



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS



FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS

FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS
JEFATURA DE PROGRAMAS EDUCATIVOS DE POSGRADO

Cuernavaca, Morelos, 11 de mayo de 2021.

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: **“ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN EN CARACTERES CUANTITATIVOS EN UNA POBLACIÓN PANMÍCTICA DE MAÍZ”** que presenta la: **ING MARGARITA GÓMEZ AYALA** mismo que fue desarrollado bajo mi dirección y la **Codirección del DR. DAVID ANTONIO MORENO MEDINA** y que servirá como requisito parcial para obtener el grado de **Maestro en Ciencias Agropecuarias y Desarrollo Rural**, lo encuentro satisfactorio, por lo que emito mi **VOTO DE APROBACIÓN** para que el alumno 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:2021-05-18 23:31:32 | Firmante

I4CPSD2vYNJRcu6xBJx43S220W6BgHguLkxQtNHAaaxc6Y6tiBg78rSZEvsJE9oprz5zosnYZHMnc727A1NBTqrrRIPyRII/Vid1jBVZZCdVqMXO59N+sXSZKbw0NhrUnkYsAE4kU14AYdFwXce0/qsthnuQhU/iaXNeOIKawoc3rHUcCCnJHXGnVYUePGha+EvBqLExBicakeM+JfK6Upyl/Dr5MgNn2a7N4GwUvDKpc18SfIWEFWBX0hdRTgR6W4iCIBvFWPGZOoxFMTriLgQ9JXv9663UHHem5gyQyy8Pdz1t2RrDKuzvv8eU6LeokFGNFWhn41rLk+KSHsLAGw==

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



1KmDtf

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/YvsTnDTRZABYxKWaRNIL5zRh9fvgySIQ>





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS



FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS

FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS
JEFATURA DE PROGRAMAS EDUCATIVOS DE POSGRADO

Cuernavaca, Morelos, 11 de mayo de 2021.

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: **“ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN EN CARACTERES CUANTITATIVOS EN UNA POBLACIÓN PANMÍCTICA DE MAÍZ”** que presenta la ING **MARGARITA GÓMEZ AYALA**, mismo que fue desarrollado bajo la dirección del **DR. ANTONIO CASTILLO GUTIÉRREZ** y la **Codirección del DR. DAVID ANTONIO MORENO MEDINA** y que servirá como requisito parcial para obtener el grado de **Maestro en Ciencias Agropecuarias y Desarrollo Rural**, lo encuentro satisfactorio, por lo que emito mi **VOTO DE APROBACIÓN** para que el alumno 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. J ROLANDO RAMÍREZ RODRÍGUEZ
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

J ROLANDO RAMIREZ RODRIGUEZ | Fecha:2021-05-13 11:09:24 | Firmante

i7KQ9Anpg+KdzNcpwdJIMVfulhr7+DY4FdjQTheXXE8hbH8N3neEViYHzUJERfs6ldpzGGqxf8YSJXv+Gd8UJ/jlxkzu5emxoRIIN1aPTUBBD0RVQeXEb6FGsRS2zBsjZVjn4CVe
pdBEpnJX/RRtlwTkfOf1QYj+46wG9dHq3nBU57RoDNiXOVnLIK/PvXde2mU5/hW17IjpxCO3ZPfsUfB7YldhpXFCOt4O6VcZj3kAsyMOhxZrIMuD5sColPxxNiawMMwqeTsHoJ50
KLBmgRkE7Yps8qBXq5IK08FS+D/cU4PsaQ/rpoZEB///DKtQs1lcJahVQ3fdGzReAwvfQ==

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



[DyOiRx](#)

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/wpK7VYLZp4sc7DkfazwVR7du5U8Zd59D>





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS



FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS

FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS
JEFATURA DE PROGRAMAS EDUCATIVOS DE POSGRADO

Cuernavaca, Morelos, 11 de mayo de 2021.

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: **“ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN EN CARACTERES CUANTITATIVOS EN UNA POBLACIÓN PANMÍCTICA DE MAÍZ”** que presenta la ING **MARGARITA GÓMEZ AYALA**, mismo que fue desarrollado bajo la dirección del **DR. ANTONIO CASTILLO GUTIÉRREZ** y la **Codirección del DR. DAVID ANTONIO MORENO MEDINA** y que servirá como requisito parcial para obtener el grado de **Maestro en Ciencias Agropecuarias y Desarrollo Rural**, lo encuentro satisfactorio, por lo que emito mi **VOTO DE APROBACIÓN** para que el alumno 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



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:2021-05-19 21:58:37 | Firmante

I3UWYuFcfOMcb/MC7BnJJxLEEJ4DXmQBCFUODyNpGnmlsb4I0hwuGDZdzYneuXF5VRAiM+OukzLS9Sza/UKCZX6ay8DxHjGQ9MiqnDhmjWjVU8wxLaL+GnTJJGS9PQbXPvYXoRaA4euMnuNeppSzV463QUuEs8MI6XNsj9YRZqdovxG1JkimTfJiBTXfCNIvDTjZpeChVYGL0Ob+U5xITRyl2s8KcXWdCgLmHF+pp94f+pVC9zRNt4vKLEiCThxE3GhO/s3zMjCCFhMycbkXfDyaethoOh1hUN99djhPxN24jlc7smv9e4QCD/NueVSMi+BP3y4KIVrDuWDrGDuvcQ==

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



RNJPqz

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/5x1Oe7zmGqHaeHADb0BCDifr8rC4p858>





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS



FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS

Cuernavaca, Morelos, 11 de mayo de 2021.

