésis-emergencia de estigmas y peso de semilla (Rebolloza *et al.*, 2016); sin embargo, no se había realizado el estudio de la aptitud combinatoria; por lo que los principales objetivos de la presente investigación fueron: seleccionar líneas de maíz con buena aptitud combinatoria, a través de prueba de mestizos; determinar si las líneas de alta ACG positiva en rendimiento de grano pueden formar cruzas de alta ACE positiva, cuando se cruzan con líneas de ACG negativa; y evaluar el potencial agronómico de las líneas de diferente nivel de endogamia, mediante cuatro características cuantitativas.

2.4. MATERIALES Y MÉTODOS

2.4.1. Germoplasma Base

El germoplasma base del estudio, lo constituyeron quince líneas endogámicas de maíz tolerantes a sequía (Cuadro 2.1); 10 líneas pertenecen al programa de mejoramiento de la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc (EESuX), dependiente de la Universidad Autónoma del Estado de Morelos (UAEM), y cinco líneas fueron proporcionadas por el Banco de Germoplasma del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT); adicionalmente se utilizó la variedad experimental VUAT de baja aptitud combinatoria general, la que fue desarrollada y facilitada por la Universidad Autónoma de Tamaulipas. Las 15 líneas se utilizaron para realizar un estudio sobre la aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE), y para determinar el potencial agronómico de las líneas mediante evaluación *per se*, en tanto que la variedad VUAT se utilizó como probador genético del grupo de líneas.

Cuadro 2.1. Genealogía de líneas de maíz.

| Línea | Genealogía | Nivel de endogamia | Criterio de Selección (Tolerancia) |
|--------|--|--------------------|------------------------------------|
| LUM13 | (T-43 x LPC15) -15-8 | S ₂ | Sequía |
| LUM40 | (Ac7643 x LPC15)-40-16 | S ₂ | Sequía |
| LUM73 | (Ac7643 x LPC15)-122-35 | S ₂ | Sequía |
| LUM76 | (Ac7643 x LPC15)-17-20 | S ₂ | Sequía |
| LUM80 | (Ac7643 x LPC15)-50-40 | S ₂ | Sequía |
| LUM121 | (T-43 x LPC15)-70-30 | S ₂ | Sequía |
| LUM124 | (Ac7643 x LPC15)-64-27 | S ₂ | Sequía |
| LUM148 | (T-43 x LPC15)-100-48 | S ₂ | Sequía |
| LUM194 | (T-43 x LPC15)-43-19 | S ₂ | Sequía |
| LUM209 | (T-43 x LPC15)-125-29 | S ₂ | Sequía |
| CML340 | LAPOSTASEQ-C3-FS20-4-1-1-2-3-B | S ₈ | Sequía |
| CML341 | LAPOSTASEQ-C3-FS1-2-2-2-1-1-B | S ₈ | Sequía y bajo N |
| CML342 | LAPOSTASEQ-C3-FS1-2-2-3-2-1-B | S ₈ | Sequía y bajo N |
| CML549 | (CML498/CLRCW36)-B-23-2-2-B*3-2-1 | S ₉ | Sequía y bajo N |
| CML576 | (CLFAWW11/CML494)-B-24-2-2-B-B-1-B-8-B-B | S ₁₁ | Sequía y bajo N |

LUM: Línea de Morelos; CML: Línea de Maíz del CIMMYT; N: nitrógeno.

2.4.2. Formación y evaluación de mestizos

La formación de mestizos se realizó en el ciclo agrícola de otoño-invierno 2016/2017, en el campo Experimental de la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc (EESuX), instalaciones ubicadas en Ayala, Morelos, México ($18^{\circ} 44' 29''$ N y $98^{\circ} 54' 38''$ O, a una altitud de 1220 m); para lo cual, se sembraron en condiciones de riego las 15 líneas y la variedad experimental VUAT (probador) en un lote con aislamiento genético. La siembra del germoplasma, fue en proporción de tres surcos contiguos de líneas, flanqueados por dos surcos del probador. En la etapa de pre-floración, se eliminaron las espigas de la totalidad de las plantas de todas las líneas; la eliminación fue manual y antes de la liberación de polen. En la cosecha se obtuvieron al menos 17 mazorcas de cada mestizo (línea x probador).

En cuanto a la evaluación de mestizos, ésta se llevó acabo en tres localidades del estado de Morelos (Cuadro 2.2), en el ciclo de primavera-verano 2017. En la evaluación se incluyeron los quince mestizos, el probador VUAT, y las variedades comerciales H-515 y VS-535, liberadas por el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), las tres últimas variedades se utilizaron como testigos. Los experimentos se establecieron bajo un diseño experimental de bloques completos al azar con cuatro repeticiones; la unidad experimental se conformó por dos surcos de 5 m de largo a una distancia entre surcos de 0.8 m, y a una distancia entre plantas de 0.20 m. Las variables medidas fueron: Floración masculina (FM-días), altura de planta (AP-centímetros), peso de 100 semillas (P100S-gramos) y rendimiento de grano (RG- $t\ ha^{-1}$); la totalidad de los datos de las variables fueron probadas para normalidad. El manejo agronómico de los experimentos, se empleó de acuerdo a las especificaciones de la guía técnica del INIFAP para Morelos (Trujillo, 2009).

Cuadro 2.2. Sitios de evaluación de mestizos. Ciclo primavera-verano, 2017.

| Localidad | Ubicación | Altitud (m) | T (°C) | Pp (mm) | Suelo |
|------------------|---------------------------------|-----------------------|------------------|-------------------|--------------|
| Tepalcingo | 18° 37' 46" LN y 98° 51' 00" LW | 1100 | 13 - 34 | 885 | Leptosol |
| Temoac | 18° 46' 37" LN y 98° 47' 14" LW | 1580 | 10 - 31 | 900 | Vertisol |
| Ayala | 18° 44' 29" LN y 98° 54' 38" LW | 1220 | 10 - 32 | 912 | Vertisol |

T: Temperatura mínima y máxima anual; Pp: Precipitación anual. Suelo predominante (Elaboración propia con datos de INEGI -2017-).

El análisis estadístico de datos de las variables registradas, se efectuó mediante análisis de varianza combinado y comparación de medias con la prueba de DMS ($P \leq 0.05$). La estimación de la Aptitud Combinatoria General (ACG) se obtuvo de acuerdo con lo descrito por Chávez (1995), con la siguiente fórmula:

$$g_i = \bar{x}_{mi} - \bar{x}$$

Dónde:

g_i = es el efecto de la ACG

\bar{x}_{mi} = es la media de cada variable en el i-ésimo mestizo

\bar{x} = es la media general de mestizos

Los datos fueron procesados con el programa estadístico SAS (versión 9.1).

2.4.3. Formación y evaluación de cruas dialélicas

En cuanto a las cruas dialélicas, se formaron en el ciclo agrícola de primavera-verano 2017, en las mismas instalaciones descritas para mestizos. El procedimiento de formación fue el siguiente: siembra de nueve líneas seleccionadas de la prueba de mestizos, eligiendo cuatro líneas de ACG positiva para rendimiento de grano (LUM73,

CML341, CML549, CML576) y cinco líneas de ACG negativa (LUM148, LUM80, LUM209, LUM76 y LUM 13), bajo el supuesto de que es posible identificar cruzas de buena ACE cuando interviene una línea de alta con una de baja ACG (Pérez-López *et al.*, 2014; Cervantes-Ortiz *et al.*, 2018). La siembra se hizo en un surco de 5 m de largo por línea a evaluar, a una distancia entre surcos de 0.8 m y entre plantas de 0.25 m, en dos repeticiones. Las cruzas se realizaron de manera manual, considerando generar solo cruzas directas. En la cosecha se obtuvieron al menos cinco mazorcas de cada una de las 36 cruzas.

La evaluación de campo de las cruzas dialélicas, se condujo en el ciclo otoño-invierno 2017/2018, en el campo experimental de la EESuX. La evaluación incluyó las 36 cruzas dialélicas y los testigos H-515 y VS-535. La unidad experimental se conformó por dos surcos de 5 m de largo, a una distancia entre surcos de 0.8 m y entre plantas de 0.25 m. Las variables de respuesta registradas fueron las mismas que en la evaluación de mestizos.

Los análisis estadísticos de las variables medidas, fueron mediante análisis de varianza y comparación de medias, a través de la prueba de DMS ($P \leq 0.05$). Se estimaron los efectos de la Aptitud Combinatoria General (ACG) y Específica (ACE), utilizando método IV de Griffing (1956) bajo el modelo 1 de efectos fijos, las formulas fueron las siguientes:

$$g_i = \frac{1}{P(P-2)} [P X_{i.} - X_{..}]$$

$$S_{ij} = X_{ij} - \frac{1}{P-2} (X_{i.} + X_{.j}) + \frac{1}{(P-1)(P-2)} X_{..}$$

Dónde:

g_i : es el efecto de la ACG en la i-ésima línea

P : es el número de líneas

$X_{i.}$: es el total de la i-ésima líneas a través de cruzas dialélicas

$X_{..}$: es el gran total en el cuadro dialélico

S_{ij} : es el efecto de la ACE de la cruza $i \times j$

X_{ij} : es el valor de la cruza $i \times j$

$X_{.j}$: es el total de la j -ésima líneas a través de cruzas dialélicas.

Los datos fueron procesados con el software SAS (versión 9.1).

2.4.4. Evaluación de líneas *per se*

La evaluación de las líneas en campo se estableció en el ciclo primavera-verano 2018, se incluyeron las quince líneas endogámicas de maíz y los testigos H-515 y VS-535. El experimento se efectuó en el mismo campo experimental de la EESuX. El diseño experimental usado fue bloques completos al azar con cuatro repeticiones; la unidad experimental se conformó por un surco de 5 m de largo a una distancia entre surcos de 0.8 m, y entre plantas de 0.25 m. Las variables estudiadas fueron las mismas que en la evaluación de mestizos y de cruzas dialélicas. El análisis estadístico de los datos consistió en análisis de varianza y comparación de medias por medio de la prueba de DMS ($P \leq 0.05$).

2.5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

2.5.1. Evaluación de mestizos

El análisis de varianza combinado a través de localidades (Cuadro 2.3), detectó efecto altamente significativo ($P \leq 0.01$) de Localidades y Genotipos para todas las variables. Al descomponer la fuente de variación de Genotipos en Mestizos, Testigos y la comparación Mestizos vs. Testigos, se encontró efecto estadístico ($P \leq 0.01$) en todas las variables de respuesta para Mestizos y Testigos. En tanto que, en la comparación entre Mestizos y Testigos, solo se identificó efecto en peso de 100 semillas (P100S) y en rendimiento de grano (RG). Por otro lado, se reveló un comportamiento similar entre los mestizos provenientes de líneas de baja endogamia y entre los mestizos generados con líneas de alta endogamia, efecto estadístico encontrado únicamente en la altura de planta (AP) y P100S; sin embargo, en la fuente de variación que compara mestizos formados con líneas de baja endogamia contra aquellos generados con líneas de alta endogamia, se identificó efecto estadístico altamente significativo ($P \leq 0.01$) en todas las variables. En lo que se refiere a la interacción genotipo x ambiente (G x L), todas las variables mostraron efecto de tales factores (al 0.01 o al 0.05 de probabilidad).

Cuadro 2.3. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado a través de localidades en la evaluación de mestizos. Ciclo primavera-verano, 2017.

| FV | GL | FM (d) | AP (cm) | P100S (g) | RG (t ha ⁻¹) |
|-----------------------|-----------|------------------|-------------------|---------------------|------------------------------------|
| Localidades (L) | 2 | 861.90** | 51298.25** | 112.79** | 337.61** |
| Rep/L | 9 | 2.12ns | 1388.45** | 3.48ns | 1.04* |
| Genotipos (G) | 17 | 6.09** | 1926.66 ** | 25.35** | 2.04** |
| Mestizos | 14 | 5.12** | 1576.69** | 15.19** | 1.18** |
| Baja endogamia | 9 | 1.56ns | 1053.74** | 10.38* | 0.79ns |
| Alta endogamia | 4 | 2.85ns | 1320.05** | 14.47** | 0.34ns |
| Baja vs. Alta | 1 | 46.22** | 7309.81** | 61.38** | 7.97** |
| Testigos | 2 | 15.86** | 4803.78** | 89.42** | 6.46** |
| Mestizos vs. Testigos | 1 | 0.26ns | 1072.01ns | 39.40* | 5.24** |
| Interacción G x L | 34 | 3.38** | 210.74* | 7.21* | 0.83* |
| Error | 153 | 1.34 | 129.92 | 4.60 | 0.48 |
| CV (%) | | 1.74 | 4.40 | 7.65 | 14.41 |

FV: Fuente de variación; GL: Grados de libertad; FM: Floración masculina; AP: Altura de planta; P100S: Peso de cien semillas; RG: Rendimiento de grano; CV: Coeficiente de variación; ns: No significativo; *: Significativo para $P \leq 0,05$; **: Significativo para $P \leq 0,01$.

Las diferencias detectadas entre Localidades se explican fundamentalmente por la altitud entre sitios (1100 - 1550 m), la que influye en la temperatura ambiental, modificando la duración del ciclo biológico de las plantas; también el tipo de suelo, distinto entre localidades incidió en el comportamiento del germoplasma, debido a diferencias en fertilidad y retención de humedad. En cuanto al comportamiento de los Mestizos, se atribuye particularmente a la variabilidad entre grupos de líneas que difieren no solo en el nivel de endogamia, sino también en el origen genético y geográfico de las líneas. La variación en la comparación de Baja vs. Alta endogamia, se debe a que los mestizos de baja endogamia fueron un día más precoces, 13.5 cm más bajos y con menor peso de 100 semillas, en RG los mestizos de alta endogamia superaron con 0.44 t ha⁻¹ a los de baja endogamia. En cuanto a los Testigos, el

probador VUAT reflejó el menor rendimiento con 3.7 t ha^{-1} , lo que confirma que es un buen probador para evaluar la aptitud combinatoria de las líneas, lo que coincide con la teoría, que señala que un buen probador debe poseer frecuencias alélicas bajas para el carácter de interés (Hallauer *et al.*, 2010; Lobato-Ortiz *et al.*, 2010). En la interacción genotipo x ambiente, se encontró que el tipo de interacción en FM fue de cambio de rango, mientras que en el resto de las variables fue de diferencia en magnitud, de acuerdo a los tipos de interacción descritos por Ferh (1991).

La estimación de la aptitud combinatoria general (ACG) de los mestizos (Cuadro 2.4), identificó a los mestizos formados con las líneas CML340, LUM73, CML341, CML342, CML549 y CML576, como los de mayor ACG para rendimiento de grano, con valores entre 0.579 y 0.114 t.ha^{-1} ; solo la línea LUM73 es de baja endogamia. En cuanto al rendimiento de grano de dichos mestizos, éstos mostraron los mayores valores fluctuando entre 5.027 y 5.452 t ha^{-1} ; el promedio de RG de los mestizos con ACG positiva resultó igual al RG del testigo H-515 y superó en 14.1 % el rendimiento del testigo VS-535, y en 28.3 % el rendimiento del probador. Los valores de ACG en FM indicaron que los mestizos generados con las líneas LUM121, LUM76, LUM124 y LUM13 resultaron con efectos negativos y con valores que fluctuaron entre -1.0 y -0.5 d; siendo éstas líneas de baja endogamia. Respecto al efecto de la ACG en AP, el mestizo formado con la línea LUM13 presentó el valor más bajo de -23.2 cm . Por otro lado la ACG en P100S reportó que mestizos conformados por CML341 y CML340 fueron los que presentaron valores altos de 2.3 y 1.7 g .

Cuadro 2.4. Estimación de Aptitud Combinatoria General en cuatro variables, promedio de tres ambientes. Ciclo primavera-verano, 2017.

| MESTIZO | ACG | RG | ACG | FM | ACG | AP | ACG | P100S |
|---------------|--------|-----------------------|------|------|-------|-------|-------|-------|
| | RG | (t ha ⁻¹) | FM | (d) | AP | (cm) | P100S | (g) |
| CML340 x VUAT | 0.539 | 5.452 | 1.1 | 67.5 | 12.8 | 272.7 | 1.7 | 29.5 |
| LUM73 x VUAT | 0.472 | 5.385 | -0.2 | 66.2 | 7.4 | 267.3 | 0.0 | 27.8 |
| CML341 x VUAT | 0.35 | 5.263 | 0.0 | 66.4 | -2.8 | 257.1 | 2.3 | 30.1 |
| CML342 x VUAT | 0.324 | 5.237 | 0.8 | 67.2 | 10.5 | 270.4 | 0.6 | 28.4 |
| CML549 x VUAT | 0.162 | 5.074 | 1.3 | 67.7 | 23.6 | 283.5 | -0.4 | 27.4 |
| CML576 x VUAT | 0.114 | 5.027 | 0.6 | 67.0 | 0.7 | 260.6 | 0.2 | 28.0 |
| LUM194 x VUAT | -0.044 | 4.868 | 0.1 | 66.5 | -4.7 | 255.2 | 1.1 | 28.9 |
| LUM148 x VUAT | -0.067 | 4.846 | 0.1 | 66.5 | -1.5 | 258.4 | 0.7 | 28.5 |
| LUM121 x VUAT | -0.131 | 4.782 | -1.0 | 65.4 | -6.2 | 253.7 | -0.7 | 27.1 |
| LUM80 x VUAT | -0.157 | 4.756 | -0.3 | 66.1 | 8.8 | 268.7 | -0.1 | 27.7 |
| LUM209 x VUAT | -0.208 | 4.705 | -0.3 | 66.1 | -10.6 | 249.3 | -0.2 | 27.6 |
| LUM76 x VUAT | -0.221 | 4.692 | -0.6 | 65.8 | -5.8 | 254.1 | -0.7 | 27.1 |
| LUM40 x VUAT | -0.247 | 4.666 | 0.1 | 66.5 | 1.3 | 261.2 | -1.0 | 26.8 |
| LUM13 x VUAT | -0.407 | 4.506 | -0.5 | 65.9 | -23.2 | 236.7 | -2.2 | 25.6 |
| LUM124 x VUAT | -0.479 | 4.434 | -0.6 | 65.8 | -10.9 | 249.0 | -0.6 | 27.2 |

ACG: Aptitud combinatoria general; RG: Rendimiento de grano; FM: Floración masculina; AP: Altura de planta; P100S: Peso de cien semillas.

Los mestizos con mayor ACG en el RG, fueron los provenientes de líneas CML340, LUM73, CML341, CML342, CML549 y CML576, predominando los mestizos de alta endogamia, estos resultados coinciden con los encontrados en pruebas tardías, donde obtuvieron valores de 0.483 a 0.768 t.ha⁻¹ (Castañón *et al.*, 1998). Al seleccionar líneas con alta ACG en rendimiento, éstas pueden usarse para generar cruza con mayor potencial del que presentan las que se usan comercialmente (Kamara *et al.*, 2014), pero también existen reportes que al cruzar líneas de alta ACG por baja ACG o negativa se han encontrado buena ACE (Wong-Romero *et al.*, 2006; Cervantes-Ortiz *et al.*, 2018).