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: **“ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN EN CARACTERES CUANTITATIVOS EN UNA POBLACIÓN PANMÍCTICA DE MAÍZ”** que presenta la ING **MARGARITA GÓMEZ AYALA**, mismo que fue desarrollado bajo la dirección del **DR. ANTONIO CASTILLO GUTIÉRREZ** y la **Codirección del DR. DAVID ANTONIO MORENO MEDINA** y que servirá como requisito parcial para obtener el grado de **Maestro en Ciencias Agropecuarias y Desarrollo Rural**, lo encuentro satisfactorio, por lo que emito mi **VOTO DE APROBACIÓN** para que el alumno 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



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:2021-05-12 23:58:59 | Firmante

fOFH1dxld/E1e1h+SqKN9lCerr+n2Zvnb1dJ5GR52Q4BZzxeV5YTVUmf78ZMS77KKujLWCs5yUhrSMwdTxBHZCzefYfMOjki5rVcAm1knvvOQRDEy1xe5CY/bg3/ydwlXIKpVSs4hbV8+lqAKswUDrvyGJOeCZSMQjGuYHUVrQcneKgOOO0qXQExzYCknyiX9Gj5Bk+r9nqvHLLYR++Jf2bH7kNgMC1alaNTHRzO5+n1xZXHhrlJvxa5p+aoh3vtNzSjKvQ87kssHOndy8oMMw0HJ7PvPpLx7wwkMbHQj9mfUE33dNwBTEQr64ObX9WSOKWAdBE6evGa9K7kx0wpA==

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



[2uZcW3](#)

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/yBGaKDB6FMjVXUP57ERWhl1313oPK13d>





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL
ESTADO DE MORELOS



FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS

FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS
JEFATURA DE PROGRAMAS EDUCATIVOS DE POSGRADO

Cuernavaca, Morelos, 11 de mayo de 2021.

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: **“ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN EN CARACTERES CUANTITATIVOS EN UNA POBLACIÓN PANMÍCTICA DE MAÍZ”** que presenta la ING **MARGARITA GÓMEZ AYALA**, mismo que fue desarrollado bajo la dirección del **DR. ANTONIO CASTILLO GUTIÉRREZ** y la **Codirección del DR. DAVID ANTONIO MORENO MEDINA** y que servirá como requisito parcial para obtener el grado de **Maestro en Ciencias Agropecuarias y Desarrollo Rural**, lo encuentro satisfactorio, por lo que emito mi **VOTO DE APROBACIÓN** para que el alumno 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. VICENTE EMILIO CARAPIA RUÍZ
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

VICENTE EMILIO CARAPIA RUIZ | Fecha:2021-05-11 17:53:58 | Firmante

swb2ei6vR0XsNZ2PPR9TBrxCVMao+ZRFFI3UI7h1Lox0+6jyjW0+5pbHMh0Gd9xGHbobs7UQiGZMDDYrqYGF0xX7T+0jklCMUXT+zvq9Qi/jFNb+Fp+HdGbTjjPyp+JAx0JBFFba
gXXbOAJ38Y+hioauZImE37djwzeJb50lrzo7uyYxATefB18YQwaM42ZyiPyD4rqaKzfK9aGNVW1FbOVkzQ4H/Hlx2SjZAZpJJZ4PqRXT8JMHwmpI+uJOx1D9h+KVtSZVr2qhpz2IU
Fdd2bP6gOURPI8DxO7PZKz1nNiN55VP7e1J8/Tn0xPHteMc263EMwK71dHC+pUnZUhdA==

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



[svdWR4](#)

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/M0sNILtxILhRD8g0prYCCHF1FqIHawW>





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS
FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS

**ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN EN
CARACTERES CUANTITATIVOS EN UNA
POBLACIÓN PANMÍCTICA DE MAÍZ**

TESIS

**QUE PARA OBTENER EL GRADO DE MAESTRO EN
CIENCIAS AGROPECUARIAS Y DESARROLLO RURAL**

PRESENTA

MARGARITA GÓMEZ AYALA

CO-DIRECTORES DE TESIS

**Dr. ANTONIO CASTILLO GUTIÉRREZ
DR. DAVID ANTONIO MORENO MEDINA**



Cuernavaca, Morelos. Mayo del 2021

ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN EN CARACTERES CUANTITATIVOS EN UNA POBLACIÓN PANMÍCTICA DE MAÍZ

Tesis realizada por **Margarita Gómez Ayala**, bajo la dirección del Comité Revisor indicado, aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS AGROPECUARIAS Y DESARROLLO RURAL

COMITÉ REVISOR

Codirector de tesis: _____
Dr. Antonio Castillo Gutiérrez

Revisor: _____
Dr. J Rolando Ramírez Rodríguez

Revisor: _____
Dra. María Andrade Rodríguez

Revisor: _____
Dr. Porfirio Juárez López

Revisor: _____
Dr. Vicente Emilio Carapia Ruíz

AGRADECIMIENTOS

Gracias a Dios por la vida que me da, porque cada día me demuestra lo hermosa que es vivirla, bendiciéndome con la maravillosa oportunidad de estar y disfrutar al lado de las personas que me aman y que amo también.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) por la beca que me otorgó para desarrollar esta investigación y obtener el grado de Maestra en Ciencias.

A la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Autónoma del Estado de Morelos por haberme dado la oportunidad de realizar mis estudios de maestría.

A la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc, dependiente de la Universidad Autónoma del Estado de Morelos, por el germoplasma proporcionado de su programa de Mejoramiento Genético de Maíz y por facilitarme su campo experimental y laboratorio de biotecnología molecular para la realización de la presente investigación.

Al *Dr. Antonio Castillo Gutiérrez*, asesor principal en la presente investigación, por su conocimiento compartido, por su apoyo incondicional en el trabajo de campo y en la redacción científica, por su calidez humana pero sobre todo por la amistad y confianza que me brindó durante mis estudios de posgrado, a él todo mi respeto, admiración y mi más sincero agradecimiento.

Al *Dr. David Antonio Moreno Medina*, co-director de trabajo de tesis, por su disposición para trabajar en las dudas que surgieron, por toda la bibliografía que me proporcionó y por sus conocimientos compartidos, y sobre todo por la motivación que me brindó a lo largo de este camino.

Al *Dr. J Rolando Ramírez Rodríguez*, por el tiempo que me brindó, por todas las experiencias y conocimiento que me compartió y por enseñarme la importancia que el aspecto sociocultural tiene en mi área de conocimiento.

A la *Dra. María Andrade Rodríguez*, por el conocimiento que me compartió durante mis estudios de posgrado, por sus sugerencias realizadas y en particular por recordarme la importancia de la disciplina en la vida diaria.

Al *Dr. Porfirio Juárez López*, por su accesibilidad para trabajar y por su aportación brindada para la mejora de la investigación.

Al *Dr. Vicente Emilio Carapia Ruíz*, por los consejos que me dio para enfrentar el mundo laboral.

A la *Dra. Elizabeth Ibarra Sánchez*, mi compañera y amiga, por el apoyo que ofreció durante mis estudios de maestría, por compartir conmigo su tiempo y conocimiento, agradezco también la amistad y confianza que me brinda.

A la *Dra. Teresa de Jesús Rodríguez Rojas*, por su amistad incondicional pero sobre todo por motivarme a seguir adelante y darme siempre palabras de apoyo.

DEDICATORIAS

A mis padres **Marcos** y **Ernestina**, que con amor y disciplina me inculcaron los principios y valores necesarios en la vida cotidiana, lo que me forjó como la persona que soy en la actualidad.

A mis hermanos **José Alberto**, **Ramiro** y **Mariela**, por todos sus consejos y retroalimentación que me ofrecen en el día a día.

A mis amigas y compañeras de laboratorio, **Tere**, **Eli** y **Ofe**, quienes fueron un gran apoyo emocional durante el tiempo en que se desarrolló esta investigación.

Al **Dr. Antonio**, mi asesor y un excelente amigo, quien ha estado conmigo apoyándome e inspirándome con su ejemplo a ser mejor persona cada día.

¡Esto es posible por ustedes!

CONTENIDO

	Página
ÍNDICE GENERAL	i
ÍNDICE DE CUADROS	iii
RESUMEN GENERAL	iv
GENERAL ABSTRACT	vi
CAPITULO I. INTRODUCCIÓN GENERAL	1
1.1 Hipótesis.....	3
1.2 Objetivos.....	3
CAPITULO II. ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN DEL PERIODO DE FLORACIÓN EN DOS POBLACIONES PANMÍCTICAS DE MAÍZ Y SUS CRUZAS DIRECTA Y RECÍPROCA	4
2.1 Resumen.....	4
2.2 Abstract	5
2.3 INTRODUCCIÓN.....	6
2.4 MATERIALES Y MÉTODOS.....	9
2.4.1 Germoplasma de estudio.....	9
2.4.2 Formación de poblaciones F ₁ (directa y recíproca).....	9
2.4.3 Evaluación fenotípica de las poblaciones progenitoras y cruzas F ₁	10
2.4.4 Variables de respuesta.....	11
2.4.5 Análisis estadístico.....	11
2.5 RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	12
2.6 CONCLUSIONES.....	21
2.7 LITERATURA CITADA.....	22

CAPITULO III. ANÁLISIS GENÉTICO DE FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE MAÍZ CONTRASTANTES EN EL PERIODO DE FLORACIÓN.....	28
3.1 Resumen.....	28
3.2 Abstract.....	29
3.3 INTRODUCCIÓN.....	30
3.4 MATERIALES Y MÉTODOS.....	33
3.4.1 Genotipos de estudio.....	33
3.4.2 Formación de la población base de selección.....	34
3.4.3 Formación de las familias de medios hermanos (FMH).....	34
3.4.4 Evaluación agronómica de las familias de medios hermanos.....	35
3.4.5. Diseño experimental.....	36
3.4.4 Variables de respuesta.....	36
3.4.5 Análisis estadístico	36
3.5 RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	40
3.6 CONCLUSIONES.....	47
3.7 LITERATURA CITADA.....	48
CAPITULO IV. CONCLUSIONES GENERALES.....	54
CAPITULO V. BIBLIOGRAFÍA GENERAL.....	55

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro	Página
2.1 Promedios y coeficientes de variación de las variables medidas en dos poblaciones panmícticas de maíz y su cruza F ₁ evaluadas en Morelos en primavera-verano 2018 y otoño-invierno 2018/2019.....	13
2.2 Cuadrados medios de las variables medidas en seis poblaciones de maíz, evaluadas en otoño-invierno 2018/2019.....	16
2.3 Promedios de las variables medidas en seis poblaciones de maíz, evaluadas en otoño-invierno 2018/2019.....	17
2.4 Correlación entre las variables medidas en las poblaciones progenitoras UM (valores superiores de la diagonal) y CI (valores inferiores de la diagonal), evaluadas en otoño-invierno 2018/2019.	19
2.5 Correlación entre las variables medidas en la cruza F ₁ , evaluada en otoño-invierno 2018/2019.....	20
3.1 Germoplasma de estudio.	33
3.2 Análisis de varianza combinado de acuerdo al diseño utilizado.....	38
3.3 Cuadrados medios de las variables en 36 Familias de Medios Hermanos de maíz, evaluadas en condiciones de temporal en Ayala, Mor., en primavera-verano 2019.....	41
3.4 Promedios del 20 por ciento de las familias de medios hermanos extremas en rendimiento de grano evaluadas en condiciones de temporal en Ayala, Mor., en primavera-verano 2019.....	42
3.5 Parámetros genéticos de las variables medidas en las familias de medios hermanos, derivadas de la cruza entre los progenitores UM x CI.....	44
3.6 Correlaciones genéticas ($r_{G_{xy}}$) y fenotípicas ($r_{F_{xy}}$) entre el rendimiento de grano y las variables medidas en las familias de medios hermanos.....	46

RESUMEN GENERAL

La variación genética presente en el germoplasma de maíz, permite cultivarlo en diversas condiciones ambientales. Las variedades mejoradas tienden a mostrar alto rendimiento y un periodo de floración intermedio-tardío; en contraste las poblaciones nativas son en general de bajo potencial de rendimiento y con muy diverso periodo de floración. En la actualidad, el mejoramiento de maíz se ha enfocado en optimizar el comportamiento agronómico en condiciones adversas tanto bióticas como abióticas; sin embargo, debido a la presencia de sequía, se ha enfocado el interés en la precocidad. En la presente investigación de tesis, se buscó generar variabilidad genética para precocidad y rendimiento de grano, a través de la hibridación entre la variedad mejorada experimental UAEM-BD1 (UM) y la población nativa “Cuarenteño” (CI), por medio de los siguientes objetivos: 1) Formar una población base de selección cruzando los genotipos UAEM-BD1 x C-Ix-R y su cruzada recíproca, 2) Examinar la variación fenotípica presente en las poblaciones progenitoras UAEM-BD1 y C-Ix-R, contrastantes en el periodo de floración y rendimiento de grano, y 3) Analizar la variación genética y fenotípica de familias de medios hermanos contrastantes en el periodo de floración y otras variables cuantitativas.