2.5.2. Evaluación de cruzas dialélicas

Los análisis de varianza para las cruzas dialélicas (Cuadro 2.5) detectaron efecto altamente significativo de las cruzas, para todas las variables medidas; así como en la fuente de variación que prueban los efectos de ACG en todas las variables de respuesta; mientras que para los efectos de ACE se encontraron diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) solo en las variables de AP, P100S y RG. Los resultados encontrados en la ACG y la ACE indicaron que las líneas estudiadas difieren tanto en sus efectos genéticos aditivos, como entre los efectos no aditivos en AP, P100S y RG. Resultados similares se han reportado en diferentes estudios (Guillen-de la Cruz *et al.*, 2009; Rodríguez-Pérez *et al.*, 2016; Guzmán *et al.*, 2017) lo que se ha asociado al tipo y origen del germoplasma de maíz utilizado, variables medidas, alelos que determinan a éstas y a los ambientes en que se realizó la evaluación.

Cuadro 2.5. Cuadrados medios del análisis de varianza en la evaluación de cruzas dialélicas. Ciclo otoño-invierno, 2017-2018.

| FV | GL | FM (d) | AP (cm) | P100S (g) | RG (t ha ⁻¹) |
|-----------|-----------|------------------|-------------------|---------------------|------------------------------------|
| Bloques | 3 | 28.24** | 570.02** | 1.16ns | 4.14** |
| Cruzas | 35 | 6.10** | 698.27** | 12.10** | 3.95** |
| ACG | 8 | 21.83** | 2028.38** | 19.16** | 9.13** |
| ACE | 27 | 1.44 | 304.16** | 10.01** | 2.41** |
| Error | 105 | 2.87 | 118.55 | 4.07 | 0.78 |
| CV (%) | | 2.20 | 4.68 | 6.67 | 14.87 |

FV: Fuente de variación; GL: Grados de libertad; FM: Floración masculina; AP: Altura de planta; P100S: Peso de cien semillas; RG: Rendimiento de grano; ns: No significativo; *: Significativo para $P \leq 0.05$; **: Significativo para $P \leq 0.01$.

Las estimaciones de los efectos de ACG de las líneas (Cuadro 2.6), revelaron que la línea CML549 tuvo un efecto positivo de 1.81** días, en tanto que la línea que mostró el mayor valor negativo fue la LUM13 (-1.02** d). En cuanto a la variable de altura de planta, la línea CML576 tuvo una ACG de 9.53** cm, y la LUM13 resultó con una ACG

de -15.36** cm. En el comportamiento del P100S, la línea LUM148 presentó el mayor efecto positivo (1.09** g) y LUM73 el mayor efecto negativo (-1.03** g). En lo que respecta al RG, las líneas CML576 y CML341 mostraron la más alta y significativa ACG (1.14 y 0.45 t ha⁻¹, respectivamente), éste último resultado señala que ambas líneas tienen una contribución positiva e importante en la expresión del rendimiento del rendimiento de grano, que las hace potencialmente adecuadas para incluirse en un programa de mejoramiento de maíz para generar variedades sintéticas (Guillén-de la Cruz *et al.*, 2009).

Cuadro 2.6. Valores estimados de aptitud combinatoria general (ACG) de líneas de maíz. Diseño IV de Griffing. Ciclo otoño-invierno, 2017-2018.

| Progenitores | FM (d) | AP (cm) | P100S (g) | RG (t ha ⁻¹) |
|---------------------|------------------|-------------------|---------------------|------------------------------------|
| CML576 | 0.06 | 9.53** | -0.36 | 1.14** |
| CML341 | 0.56 | 5.06* | 0.99** | 0.45** |
| CML549 | 1.81** | 8.65** | -1.35** | 0.22 |
| LUM13 | -1.02** | -15.36** | 0.54 | 0.07 |
| LUM209 | -0.69* | -1.58 | -0.09 | -0.08 |
| LUM76 | -0.94** | 1.86 | 0.07 | -0.20 |
| LUM148 | 0.38 | -11.36** | 1.09** | -0.22 |
| LUM80 | 0.16 | 4.09* | 0.14 | -0.57** |
| LUM73 | -0.30 | -0.89 | -1.03** | -0.80** |

FM: Floración masculina; AP: Altura de planta; P100S: Peso de cien semillas; RG: Rendimiento de grano; *: Significativo para P≤0,05; **: Significativo para P≤0,01.

Respecto a las estimaciones de los efectos de la ACE de las cruzas dialélicas (Cuadro 2.7), se encontró que las cruzas CML341 x LUM73, CML576 x LUM209 y CML549 x LUM76, manifestaron los mayores efectos positivos y estadísticamente significativos en la ACE, con valores de 1.03, 0.82 y 0.79 t ha⁻¹, respectivamente. En la evaluación de mestizos, como en las cruzas dialélicas, las líneas CML341, CML576 y CML549 expresaron valores positivos en el efecto de la ACG, mientras que las líneas LUM73,

LUM209 y LUM76 registraron valores negativos en la ACG; lo que demuestra que líneas endogámicas de alta endogamia y ACG positiva pueden generar híbridos aceptables en rendimiento de grano cuando se cruzan con líneas de baja endogamia y efectos negativos de ACG, lo que está de acuerdo con lo reportado en diferentes estudios (Guillén-de la Cruz *et al.*, 2009; Cervantes-Ortiz *et al.*, 2018); así como en el hecho mencionado de que al menos una de las líneas progenitoras se precisa que sea de alta ACG, para desarrollar híbridos sobresalientes (Pérez-López *et al.*, 2014), debido a la aportación de genes con efectos aditivos.

Cuadro 2.7. Efectos de la Aptitud Combinatoria Especifica (ACE) de treinta y seis cruzas de maíz. Ciclo otoño-invierno, 2017-2018.

| Cruza | FM (d) | AP (cm) | P100S (g) | RG (t ha⁻¹) |
|-----------------|-------------------|--------------------|----------------------|-----------------------------------|
| CML341 x LUM73 | 0.36 | 8.62 | -1.394 | 1.03** |
| CML576 x LUM209 | 0.00 | 5.69 | 0.960 | 0.82* |
| CML549 x LUM76 | 0.500 | 2.95 | 1.448 | 0.79* |
| LUM209 x LUM13 | -1.43 | -1.52 | 0.698 | 0.77 |
| CML341 x LUM76 | 0.25 | 16.56** | -0.004 | 0.74 |
| CML576 x LUM80 | -0.36 | -0.18 | 0.368 | 0.71 |
| CML549 x LUM209 | 0.75 | 7.65 | -1.033 | 0.62 |
| CML549 x LUM13 | -0.18 | 7.00 | 0.392 | 0.62 |
| LUM148 x LUM73 | -0.21 | 3.59 | -0.926 | 0.60 |
| LUM80 x LUM76 | -0.86 | -8.32 | 0.990 | 0.46 |
| LUM148 x LUM80 | -0.18 | 6.41 | 0.709 | 0.42 |
| LUM80 x LUM13 | 1.46* | -14.35** | -0.321 | 0.38 |
| CML341 x LUM13 | -0.18 | 11.34 | -0.235 | 0.37 |
| LUM148 x CML341 | 0.18 | -13.56** | -0.160 | 0.36 |
| CML549 x LUM80 | 0.14 | 0.48 | -1.990* | 0.33 |
| LUM148 x CML576 | 0.43 | 0.52 | -0.578 | 0.31 |
| CML576 x LUM76 | 0.75 | 6.69 | 1.475 | 0.27 |
| LUM148 x LUM209 | 0.18 | 2.96 | 1.181 | 0.23 |
| LUM73 x LUM13 | -0.07 | -0.42 | -0.174 | 0.13 |
| CML576 x LUM73 | 0.11 | -0.98 | 1.322 | 0.09 |
| CML341 x LUM209 | 0.25 | -7.08 | 3.976** | -0.06 |
| LUM73 x LUM80 | -0.50 | 0.56 | 1.720 | -0.15 |
| LUM148 x CML549 | -0.32 | 7.40 | 0.722 | -0.17 |
| LUM76 x LUM209 | -0.25 | -12.39 | -1.227 | -0.28 |
| CML341 x LUM80 | 0.14 | 9.51* | 1.036 | -0.29 |
| LUM73 x LUM209 | 0.36 | -1.19 | -2.037* | -0.34 |
| CML576 x LUM13 | 0.07 | 4.81 | 0.408 | -0.45 |
| CML576 x CML549 | -0.75 | -5.19 | -0.977 | -0.53 |
| LUM148 x LUM76 | -0.07 | -1.02 | -0.339 | -0.59 |
| LUM73 x LUM76 | -0.64 | -3.91 | -0.190 | -0.62 |
| CML549 x LUM73 | 0.61 | -6.27 | 1.680 | -0.74 |
| LUM76 x LUM13 | 0.32 | -0.57 | -1.159 | -0.76* |
| CML341 x CML549 | -0.75 | -14.02** | -0.239 | -0.91* |
| LUM148 x LUM13 | 0.00 | -6.30 | 0.391 | -1.16** |
| CML341 x CML576 | -0.25 | -11.37* | -2.978** | -1.23** |
| LUM80 x LUM209 | 0.14 | 5.88 | -2.516** | -1.86** |

FM: Floración masculina; AP: Altura de planta; P100S: Peso de cien semillas; RG: Rendimiento de grano; *: Significativo para $P \leq 0,05$; **: Significativo para $P \leq 0,01$.

2.5.3. Evaluación *per se*

Los resultados de la evaluación *per se* de líneas (Cuadro 2.8) revelaron que CML340 tuvo el mayor RG (5.04 t ha^{-1}) y la mayor AP (263 cm), particularmente esta línea provocó que las líneas de alta endogamia (líneas CML) fueran superiores a las de baja endogamia (líneas LUM). Otras líneas sobresalientes de alta endogamia fueron CML342 y CML341 con RG de 2.64 y 2.18 t ha^{-1} , respectivamente; sin embargo, las líneas LUM124 (2.43 t ha^{-1}) y LUM194 (2.42 t ha^{-1}) produjeron rendimientos similares a las últimas, esto indica que las líneas del Programa de mejoramiento de maíz, de la Universidad Autónoma del Estado de Morelos son competitivas en rendimiento de grano, y es germoplasma con potencial para la formación de variedades sintéticas y/o híbridas, coincidiendo que líneas con bajos niveles de endogamia son vigorosas, rendidoras y pueden usarse como progenitores hembra en cruza para aumentar la producción de semilla (Astate y Branco, 2002). El método *per se* es considerado eficiente para conocer los aspectos agronómicos de las líneas (Rajaram *et al.*, 1996; Ramírez *et al.*, 1998).

Cuadro 2.8. Características agronómicas y rendimiento de grano en líneas de maíz tolerantes a sequía. Ciclo primavera-verano, 2018.

| Línea | FM (d) | AP (cm) | P100S (g) | RG (t ha ⁻¹) |
|--------------|------------------|-------------------|---------------------|------------------------------------|
| LUM13 | 64 | 168 | 27.7 | 1.38 |
| LUM40 | 69 | 226 | 25.3 | 1.83 |
| LUM73 | 69 | 215 | 26.4 | 1.67 |
| LUM76 | 70 | 206 | 24.9 | 1.04 |
| LUM80 | 68 | 225 | 30.2 | 1.76 |
| LUM121 | 67 | 222 | 28.6 | 1.82 |
| LUM124 | 68 | 229 | 26.7 | 2.43 |
| LUM148 | 66 | 166 | 27.2 | 1.13 |
| LUM194 | 68 | 235 | 33.3 | 2.42 |
| LUM209 | 66 | 227 | 27.2 | 1.39 |
| CML340 | 64 | 263 | 34.5 | 5.04 |
| CML341 | 65 | 236 | 29.9 | 2.18 |
| CML342 | 68 | 251 | 27.8 | 2.64 |
| CML549 | 87 | 232 | 21.4 | 1.15 |
| CML576 | 70 | 207 | 23.6 | 1.48 |
| H-515 | 64 | 242 | 30.1 | 4.00 |
| VS-535 | 65 | 269 | 33.4 | 3.83 |
| DMS (0.05) | 2 | 16 | 5.2 | 0.70 |

FM: Floración masculina; AP: Altura de planta; P100S: Peso de cien semillas; RG: Rendimiento de grano.

2.6. CONCLUSIONES

La evaluación de líneas a través de mestizos permitió determinar la aptitud combinatoria general de líneas de maíz y seleccionar las líneas LUM73, CML341, CML549 y CML576 con aptitud combinatoria general positiva. Las líneas CML341, CML549 y CML576 de alta ACG positiva en rendimiento de grano, formaron cruzas de alta ACE positiva, cuando se cruzaron con las líneas LUM73, LUM209 y LUM76 de ACG negativa. Las líneas CML341, CML576 y CML549 resultaron con valores positivos en el efecto de la ACG, tanto en la evaluación de mestizos como en cruzas dialélicas. Agronómicamente, las líneas CML340 (5.04 t ha⁻¹), CML342 (2.64 t ha⁻¹), CML341 (2.18 t ha⁻¹), LUM124 (2.43 t ha⁻¹) y LUM194 (2.42 t ha⁻¹), mostraron ser competitivas en rendimiento de grano.

2.7. LITERATURA CITADA

- Akaogu, C. I.; B. Badu-Apraku and V. O. Adetimirin. 2017. Combining ability and performance of extra-early maturing yellow maize inbreds in hybrid combinations under drought and rain-fed conditions. *Journal of Agricultural Science*, 155:1520-1540. doi:10.1017/S0021859617000636
- Bernardo, R. 1992. Retention of genetically superior lines during early generations testcrossing of maize. *Crop Science*, 32: 933-937.
- Buenrostro-Robles, M.; R. Lobato-Ortiz; J. J. García-Zavala y C. Sánchez-Abarca. 2017. Rendimiento de líneas de maíz exótico Irradiado con rayos gamma y de híbridos de cruza simple. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 40: 351-358.
- Castañón, G.; D. Jeffers; H. Hidalgo y H. Tosquy. 1998. Prueba de mestizos en maíz en el estado de Veracruz, México. *Agronomía Mesoamericana*, 9: 89-96.
- Castañón, G.; R. Cruz; R. Del Pino; E. Panzo; M. Montiel y L. Filobello. 2000. Selección de líneas de maíz para resistencia a sequía. *Agronomía Mesoamericana*, 11: 163-169.
- Cervantes-Ortiz, F.; J. Hernández-Esparza; J. G. Gracia-Rodríguez; J. A. Rangel-Lucio; E. Andrio-Enríquez; M. Mendoza-Elos; G. Rodríguez-Pérez y D. Rodríguez-Mercado. 2018. Aptitud combinatoria general y específica de caracteres agronómicos en líneas de maíz (*Zea mays* L.) de baja endogamia. *Chilean Journal of Agricultural Animal Science*, 34: 33-42.
- Chávez, A. J. L. 1995. Mejoramiento de plantas 2. Métodos específicos de plantas alógamas. Ed. Trillas, México. 143 p.
- Escorcia-Gutiérrez, N.; J. D. Molina-Galán; F. Castillo-González y J. A. Mejía-Contreras. 2010. Rendimiento, heterosis y depresión endogámica de cruza simples de maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 33: 271-279.
- Falconer, D. S. y T. F. C. Mackay. 2006. Introducción a la genética Cuantitativa. 4ª edición. Editorial Acribia, S. A. Zaragoza, España. 469 p.
- Ferh, W. 1991. Principles of Cultivar Development: Theory and Technique. Agronomy Books. 1. Iowa State University. Press. Ames, IA.

- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, 9:463-493.
- Guillén-de la Cruz, P.; E. de la Cruz-Lázaro; G. Castañón-Nájera; R. Osorio-Osorio; N. P. Brito-Manzano; A. Lozano-del Rio y U. López-Noverola. 2009. Aptitud combinatoria general y específica de germoplasma tropical de maíz. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 10: 101-107.
- Guzmán, M.; D. Díaz; C. Ramis; R. Ruiz-Figueroa y R. Jiménez. 2017. Estimación de la aptitud combinatoria y heterosis en híbridos no convencionales de maíz con alto contenido de proteína. *Biagro*, 29: 175-184.
- Hallauer, R. A.; Carena J. M. and Miranda F. J. B. 2010. Quantitative genetics in maize breeding. *Handbook of Plant Breeding*. Springer New York, 669 p.
- Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI). 2017. Anuario estadístico y geográfico de Morelos 2017. <https://www.inegi.org.mx/app/publicaciones/default.html?t=0730003000000000&ag=17>. (Consultado el 30 de Agosto 2018).
- Kamara, M. M.; I. S. El-Degwy and H. Koyama. 2014. Estimating ability of some maize inbred lines using line x tester mating design under two nitrogen levels. *Australian Journal of Crop Science*, 8: 1336-1342.
- Ledesma-Miramontes, A.; J. L. Ramírez-Díaz; V. A. Vidal-Martínez; A. Peña-Ramos; J. A. Ruiz-Corral; Y. Salinas-Moreno y R. E. Preciado-Ortiz. 2015. Propuesta para integrar un patrón heterotico de maíz de grano amarillo para la zona de transición de México. II. Evaluación de mestizos y cruas. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 38: 133-143.
- Lobato-Ortiz, R.; J. D. Molina-Galán; J. J. López-Reynoso; J. A. Mejía-Contreras y D. Reyes-López. 2010. Criterios para elegir el mejor probador de la aptitud combinatoria general para rendimiento de grano de líneas autofecundadas de maíz. *Agrociencia*, 44: 17-30.
- López, L. C.; M. Tadeo-Robledo; A. Espinoza-Calderón; J. J. García-Zavala; I. Benítez; M. G. Vázquez y J. A. Carrillo. 2017. Productividad de cruas simples de maíz con calidad de proteína en valles altos de México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 8: 559-570.

- Pérez-López, F. J.; J. J. García-Zavala; J. D. Molina-Galán; J. J. López-Reynoso y T. Cervantes-Santana. 2014. Líneas homocigóticas de maíz de alto rendimiento como progenitoras de híbridos de cruza simple. *Agrociencia*, 48: 425-437.
- Poehlman, M. y D. A. Sleper. 2003. Mejoramiento genético de las cosechas: Mejoramiento genético del maíz. *Noriega 2*. pp: 214-238.
- Rajaram, S.; B. Hans-Joachim and M. V. Ginkel. 1996. CIMMYT Approach to breed for drought tolerance. *Euphytica*, 92:147-153.
- Ramírez-Díaz, J. L.; Vidal-Martínez V. A.; Alemán-de-la-Torre I.; Ledesma-Miramontes A.; Gómez-Montiel N. O.; Salinas-Moreno Y.; Bautista-Ramírez E.; Tapia-Vargas L.M.; y Ruiz-Corral A. 2019. Selección de líneas y cruzas de maíz combinando las pruebas de mestizos y cruzas dialélicas. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 42:335-346.
- Ramírez, D. J. L.; M. B. Chuela; V. A. M. Vidal; J. P. Ron y F. H. Caballero. 2007. Propuesta para formar híbridos de maíz combinando patrones heteróticos. *Revista Fitotecnia mexicana*, 30: 453-461.
- Ramírez, J. L.; J. Ron; J. Sánchez; A. Carcía; J. Maya. 1998. Aptitud combinatoria general y correlaciones fenotípicas entre líneas y mestizos de maíz. *Agronomía Mesoamericana*, 9: 69-76.
- Rebolloza, H. H.; Castillo G. A.; Carapia R. V. E.; Andrade R. M.; Villegas T. O. G.; Núñez V. M. E.; Suárez R. R. y Perdomo R. F. 2016. Estimación de parámetros genéticos y selección de líneas S₁ en una población segregante de maíz tropical. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 7:1893-1904.
- Rodríguez-Pérez, G. F.; Zavala-García J.; E. Treviño-Ramírez; C. Ojeda-Zacarías; M. Mendoza-Elos; S. A. Rodríguez-Herrera; y F. Cervantes-Ortiz. 2016. Aptitud combinatoria y heterosis entre líneas de dos tipos de maíz para grano. *Interciencia*, 41: 47-54.
- Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA). 2017. Boletín mensual. https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/214365/Bolet_nes_Balanzas_productos_agropecuarios.pdf. (Consultado el 16 de enero 2019).