El germoplasma base de estudio fueron dos poblaciones de maíz contrastantes en el periodo de floración, proporcionadas por el programa de mejoramiento genético de la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc (EESX), dependiente de la Universidad Autónoma de Estado de Morelos. La investigación se realizó en dos etapas: 1) Formación de poblaciones F_1 (cruza directa y recíproca) y su evaluación fenotípica intra e inter-poblacional, junto con las poblaciones progenitoras, y 2) Derivación y evaluación de familias de medios hermanos maternos para realizar un análisis genético y fenotípico entre familias. La totalidad de los experimentos de campo se realizaron en las instalaciones de la EESX, en Ayala, Morelos. Como parte de la Etapa1, se formó la población F_1 (UM x CI) base de selección y se evaluó junto con los progenitores en los ciclos agrícolas primavera-verano 2018 y otoño-invierno 2018-2019, en este último ciclo, se realizó un ensayo agronómico que incluyó a los

progenitores, las cruzas directa y recíproca, y dos testigos comerciales. Se midieron la floración masculina, rendimiento de grano y ocho variables más. Los resultados detectaron diferencias ($P \leq 0.01$) entre cruzas y entre progenitores, lo que indicó variación entre las poblaciones, y se identificó a la población F_1 UM x CI, como la adecuada para los propósitos de selección. El análisis fenotípico dentro y entre las poblaciones UM, CI y UM x CI, mostraron un alto grado de variación fenotípica dentro de la población CI (población nativa precoz), en contraste con la población UM (variedad mejorada experimental). Se confirmó que las poblaciones progenitoras difieren y contrastan en el periodo a floración, la diferencia de casi 14 días, en tanto que la diferencia en rendimiento de grano fue de 76 g planta^{-1} . La mayor precocidad se presentó en la población nativa y el mayor rendimiento en la variedad mejorada; la generación F_1 mostró un periodo de floración masculina muy similar al progenitor mejorado y el rendimiento superior al promedio del rendimiento de progenitores. En la etapa 2, se derivaron y evaluaron 36 familias de medios hermanos (FMH) de maíz seleccionadas por el periodo a floración, los progenitores que formaron la población base y dos híbridos como testigos. Se registraron datos de 10 variables cuantitativas, incluyendo la floración masculina y el rendimiento de grano. Con base en los análisis de varianza y covarianza se estimaron los componentes de varianza, heredabilidad y correlaciones genéticas y fenotípicas. Los resultados demostraron la presencia de alta variación genética y fenotípica entre las familias en todas las variables medidas. Del análisis de los componentes de varianza, heredabilidad y correlaciones genéticas y fenotípicas, se concluye que existen suficiente varianza aditiva y relativa alta heredabilidad en características secundarias como, altura de planta, granos por mazorca y floración femenina que, por el grado de correlación con el rendimiento de grano, se garantiza un avance genético por selección recurrente y selección indirecta para alto rendimiento y precocidad.

Palabras clave: *Zea mays*, precocidad, medios hermanos, correlación, parámetros genéticos.

GENERAL ABSTRACT

The genetic variation present in maize germplasm allows it to be grown under diverse environmental conditions. Improved varieties tend to show high yield and an intermediate-late flowering period; native maize populations are generally low yield potential and with a broad flowering period. At the present, maize breeding has focused on optimizing agronomic behavior under both biotic and abiotic adverse conditions, however, due to the presence of drought, interest in precocity has been focused. In this thesis research, it was sought to generate genetic variability for precocity and grain yield, through hybridization between the experimental improved variety UAEM-BD1 (UM) and the native population "Cuarenteño" (CI), through the following objectives: 1) Form a base population of selection crossing the genotypes UAEM-BD1 x C-lx-R and its reciprocal cross, 2) Examine the phenotypic variation of the parent populations UAEM-BD1 and C-lx-R, contrasting in the flowering period and grain yield, and 3) Analyze the genetic and phenotypic variation of families of contrasting sister media in the flowering period and other quantitative variables.

The germplasm under study were two contrasting maize populations in the flowering period provided by the maize breeding program of the Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc (EESX), of the Universidad Autónoma del Estado de Morelos. The research was carried out in two stages: 1) Formation of F_1 populations (direct and reciprocal) and their intra- and inter-population phenotypic evaluation, and the parent populations, and 2) Derivation and evaluation of half sib families to perform a genetic and phenotypic analysis among families. All field experiments were conducted at the EESX facility in Ayala, Morelos. As part of Stage 1, the selection base population F_1 (UM x CI) was formed and evaluated with the parents in the agricultural seasons spring-summer 2018 and autumn-winter 2018-2019, in this last cycle, an agronomic trial was carried out that included the parents, the direct and reciprocal crosses, and two commercial control varieties. Male flowering, grain yield and eight more variables were measured. The results detected differences ($P \leq 0.01$) between crosses and between parents, which indicated variation between

populations, and the F₁ UM x CI population was identified as adequate for selection purposes. Phenotypic analysis within and between UM, CI and UM x CI populations showed a high degree of phenotypic variation within the CI population (early native population), than in the UM population (experimental improved variety). It was confirmed that the parent populations differ and contrast in the flowering period, being the difference of almost 14 days, while the difference in grain yield was 76 g plant⁻¹, manifesting the highest precocity of the native population and the highest yield the improved variety; generation F₁ showed a period of male flowering very similar to the improved parent and the above-average performance of parental performance. In stage 2, 36 maize half sib (FMH) families selected for the flowering period, the parents who formed the base population and two hybrids were derived and evaluated as controls. Data from 10 quantitative variables were recorded, including male flowering and grain yield. Based on variance and covariance analyses, the components of variance, heritability and genetic and phenotypic correlations were estimated. The results demonstrated the presence of high genetic and phenotypic variation among families in all measured variables. From the analysis of the components of variance, heritability and genetic and phenotypic correlations, it is concluded that there is sufficient additive variance and relative high heritability in secondary characteristics such as, plant height, grains per ear and female flowering that, by the degree of correlation with grain yield, a genetic advancement by recurrent selection and indirect selection for high performance and precocity is guaranteed

Keywords: *Zea mays*, precocity, half-sib families, correlation, genetic parameters.