- Sánchez-Ramírez, F. J.; Mendoza-Castillo M. C.; y Mendoza-Mendoza C. G. 2020. Evaluación de mestizos y uso de técnicas multivariadas para identificar líneas sobresalientes de maíz. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 11:433-439.
- Sánchez-Ramírez, F. J; M. C. Mendoza-Castillo; M. Mendoza-Rodríguez; F. Castillo-González; S. Cruz-Izquierdo; S. Castro-Nava y J. D. Molina-Galán. 2017. Aptitud combinatoria de líneas endogámicas para la producción de híbridos de maíz (*Zea mays* L.) de cruza simples en condiciones de riego. *Agrociencia*, 51: 393-407.
- SAS. 2002. Institute. User's Guide of SAS. SAS Institute Inc. Cary, N. C. USA, 550 p.
- Servicio de Información Alimentaria y Pesquera (SIAP). 2017. Anuario estadístico de la producción Agrícola. <https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/>. (Consultado el 22 de octubre 2018).
- Sprague, G. E. 1946. Early testing of inbred lines of corn. *Journal American Society of Agronomy*, 38: 108-117.
- Trujillo, C. A. 2009. Guía para cultivar maíz bajo condiciones de riego en el Estado de Morelos. SAGARPA, INIFAP, CIRPAS. Campo Experimental Zacatepec. Folleto para productores No. 46. Zacatepec, Morelos, México. 17 p.
- Velázquez-Cardelas, G. A.; A. González-Huerta; D. J. Pérez-López y F. Castillo-González. 2018. Comportamiento de mestizos en tres localidades del centro de México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 9: 1217-1230.
- Wong-Romero, R.; Gutiérrez-del Río E.; Rodríguez-Herrera S. A.; Palomo-Gil A.; Córdova-Orellana H.; y Espinoza-Banda A. 2006. Aptitud combinatoria y parámetros genéticos de maíz para forraje en la comarca Lagunera, México. *Universidad y Ciencia Trópico Húmedo*, 22: 141-15.

CAPITULO III

RESPUESTA MORFOLÓGICA, FISIOLÓGICA E ÍNDICES DE TOLERANCIA A SEQUÍA DE VARIEDADES SINTÉTICAS EXPERIMENTALES DE MAÍZ

3.1. Resumen

La sequía reduce drásticamente el rendimiento de maíz, si ésta se presenta en floración o llenado de grano; por lo que se evaluaron seis variedades sintéticas experimentales formadas con líneas tolerantes a sequía, con el propósito de caracterizar su comportamiento agrónomico en condiciones de riego y sequía; por lo que los objetivos fueron: 1) Determinar la respuesta morfológica de las variedades sintéticas en condiciones de riego y sequía inducida; 2) Evaluar el comportamiento fisiológico de las variedades sintéticas a través del contenido relativo de clorofila y temperatura foliar; 3) Seleccionar la variedad con mayor uso potencial en ambientes con baja disponibilidad de agua, mediante índices de tolerancia a sequía. La evaluación se realizó en dos localidades del estado de Morelos en el ciclo otoño-invierno 2018/2019, en riego y sequía inducida. Los experimentos se condujeron en un diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones, donde se midió la floración masculina y femenina, intervalo antesis-emergencia de estigmas, altura de planta y mazorca, longitud de mazorca, número de hileras, número de granos por hilera, diámetro de mazorca, peso de 100 semillas, contenido relativo de clorofila, temperatura foliar y rendimiento de grano. Las variables más afectadas por la disponibilidad de humedad fueron la altura de planta, intervalo antesis-emergencia de estigmas, número de granos por hilera y el rendimiento de grano. El contenido relativo de clorofila disminuyó y la temperatura foliar se incrementó con la intensidad de la sequía, por lo que éstas pueden ser criterios de selección para tolerancia a sequía. El sintético VSUM-6 fue seleccionado por los índices de la media armónica (HM) y tolerancia al estrés (STI), por ser la variedad de mayor rendimiento potencial en condiciones de riego y sequía.

Palabras clave: *Zea mays*, estrés hídrico, parámetros fisiológicos.

3.2. Abstract

Drought drastically reduces maize yield, if it occurs in flowering or grain filling; so six experimental synthetic varieties developed with drought-tolerant lines were evaluated, with the aim of characterizing their agronomic performance under irrigation and drought conditions; therefore the objectives were to: 1) determine the morphological response of synthetic varieties under irrigation conditions and induced drought; (2) assess the physiological performance of synthetic varieties through the relative content of chlorophyll and foliar temperature; 3) select the variety with the highest potential use in environments with low water availability, using drought tolerance indexes. The evaluation was carried out in two locations in the state of Morelos in the autumn-winter 2018/2019 cycle, in irrigation and induced drought. The experiments were conducted in a randomized complete block design with three replications, where they were measured; male and female flowering, anthesis-silking interval, plant and ear height, ear length, number of rows, number of grains per row, ear diameter, 100-seed weight, relative chlorophyll content, foliar temperature and grain yield. The variables most affected by moisture availability were plant height, anthesis-silking interval, number of grain per row and grain yield. The chlorophyll relative content decreased and foliar temperature increased with drought intensity, so these may be selection criteria for drought tolerance. The synthetic VSUM-6 was selected by the harmonic mean (HM) and stress tolerance (STI) indices, as it is the variety of the highest potential yield in irrigation and drought conditions.

Key words: *Zea mays*, hidric stress, physiological parameters.

3.3. INTRODUCCIÓN

El cambio climático impacta en el planeta causando precipitaciones poco frecuentes y erráticas, temperaturas elevadas y expansión de áreas afectadas por inundación o déficit hídrico (Lamaoui *et al.*, 2018). La sequía es un factor de gran impacto a nivel mundial, ésta disminuye la producción en los cultivos causando pérdidas de más del 50 % (Verma y Deepti, 2016), en maíz se reporta una reducción de aproximadamente 40 % en rendimiento de grano (Daryanto *et al.*, 2016).

El mayor efecto de la sequía en el rendimiento de grano del maíz, ocurre en el periodo de floración y llenado de grano (Stone *et al.*, 2001). Durante la floración, la elongación y emergencia de los estigmas se atrasa y se pierde receptividad al polen; los granos de polen reducen su germinación y se afecta el crecimiento del tubo polínico cuando se deshidratan los estigmas, causando una baja polinización y una reducción del 8 % por día en estrés severo (Jain *et al.*, 2019). En la etapa de llenado de grano, se presenta aborto, pobre desarrollo embrionario y del endospermo; causando reducción del rendimiento al disminuir el número de granos por hilera, número de hileras por mazorca, número de granos por mazorca y rendimiento de grano por planta, por lo que las pérdidas de rendimiento en esta etapa, se estiman entre el 2 y 6 % por día de estrés (Jain *et al.*, 2019; NeSmith y Ritchie, 1992).

Una estrategia para que la disminución del rendimiento de grano no sea significativa, es el uso de variedades tolerantes a sequía (Raya *et al.*, 1996), las cuales también reducen la probabilidad de pérdida de siembras de maíz en un 30 % (Sintowe *et al.*, 2019). Sin embargo, la tolerancia a sequía en plantas, es una característica difícil de identificar con gran precisión, debido a la complejidad de la respuesta de las plantas y a que el rendimiento de grano es un carácter poligénico, por lo tanto, presenta una alta interacción genotipo x ambiente (Pereira, 2016). Por lo que, se han utilizado características secundarias de la planta como criterios de selección (Musvosvi *et al.*, 2018), así como mecanismos morfofisiológicos (Wattoo *et al.*, 2018) e índices de

tolerancia a la sequía (Anwar *et al.*, 2011), para eficientizar la selección de genotipos con tolerancia a este factor de estrés.

Los caracteres secundarios efectivos en maíz asociados con la resistencia a la sequía son: enrollamiento foliar, permanecer verde, corto intervalo de anthesis-emergencia de estigmas (ASI), mazorca por planta, mayor sistema radicular, hojas erectas, peso del grano y baja temperatura del dosel (Bolaños y Edmeades, 1996; Edmeades *et al.*, 2000; Bänziger *et al.*, 2012). En una evaluación para corto ASI como criterio de selección en sequía, se evaluaron líneas endogámicas y variedades de polinización libre (VPL), los resultados encontrados en condiciones de sequía, mostraron rendimientos de grano en líneas de 1.03 a 2.9 t ha⁻¹ y en VPL de 1.17 a 2.42 t ha⁻¹, el carácter ASI en líneas fue de 2.7 a 4 d y 7.7 a 10.7 en VPL; en este estudio se asoció corto ASI con alto rendimiento de grano (Ngugi *et al.*, 2013). En otra evaluación con híbridos de maíz, se reportaron valores en ASI de 3.1 d, al ser sometidos a 22 d de estrés (Corrêa *et al.*, 2013). Otro carácter asociado a la tolerancia a sequía, es el contenido de clorofila, debido a que éste se reduce por el estrés hídrico durante la floración (Jokar *et al.*, 2018). En una investigación con híbridos de maíz, se reportó que el contenido de clorofila se redujo en 53 y 64 % comparado con el experimento bajo riego (Kim *et al.*, 2019), en tanto que con líneas endogámicas la reducción fue de 8 y 17 % (Li *et al.*, 2019).

Los índices de tolerancia a sequía, basados en diferencias en el rendimiento bajo condiciones de estrés y no estrés, se han utilizado en algunos estudios para identificar genotipos con buena respuesta bajo déficit hídrico; entre los índices más utilizados se encuentra el índice de susceptibilidad al estrés (ISS) (Fischer y Maurer, 1978); índice de tolerancia a sequía (TOL) (Rosielle y Hamblin, 1981); coeficiente de resistencia a sequía (DRC) (Blum, 1984); índice de tolerancia al estrés (STI) (Fernández, 1992); índice de resistencia a sequía (DRI) (Lan, 1998) y un índice basado en la media armónica (HM) del rendimiento de los genotipos bajo evaluación (Mardeh *et al.*, 2006). Cuando estos índices se combinan con análisis de correlación o análisis multivariado contribuyen a una interpretación efectiva de los valores de los índices, por lo que, es

recomendable el uso de diferentes índices en la selección de genotipos tolerantes a sequía (Boicet *et al.*, 2018).

El programa de fitomejoramiento de maíz de la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc, perteneciente a la Universidad Autónoma del Estado de Morelos ha desarrollado variedades sintéticas experimentales de maíz, a partir de líneas tolerantes a sequía; sin embargo no se habían evaluado en campo; por lo que los principales objetivos de la presente investigación fueron: 1) Determinar la respuesta morfológica de las variedades sintéticas en condiciones de riego y sequía inducida; 2) Evaluar el comportamiento fisiológico de las variedades sintéticas a través del contenido relativo de clorofila y temperatura foliar; 3) Seleccionar la variedad sintética con mayor uso potencial en ambientes con baja disponibilidad de agua, mediante índices de tolerancia a sequía.

3.4 MATERIALES Y MÉTODOS

3.4.1. Germoplasma de estudio

El material genético lo constituyeron seis variedades sintéticas experimentales de maíz (VUSM-1, VSUM-2, VSUM-3, VSUM-4, VSUM-5, VSUM-6) formadas con líneas tolerantes a sequía y los testigos comerciales VS-535 y H-515, ambos liberados por el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP).

3.4.2. Descripción de experimentos

La evaluación de variedades sintéticas y testigos, se realizó en dos localidades del estado de Morelos: localidad de Ayala ubicada a los 18° 44´ 29" LN y 98° 54´38" LW, altitud de 1220 m, con un rango de temperatura de 10 - 32 °C y tipo de suelo vertisol; y Tepalcingo localizada a los 18° 37´ 46" LN y 98° 51´00" LW, su altitud es de 1100 m, la temperatura oscila de 13 - 34 °C y el tipo de suelo que predomina es leptosol (INEGI, 2017). En ambas localidades se establecieron dos experimentos contiguos, uno en condición de riego y otro en sequía inducida, durante el ciclo agrícola otoño-invierno 2018-2019. La siembra se realizó de manera manual (14 y 16 de enero en Ayala y Tepalcingo, respectivamente), depositando dos semillas por punto, en la etapa fenológica de V3 se realizó un aclareo, dejando una planta por punto. La dosis de fertilización fue la 170-70-00 en dos aplicaciones; la primera al momento de la siembra con la dosis de 70-70-00, y la segunda en la etapa V6 proporcionándose el resto del nitrógeno. El manejo agronómico de los experimentos, se realizó de acuerdo con las especificaciones de la guía técnica del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) [Trujillo, 2009].

Durante los primeros 52 días después de la siembra, el manejo de humedad fue el mismo en los experimentos de riego y de sequía, aplicándose cinco riegos con intervalo de 10 a 12 días. En los experimentos de riego, se continuo con la misma

frecuencia de irrigación durante el resto del ciclo biológico; mientras que, en los experimentos de sequía, a los 52 d se suspendió el riego por un periodo de 35 d; en el día 87 se aplicó un riego cada tercer surco, y posterior a éste no se suministró agua durante otros 18 d más, para reanudarse normalmente a los 105 dds, proporcionándose dos riegos más. Todos los riegos se suministraron por gravedad. Para conocer el nivel de tensión hídrica en los experimentos, se instalaron tres tensiómetros en sequía y uno en riego en las dos localidades. También se determinó la humedad del suelo mediante el método gravimétrico, a través de muestras del suelo a los 35 cm de profundidad (tres muestras en sequía y una en riego).

3.4.3. Diseño Experimental y variables de estudio

El diseño experimental para los cuatro experimentos fue un Bloques Completos al Azar con tres repeticiones. La unidad experimental estuvo constituida por cuatro surcos de 5 m de largo a una distancia entre surcos de 0.8 m y la distancia entre plantas fue de 0.25 m. La parcela útil fueron los dos surcos centrales en cada tratamiento y repetición.

Las variables de estudio fueron: Floración masculina (FM-días) y femenina (FF-días), intervalo anthesis-emergencia de estigmas (ASI-días), altura de planta (AP-cm) y mazorca (AM-cm), longitud de mazorca (LM-cm), número de hileras (NH), número de granos por hilera (NG), diámetro de mazorca (DM-cm), peso de 100 semillas (PCS-g), rendimiento de grano (RG-t ha⁻¹), contenido relativo de Clorofila (CRC-unidades SPAD), y temperatura foliar (TF- °C).

3.4.4. Análisis estadístico

El análisis estadístico de datos de las variables registradas se efectuó mediante análisis de varianza combinado y comparación de medias con la prueba de DMS ($P \leq$

0.05). Se realizó un análisis de correlación entre caracteres por ambiente. Se calcularon los índices de tolerancia a sequía con las siguientes formulas:

$$\text{Índice de susceptibilidad al estrés } ISS = \frac{1-(RGs/RGr)}{1-(mRGs-mRGr)};$$

$$\text{Índice de tolerancia } TOL = RGr - RGs;$$

$$\text{Coeficiente de resistencia a sequía } DRC = \frac{RGs}{RGr};$$

$$\text{Índice de tolerancia al estrés } STI = \left(\frac{RGr}{mRGr}\right) \times \left(\frac{RGs}{mRGs}\right) \times \left(\frac{mRGs}{mRGr}\right);$$

$$\text{Índice de resistencia a sequía } DRI = RGs \times \frac{(RGs/RGr)}{mRGs};$$

$$\text{Media armónica } HM = 2 \times \left(\frac{RGs \times RGr}{RGr + RGs}\right).$$

Dónde:

RGr = Rendimiento de grano en t ha⁻¹ de cada genotipo en riego

RGs = Rendimiento de grano en t ha⁻¹ de cada genotipo en sequía

mRGr = son la media del rendimiento de grano (t ha⁻¹) de todos los genotipos en riego.

mRGs = son la media del rendimiento de grano (t ha⁻¹) de todos los genotipos en sequía.

Con los índices se realizó un análisis de correlación entre el RG de riego y sequía con los diferentes índices. Los datos fueron procesados con el programa estadístico Statistical Analysis System (SAS, versión 9.1).

3.5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis de varianza combinado a través de localidades y ambientes (Cuadro 3.1) detectó en la fuente de variación de Localidades diferencias estadísticas altamente significativas ($P \leq 0.01$), para todas las variables excepto en floración femenina (FF), número de granos por hilera (NG) y contenido relativo de clorofila (CRC). En Ambientes se encontraron diferencias altamente significativas en todas las variables de estudio. En lo referente a la fuente de variación de Variedades, se obtuvieron diferencias altamente significativas en la mayoría de variables, excepto en longitud de mazorca (LM), número de granos por hilera (NG) y temperatura foliar (TF). En cuanto a la interacción Variedades por Localidad se manifestaron diferencias estadísticas significativas y altamente significativas en las variables de altura de mazorca (AM), diámetro de mazorca (DM) y rendimiento de grano (RG).

Las diferencias encontradas entre localidades se explican principalmente por la diferencia en altitud entre sitios (1100 - 1220 m), diferente tipo de suelo y rangos de temperaturas anuales; de ahí la importancia de evaluar el germoplasma en diferentes condiciones ambientales. En cuanto a las diferencias estadísticas encontradas entre ambientes de humedad, son el resultados de los efectos de la escasez de agua en la condición de sequía inducida; en cuanto al comportamiento diferencial de las variedades sintéticas, se atribuye principalmente a las diferencias con las variedades testigo, las que difieren en su constitución genética y en su respuesta a los regímenes hídricos. Adicionalmente, debido a la formación de las variedades sintéticas y al número de líneas que participan en su formación, estas variedades presentan más variabilidad que los híbridos de maíz (Chávez, 1995). Las significancias en la interacción Variedades por Localidad, indicaron que al menos uno de los genotipos evaluados tuvo mejor comportamiento a una localidad en particular (López-Morales *et al.*, 2017), además de considerar que el rendimiento de grano, es un carácter altamente influenciado por los factores ambientales (Pereira, 2016).

Cuadro 3.1. Cuadros medios del análisis de varianza combinado en Ayala y Tepalcingo en ambiente de riego y sequía, Ciclo otoño-invierno, 2018-2019.

| FV | L | A/L | R x A/L | V | V x L | V x A/L | Error | CV |
|--------------------------|-----------|------------|----------------|----------|--------------|----------------|--------------|-----------|
| GL | 1 | 2 | 4 | 7 | 7 | 14 | 56 | |
| FM (d) | 253.5** | 32.3** | 1.06ns | 6.87** | 1.619ns | 1.687ns | 1.145 | 1.4 |
| FF (d) | 4.6ns | 198.6** | 24.23** | 29.62** | 7.593ns | 5.540ns | 4.977 | 2.8 |
| ASI (¶) | 0.2** | 0.3** | 0.01** | 0.01** | 0.002ns | 0.005ns | 0.003 | 4.3 |
| AP (cm) | 17947.0** | 20271.0** | 185.42ns | 449.04* | 278.847ns | 195.682ns | 157.571 | 5.9 |
| AM (cm) | 16193.0** | 1289.3** | 99.19** | 441.14** | 65.449** | 46.593** | 18.766 | 5.2 |
| LM (cm) | 11.0** | 29.6** | 0.70ns | 0.59ns | 0.209ns | 0.870ns | 0.547 | 4.9 |
| NH (Núm.) | 4.9** | 2.6** | 0.41ns | 2.73** | 0.923ns | 0.363ns | 0.513 | 4.8 |
| NG (Núm.) | 1.7ns | 462.0** | 8.25ns | 6.09ns | 3.732ns | 3.313ns | 6.799 | 9.6 |
| DM (cm) | 0.7** | 1.8** | 0.06ns | 0.26** | 0.083* | 0.025ns | 0.032 | 4.2 |
| PCS (g) | 461.5** | 129.6** | 6.90ns | 30.50** | 5.750ns | 4.342ns | 4.936 | 8.4 |
| CRC (us) | 5.8ns | 2100.1** | 46.80ns | 78.81* | 12.712ns | 32.545ns | 35.761 | 16.8 |
| TF (°C) | 74.7** | 485.1** | 19.07** | 2.82ns | 5.130ns | 3.482ns | 3.826 | 5.8 |
| RG (t ha ⁻¹) | 23.0** | 68.3** | 1.00* | 1.47** | 1.233** | 0.211ns | 0.411 | 14.8 |

FV: Fuente de variación; L: Localidad; A: ambientes; R: repeticiones; V: variedades; GL: Grados de libertad; FM: Floración masculina; FF: Floración Femenina; ASI¶: Intervalo anthesis – emergencia de estigmas, transformado; AP: Altura de planta; AM: Altura de mazorca; LM: Longitud de mazorca; NH: Número de hileras, NG: Número de granos por hilera, DM: Diámetro de la mazorca; PCS: peso de cien semillas; CRC: Contenido relativo de clorofila, unidades SPAD; TF: Temperatura foliar; RG: rendimiento de grano; ns: No significativo; *: Significativo para P≤0,05; **: Significativo para P≤0,01.

La comparación de medias de los caracteres estudiados (Cuadro 3.2) mostró que en FM, la variedad sintética VSUM-3 resultó ser más precoz en riego y sequía al igual que los dos testigos H-515 y VS-535; comparando el ambiente de riego y sequía, éste último presentó un adelanto de 1.5 d. La variable FF experimentó un retraso en un 9.3 % en sequía. ASI varió en riego de 1 a 2 d, mientras que en el ambiente de sequía fluctuó de 2 a 7 d, resultando ser los testigos los de más corto ASI. La variable altura de planta expresó que en el ambiente de riego la variedad de mayor altura fue VSUM-6 y la de porte bajo fue VSUM-3, no así en sequía donde VSUM-2 manifestó ser de porte alto y VSUM-1 la de menor altura, presentándose en esta variable una reducción de 40 cm en sequía. La altura de mazorca en VSUM-6 presentó los valores más altos en riego y sequía, en tanto que H-515 fue la que menor valor reportó en los dos ambientes. El número de granos por hilera redujo un 20.5 % en ambiente de sequía. El diámetro de mazorca disminuyó un 8.3 %, y peso de 100 semillas se redujo en 11.4 %, sobresaliendo el testigo VS-535 en ambos ambientes. El contenido relativo de clorofila reveló que en riego VS-535 y VSUM-6 reflejaron ser iguales estadísticamente, mientras que en sequía destacaron VS-535, H-515 con VSUM-1 y VSUM-6. La temperatura foliar se incrementó en 6.2 °C en el ambiente de déficit hídrico. En RG los testigos comerciales VS-535 y H-515 fueron estadísticamente iguales a VSUM-6 en riego y sequía, siendo estos tres los de mayor rendimiento; el RG disminuyó 2.387 t ha⁻¹ en el ambiente de sequía lo que equivale a un 43.1 % comparado con el ambiente de riego.

Cuadro 3.2. Comportamiento promedio de las características morfológicas y fisiológicas de variedades sintéticas y testigos bajo condiciones de riego y sequía, Ciclo otoño-invierno, 2018-2019.

| Variedad | FM | FF | ASI | AP | AM | LM | NH | NG | DM | PCS | CRC | TF | RG |
|-----------------------|-----------|-----------|------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|------------|------------|-----------|-----------------------|
| | (d) | (d) | (d) | (cm) | (cm) | (cm) | (Núm.) | (Núm.) | (cm) | (g) | (us) | (°C) | (t ha ⁻¹) |
| Riego | | | | | | | | | | | | | |
| VSUM-1 | 76 | 77 | 1 | 233 | 91 | 16 | 16 | 32 | 4.5 | 27.4 | 42.8 | 30.9 | 5.529 |
| VSUM-2 | 76 | 78 | 2 | 239 | 94 | 16 | 15 | 30 | 4.3 | 27.6 | 40.7 | 30.1 | 5.204 |
| VSUM-3 | 75 | 77 | 2 | 219 | 80 | 16 | 15 | 29 | 4.3 | 25.8 | 42.0 | 30.8 | 5.247 |
| VSUM-4 | 77 | 78 | 1 | 234 | 85 | 16 | 15 | 30 | 4.4 | 28.9 | 41.5 | 30.2 | 4.957 |
| VSUM-5 | 77 | 78 | 1 | 240 | 86 | 15 | 15 | 29 | 4.5 | 27.1 | 39.3 | 30.8 | 5.269 |
| VSUM-6 | 76 | 78 | 2 | 243 | 99 | 16 | 15 | 31 | 4.4 | 28.2 | 44.7 | 30.3 | 5.739 |
| VS-535 | 75 | 76 | 1 | 219 | 81 | 16 | 16 | 31 | 4.9 | 29.9 | 39.0 | 30.9 | 6.254 |
| H-515 | 75 | 77 | 2 | 220 | 78 | 16 | 14 | 30 | 4.5 | 28.6 | 47.2 | 30.4 | 6.019 |
| DMS _(0.05) | 1 | 2 | 1 | 19 | 5 | 1 | 1 | 3 | 0.2 | 2.5 | 6.3 | 1.7 | 0.895 |
| Sequía | | | | | | | | | | | | | |
| VSUM-1 | 75 | 81 | 6 | 187 | 77 | 14 | 15 | 24 | 4.0 | 23.1 | 31.3 | 37.0 | 3.085 |
| VSUM-2 | 75 | 82 | 7 | 197 | 85 | 14 | 15 | 23 | 4.0 | 25.8 | 26.1 | 37.3 | 2.860 |
| VSUM-3 | 73 | 80 | 7 | 189 | 76 | 15 | 15 | 24 | 4.1 | 21.5 | 26.6 | 36.3 | 3.114 |
| VSUM-4 | 75 | 82 | 7 | 189 | 78 | 15 | 15 | 23 | 4.0 | 25.9 | 26.9 | 36.0 | 2.979 |
| VSUM-5 | 75 | 82 | 7 | 188 | 83 | 14 | 15 | 24 | 4.1 | 23.4 | 25.4 | 36.7 | 2.919 |
| VSUM-6 | 75 | 82 | 7 | 195 | 86 | 15 | 15 | 25 | 4.1 | 24.3 | 27.2 | 35.7 | 3.212 |
| VS-535 | 74 | 76 | 2 | 194 | 78 | 14 | 16 | 24 | 4.4 | 27.7 | 34.1 | 38.2 | 3.755 |
| H-515 | 73 | 77 | 4 | 188 | 71 | 14 | 14 | 25 | 4.1 | 26.0 | 33.8 | 36.6 | 3.230 |
| DMS _(0.05) | 1 | 3 | 3 | 8 | 5 | 1 | 1 | 3 | 0.2 | 2.7 | 7.8 | 2.8 | 0.592 |

V: Variedades; FM: Floración masculina; FF: Floración Femenina; ASI: Intervalo antesis-emergencia de estigmas; AP: Altura de planta; AM: Altura de mazorca; LM: Longitud de mazorca; NH: Número de hileras, NG: Número de granos por hilera, DM: Diámetro de la mazorca; PCS: Peso de cien semillas; CRC: Contenido relativo de clorofila, unidades SPAD (a los 85 dds); TF: Temperatura foliar (a los 85 dds); RG: Rendimiento de grano.

La respuesta de las variedades sintéticas y testigos al déficit hídrico mostraron un incremento en el ASI de 5.9 días, lo que coincide con lo reportado sobre sí la intensidad del estrés en floración, es suficientemente severa para expresar genes de tolerancia, el ASI generalmente promedia de 4 a 5 días en el ensayo (Bänziger *et al.*, 2012); esto ocurre debido a que el crecimiento de estigmas se atrasa significativamente (NeSmith y Ritchie, 1992; Jain *et al.*, 2019). En una evaluación de híbridos de maíz se obtuvo un ASI promedio de 3.1 días, al ser sometidos a 22 días de estrés (Corrêa *et al.*, 2013), en líneas endogámicas y variedades de polinización libre, el rango fue de 2.7 a 4 d y de 7.7 a 10.7 días, respectivamente (Ngugi *et al.*, 2013); la disminución en la altura de planta y mazorca como un efecto de la sequía, se debió a una pérdida del alargamiento celular que lleva a un acortamiento de la longitud de entrenudos (Hajibabae *et al.*, 2012). Los componentes del rendimiento se vieron afectados principalmente en NG, DM y PCS, causando una reducción del 43.1 % en el RG, esto se atribuye a la presencia de aborto de embriones, pobre desarrollo embrionario y del endospermo (Edreira *et al.*, 2011; Bänziger *et al.*, 2012; Jain *et al.*, 2019), un efecto similar se encontró en híbridos de maíz, los que manifestaron reducción del rendimiento de grano de 35 a 42 %, determinado en gran medida por el peso y número de granos (Zhao *et al.*, 2018); por otra parte, con estrés severo y temperatura de 40 °C, el RG en maíz disminuyó 73.6 % y NG 77.6 % (Wang *et al.*, 2019). Los testigos VS-535 y H-515 liberados por el INIFAP, mostraron en general una buena respuesta en todas las variables de estudio, esto se debe a que ambos poseen buena adaptación en las regiones cálidas semisecas del estado de Guerrero, así como a condiciones ambientales adversas (Gómez *et al.*, 2006). El rango del RG en sequía, de las variedades sintéticas (VSUM) fue de 2.860 a 3.212 t ha⁻¹, valores que superan la media nacional de 2.5 t ha⁻¹ en condiciones de temporal (SIAP, 2018), lo que indica el potencial de éstas variedades en su uso en estas condiciones de cultivo.

En el contenido relativo de clorofila (CRC) y la temperatura foliar (Figura 3.1), se observó que el CRC disminuyó conforme transcurrieron los días en estrés hídrico, presentando un decremento del 31.4 % comparado con el ambiente de riego a los 85 después de la siembra, un efecto similar se encontró en híbridos híbridos de maíz

sometidos a sequía durante la floración, en donde el contenido de clorofila se redujo en 53 y 64 % comparado con plantas bien regadas (Kim *et al.*, 2019), así como en líneas de maíz sometidas a sequía durante la misma etapa, éstas presentaron una reducción del contenido de clorofila entre 8 y 17 % (Li *et al.*, 2019). Al suministrar un riego cada tercer surco a los 87 dds se detectó una recuperación de 14.8 % durante los primeros 8 d, pero al prolongarse el estrés durante 18 d, se registró un descenso rápido después de los 95 dds, esto se atribuye a que las células pueden recuperarse después de haber padecido estrés por sequía, y esto le toma de 0.5 a 7 d, si el estrés persiste ocurre foto-oxidación de la clorofila y pérdida de capacidad fotosintética, resultando en hojas amarillentas (Bänziger *et al.*, 2012). En cuanto a la temperatura foliar en el ambiente de sequía, se observó un incremento gradual conforme el estrés hídrico se acentuó, registrándose en promedio 36.7 °C a los 85 dds; reportes indican que temperaturas arriba de 33 °C pueden inhibir la floración (Edreira *et al.*, 2011; Wang *et al.*, 2019). La temperatura promedio en riego durante la floración y llenado de grano fue de 29.5 °C, lo que indica que se mantuvo cercano a la temperatura óptima de 30.5 °C (Sánchez *et al.*, 2014). Jokar *et al.* (2018) proponen que el contenido relativo de clorofila y la temperatura foliar pueden usarse para determinar la tolerancia a sequía.

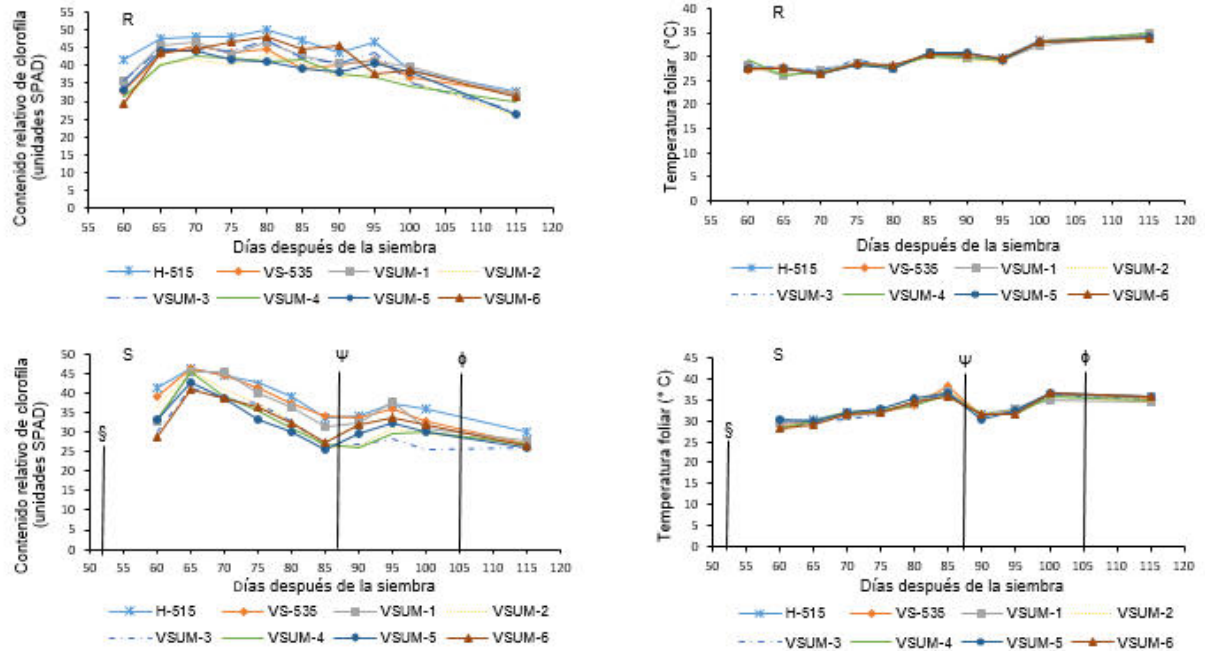


Figura 3.1. Contenido de clorofila y temperatura foliar en ambiente de riego (R) y sequía (S). §: Interrupción de riego, Ψ: Medio riego y ϕ: Reanudación de riego.

El contenido de humedad en el suelo (Figura 3.2), medido a través del monitoreo de tensiómetros y método gravimétrico, demuestra que el nivel de estrés hídrico suministrado en los experimentos de sequía, fueron los apropiados en cuanto al momento de aplicación, intensidad y uniformidad, rasgos importantes en el manejo de estrés (Banzinger *et al.*, 2012); lo anterior se comprueba con la respuesta morfológica y fisiológica de los genotipos de estudio.

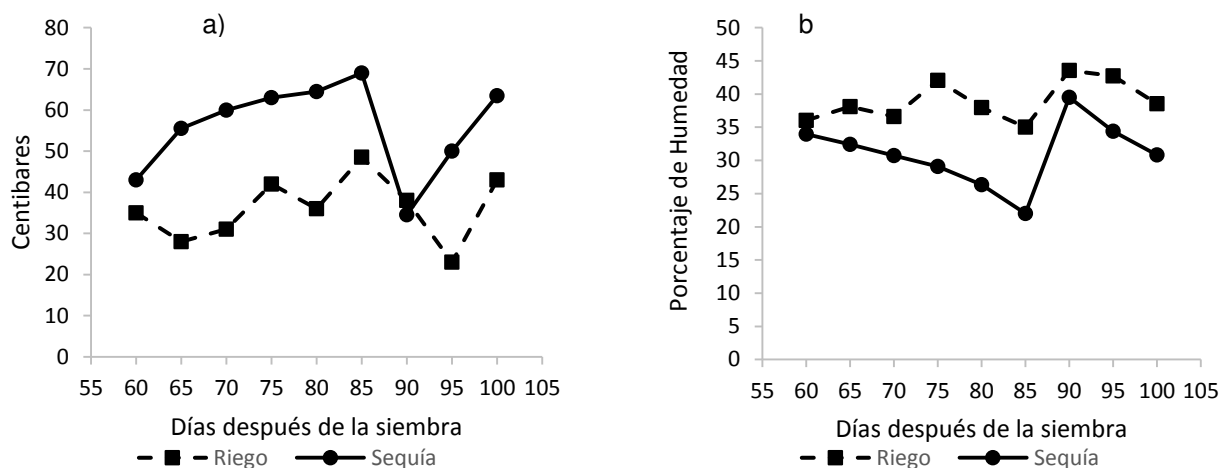


Figura 3.2. Contenido de humedad en el suelo. a) por el método de tensiómetros y b) método gravimétrico.

Las estimaciones de los índices de tolerancia a sequía se presentan en el Cuadro 3.3. El índice de tolerancia (TOL) y el de susceptibilidad al estrés (ISS) identificaron a la variedad VSUM-4 como tolerante a la sequía; mientras que la media armónica (HM) y el índice de tolerancia al estrés (STI) indican que VS-535, H-515 y VSUM-6 como tolerantes a sequía; en cuanto al Coeficiente de resistencia a sequía (DCR) y el Índice de resistencia a sequía DRI coinciden que VS-535 muestra tolerancia al déficit hídrico. El ISS fue el más inconsistente debido a que seleccionó a VSUM-4 y VS-535 como las más tolerantes a sequía, siendo éstas contrastantes en su RG, resultados similares se reportaron al evaluar líneas tolerantes y susceptibles a sequía, donde ISS seleccionó como tolerantes a líneas de más bajo rendimiento de grano (Castañón *et al.*, 2000). En cuanto a HM y STI investigaciones demostraron mayor eficiencia para identificar genotipos superiores en sequía y riego (Kumar *et al.*, 2016; El-Sabagh *et al.*, 2018).