CAPÍTULO I.

INTRODUCCIÓN GENERAL

La alimentación mundial depende de tres granos, el arroz, el trigo y el maíz. Este último originario de México (Smith *et al.*, 2004), cuya importancia radica en el volumen de su producción, por su adaptación a diferentes condiciones climáticas y por tener múltiples y variados usos, ya que es el único cereal que puede ser usado como alimento en distintas etapas del desarrollo de la planta. A nivel mundial se cultiva en un área de 176.1 millones de hectáreas con una producción de 875.1 millones de toneladas y rendimiento promedio de 4.9 t ha⁻¹ (Sohail *et al.*, 2018). Actualmente se cultiva en al menos 164 países de todo el mundo (O'Leary, 2016). México se ubica en el séptimo lugar como productor de maíz en el mundo (USDA, 2017), por superficie sembrada y por ser el alimento principal de la población, es el cultivo de mayor importancia en el país (Sierra *et al.*, 2010). En una superficie de 7.3 millones de hectáreas, se producen 21.2 millones de toneladas de grano al año, la mayor superficie de producción se realiza en primavera-verano, con el 70.9 % de la superficie total cultivada, donde se obtiene una media de rendimiento de 2.3 t ha⁻¹. Particularmente el estado de Morelos, bajo esas condiciones cultiva 34 mil hectáreas, y obtiene un rendimiento promedio de 4 t ha⁻¹ (SIAP, 2019).

Existe una gran diversidad en este cultivo, principalmente en el continente de origen; ya que es una especie vegetal con una gran área de adaptación bajo diversas condiciones ecológicas y edáficas (CEDAF, 1998), y es precisamente esta variación genética lo que permite al cultivo prosperar en condiciones tan diversas (O'Leary, 2016). Sin embargo, debido quizá al rendimiento bajo que algunas variedades presentan, aún no ha sido aprovechada al máximo esta diversidad de germoplasma. Lo que hace necesario recurrir a la introducción y adaptación paulatina de germoplasma exótico para formar nuevas variedades mejoradas y ampliar la base genética en una zona determinada (Gómez *et al.*, 2015).

El maíz fue domesticado en condiciones tropicales en el suroeste de México y posteriormente adaptado a la amplia gama de condiciones climáticas que se conocen hoy en día (Bouchet *et al.*, 2013). Sin embargo, la floración es una de las características de la especie que es altamente influenciada según el clima del lugar donde se cultive, en lugares cálidos y en lugares con mayor altitud sobre el nivel del mar reducen sus días a floración y, a menor temperatura se prolonga la floración (Palafox *et al.*, 2016). Muchos autores coinciden en que la densidad poblacional es otro de los factores que influyen en la floración, a menor densidad poblacional, menor es la diferencia entre la floración masculina y la floración femenina (Otahola y Rodríguez, 2001). Algunos estudios indican que el aumento en la temperatura ambiental puede acelerar el desarrollo del cultivo, debido a una mayor tasa de acumulación de calor, lo que reduce el ciclo fenológico y disminuye la interceptación de energía solar, así como las actividades metabólicas; generando por consecuencia una reducción en la producción de grano (SEMARNAT-INE, 2010).

En general, la elección de un método de mejoramiento específico dependerá del tipo de germoplasma, ya sea de polinización abierta o híbrido, control genético del rasgo y objetivos del programa (Hallauer *et al.*, 2010). Algunos investigadores señalan que la selección masal visual es efectiva para adaptar a condiciones de clima templado razas tropicales y subtropicales de maíz (Pérez *et al.*, 2007; Gómez *et al.*, 2015). Si el objetivo es para obtener variedades de polinización abierta o adaptación de especies exóticas, se recomiendan métodos intrapoblacionales. Sin embargo, cuando el propósito es mejorar el potencial de la población para la extracción de líneas endogámicas, los métodos de interpoblación son los más apropiados (Afonso *et al.*, 2012). La herencia tanto del periodo de floración como del rendimiento de grano son complejas, debido a que son características cuantitativas que dependen de un sistema poligénico. Sin embargo, a pesar de su complejidad casi todos los programas actuales de fitomejoramiento, las incluyen como parámetro de selección (Bruce *et al.*, 2001), ya que el uso de variedades de ciclo corto representa una opción para atender la demanda de grano en el país, al mismo tiempo de aminorar las dificultades por las condiciones limitantes del clima.

1.1. Hipótesis

1. Es posible seleccionar familias de medios hermanos con heterosis panmíctica en el tiempo de floración masculina y femenina (aproximadamente 54 días), y con relativo alto rendimiento de grano blanco (aproximadamente 6 t ha⁻¹).

1.2. Objetivos

1.2.1. General

Formar una población base de selección, mediante cruzamiento de una accesión nativa de maíz con característica sobresaliente en tiempo de floración precoz y una variedad mejorada experimental de grano blanco, con característica sobresaliente de relativo alto rendimiento. Con el propósito de derivar familias de medios hermanos sobresalientes en tiempo corto de floración y relativo alto rendimiento de grano.

1.2.2. Específicos

1. Formar una población base de selección cruzando los genotipos UAEM-BD1 x C-lx-R y su cruza recíproca.
2. Examinar la variación fenotípica presente en las poblaciones progenitoras UAEM-BD1 y C-lx-R, contrastantes en el periodo de floración y rendimiento de grano.
3. Analizar la variación genética y fenotípica para derivar familias de medios hermanos contrastantes en el periodo de floración y otras variables cuantitativas.