Cuadro 3.3. Índices de tolerancia a la sequía en variedades sintéticas de maíz y testigos. Ciclo otoño-invierno, 2018-2019.

| Genotipos | TOL | HM | ISS | DCR | DRI | STI |
|------------------|------------|-----------|------------|------------|------------|------------|
| VSUM-1 | 2.44 | 3.96 | 1.03 | 0.56 | 0.55 | 0.56 |
| VSUM-2 | 2.34 | 3.69 | 1.04 | 0.55 | 0.50 | 0.49 |
| VSUM-3 | 2.13 | 3.91 | 0.94 | 0.59 | 0.59 | 0.53 |
| VSUM-4 | 1.98 | 3.72 | 0.93 | 0.60 | 0.57 | 0.48 |
| VSUM-5 | 2.35 | 3.76 | 1.03 | 0.55 | 0.51 | 0.50 |
| VSUM-6 | 2.53 | 4.12 | 1.02 | 0.56 | 0.57 | 0.60 |
| VS-535 | 2.50 | 4.69 | 0.93 | 0.60 | 0.72 | 0.77 |
| H-515 | 2.79 | 4.20 | 1.07 | 0.54 | 0.55 | 0.64 |

TOL: Índice de tolerancia; HM: Media armónica; ISS: Índice de susceptibilidad al estrés; DCR: Coeficiente de resistencia a sequía; DRI: Índice de resistencia a sequía; STI: Índice de tolerancia al estrés.

En cuanto a las estimaciones de los coeficientes de correlación (Cuadro 3.4), los resultados indicaron que el rendimiento de grano en condición de sequía (RG_s) mostró estar asociado de manera positiva y altamente significativamente con la media armónica (0.95**), con el índice de resistencia a sequía (DRI), el índice de tolerancia al estrés (0.90**); además de asociarse con el rendimiento de grano bajo riego (0.83**). En cuanto al rendimiento de grano en riego, éste se correlacionó positivamente y con alta significancia con el índice de tolerancia (0.90**), con la media armónica (0.95**) y con el índice de tolerancia al estrés (0.98**). Los resultados encontrados en el presente estudio indican que la media armónica (HM) e índice de tolerancia a sequía (STI) fueron eficaces para seleccionar los genotipos tolerantes a sequía y que rinden bien en riego; correlaciones similares se encontraron al evaluar híbridos de maíz y variedades de trigo, coincidiendo que estos índices pueden ser usados como criterio de selección para resistencia a sequía, ya que el análisis de correlación permite una efectiva selección (Anwar *et al.*, 2011; Khalili *et al.*, 2014; Boicet *et al.*, 2018; El-Sabagh *et al.*, 2018).

Cuadro 3.4. Coeficientes de correlación entre el rendimiento de grano en riego (RG_r) y sequía (RG_s) con los índices de tolerancia a sequía.

| Carácter/ índice | RG_r | TOL | HM | ISS | DCR | DRI | STI |
|-----------------------------|-----------------------|------------|-----------|------------|------------|------------|------------|
| RG_s | 0.83** | 0.67ns | 0.95** | -0.25ns | 0.24ns | 0.72* | 0.90** |
| RG_r | | 0.90** | 0.95** | 0.10ns | -0.12ns | 0.33ns | 0.98** |
| TOL | | | 0.81** | 0.41ns | -0.44ns | 0.01ns | 0.86** |
| HM | | | | -0.10ns | 0.08 ns | 0.55ns | 0.98** |
| ISS | | | | | -0.97** | -0.82** | 0.04ns |
| DCR | | | | | | 0.80* | -0.04ns |
| DRI | | | | | | | 0.45ns |

TOL: Índice de tolerancia; HM: Media armónica; ISS: Índice de susceptibilidad al estrés; DCR: Coeficiente de resistencia a sequía; DRI: Índice de resistencia a sequía; STI: Índice de tolerancia al estrés; **: Altamente significativo; *: Sinifcativo; ns: No significativo.

3.6. CONCLUSIONES

Los resultados de la evaluación de variedades sintéticas bajo condiciones de riego y sequía inducida, indicaron que las variables más afectadas por la disponibilidad de humedad fueron la altura de planta, intervalo anthesis-emergencia de estigmas, número de grano por hilera y el rendimiento de grano. Se determinó que el contenido relativo de clorofila disminuyó y la temperatura foliar se incrementó con la intensidad de la sequía, por lo que estas características fisiológicas se pueden usar como criterios de selección para tolerancia a sequía. El sintético VSUM-6 fue seleccionado por los índices de la media armónica (HM) y tolerancia al estrés (STI), como la variedad de mayor rendimiento potencial en condiciones de riego y sequía, además de mostrar la menor disminución de rendimiento en sequía inducida.

3.7. LITERATURA CITADA

- Anwar, J.; Mahboob S. G.; Hussain M.; Ahmad J.; Hussain M. and Munir M. 2011. Drought tolerance índices correlation with yield in exotic wheat genotypes. *Pakistan Journal of Botany*, 43:1527-1530.
- Bänziger, M.; G. O. Edmeades; D. Beck y M. Bellon. 2012. Mejoramiento para aumentar la tolerancia a sequía y a deficiencias de nitrógeno en el maíz: De la teoría a la práctica. México, D. F. CIMMYT.
- Boicet, F. T.; Baldaquín H. M.; Boudet A. A. D.; Merino H. Y.; Alarcón Z. A. and Almarales F. W. 2018. Evaluation of different indices tolerance to drought based on multivariate analysis. *Cultivos Tropicales*, 39:61-67.
- Blum, A. 1984. Breeding crop varieties for stress environments. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 2: 199-238.
- Castañón, G.; Cruz R.; Del pino R.; Panzo E.; Montiel M. y Filobello L. 200. Selección de líneas de maíz por resistencia a sequía. *Agronomía Mesoamericana*, 11:163-169.
- Chávez, A. J. L. 1995. Mejoramiento de plantas 2. Métodos específicos de plantas alógamas. Ed. Trillas, México. 143 p.
- Corrêa, d. S T; Mauro d. C. E; Magalhaes C. P.; Oliveira L. L.; Trindade A. E. and Pereira d. A P. E. 2013. Morphophysiology, morphoanatomy, and grain yield under field conditions for two maize hybrids with contrasting response to drought stress. *Acta Physiologiae Plantarum*, 35:3201-3211. DOI 10.1007/s11738-013-1355-1
- Daryanto, S.; Wang L. and Pierre-André J. 2016. Global Synthesis of Drought Effects on Maize and Wheat Production. *Plos One*, 11: 1-15 doi:10.1371/journal.pone.0156362
- Edmeades, G. O.; Bolaños J.; Elings A.; Ribaut J. M.; Bänziger M. and Westgate M. E. 2000. The role and regulation of the anthesis-silking interval in maize. In Westgate ME and Boote K (eds.) *Physiology and modeling kernel set in maize*. CSSA, Madison, pp. 43-73.

- Edreira, R. I. J.; Budakli C. E.; Sammarro D. and Otegui E. M. 2011. Heat stress effects around flowering on kernel set of temperate and tropical maize hybrids. *Field Crops Research*, 123:62-73. doi:10.1016/j.fcr.2011.04.015
- El-Sabagh, A.; Barutcular C.; Hossain A. and Sohikul I. M. 2018. Response of maize hybrids to drought tolerance in relation to grain weight. *Fresenius Environmental Bulletin*, 27:2476-2482.
- Fernandez, G. C.J. 1992. Effective selection criteria for assessing stress tolerance. In Kuo, C. G. (ed.) *Proceedings of the international symposium on adaptation of vegetables and other food crops in temperature and water stress*. AVRDC, Taiwan, pp. 257-270.
- Fischer, R. A. and Maurer R. 1978. Drought resistance in spring wheat cultivars, I: grain yield responses. *Australian Journal of Agricultural Research*, 29: 897-912.
- Gómez, M. N. O.; N. P. Murillo; C. M. González and S. M. Manjarrez. 2006. Variedades e híbridos del maíz del INIFAP para el estado de Guerrero. Folleto Número 14.
- Hajibabae, M.; Azizi F. and Zargari K. 2012. Effect of drought stress on some morphological, physiological and agronomic traits in various foliage corn hybrids. *American-Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Sciences*, 12:890-896.
- Jokar, F.; Karimizadeh R.; Mosoumiasl A. and Amirifahliliani R. 2018. Canopy temperature and chlorophyll content are effective measures of drought stress tolerance in durum wheat. *Notulae Scientis Biologicae*, 10:575-583. DOI: 10.25835/nsb10410288
- Jain, M.; Katarina S.; Hirve M. and Prajapati R. 2019. Water Deficit Stress Effects and Responses in Maize. In: Hasanuzzaman M, Rehman H K, Nahar K, Alharby H F. *Plant Abiotic Stress Tolerance*. Springer Nature Switzerland. pp. 129- 152. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-06118-0>
- Khalili, M.; Pour-Aboughadareh A.; Reza N. M. and Mohammad-Amini E. 2014. Evaluation of drought in safflower genotypes based on drought tolerance indices. *Notulae Botanicae Horticae Agrobotanici Cluj-Napoca*, 42:214-218.
- Kim, G. S.; L. Jin-Seok; Hwan G. B.; Jung-Tae K.; Beom-Young S.; Sun-Lim K.; Seong-Bum B.; Seonghyu S. and Weon-Tai J. 2019. Physiological and proteomic

- analyses of Korean F1 maize (*Zea mays* L.) hybrids under water-deficit stress during flowering. *The Korean Society for Applied Biological Chemistry*, 62:1-9.
- Kumar, B.; Kumar G. S.; Khanorkar S. M.; Badu D. R.; Patel J.; Kumar V.; Mal P. C.; Lal J. S.; Singh V.; Yatish K. R.; Das A.; Chandra S. J.; Bhati P.; Kaur H.; Kumar M.; Kumar S. A.; Varghese E. and Prakash Y. O. 2016. Selection indeices to identify maize (*Zea mays* L.) hybrids adapted under drought-stress and drought-free conditions in a tropical climate. *Crop and Pasture Science*, 67:1087-1095.
- Lamaoui, M.; Jemo M.; Datla R.; Bekkaoui F. 2018. Heat and Drought Stresses in crops and Approaches for Their Mitigation. *Frontiers in Chemistry*, 6:1-14. doi: 10.3389/fchem.2018.00026
- Lan, J. 1998. Comparison of evaluating methods for agronomic drought resistance in crops. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 7: 85-87.
- Li, W.; Hao Z.; Pang J.; Zhang M.; Wang N.; Li X.; Li W.; Wang L. and Xu M. 2019. Effect of water-deficit on tassel development in maize. *Gene*, 681:86-92. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2018.09.018>
- López-Morales, F.; Vázquez-Carrillo M. G.; Molina-Galán J. D.; García-Zavala J. J.; Corona-Torres T.; Cruz-Izquierdo S.; López-Romero G.; Reyes-López D. y Esquivel-Esquivel G. 2017. Interacción genotipo-ambiente, estabilidad del rendimiento y calidad del grano de maíz Tuxpeño. *Revista de Ciencias Agrícolas*, 8: 1035-1050.
- Mardeh, A. S. S.; Ahmadi A.; Poustini K. y Mohammadi V. 2006. Evaluation of drought resistance indices under various environmental conditions. *Field Crops Research*, 98: 222-229.
- Musvosvi, C.; Setimela S. P.; Wali C. M.; Gasura E.; Channappagoudar B. and Patil S. S. 2018. Contribution of secondary traits for high grain yield and stability of tropical maize Germoplasm across drought stress and non-stress conditions. *Agronomic Application of genetic resource*, 110: 819-832.
- Ngugi, K.; Cheserek J.; Muchira C. and Cheminig W. G. 2013. Anthesis to Silking Interval Usefulness in Developing Drought Tolerant Maize. *Journal of Renewable Agriculture*, 1: 84-90. DOI: 10.12966/jra.08,03.

- Pereira, A. 2016. Plant Abiotic Stress Challenges from the Changing Environment. *Frontier in Plant Science*, 7: 1123. doi: 10.3389/fpls.2016.01123.
- Raya, P. J. C.; C. B. Peña V. y G. O. Edmeades. 1996. Procesos bioquímicos fisiológicos del maíz involucrados en la tolerancia a sequía. In: *Developing Drought and Low N-Tolerant Maize*. Edmeades, G. O.; M. Banziger.; H. R. Mickelson, y C. B. Peña-Valdivia. CIMMYT, México, March 25-29. Technical Editors, pp: 169-176.
- Rosielle, A. A. y Hamblin J. 1981. Theoretical aspects of selection for yield in stress and non-stress environments. *Crop Science*, 21: 943-948.
- Sanchez, B.; Rasmussen A. and Porter J. R. 2014. Temperatures and the growth and development of maize and rice: a review. *Global Change Biology*. 20: 408-417.
- SIAP. 2018. Servicio de Información Alimentaria y Pesquera. <http://www.siap.gob.mx/cierre-de-la-produccion-agricola-por-cultivo/> Consultado el 22 de Mayo 2020).
- Sintowe, F.; Amondo E.; Marenya P.; Rahut D.; Sonder K. and Erenstein O. 2019. Impacts of drought-tolerant maize varieties on productivity, risk, and resource: Evidence from Uganda. *Land Use Policy*, 88:1-10 <https://doi.org/10.1016/j.landusepol.2019.104091>
- Stone, P. J.; Wilson D. R.; Reid J. B. and Gillespie R. N. 2001. Water deficit effects on sweet corn. I Water use, radiation use efficiency, growth and yield. *Australian Journal of Agricultural Research*, 52:103-113.
- Trujillo, C. A. 2009. Guía para cultivar maíz bajo condiciones de riego en el Estado de Morelos. Secretaría de Agricultura, Ganadería Desarrollo Rural. Pesca y Alimentación. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Centro de Investigación Regional del Centro. Campo Experimental Zacatepec. Folleto para productores No. 46. Zacatepec, Morelos, México. 17 p.
- Verma, A. K. and Despti S. 2016. Abiotic stress and crop improvement: current scenario. *Advances in Plants Agriculture Research*, 4:345-346.
- Wang, Y.; Tao H.; Tian B.; Sheng D.; Xu C.; Zhou H.; Huang S. and Wang P. 2019. Flowering dynamics, pollen, and pistil contribution to grain yield in response to

- high temperatura during maize flowering. *Enviromental and Experimental Botany*, 158:80-88. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2018.11.007>
- Wattoo, F. M.; Mehmood R. R.; Fiaz S.; Adeel A. S.; Ali N. A. M.; Mumtaz H. H.; Husnain B. M.; Ur R. S.; Bakr A. G. and Muhammad A. R. 2018. Identification of drought tolerant maize genotypes and seedling based Morpho-Physiological selection indices for crop improvement. *Sains Malaysiana*, 47: 295-302.
- Zhao, J.; Xue Q.; Jessup E.; Hao K. B.; Hou X.; Marek H. T.; Xu W.; Evett R. S.; O'Shaughnessy, A. S. and Brauer K. D. 2016. Yield and water use of drought-tolerant maize hybrids in a semiarid environment. *Field Crops Research*, 216:1-9. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2017.11.001>

CAPITULO IV

DIVERGENCIA MORFOLÓGICA Y GENÉTICA ENTRE LÍNEAS ENDOGÁMICAS DE MAÍZ Y SU RELACIÓN CON LA HETEROSIS DE HIBRIDOS F₁

4.1. Resumen

En programas de formación de híbridos de maíz, es de gran importancia identificar líneas progenitoras de alto rendimiento, vigor y sobresalientes en aptitud combinatoria específica para obtener híbridos competitivos. Los objetivos de esta investigación fueron: 1) Cuantificar la similitud morfológica de nueve líneas endogámicas de maíz, basadas en siete variables cuantitativas, 2) Determinar la similitud genética para el mismo grupo de líneas, utilizando marcadores SSR y RAPD, y 3) Evaluar el grado de asociación entre las distancias morfo-genéticas y el rendimiento de grano de híbridos F_1 , la aptitud combinatoria específica y la heterosis. El germoplasma base fueron nueve líneas endogámicas de maíz y sus 36 híbridos F_1 ; las líneas se evaluaron *per se* en el ciclo de primavera-verano 2018 y los híbridos en otoño-invierno 2018/2019. Se midieron siete variables morfológicas. Se obtuvieron patrones electroforéticos de las nueve líneas, usando ocho marcadores SSR y seis RAPD. Con los datos de las variables se estimaron distancias morfológicas y con los datos de los marcadores se determinaron distancias genéticas. Los resultados indicaron ausencia de correlación entre distancias morfológicas y genéticas, lo mismo que entre los dos tipos de distancias con el rendimiento de grano de los híbridos F_1 , aptitud combinatoria específica y heterosis. Sin embargo, se encontraron altas correlaciones entre el rendimiento de grano de los híbridos con la aptitud combinatoria (0.69**) y con la heterosis (0.72**), y una correlación intermedia entre aptitud combinatoria específica y la heterosis (0.51**), las cuales son de utilidad en la toma de decisiones para la formación de híbridos experimentales.

Palabras clave: Distancias morfo-genéticas, marcadores de ADN, aptitud combinatoria específica.

4.2. Abstract

In maize hybrid breeding programs, is of great importance identifying high-performance, vigorous, and outstanding parental lines in specific combining ability for obtaining competitive hybrids. The objectives of this research were to: 1) quantify the morphological similarity of nine maize inbred lines, based on seven quantitative variables, 2) determine genetic similarity for the same group of lines, using SSR and RAPD markers, and 3) assess the degree of association between morpho-genetic distances and the grain yield of F₁-hybrid, the specific combining ability and heterosis. The base germplasm was nine inbred lines of maize and its 36 F₁ hybrids; the lines were evaluated *per se* in the spring-summer 2018 cycle, and hybrids in autumn-winter 2018/2019. Seven morphological variables were measured. Electrophoretic patterns of the nine lines were obtained, using eight SSR markers and six RAPDs. With the variable data, morphological distances were estimated and genetic distances were determined with the marker data. The results indicated no correlation between morphological and genetic distances, as well as between the two types of distances with the grain yield of F₁ hybrids, specific combining ability and heterosis. However, high correlations were found between the grain yield of hybrids with specific combining ability (0.69**) and heterosis (0.72**), and an intermediate correlation between specific combining ability and heterosis (0.51**), which are useful in decision-making for the formation of experimental hybrids.

Key words: Morph-genetic distances, DNA markers, specific combining ability.

4.3. INTRODUCCIÓN

El mejoramiento genético ha demostrado la posibilidad de incrementar el rendimiento de los cultivos de forma eficiente y de manera consistente por generaciones (Wegary *et al.*, 2013). En la aplicación de un programa de fitomejoramiento un objetivo importante es generar líneas endogámicas con alto potencial de rendimiento, buen comportamiento agronómico y alta aptitud combinatoria general o específica (Buenrostro-Robles *et al.*, 2017); sin embargo, para identificar y seleccionar líneas sobresalientes con dichas características, se requiere de elegir rasgos deseables y heredables en las líneas, número de líneas a generar, elegir el mejor método de mejoramiento que garantice un avance genético por ciclo de selección, planeación de pruebas de campo y contar con experiencia en programas de mejora genética (Costa *et al.*, 2014).