CAPÍTULO II.

ANÁLISIS DE LA VARIACIÓN DEL PERIODO DE FLORACIÓN EN DOS POBLACIONES PANMÍCTICAS DE MAÍZ Y SUS CRUZAS DIRECTA Y RECÍPROCA.

2.1. Resumen

El periodo de floración es uno de los rasgos más complejos en el cultivo de maíz, ya que controla la adaptación de las plantas a su entorno local. Los objetivos de ésta investigación fueron: 1) Estudiar en dos poblaciones panmícticas y su cruce F_1 la variación fenotípica en el tiempo a floración y su relación con el rendimiento de grano por planta y algunos componentes del rendimiento, y 2) Comparar el potencial productivo de dos poblaciones que contrastan en el periodo de floración. Las evaluaciones se realizaron en el campo experimental de la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc, en Ayala, Morelos; en los ciclos agrícolas primavera-verano 2018 y otoño-invierno 2018-2019. Se midieron las variables de floración, rendimiento y sus componentes. Se encontraron diferencias ($P \leq 0.01$) entre cruces y entre progenitores en nueve de diez variables morfológicas medidas, lo que indica la variación entre las poblaciones, la importancia de su interacción y la diferencia entre los efectos directos y recíprocos en cruces. Por tanto, se concluye que en una cruce (directa) entre dos poblaciones panmícticas de maíz, esta tiende a heredar las características morfológicas del progenitor femenino, y que existe suficiente variabilidad genética en ambas cruces generadas, la cual puede ser explotada a través de selección en programas de mejoramiento genético de esta especie.

Palabras clave: precocidad, familia F_1 , correlación de caracteres.

2.2. Abstract

The flowering period is one of the most complex traits in the maize crop, as it controls the adaptation of plants to their local environment. The objectives of this research were to: 1) Study in two panmictic populations and their F₁ crosses the phenotypic variation in the flowering time and their relationship to grain yield per plant and some components of yield, and 2) Compare the productive potential of two populations contrasting in the flowering period. The evaluations were carried out in the experimental station of the Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc, in Ayala, Morelos; in the spring-summer 2018 and autumn-winter 2018-2019 agricultural seasons. Flowering, yield and component variables were measured. Differences ($P \leq 0.01$) were found between crosses and between parents in nine out of ten measured morphological variables, indicating the variation between populations, the importance of their interaction, and the difference between direct and reciprocal effects on crosses. It is therefore concluded that in a (direct) cross between two panmictic maize populations, maize tends to inherit the morphological characteristics of the female progenitor, and that there is sufficient genetic variability in both generated crosses, which can be exploited through selection in genetic improvement programs of this species.

Key words: precocity, F₁ family, character correlation.

2.3. INTRODUCCIÓN

El maíz es uno de los cultivos de mayor producción a nivel mundial, actualmente se cultiva en al menos 164 países (O'Leary, 2016), debido a su amplia adaptabilidad a una gran diversidad de ambientes, que van desde los trópicos hasta las tierras altas andinas (Buckler *et al.*, 2009). Los usos del maíz son múltiples y variados, por lo que es el único cereal que puede ser usado como alimento en distintas etapas del desarrollo de la planta. México se ubica en el séptimo lugar como productor de maíz en el mundo (USDA, 2017), anualmente se producen 21.2 millones de toneladas, en una superficie de 7.1 millones de hectáreas. El 70.9 % de la producción se realiza en el ciclo agrícola primavera-verano (temporal) donde se obtiene una media de rendimiento de 2.3 t ha⁻¹, el cual contrasta con el rendimiento bajo régimen de irrigación que es de 9.9 t ha⁻¹ es superior al correspondiente en temporal (SIAP, 2019).

En la actualidad, los programas de mejoramiento genético de maíz requieren generar nuevo germoplasma con alto potencial de rendimiento, buen comportamiento agronómico y resistente y/o tolerante a factores abióticos; una alternativa es utilizar líneas endogámicas de diferente origen genético, para maximizar la respuesta heterótica y formar patrones heteróticos sobresalientes que simplifiquen la formación tanto de híbridos como de variedades de polinización libre (Balderrama *et al.*, 2016).

La siembra de maíz híbrido predomina en los países desarrollados, en tanto que las variedades de polinización libre se cultivan mayormente en los países en desarrollo (Sámano *et al.*, 2009). Cuando se utilizan variedades de polinización libre, la integración y distribución de semilla de este tipo de germoplasma, puede hacerse de manera más rápida, debido al fácil intercambio de semillas entre agricultores. Con base en el bajo rendimiento de grano que presentan algunas variedades nativas de maíz, aún no ha sido aprovechada al máximo la diversidad presente en este tipo de germoplasma, lo que hace necesario recurrir a la introducción y adaptación paulatina

de germoplasma exótico para formar nuevas variedades mejoradas y ampliar la base genética en una zona determinada (Gómez *et al.*, 2015).

Por otro lado, el éxito en la reproducción de las plantas depende básicamente de la floración sincronizada entre los individuos que constituyen una población, y este proceso está bajo control genético y ambiental (Blazquez, 2000). El periodo de floración es una característica compleja, por lo que siempre es considerado como un rasgo muy importante en los programas de fitomejoramiento, ya que el tiempo de la cosecha está altamente correlacionado con los días a floración y con el rendimiento agronómico, adicionalmente del periodo de floración depende la rotación de cultivos y el escape de daños causados por factores ambientales, además de tener un fuerte impacto en la adaptación de las plantas a su entorno local (Alter *et al.*, 2016; Buckler *et al.*, 2009).

La arquitectura genética del maíz para el tiempo de floración ha evolucionado a medida que sus parientes silvestres se adaptaron a distintas condiciones ecológicas (Buckler *et al.* 2009; Matsubara *et al.*, 2008). La aclimatación de las plantas a estas condiciones le permite integrar diversas señales ambientales y endógenas que controlan el momento óptimo para la transición de la fase vegetativa a la reproductiva (Bouchet *et al.*, 2013; Salvi *et al.*, 2007). La predicción de ocurrencia del periodo de floración es muy importante en la toma de decisiones para aplicar las prácticas agronómicas en los cultivos (Dong *et al.*, 2012). Es trascendental reconocer que en etapas fenológicas cerca de la floración (± 15 días alrededor de floración femenina), se incrementa la sensibilidad de respuesta en las estructuras reproductivas, por lo que el manejo agronómico se debe enfocar en el óptimo estado fisiológico durante ese periodo crítico (Vega, 2011).

Existe poca información sobre la base molecular de los loci que determinan el periodo de floración (Salvi *et al.*, 2007). Sin embargo, después de la secuenciación del genoma del maíz la investigación ha avanzado significativamente en los últimos años (Dong *et al.*, 2012). En un estudio reciente, considerado como el más extenso

en términos de diversidad, realizado sobre la floración del maíz y en el que se utilizó la metodología de Mapeo por Asociación F-One (FOAM) se identificaron 1005 genes que controlan los días a floración (Romero *et al.*, 2017). La heredabilidad de esta característica depende de la variación genética y epigenética total, así como de la susceptibilidad del rasgo a las fluctuaciones ambientales (Durand *et al.*, 2015). Gaytán y Mayek (2010) reportaron que los días a floración masculina y femenina se reducen con la hibridación, lo cual se puede aprovechar para la formación de híbridos precoces.

La aleatoriedad con la que se presentan los eventos climáticos desfavorables al cultivo, aunado al déficit nacional en producción de grano de maíz, hacen necesario el desarrollo de germoplasma precoz; por un lado para reducir los riesgos que conlleva el tener más tiempo el cultivo en campo, puesto que los maíces precoces generalmente alcanzan a evadir los periodos de deficiencias de agua, que se manifiestan cuando hay baja precipitación pluvial (Otaola y Rodríguez, 2001); y por otro, se tiene la posibilidad de sembrar maíz tres veces al año, lo que incrementa la producción del cultivo. Los antecedentes expuestos, respaldan el uso de variedades de ciclo corto como una opción para atender la demanda de grano en el país, al mismo tiempo reducir las dificultades por las condiciones climáticas limitantes, diversificar los sistemas de producción, con la posibilidad de cosechar maíz temprano y poder disponer de la superficie para la siembra de otro cultivo en el mismo ciclo agrícola. Por lo que los objetivos de la investigación fueron: 1) Estudiar la variación fenotípica en el tiempo a floración y su relación con el rendimiento de grano por planta y algunos componentes del rendimiento, en dos poblaciones panmícticas y su cruce F_1 , y 2) Comparar el potencial productivo de dos poblaciones contrastantes en el periodo de floración.

2.4. MATERIALES Y MÉTODOS

2.4.1. Germoplasma de estudio

El germoplasma base del estudio lo constituyeron dos poblaciones de maíz contrastantes en el periodo de floración, y sus cruza directa y recíproca. Una población denominada C-Ix-R (CI), es una accesión de maíz nativo colectada en el estado de Morelos, presenta floración precoz (54 días a floración masculina), es de grano rojo y con un potencial de rendimiento experimental de 4.5 t ha⁻¹; en tanto que la segunda, es una variedad mejorada experimental UAEM-BD1 (UM), la que presenta una floración intermedia (67 días a floración masculina), es de grano blanco y con potencial de rendimiento de 6.9 t ha⁻¹. Ambas poblaciones provenientes del programa de mejoramiento genético de la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc.

2.4.2. Formación de poblaciones F₁ (cruza directa y recíproca)

En el ciclo agrícola primavera-verano 2018, se realizaron los cruzamientos entre las dos poblaciones, en donde la población UM se cruzó en forma directa y recíproca con la población CI. Para lo cual se establecieron en campo cuatro surcos de 5 m de largo de la población UM y de forma contigua se establecieron de igual forma cuatro surcos con la población CI. Primero se sembró la población UM y 10 días después la población CI. Cuatro días antes de la emergencia de estigmas, se cubrieron jilotes en al menos 40 plantas de cada población, para evitar la polinización libre. Cuando el 50 % de ambas poblaciones estaban en floración se realizaron los cruzamientos, para lo cual se utilizó mezcla de polen de al menos 10 plantas. En el momento de la cosecha, se obtuvo semilla de cada cruza de al menos 12 plantas, formando una mezcla con igual número de semillas (300) por planta.

2.4.3. Evaluación fenotípica de las poblaciones progenitoras y cruza F_1

En el ciclo agrícola primavera-verano 2018, se establecieron en campo las poblaciones progenitoras UM y CI. Para tal fin se usaron lotes contiguos constituidos por 20 surcos de 20 m de largo, distanciados a 0.8 m y entre plantas a 0.25 m. Cuando las plantas se encontraron en la etapa V5 (Ritchie *et al.*, 1992) se marcaron 500 plantas elegidas al azar en cada población. Para finalmente registrar datos fenotípicos en 332 plantas en la población UM y 422 plantas en la CI. En el ciclo agrícola otoño-invierno de 2018/2019, se realizó una segunda evaluación fenotípica de los progenitores y se incluyó la cruce directa F_1 , con tamaños de muestra de 489 plantas de UM, 366 de CI y 481 de la población F_1 . Adicionalmente, en éste mismo ciclo agrícola se estableció una evaluación de campo de las poblaciones UM, CI, UM x CI, CI x UM, H-515 y Costeño Mejorado, las últimas dos como testigo regionales. Se usó el diseño de bloques completos al azar (DBCA) con cinco repeticiones, con unidades experimentales de cuatro surcos de 5 m de largo, distanciados a 0.8 m y con una distancia entre plantas de 0.25 m, y una densidad poblacional de 50 000 plantas por hectárea. Como parcela útil se tomaron los dos surcos centrales para la medición de variables de respuesta. Los experimentos se establecieron en el campo experimental de la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc, de la Universidad Autónoma del Estado de Morelos, en el municipio de Ayala, Morelos; a una altitud de 1220 msnm. El clima es cálido subhúmedo, con precipitación y temperatura anual promedio de 800 mm y 24°C respectivamente, suelo tipo vertisol (INEGI, 2017; Inafed, 2018). El manejo agronómico del cultivo se realizó de acuerdo a la guía técnica (INIFAP, 2017), la dosis de fertilización en el ciclo P-V 2018 fue 120-70-60 (N-P-K), mientras que la utilizada en O-I 2018/2019 fue 160-70-60. Ambas se aplicaron en dos momentos: el primero en la siembra, incorporando la mitad de nitrógeno y el resto de los elementos; la segunda aplicación se realizó en la etapa fenológica V6 del cultivo, en la cual se proporcionó el resto del nitrógeno a las plantas.