La evaluación de líneas endogámicas en campo, representa un alto costo y dificultad en el mantenimiento cuando estas son numerosas (Bernardo, 1994). Los marcadores moleculares basados en ADN, son una herramienta importante en la selección de genotipos (Molin *et al.*, 2013), lo que se sustenta en las ventajas que presentan este tipo de marcadores, como son: 1) permiten detectar pequeñas variaciones con mínima cantidad de material vegetal, 2) no tiene efecto en la expresión fenotípica, 3) pueden detectarse las diferencias en cualquier etapa fenológica de la planta, 4) su ubicación es en todo el genoma, 5) la mayoría de sistemas de marcadores son codominantes, 6) no tiene efectos epistáticos ni pleiotrópicos con genes y 7) muestran un alto grado de polimorfismo (Arús y Moreno-González, 1993; Cubero, 2003; Agarwal *et al.*, 2008). De los diferentes sistemas de marcadores de ADN, los marcadores de secuencia simple repetida (SSR) y los de amplificación aleatoria de ADN polimórfico (RAPD) han sido ampliamente utilizados en estudios vegetales (Asefa, 2020; Rehan y Kamara, 2016). Sin embargo, los SSR han demostrado ser una herramienta valiosa en programas de mejoramiento genético, debido a su nivel de polimorfismo y a la posibilidad de trabajar con pequeñas cantidades de ADN, también han demostrado ser útiles en la determinación de distancias genéticas entre líneas endogámicas. La evidencia de

diferentes investigaciones del uso de los SSR en la predicción del rendimiento, mediante la estimación de distancias genéticas sugieren que a mayor distancia genética de las líneas, el rendimiento de grano es mayor (Cho *et al.*, 2004; Mladenovic *et al.*, 2012). Por otro lado, los marcadores RAPD se han utilizado ampliamente en estudios de diversidad en maíz, debido a su bajo costo y rápida detección de polimorfismo (Bruel *et al.*, 2007).

Los marcadores SSR y RAPD han demostrado ser valiosos para el análisis de la diversidad genética (Asefa, 2020). El uso de un solo sistema de marcadores para cuantificar la diversidad genética, ha generado resultados, que se han cuestionado en términos de confiabilidad, en comparación con el uso combinado de diferentes sistemas de marcadores de ADN (Leal *et al.*, 2010); por lo que, diferentes estudios sugieren que la combinación de datos de diferentes sistemas de marcadores, proporcionan información más confiable sobre la diversidad genética (Molin *et al.*, 2013; Lamine y Mliki, 2015; Sharmeen y Shamimul, 2016), debido a que muestrean un mayor número de regiones en los genomas de las especies donde se utilizan.

Los objetivos del presente estudio fueron: 1) Cuantificar la similitud morfológica de nueve de líneas endogámicas de maíz, basadas en siete variables cuantitativas, 2) Determinar la similitud genética para el mismo grupo de líneas, utilizando marcadores SSR y RAPD, y 3) Evaluar el grado de asociación entre las distancias morfo-genéticas y el rendimiento de grano de híbridos F_1 , la aptitud combinatoria específica y la heterosis.

4.4. MATERIALES Y MÉTODOS

4.4.1. Material genético

El germoplasma de estudio, lo constituyeron nueve líneas endogámicas de maíz tolerantes a sequía (Cuadro 4.1); seis líneas pertenecen al programa de mejoramiento de la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc, dependiente de la Universidad Autónoma del Estado de Morelos (UAEM) y tres líneas proporcionadas por el Banco de Germoplasma del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT).

Cuadro 4.1. Líneas endogámicas de maíz con diferente nivel de endogamia evaluadas en la presente investigación.

| Línea | Genealogía | Nivel de endogamia | Criterio de Selección (Tolerancia) |
|--------|--|--------------------|------------------------------------|
| LUM13 | (T-43 x LPC15) -15-8 | S ₂ | Sequía |
| LUM73 | (Ac7643 x LPC15)-122-35 | S ₂ | Sequía |
| LUM76 | (Ac7643 x LPC15)-17-20 | S ₂ | Sequía |
| LUM80 | (Ac7643 x LPC15)-50-40 | S ₂ | Sequía |
| LUM148 | (T-43 x LPC15)-100-48 | S ₂ | Sequía |
| LUM209 | (T-43 x LPC15)-125-29 | S ₂ | Sequía |
| CML341 | LAPOSTASEQ-C3-FS1-2-2-2-1-1-B | S ₈ | Sequía y bajo N |
| CML549 | (CML498/CLRCW36)-B-23-2-2-B*3-2-1 | S ₉ | Sequía y bajo N |
| CML576 | (CLFAWW11/CML494)-B-24-2-2-B-B-1-B-8-B-B | S ₁₁ | Sequía y bajo N |

LUM: Línea Universidad de Morelos; CML: Línea de Maíz del CIMMYT; N: nitrógeno.

4.4.2. Análisis morfológico

La estimación de distancias morfológicas se realizó con los datos generados por la evaluación *per se* de las nueve líneas de maíz en condiciones de campo y de sus cruza dialélicas.

4.4.2.1. Descripción de experimentos

La evaluación *per se* de las líneas, se realizó en el ciclo primavera-verano 2018. El experimento se estableció en el campo experimental de la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc, de la Universidad Autónoma del Estado de Morelos. El diseño experimental usado fue el de Bloques Completos al Azar, con cuatro repeticiones; la unidad experimental se conformó por un surco de 5 m de largo a una distancia entre surcos de 0.8 m, y entre plantas de 0.25 m. Las variables de estudio fueron: Floración masculina (FM-días) y femenina (FF-días); intervalo anthesis-emergencia de estigmas (ASI-días); altura de planta (AP-cm) y mazorca (AM-cm), peso de 100 semillas (P100S-g) y rendimiento de grano (RG-t ha⁻¹). La evaluación de las 36 cruzas dialélicas, formadas a partir de las nueve líneas, se condujo en el ciclo otoño-invierno 2017/2018. La unidad experimental se conformó por dos surcos de 5 m de largo, a una distancia entre surcos de 0.8 m y entre plantas de 0.25 m. El sitio de estudio y las variables de respuesta registradas, fueron las mismas que en la evaluación *per se* de las líneas. El manejo agronómico de ambos experimentos, se realizó con las especificaciones de la guía técnica del INIFAP para el estado de Morelos (Trujillo, 2009).

4.4.2.2. Análisis estadístico

El análisis estadístico de datos de las variables registradas, se efectuó mediante análisis de varianzas y comparación de medias DMS ($P \leq 0.05$). Se estimó la Aptitud Combinatoria Específica (ACE) mediante el método IV de Griffing (1956), usando la rutina DIALLEL-SAS. Posteriormente se calculó la heterosis para la variable de rendimiento de grano, por medio de la siguiente fórmula:

$$HPM = \frac{F_1 - MP}{MP} \times 100$$

Dónde:

HPM = Heterosis del progenitor medio

F₁ = Rendimiento de grano de la cruz F₁

MP = Media de progenitores del rendimiento de grano

La matriz de distancias morfológicas se obtuvo usando la distancia de Mahalanobis (1936), como sigue:

$$D_{ij}^2 = [(\mu_i - \mu_j)' \Sigma^{-1} (\mu_i - \mu_j)]^{0.5}$$

Dónde:

D_{ij}^2 = distancia estadística Mahalanobis entre la línea i y la j.

μ_i y μ_j = vector de medias de la línea i y j, respectivamente.

Σ^{-1} = matriz inversa de la matriz de varianzas-covarianzas entre variables.

El análisis de grupos se realizó con base en las distancias estadísticas Mahalanobis, ésta se usó como medida de similitud morfológica entre líneas, generando el dendrograma por el método de agrupación de parejas no ponderadas con la media aritmética (UPGMA-Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean). Los datos fueron procesados con el programa estadístico Statistical Analysis System (Versión 9.1).

4.4.3. Análisis Molecular

En cuanto al análisis molecular se realizó extracción de ADN genómico de nueve líneas de maíz con tolerancia a sequía y un análisis de polimorfismo con marcadores SSR y RAPD.

4.4.3.1. Extracción de ADN

Se colectó de tejido fresco foliar de cinco plantas en la etapa V1, de cada una de las nueve líneas. Se colocaron las hojas en un mortero y se agregó nitrógeno líquido, se maceró el tejido hasta pulverizar, se les adicionó 2 mL de solución amortiguadora (65 °C) y se mezcló por inversión hasta obtener una emulsión uniforme, para

posteriormente transferir un mL a tubos Eppendorf de 2.0 mL. Se mezcló uniformemente y se incubó en baño María a 65 °C por 40 minutos, invirtiendo los tubos cada 5 a 10 minutos. Se agregó una solución preparada de cloroformo y alcohol Isoamílico (en una proporción de 24:1), aforando a 2 mL en cada tubo. Se mezcló por inversión suavemente hasta producir una emulsión. Se centrifugaron los tubos a temperatura ambiente a 12 000 revoluciones/minuto (rpm) durante 5 min. Se separó la fase acuosa de la fase orgánica y se transfirió la fase acuosa superior (500 µL) a tubos nuevos de 2 ml. Se adicionó dos volúmenes de Alcohol absoluto frío (enfriado previamente a -20 °C) y 50 µL de 3 M de acetato de sodio. Se mezcló suavemente por inversión para obtener el grumo del ADN, se dejó reposar de 10 a 20 min a temperatura ambiente. Los tubos fueron centrifugados a 12 000 rpm durante un min, se removi6 la solución líquida reteniendo el grumo de ADN. Posteriormente se procedió al lavado del ADN, con 1 mL de etanol al 70 % a temperatura ambiente por 20 min, mezclando ocasionalmente (se repiti6 el lavado en casos necesarios). Se dren6 el etanol al 70 % y se dejó que el residuo de alcohol se evaporara de las muestras a temperatura ambiente. Posteriormente, se a6adi6 500 µL de TE + 1 µL de ARNasa (10 mg mL⁻¹) y se incubaron los tubos a 65 °C en baño María hasta que el ADN se resuspendió completamente (mezclando ocasionalmente). Se almacenaron los tubos conteniendo el ADN a -20 °C, hasta su uso para determinar la concentración de ADN. La concentración de ADN se determin6 con un NanoDrop 2000 UV, en el laboratorio de Fisiología del Estrés del Centro de Investigación en Biotecnología (CEIB).

4.4.3.2. Marcadores de ADN utilizados

En el presente estudio se probaron 42 marcadores para detectar polimorfismo, tipo secuencia simple repetida (SSR) y se realizaron pruebas de amplificación de 13 marcadores tipo amplificación aleatoria de ADN polim6rfico (RAPD – acr6nimo en inglés); como resultado se identificaron ocho marcadores SSR polim6rficos y seis RAPD con bandas claras reproducibles (Cuadro 4.2).

Cuadro 4.2. Marcadores SSR y RAPD que presentaron polimorfismo en nueve líneas endogámicas.

| Marcador | Secuencia (5' - 3') | Total de bandas | Bandas polimórficas |
|--------------------|--|------------------------|----------------------------|
| <u>SSR</u> | | | |
| bnlg1702 | TTATCATCAAATGGAGGACACG AAAGACACACGCTAATGGGC | 3 | 3 |
| bnlg118 | CTTCCAGCCGCAACCCTC CCAACAACGCGGACGTGA | 4 | 3 |
| bnlg1863 | GGCGTTCGTTTTGCACTAAT CGACACAGTTGACATCAGG | 3 | 3 |
| mmc0191 | GGTGTTCAAGTGAAAGGTTA AAGATTTCCGCAAGGTTAAAC | 2 | 1 |
| umc2048 | GCTGAAGTCCCAACCACCAC TTGACATGTTCTACCATCTCACCAA | 3 | 3 |
| umc2014 | CATTTACAGAGCTCTAGAGAGGGA AGTACAAGAAGGCATGGAGCTCAG | 5 | 5 |
| phi087 | GAGAGGAGGTGTTGTTTGACACAC ACAACCGGACAAGTCAGCAGATTG | 2 | 1 |
| phi053 | CTGCCTCTCAGATTCAGAGATTGAC AACCCAACGTA CTCCGGCAG | 3 | 2 |
| Total | | 25 | 21 |
| <u>RAPD</u> | | | |
| OPB18 | CCACAGCAGT | 7 | 6 |
| OPB01 | GTTTCGCTCC | 7 | 6 |
| OPB10 | CTGCTGGGAC | 5 | 4 |
| OPB12 | CCTTGACGCA | 4 | 2 |
| OPB14 | TCCGCTCTGG | 4 | 4 |
| A04 | AATCGGGCTG | 5 | 4 |
| Total | | 32 | 26 |

SSR: Secuencia simple repetida; RAPD: Amplificación aleatoria de ADN polimórfico.

4.4.3.3. Amplificación por la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR)

El análisis de marcadores se realizó mediante la técnica de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR, por su acrónimo en inglés). En marcadores SSR cada reacción individual de PCR consistió de 2.5 μL de Buffer A (10 X), 1.25 μL de MgCl_2 (50 mM), 1.0 μL de dNTP's (10 mM), 2.0 μL de cada par de iniciadores, 0.3 μL de Taq ADN polimerasa, 5 μL de ADN genómico ($10 \text{ ng } \mu\text{L}^{-1}$) y 10.85 μL de agua inyectable. La amplificación se realizó mediante PCR utilizando un termociclador (Aeris TM, ESCO ®). El protocolo de amplificación por PCR consistió en una desnaturalización inicial de 1 min a 94 °C, seguida de 35 ciclos de 1 min a 94 °C (desnaturalización), el alineamiento fue por 1 min y la temperatura vario en función de los iniciadores entre 63.4 a 70.7 °C, 1 min a 72 °C (extensión), y 5 min a 72 °C de extensión final.

En marcadores RAPD cada reacción individual de PCR consistió de 2.5 μL de Buffer A (10 X), 1.5 μL de MgCl_2 (50 mM), 10.0 μL de dNTP's (10 mM), 2.0 μL de primer, 0.3 μL de Taq ADN polimerasa, 4 μL de ADN genómico ($10 \text{ ng } \mu\text{L}^{-1}$) y 4.7 μL de agua inyectable. Las amplificación se realizaron mediante PCR usando un termociclador (Aeris TM, ESCO ®). El protocolo de amplificación por PCR consistió en una desnaturalización inicial de 4 min a 94 °C, seguida de 36 ciclos de 1 min a 94 °C (desnaturalización), 1 min a 36.0 °C (alineamiento) y 2 min a 72 °C (extensión), y 10 min a 72 °C de extensión final.

Los productos de PCR de los marcadores SSR y RAPD fueron separados mediante electroforesis, en geles de agarosa al 2.0 %; la tinción se realizó con bromuro de etidio y en Buffer 1X TAE, durante 3 horas. Se realizó la fotodocumentación de los geles con un Fotodocumentador MS major Science ®.

4.4.3.4. Análisis estadístico

Con base en la fotodocumentación de los geles, se obtuvieron los datos de amplificación; se construyó una matriz binaria a partir de los fragmentos resultantes de la amplificación por PCR de los marcadores de ADN, representando con uno la presencia de banda y cero la ausencia, en un lugar específico de cada carril. Con la matriz de datos binarios, se calcularon las distancias genéticas (DG) entre pares de líneas, mediante la distancia de Nei (1972), usando la siguiente formula:

$$DG_{ij} = 1 - GS_{ij}$$

Dónde:

DG_{ij} = es el coeficiente de similitud genética (GS)

$$GS_{ij} = 2N_{ij} / (N_i + N_j)$$

Dónde:

N_{ij} = representa el número de bandas comunes entre las líneas i y j

N_i y N_j = representan el número total de bandas de las líneas i y j

La matriz de distancias genéticas se usó para agrupar las líneas, por medio del método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean). Los análisis se realizaron conjuntamente la información generada por los marcadores SSR y RAPD. Los análisis estadísticos para generar la matriz de distancias genéticas y el análisis de grupos, se realizaron usando el software Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System (NTSYSpc) v. 2.1 (Rohlf, 1992).

4.5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.5.1. Análisis de la variación entre líneas

Los resultados de los análisis de varianza (Cuadro 4.3) de la evaluación *per se* de las líneas, mostraron diferencias altamente significativas entre líneas, para las siete características morfológicas medidas; en cuanto a los valores de los coeficientes de variación, estos presentaron valores desde 2.24 hasta 22.42 %, correspondiendo a las características de floración masculina y rendimiento de grano, respectivamente. Las altas significancias obtenidas, son un indicador de la cantidad de variación genética presente entre las líneas, lo que es resultado de la divergencia genética y del origen geográfico distinto de este germoplasma, aspecto necesario cuando el objetivo de un programa de mejoramiento genético es el desarrollo de híbridos con alta heterosis o la caracterización de la respuesta agronómica de líneas endogámicas en condiciones de campo (Fernandes *et al.*, 2015; Rehan y Kamara, 2016; Salinas *et al.*, 2016).

Cuadro 4.3. Cuadrados medios de las variables morfológicas medidas en las líneas endogámicas de maíz en el ciclo agrícola P-V 2018.

| FV | GL | FM (d) | FF (d) | ASI (¶) | AP (cm) | AM (cm) | P100S (g) | RG (t.ha ⁻¹) |
|-----------|-----------|------------------|------------------|-------------------|-------------------|-------------------|---------------------|------------------------------------|
| Bloques | 3 | 2.45ns | 2.52ns | 0.001ns | 495.43* | 203.72* | 6.58ns | 0.10ns |
| Líneas | 16 | 113.46** | 126.15** | 0.007** | 3019.65 ** | 724.25** | 49.13** | 5.11** |
| Error | 48 | 2.34 | 3.01 | 0.001 | 129.15 | 38.97 | 13.54 | 0.24 |
| CV | | 2.24 | 2.51 | 3.27 | 5.05 | 6.95 | 13.08 | 22.42 |

** : Significativo al 0.01; * : Significativo al 0.05; ns: No significativo; FM: Floración masculina; FF: Floración Femenina; ASI¶: Intervalo antesis-emergencia de estigmas transformado; AP: Altura de planta; AM: Altura de mazorca; P100S: Peso de cien semillas; RG: Rendimiento de grano; CV: Coeficiente de variación.

La respuesta morfológica en las características en estudio (Cuadro 4.4) mostraron que en la floración masculina (FM) la línea más precoz fue LUM13 con 64.2 d y la línea

más tardía fue CML549, con 87.5 d. En la altura de planta (AP) la línea LUM148 mostró ser de porte bajo con 166.3 cm, mientras que CML341 fue la línea de mayor altura con 236.3 cm, existiendo una diferencia entre ellas de 70 cm; éste resultado se debe a que CML341 es una línea élite, cuya selección se basó en alto vigor de la línea y aptitud combinatoria (Betran *et al.*, 2013). En rendimiento de grano (RG), la línea LUM76 fue la de menor expresión en este carácter con 1.038 t · ha⁻¹; mientras que CML341 fue la línea de mayor potencial de rendimiento, con promedio de 2.178 t · ha⁻¹; el comportamiento del rendimiento de CML341, coincide con lo reportado por Nelson y Goodman (2008), quienes indican que dicha línea mostró un alto rendimiento de grano de manera consistente. La evaluación *per se* de líneas endogámicas, es de gran utilidad debido a que facilita la selección de líneas con alto potencial de rendimiento

Cuadro 4.4. Promedio de las características estudiadas en nueve líneas endogámicas de maíz, en el ciclo agrícola P-V 2018.

| Línea | FM (d) | FF (d) | ASI (d) | AP (cm) | AM (cm) | P100S (g) | RG (t ha ⁻¹) |
|-----------------------------|------------------|------------------|-------------------|-------------------|-------------------|---------------------|------------------------------------|
| LUM13 | 64.2 | 65.0 | 0.7 | 168.4 | 60.2 | 27.7 | 1.381 |
| LUM73 | 69.0 | 69.5 | 0.5 | 214.7 | 97.6 | 26.4 | 1.668 |
| LUM76 | 70.0 | 73.2 | 3.2 | 205.9 | 85.3 | 24.9 | 1.038 |
| LUM80 | 67.7 | 70.0 | 2.2 | 225.3 | 99.1 | 30.2 | 1.765 |
| LUM148 | 66.5 | 67.0 | 0.5 | 166.3 | 57.3 | 27.2 | 1.130 |
| LUM209 | 66.5 | 68.2 | 1.7 | 226.7 | 100.8 | 27.2 | 1.391 |
| CML341 | 65.5 | 66.2 | 1.0 | 236.3 | 95.0 | 29.9 | 2.178 |
| CML549 | 87.5 | 88.5 | 1.0 | 232.0 | 79.8 | 21.4 | 1.146 |
| CML576 | 70.5 | 71.5 | 1.0 | 206.9 | 98.3 | 23.6 | 1.484 |
| DMS_(0.05) | 2.0 | 2.2 | 1.3 | 18.7 | 8.4 | 4.9 | 0.568 |

FM: Floración masculina; FF: Floración Femenina; ASI: Intervalo antesis-emergencia de estigmas; AP: Altura de planta; AM: Altura de mazorca; P100S: Peso de cien semillas y; RG: Rendimiento de grano.

de grano, el que se ha asociado al vigor mostrado por las líneas en pruebas de campo (Betrán *et al.*, 2003; Salinas *et al.*, 2016) y necesaria para estimar las distancias morfológicas (Wegary *et al.*, 2013).

4.5.2. Análisis de la similitud morfológica y genética de líneas

En cuanto a la determinación de la similitud morfológica y genética entre líneas, las estimaciones se presentan en el Cuadro 4.5. Los valores estimados para las distancias morfológicas resultaron con un promedio de 10.00 y un rango de 15.75 unidades estándar (ue); la máxima disimilitud morfológica se presentó entre las líneas CML549 y la línea LUM 80, con una distancia de 15.91 ue, en tanto que, la mayor similitud morfológica se determinó para el par de líneas LUM148 y LUM13, con una distancia de 0.16 ue. Respecto a las distancias genéticas entre líneas, el promedio fue 0.431 y un rango de 0.452. La máxima disimilitud genética la mostraron las líneas LUM76 y LUM209, con un valor de 0.70, mientras que la mayor similitud correspondió a las líneas LUM148 con LUM13, con un valor de distancia genética de 0.25. La máxima disimilitud morfológica encontrada en las líneas CML549 y LUM80, se explica por provenir de diferentes fuentes germoplásmicas, diferentes programas de fitomejoramiento y de diferencia en criterios de selección; particularmente, las líneas difieren en las características morfológicas de días a floración masculina y femenina, cuya diferencia entre CML549 y LUM80 es de 20 y 19 días, respectivamente; otra característica donde difieren significativamente es en el peso de 100 granos, la línea LUM80 fue la línea con mayor peso de semilla con 30.2 g en 100 granos; en tanto que la línea CML549 mostró un peso de 21.4 g por 100 granos. En cuanto a la mayor disimilitud genética detectada entre las líneas LUM76 y LUM209, se atribuye al resultado del alto grado de variación genética que se genera en poblaciones segregantes, lo que es resultado del entrecruzamiento cromosómico, ocurrida durante la formación gamética. Lo anterior debido que, aunque las líneas provienen de diferente población segregante, ambas poblaciones tienen a la línea LPC15 como progenitor común.

En lo referente a la similitud entre el germoplasma probado, las líneas LUM148 y LUM13 manifestaron la máxima similitud tanto morfológica como genética, mostrando valores de 0.16 ue de la distancia Mahalanobis y 0.25 en la distancia molecular de Nei, respectivamente. La alta similitud morfológica y genética basada en los marcadores SSR y RAPD se explica por el hecho de que se derivaron del cruzamiento de las líneas

Ac7643 x LPC15, por lo que son líneas hermanas que en las siete características morfológicas medidas no mostraron diferencias estadísticas significativa; estos resultados de similitud coinciden con los reportados por Mladenovic *et al.* (2012), quienes obtuvieron un valor de 0.12 ue, en la distancia genética entre líneas hermanas.

Cuadro 4.5. Distancias morfológicas de Mahalanobis (diagonal superior) y distancias genéticas de Nei (diagonal inferior) estimadas en nueve líneas de maíz.

| Líneas | LUM73 | CML341 | LUM148 | LUM209 | CML549 | LUM76 | CML576 | LUM13 | LUM80 |
|--------|-------|--------|--------|--------|--------|-------|--------|-------|-------|
| LUM73 | | 9.26 | 8.12 | 7.57 | 11.68 | 14.22 | 3.08 | 7.64 | 10.97 |
| CML341 | 0.45 | | 10.65 | 4.80 | 13.58 | 13.41 | 14.26 | 9.14 | 14.21 |
| LUM148 | 0.46 | 0.49 | | 8.97 | 11.41 | 8.47 | 9.05 | 0.16 | 11.91 |
| LUM209 | 0.45 | 0.53 | 0.43 | | 12.55 | 3.70 | 5.43 | 7.80 | 11.86 |
| CML549 | 0.39 | 0.28 | 0.40 | 0.30 | | 12.11 | 12.74 | 12.61 | 15.91 |
| LUM76 | 0.45 | 0.27 | 0.42 | 0.70 | 0.40 | | 7.87 | 8.38 | 12.06 |
| CML576 | 0.58 | 0.34 | 0.55 | 0.47 | 0.33 | 0.44 | | 8.74 | 13.63 |
| LUM13 | 0.33 | 0.46 | 0.25 | 0.29 | 0.44 | 0.46 | 0.57 | | 12.05 |
| LUM80 | 0.47 | 0.58 | 0.40 | 0.32 | 0.48 | 0.53 | 0.45 | 0.36 | |

LUM: Línea Universidad de Morelos; **CML:** Línea de Maíz del CIMMYT.

Los resultados del análisis de grupos basado en la matriz de distancias estadísticas de Mahalanobis (1936), se muestran en la Figura 4.1. El grupo de mayor similitud morfológica se constituyó por las líneas LUM13 y LUM 148, la cuales generaron la menor distancia Mahalanobis con un valor de 0.16 ue. Este grupo se distinguió por que, entre líneas no se detectaron diferencias estadísticas significativas, para las siete características medidas; de igual forma se definió porque ambas líneas fueron las de menor altura de planta (LUM13 = 168.4 cm y LUM148 = 166.3 cm). La alta similitud morfológica, se puede explicar porque ambas líneas son hermanas y provienen de la cruce entre las líneas T-43 x LPC15. El segundo grupo, se definió por la similitud morfológica de las líneas LUM73 y CML576, las cuales resultaron con una distancia Mahalanobis de 3.08 unidades estándar (ue), y no mostrando diferencias estadísticas

significativas en todas las variables cuantificadas; sin embargo, son líneas que provienen de distinto origen genético. El tercer grupo identificado por el análisis de grupos fue el constiuido por el par de líneas LUM76 y LUM209, las que resultaron con un valor de la distancia Mahalanobis de 3.70 ue; el grado de similitud morfológica se atribuyó a que ambas líneas comparten un progenitor en comun (LPC15); sin embargo, dichas líneas mostraron diferencias significativas en cuatro de siete características

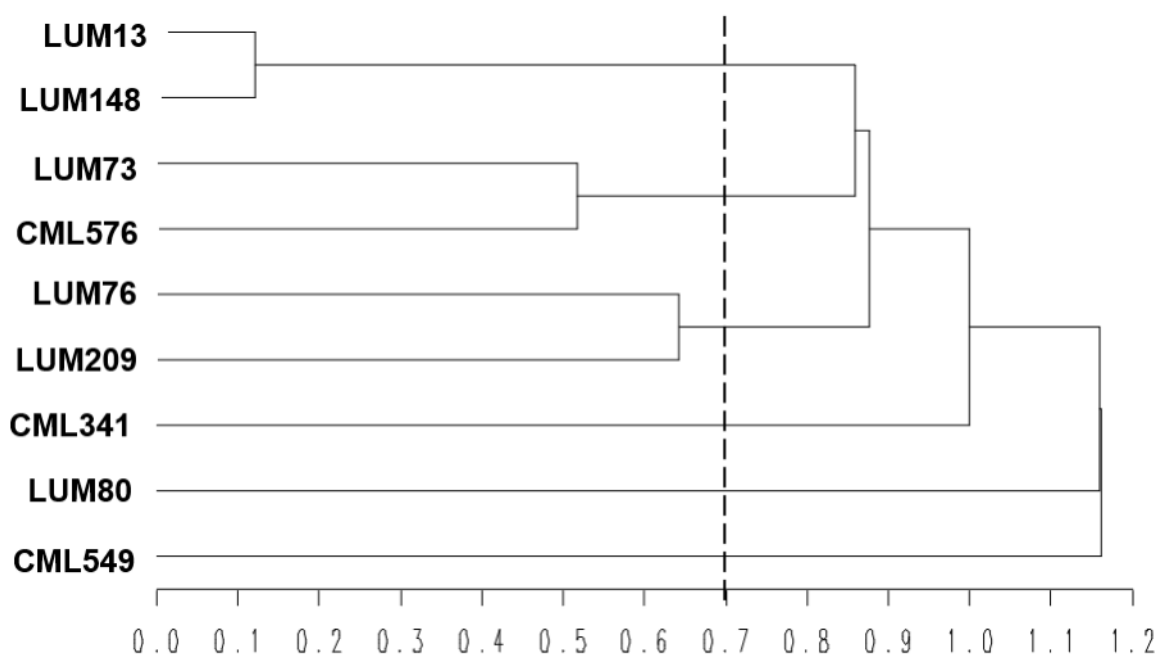


Figura 4.1. Agrupamiento de las líneas endogámicas de maíz, generado por las similitudes morfológicas, con base en las distancias de Mahalanobis (1936).

morfológicas, demostrando que dos poblaciones segregantes con un progenitor en comun pueden generar variación genética útil para programas de fitomejoramiento. Por otro lado, el análisis de grupos también reveló una alta disimilitud morfológica en el germoplasma, al identificar a las líneas CML341, LUM 80 y CML549 constituyendo cada línea un grupo; en cuanto a la línea CML341 fue la línea que mostró la mayor vigorosidad manifestando el más alto rendimiento de grano ($2.178 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$) y la mayor

altura de planta (236.3 cm); respecto a la línea LUM80, esta se caracterizó por manifestar el segundo mayor rendimiento de grano ($1.765 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$) y la segunda mayor altura de planta (225.3 cm); y respecto a la línea CML549 se caracterizó por ser la línea mas tardía con floraciones masculina y femenina de 87.5 y 88.5 días, respectivamente (Kumar *et al.*,2012).

El análisis de grupos basado en las distancias genéticas de Nei (1972), generó el dendrograma que se muestra en la Figura 4.2. Este análisis clasificó a las nueve líneas progenitoras en seis grupos, considerando como grupo uno al integrado por las líneas LUM148 y LUM13 las cuales tuvieron la mayor relación genética, con un valor de similitud de 0.25. Este resultado coincidió con lo encontrado por el análisis de relación morfológica, el que también identificó a estas mismas líneas como las de mayor relación morfológica. Este resultado es el esperado, debido a que ambas líneas provienen del cruzamiento de los progenitores T-43 y LPC15. El grupo dos, lo conforman las líneas CML341 y LUM76, las que manifestaron un grado de similitud 0.27 del coeficiente de Nei (1972). La explicación del agrupamiento basado en la información producida por los marcadores SSR y RAPD, se explica por el hecho de que la línea CML341 proviene de la población de maíz La posta Sequía, generada por el CIMMYT, y LUM76 tiene por progenitor a la línea Ac7643, la que fue derivada de la misma población (Ribaut *et al.*, 1996; Ribaut *et al.*, 1997), por lo que comparten cierto grado de información genética. En cuanto al tercer grupo, este se integró por las líneas LUM209 y CML549 las cuales tienen un coeficiente de similitud genética de 0.30; el grado de similitud genética de dichas líneas es sorpresivo, debido a que con base en su genealogía no tienen relación genética cercana, debido a que provienen de diferentes fuentes germoplásmicas.

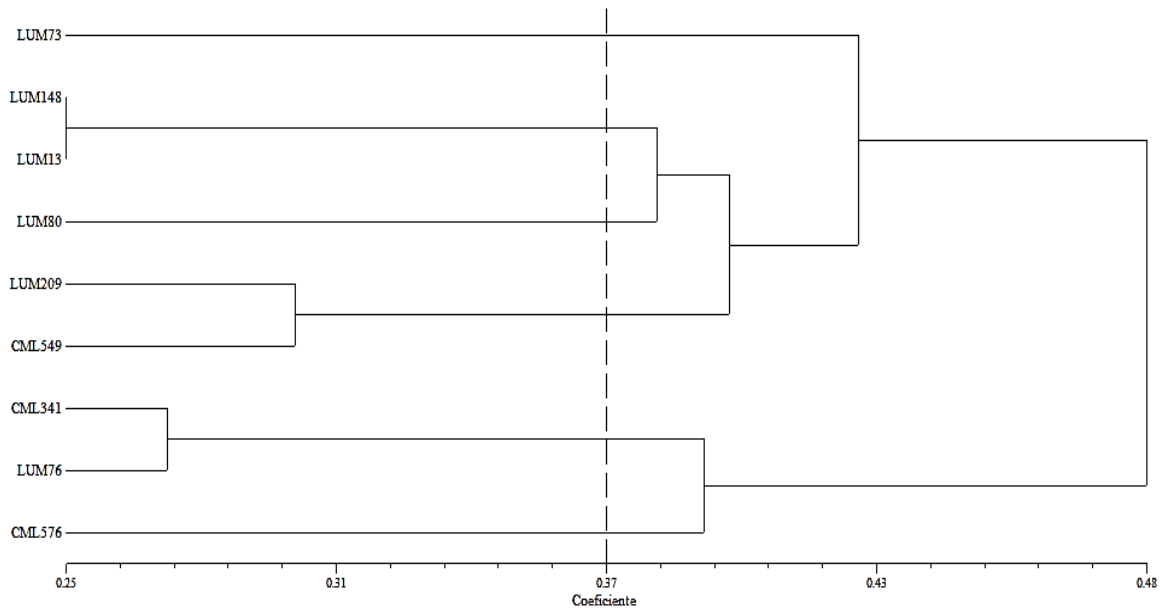


Figura 4.2. Agrupamiento de las líneas endogámicas de maíz, generado por las similitudes genéticas, con base en la distancia de Nei (1972).

Con relación a los tres grupos restantes, estos estuvieron formados por una única línea, como son la línea LUM80, CML576 y LUM73, de éstas tres, la de mayor divergencia genética fue LUM73; lo que demuestra que líneas segregantes, pueden mostrar un alto grado de diferenciación genética con relación a otras líneas emparentadas (Rebolloza *et al.*,2016).

Los resultados del análisis de similitud morfológica y genética basada en marcadores SSR y RAPD apoyan lo encontrado por otros investigadores, en el sentido que los agrupamientos de germoplasma comúnmente no generan los mismos resultados (Kumar *et al.*, 2012; Wegary *et al.*, 2013), consituyendose los dos tipos de análisis del germoplasma, como complementarios para determinar con mayor precisión la relación entre líneas; adicionalmente, el análisis conjunto de la información proporcionada por los marcadores SSR y RAPD, incrementan la efectividad del estudio de la diversidad en maíz (Molin *et al.*, 2013; Lamine y Mliki, 2015).

4.5.3. Análisis de la correlación de la divergencia de líneas y heterosis

El análisis de la correlación entre las distancias morfológicas, genéticas, rendimiento de grano de los híbridos F_1 (RG), la aptitud combinatoria específica (ACE) y la heterosis (H) se muestran en el Cuadro 4.6. Dicho análisis reveló que las distancias morfológicas y genéticas no están asociadas en las líneas endogámicas en estudio; de igual manera no se identificaron correlaciones entre ninguno de los dos tipos de distancias, con el rendimiento de los híbridos F_1 , aptitud combinatoria específica o heterosis. Sin embargo, se detectaron fuertes correlaciones positivas y altamente significativas entre el RG y ACE, así como entre el RG y la H, con coeficientes de correlación de 0.69** y 0.72**; y se encontró una correlación intermedia positiva y altamente significativa entre la ACE y la H, con un valor de 0.51**, éstos resultados son consistentes con lo reportado por Wegary *et al.* (2013).

La ausencia de correlación entre las distancias morfológicas y genéticas estimadas por ésta investigación, se puede explicar por una falta de asociación entre el grupo de marcadores moleculares de ADN y los loci que determinan las características cuantitativas (QTLs) consideradas en estudios sobre diversidad genética de líneas de maíz (Lanza *et al.*, 1997). En cuanto a la falta de correlación entre las distancias morfológicas y genéticas, con el rendimiento de grano de los híbridos F_1 , la aptitud combinatoria específica y con la heterosis, se puede atribuir a la ausencia de ligamiento entre los marcadores de ADN y loci que regulan el rendimiento de grano, lo que se puede lograr si se seleccionan marcadores ligados con la característica de interés (Charcooseet *et al.*, 2001), o por una inadecuada cobertura del genoma de los marcadores utilizados o efectos de dominancia en los caracteres morfológicos (Bernardo, 1992).

Cuadro 4.6. Correlación entre las distancias morfológicas y genéticas y caracteres relacionados al rendimiento de grano de híbridos F₁ de nueve líneas endogámicas de maíz.

| Parámetro/ Carácter | DG | RG | ACE | H |
|--------------------------------|-----------|-----------|------------|----------|
| DM | -0.24ns | 0.02ns | 0.03ns | -0.08ns |
| DG | | 0.09ns | 0.14ns | 0.02ns |
| RG | | | 0.69** | 0.72** |
| ACE | | | | 0.51** |

DM: Distancias morfológicas; **DG:** Distancias genéticas; **RG:** Rendimiento de grano; **ACE:** Aptitud combinatoria específica; **H:** Heterosis; **: Altamente significativo; **ns:** No significativo.

Los resultados de la ausencia de correlación entre distancias morfológicas y genéticas con el grado de heterosis en híbridos F₁, coinciden con lo reportado en otros estudios (Mladenovic *et al.*, 2012; Fernades *et al.*, 2015; Dermail *et al.*, 2020;). Sin embargo, Gichuru *et al.* (2017) encontraron correlaciones intermedias y significativas entre las distancias genéticas (DG) con rendimiento de grano (0.53*), las DG con la aptitud combinatoria específica (0.62*) y entre la DG con heterosis (0.68*); resultados muy similares fueron determinados por Wegary *et al.* (2013), reportando correlaciones significativas entre las mismas variables.

4.6. CONCLUSIONES

Las distancias morfológicas en este estudio fueron de importancia para identificar líneas con fenotipos similares, lo que se relacionó con el grado de parentesco entre líneas. Las distancias genéticas obtenidas con la combinación de marcadores SSR y RAPD fueron eficientes y confiables para cuantificar la diversidad genética presente entre líneas endogámicas estudiadas. Sin embargo, las distancias genéticas no fueron predictivas del rendimiento de grano, la aptitud combinatoria específica y heterosis en los híbridos F₁; no obstante, estas características mostraron correlaciones positivas y altamente significativas entre ellas, las cuales son de utilidad en la toma de decisiones para la formación de híbridos experimentales.

4.7. LITERATURA CITADA

- Agarwal, M.; N. Shrivastava and H. Padh. 2008. Advances in molecular techniques and their applications in plant sciences. *Plant Cell Research*, 27: 617-631.
- Arús, P. y J. Moreno-González. 1993. Marker-assisted selection. In Hayward M D, Bosemark N O and Romagosa I. *Plant Breeding: Principles and Prospects*. Chapman and Hall. University Press, Cambridge, Great Britain, pp. 315 - 331.
- Asefa, Z. D. 2020. Applications of molecular markers in Genetic Diversity Studies of maize. *Nigerian Journal of Biotechnology*, 37:101-108. <https://dx.doi.org/10.4314/njb.v37i1.11>
- Bernardo, R. 1992. Relationship between single-cross performance and molecular marker heterozygosity. *Theoretical and Applied Genetics*, 83:628-634.
- Bernardo, R. 1994. "Prediction of maize single-cross performance using RFLPs and information from related hybrids," *Crop Science*, 34: 20-25.
- Betrán, F. J.; Beck D.; Bänziger M. and Edmeades G. O. 2003. Secondary traits in parental inbreds and hybrids under stress and non-stress environments in tropical maize. *Field Crops Research*, 83:51-65.
- Buel, D. C.; Carpentieri-Pipolo V.; Ruas C. F. and Gerage A. C. 2007. Assessment of genetic diversity in maize inbred lines using RAPD markers. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 7:173-178.
- Buenrostro-Robles, M.; R. Lobato-Ortiz; J. J. García-Zavala y C. Sánchez-Abarca. 2017. Rendimiento de líneas de maíz exótico irradiado con rayos gamma y de híbridos de cruce simple. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 40: 351-358.
- Charcosset, A.; Lefort-Buson M. and Gallais A. 2001. Relationship between heterosis and heterozygosity at marker loci: a theoretical computation. *Theoretical and Applied Genetics*, 81: 571-575.
- Cho, Y. I.; C. W. Park.; S. W. Kwon.; J. H. Chin.; H. S. Ji.; K. J. Park.; S. McCouch and H. J. Koh. 2004. Key DNA markers for predicting heterosis in F1 hybrids of japonica rice. *Breeding Science*, 54:389-397.

- Costa, M. W. M.; Pinho V. R. G. and Belastre V. 2014. Prediction of Maize Single Cross Hybrids Using the Total Effects of Associated Markers Approach Assessed by Cross-Validation and Regional Trials. *The Scientific World Journal*
- Cubero, J. I. 2003. *Introducción a la Mejora Genética Vegetal*. Mundi-Prensa, España, 556 p.
- Dermail, A.; Suriham B.; Chankaew S.; Sanitchon J. and Lertrat K. 2020. Hybrid prediction base don SSR-genetic distance, heterosis and combining ability on agronomic traits and yields in sweet and waxy corn. *Scientia Horticulturae*, 259:1-12.
- Fernandes, E. H.; Schuster I.; Scapim C. A.; Vieira E. S. N. and Coan M. M. D. 2015. Genetic diversity in elite inbred lines of maize and its association with heterosis. *Genetics and Molecular Research*, 14:6509-6517.
- Gichuru, L.; Derera J.; Tongoona P. and Murenga M. 2017. Combining ability and molecular genetic distances in tropical maize lines for grain yield and agronomic traits. *South African Journal of Plant and Soil*, 34:175-183.
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, 9: 463-493.
- Rebolloza, H. H.; Castillo G. A.; Carapia R. V. E.; Andrade R. M.; Villegas T. O. G.; Núñez V. M. E.; Suárez R. R. y Perdomo R. F. 2016. Estimación de parámetros genéticos y selección de líneas S1 en una población segregante de maíz tropical. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 7:1896-1904.
- Kumar, A.; Rakshit A.; Mangilipelli N. K.; Varalaxmi Y.; Vijayalakshmi T.; Jainender M.; Vanaja M.; Yadav S. K.; Venkateswarlu B. and Maheswari M. 2012. Genetic diversity of maize genotypes on the basis of morpho-physiological and simple sequence repeat (SSR) markers. *African Journal of Biotechnology*, 11:16468-16477. DOI: 10.5897/AJB12.2367
- Lamine, M. and Mliki A. 2015. Elucidating genetic diversity among sour orange rootstocks: a comparative study of the efficiency of RAPD and SSR markers. *Applied Biochemistry Biotechnology*, 175: 2996-3013. DOI 10.1007/s12010-015-1477-6.

- Lanza, L. L.B.; Souza C. L. Jr.; Ottoboni L. M. M. and Vieira M. L. C. 1997. Genetic distance of inbred lines and prediction of maize single-cross performance using RAPD markers. *Theoretical and Applied Genetics* 94: 1023-1030.
- Leal, A. A.; Mangolin C. A.; Amaral A. T.; Goncalves L. S. A.; Scapim C. A.; Mott A. S.; Eloi L. B. O.; Cordovés V. and Silva M. F. P. 2010. Efficiency of RAPD versus SSR markers for determining genetic diversity among popcorn lines. *Genetics and Molecular Research*, 9: 9-18.
- Mahalanobis, P. C. 1936. On the generalized distance in statistics. *Proceedings of the National Institute of Science of India*, 12:49-55.
- Maize Genetics and Genomic Data Base (MAIZEGDATABASE). 2020. SSR record at Maize Genetics DataBase <http://maizegdb.org/ssr.php>. Fecha de acceso 7 de Julio 2020.
- Mladenovic, S. D.; Kostadinovic M.; Ristic D.; Stevanovic M.; Camdzija Z.; Filipovic M.; and Kovacevic D. 2012. Correlation of yield and heterosis of maize hybrids and their parental lines with genetic distance based on SSR markers. *Genetika*, 44: 399-408 DOI: 10.2298/GENSR1202399D
- Molin, D.; Coelho C. J.; Maximo D. S.; Ferreira E. S.; Gardingo J. R. and Matiello R. R. 2013. Genetic diversity in the germoplasm of tropical maize landraces determined using molecular markers. *Genetics and Molecular Research*, 12: 99-114.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *American Nature*, 106:283-292.
- Nelson, T. P and Goodman M. M. 2008. Evaluation of elite exotic Maize Inbreds for use in temperate Breeding. *Crop Science*, 48:85-92.
- Rehan, M. R. and Kamara M. M. 2016. Diallel analysis and genetic diversity of some yellow maize inbred lines (*Zea mays* L.) Using RAPD and SSR markers. *Egyptian Journal Agronomy*, 38: 471-488.
- Ribaut, J. M.; Hoisington D. A.; Deutsch J. A.; Jiang C. and Gonzalez d. L. D. 1996. Identification of quantitative trait loci under drought conditions in tropical maize. 1. Flowering parameters and the anthesis-silking interval. *Theoretical and Applied Genetics*, 92:905-914.

- Ribaut, J. M.; Jiang C.; Gonzalez-de-Leon D.; Edmeades G. O. and Hoisington D. A. 1997. Identification of quantitative trait loci under drought conditions in tropical maize. 2. Yield components and marker-assisted selection strategies. *Theoretical and Applied Genetics*, 94:887-896.
- Rohlf, F. J. 1992. NTSYS pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Version 2.1. Exeter Software, Setauket.
- Salinas, J. V.; Raya P. J. C.; Aguirre M. C. L.; Chablé M. F.; Ramírez P. J. C.; García R. G. and Covarrubias P. J. 2016. Prueba temprana en líneas de maíz. *φYTON. Revista Internacional de Botánica Experimental*, 85:203-209.
- Sharmeen, S. S. and Shamimul A. S. 2016. SSR and RAP-Based genetic diversity in cotton germoplasms. *Cytologia*, 81:257-262.
- Trujillo, C. A. 2009. Guía para cultivar maíz bajo condiciones de riego en el Estado de Morelos. Secretaria de Agricultura, Ganadería Desarrollo Rural. Pesca y Alimentación. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Centro de Investigación Regional del Centro. Campo Experimental Zacatepec. Folleto para productores No. 46. Zacatepec, Morelos, México. 17 p.
- Wegary, D.; Vivek B. and Labuschagne M. 2013. Association of parental genetic distance with heterosis and specific combining ability in quality protein maize. *Euphytica*, 191:205-216.

CAPITULO V

CONCLUSIONES GENERALES

La evaluación de líneas endogámicas de maíz con tolerancia a sequía por aptitud combinatoria general fue muy importante en la selección de líneas y permitió el desarrollo de variedades sintéticas experimentales a partir de éstas. Así como el conocer la aptitud combinatoria específica entre líneas de positiva y alta ACG con líneas de ACG negativas, lo que resultó en valores positivos y de alta ACE en la variable de rendimiento de grano.

Las variedades sintéticas experimentales desarrolladas, demostraron poseer tolerancia a estrés hídrico superando el rendimiento promedio nacional reportado en las zonas de temporal. La variedad VSUM-6 fue la que mejor respuesta morfológica y fisiológica presentó en ambiente de riego y sequía inducida; los índices de tolerancia HM e ITS también identificaron a esta variedad como la más tolerante a sequía; por lo que se recomienda el uso de VSUM-6 en ambientes con baja disponibilidad de agua.

Los análisis morfológico y molecular fueron herramientas útiles que permitieron identificar caracteres fenotípicos y genotípicos similares en nueve líneas evaluadas, siendo eficientes y confiables en estudios de diversidad. Las distancias genéticas obtenidas por la combinación de SSR y RAPD indican que es confiable implementar la combinación de ambas técnicas moleculares en estudios similares. El rendimiento de grano no fue capaz de predecirse mediante distancias genéticas con los marcadores utilizados; sin embargo, rendimiento de grano, aptitud combinatoria específica y heterosis en los híbridos F_1 , mostraron correlaciones positivas y altamente significativas entre ellas, las cuales son de utilidad en la toma de decisiones para la formación de híbridos experimentales.

Las líneas endogámicas tolerantes a sequía evaluadas poseen potencial como ya se ha demostrado en el presente estudio, tanto en variedades sintéticas como en híbridos

simples. Se recomienda llevar a las líneas S_2 a un nivel más alto de endogamia (S_7) con la certeza de su utilidad y futuros usos en el desarrollo de híbridos (simples, triples y/o dobles) comerciales.

CAPITULO VI

BIBLIOGRAFÍA GENERAL

- Agarwal, M.; N. Shrivastava and H. Padh. 2008. Advances in molecular techniques and their applications in plant sciences. *Plant Cell Reports*, 27: 617-631.
- Anwar, J.; Mahboob S. G.; Hussain M.; Ahmad J.; Hussain M. and Munir M. 2011. Drought tolerance índices correlation with yield in exotic wheat genotypes. *Pakistan Journal Botany*. 43:1527-1530.
- Arias, V. Y.; Gonzalez M. I.; Miranda C. I.; Fernandez G. L. and Delgado-Oramas B. P. 2018. Diversidad genética en maíz (*Zea mays* L.) procedente de pinar del Rio y Guantánamo, Cuba, mediante el empleo de RAPD. *Revista de protección Vegetal*, 33: 1-9.
- Arús, P. and J. Moreno-González. 1993. Marker-assisted selection. In Hayward M D, Bosemark N O and Romagosa I. *Plant Breeding: Principles and Prospects*. Chapman and Hall. University Press, Cambridge, Great Britain, pp. 315 - 331.
- Bänziger, M., G. O. Edmeades.; D. Beck. y M. Bellon. 2012. Mejoramiento para aumentar la tolerancia a sequía y a deficiencias de nitrógeno en el maíz: De la teoría a la práctica. México, D. F. CIMMYT.
- Bonamico, N.; Aiassa J.; Ibañez M.; Renzo M. D.; Díaz D. y Salerno J. 2004. Caracterización y clasificación de híbridos simples de maíz con marcadores SSR. *RIA*, 33: 129-144.
- Buenrostro-Robles, M.; R. Lobato-Ortiz; J. J. García-Zavala y C. Sánchez-Abarca. 2017. Rendimiento de líneas de maíz exótico Irradiado con rayos gamma y de híbridos de cruce simple. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 40: 351-358.
- Castañón, G.; D. Jeffers.; H. Hidalgo H. Tosquy. 1998. Prueba de mestizos en maíz en el estado de Veracruz, México. *Agronomía Mesoamericana*, 9: 89-96.
- Chávez, A. J. L. 1995. Mejoramiento de plantas 2. Métodos específicos de plantas alógamas. Ed. Trillas, México. 143 p.
- Cho, Y. I.; C. W. Park.; S. W. Kwon.; J. H. Chin.; H. S. Ji.; K. J. Park.; S. McCouch and H. J. Koh. 2004. Key DNA markers for predicting heterosis in F1 hybrids of japonica rice. *Breeding Science*, 54:389-397.

- Costa, M. W. M.; Pinho V. R. G. and Belastre V. 2014. Prediction of Maize Single Cross Hybrids Using the Total Effects of Associated Markers Approach Assessed by Cross -Validation and Regional Trials. *The Scientific World Journal* ID 924348
- Cubero, J. I. 2003. *Introducción a la Mejora Genética Vegetal*. Mundi-Prensa, España, 556 p.
- Daryanto, S.; Wang L. and Pierre-André J. 2016. Global Synthesis of Drought Effects on Maize and Wheat Production. *Plos One*. 11: 1-15 doi:10.1371/journal.pone.0156362
- Edmeades, G.O.; Bolaños J.; Elings A.; Ribaut J. M.; Bänziger M. and Westgate M. E. 2000. The role and regulation of the anthesis-silking interval in maize. In Westgate ME and Boote K (eds) *Physiology and modeling kernel set in maize*. CSSA, Madison, p. 43-73.
- Forster, J. W.; E. S. Jones.; K. F. Smith.; K. M. Guthridge.; M. P. Dupal.; S. Howlett.; L. J. Hughes.; S. Garvie and C. Preston. 2005. Molecular marker technology for the study of genetic variation and comparative genetics in pasture grasses. In A K Sharma, A Sharma (eds). *Phanerograms. Plant genome: biodiversity and evolution*, vol 1 part B. Phanerogams. Science Publishers, pp: 119-115.
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, 9:463-493.
- Hallauer, R. A.; Carena J. M. and Miranda F. J. B. 2010. Quantitative genetics in maize breeding. *Handbook of Plant Breeding*. Springer New York, 669 p.
- Jain, M.; Katarina S.; Hirve M. and Prajapati R. 2019. Water Deficit Stress Effects and Responses in Maize. In: Hasanuzzaman M, Rehman H K, Nahar K, Alharby H F. *Plant Abiotic Stress Tolerance*. Springer Nature Switzerland. pp. 129-152. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-06118-0>
- Jokar, F.; Karimizadeh R.; Mosoumiasl A. Amirifahlliani R. 2018. Canopy temperature and chlorophyll content are effective measures of drought stress tolerance in durum wheat. *Notulae Scientia Biologicae*, 10:575-583. DOI: 10.25835/nsb10410288
- Ledesma-Miramontes, A.; J. L. Ramírez-Díaz.; V. A. Vidal-Martínez.; A. Peña-Ramos; J. A. Ruiz-Corral; Y. Salinas-Moreno and R. E. Preciado-Ortiz. 2015. Propuesta

- para integrar un patrón heterotico de maíz de grano amarillo para la zona de transición de México. II. Evaluación de mestizos y cruas. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 38: 133-143.
- Márquez-Sánchez, F. 2013. Endogamia en un sintético de maíz formado con familias de auto hermanos (Líneas S1). *Revista Fitotecnia Mexicana*,36: 259-261.
- Mladenovic, S. D.; Kostadinovic M.; Ristic D.; Stevanovic M.; Camdzija Z.; Filipovic M.; and Kovacevic D. 2012. Correlation of yield and heterosis of maize hybrids and their parental lines whith genetic distance based on SSR markers. *Genetika*, 44: 399-408.
- Musvosvi, C.; Setimela S. P.; Wali C. M.; Gasura E.; Channappagoudar B. and Patil S. S. 2018. Contribution of secondary traits for high grain yield and stability of tropical maize Germoplasm across drought stress and non-stress conditions. *Agronomic Application of genetic resource*, 110: 819-832.
- Rafalski, J. A.; J. M. Vogel.; M. Morgante.; W. Powel; C. Andre and S. V. Tingey. 1996. Generating and using DNA markers in plants. In: *Non-mammalian genomic analysis: a practical guide*. Birren B, and Lai (eds). Press Inc. San Diego. pp: 75-135.
- Raya, P. J. C.; C. B. Peña V. and G. O. Edmeades. 1996. Procesos bioquímicosfisiológicos del maíz involucrados en la tolerancia a sequía. In: *Developing Drought and Low N-Tolerant Maize*. Edmeades G O, M Banziger, H R Mickelson, and C B Peña-Valdivia. CIMMYT, México, March 25-29. Technical Editors pp: 169-176.
- Sánchez-Ramírez, F. J.; M. C. Mendoza-Castillo.; M. Mendoza-Rodríguez.; F. Castillo-González.; S. Cruz-Izquierdo.; S. Castro-Nava y J. D. Molina-Galán. 2017. Aptitud combinatoria de líneas endogámicas para la producción de híbridos de maíz (*Zea mays* L.) de cruas simples en condiciones de riego. *Agrociencia*, 51: 393-407.
- Sintowe, F.; Amondo E.; Marenya P.; Rahut D.; Sonder K. and Erenstein O. 2019. Impacts of drought-tolerant maize varieties on productivity, risk, and resource: Evidence from Uganda. *Land Use pólice*, 88:1-10 <https://doi.org/10.1016/j.landusepol.2019.104091>

- Stone, P. J.; Wilson D. R.; Reid J. B. and Gillespie R. N. 2001. Water deficit effects on sweet corn. I Water use, radiation use efficiency, growth and yield. *Australian Journal of Agricultural Research*, 52:103-113.
- Verma, A. K and Despti S. 2016. Abiotic stress and crop improvement: current scenario. *Advances in Plants Agriculture Research*, 4:345-346.
- Wattoo, F. M.; Mehmood R. R.; Fiaz S.; Adeel A. S.; Ali N. A M.; Mumtaz H. H.; Husnain B. M.; Ur R. S.; Bakr A. G. and Muhammad A. R. 2018. Identification of drought tolerant maize genotypes and seedling based Morpho-Physiological selection indices for crop improvement. *Sains Malaysiana*, 47: 295-302.
- Yu, J.; K. Dossa; L. Wang.; Y. Zhang.; X. Wei.; B. Liao and X. Zhang. 2017. PMDBase: a data for studying microsatellite DNA and marker development in plants. *Nucleic Acids Research*, 45: D1046 -D1053.