2.4.4. Variables de respuesta

En todas las evaluaciones fenotípicas se registraron datos de días a floración masculina (FM-d) y femenina (FF-d), sincronía floral (SF-d), altura de planta (AP-cm) y mazorca (AM-cm), diámetro (DM-cm) y largo de mazorca (LM-cm), hileras por mazorca (HM-No.), granos por mazorca (GM-No.) y rendimiento de grano por planta (RGp-g).

2.4.5. Análisis estadístico

El análisis fenotípico de las poblaciones progenitoras y F_1 , se realizó mediante estimaciones de medidas de tendencia central y de dispersión. La comparación entre las poblaciones UM y CI se hizo mediante una prueba de medias a través de una prueba t-student; cuando se compararon las poblaciones UM, CI y la F_1 , se efectuó análisis de varianza de una vía. En tanto que, para el experimento que evaluó a las seis poblaciones (UM, CI, UM x CI, CI x UM, H-515 y Costeño Mejorado) se usó un análisis de varianza bajo el diseño experimental BCA, con una comparación de medias utilizando el procedimiento de Diferencia Mínima Significativa al 0.05 de probabilidad. Finalmente, se realizó un análisis de correlación fenotípica entre las variables medidas. Los análisis de datos se realizaron con el software Statistical Analysis System (SAS).

2.5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados del análisis fenotípico dentro y entre las poblaciones UM, CI y UM x CI (Cuadro 2.1), mostraron que en general existe un mayor grado de variación fenotípica dentro de la población CI (accesión nativa precoz) que en la población UM (variedad experimental). Los valores de los coeficientes de variación en el ciclo de primavera-verano 2018 para la población CI, presentaron valores desde 7.2 % en floración femenina (FF) hasta 34.4 % en rendimiento de grano por planta (RGp); en tanto que para la población UM, el valor mínimo fue de 4.5 % para floración masculina hasta 33.0 % para rendimiento de grano, tal como lo reportan Guillén *et al.* (2014) quienes dicen que los coeficientes de variación son altos para el germoplasma nativo. En lo que respecta al comportamiento del mismo parámetro en el ciclo otoño-invierno 2018/2019, se observó un comportamiento similar de los coeficientes de variación, donde resultó la población CI con mayor variación fenotípica, valores que fluctuaron desde 6.1 % en floración femenina hasta 43.2 % en rendimiento de grano por planta, mientras que en la población UM la expresión fue desde 5.3 % para floración masculina, hasta 31.5 % para el rendimiento de grano por planta; el comportamiento de la crucea F_1 (UM x CI) mostró valores desde 7.7 % para la floración masculina y femenina, hasta 42.1 % para el rendimiento de grano por planta. Estas variables son de tipo cuantitativo, lo que quiere decir que están controladas por muchos genes que están altamente influenciadas por el ambiente (Pardey *et al.*, 2016). Los resultados del análisis del grado de variación entre y dentro de las poblaciones progenitoras (UM y CI), están de acuerdo a resultados esperados, debido a que la población CI, al ser una población nativa y al no haber estado sujeta a un procedimiento de mejoramiento sistemático mostró un mayor grado de variación fenotípica, lo que fue demostrado por los valores de los coeficientes de variación, sin embargo aún cuando la población progenitora UM, es una variedad mejorada experimental, al ser una variedad de polinización libre, aún conserva un alto grado relativo de variación fenotípica. Lo cual confirma que las poblaciones utilizadas son contrastantes en la expresión de características de importancia agronómica, y por el alto grado de variación fenotípica encontrada, hace que ambas poblaciones y/o su

crucía F_1 , puedan utilizarse para desarrollar programas de mejoramiento genético de maíz mediante esquemas de selección recurrente convencional (Badu *et al.*, 2019; Preciado *et al.*, 2002). En cuanto al alto valor del coeficiente de variación del rendimiento de grano en todas las poblaciones evaluadas, indica que dicho rasgo está bajo control de un gran sistema poligénico (Bruce *et al.*, 2001).

Cuadro 2.1. Promedios y coeficientes de variación de las variables medidas en dos poblaciones panmíticas de maíz y su crucía F_1 evaluadas en Morelos en primavera-verano 2018 y otoño-invierno 2018/2019.

Variable	Ciclo PV 2018			Ciclo OI 2018/2019			F_{cal}
	UM	CI	t_{cal}	UM	CI	(UM x CI)	
	332 ^f	422 ^f		485 ^f	366 ^f	474 ^f	
FM (d)	59.2	55.2	15.5**	73.7	59.9	73.1	1110.0**
CV _{FM}	4.5	7.7		5.3	7.2	7.7	
FF (d)	62.0	58.5	11.2**	74.6	62.5	74.5	861.3**
CV _{FF}	6.7	7.2		5.7	6.1	7.7	
SF (d)	2.8	3.3	2.9**	0.9	2.7	1.4	52.1**
CV _{SF}	92.4	62.4		253.7	83.6	158.7	
AP (cm)	293.5	267.3	12.4**	203.6	157.9	188.4	457.9**
CV _{AP}	8.4	12.4		10.9	14.1	11.4	
AM (cm)	146.6	133.9	7.8**	68.8	49.5	57.2	199.0**
CV _{AM}	14.9	16.8		23.8	24.7	23.7	
DM (cm)	4.5	4.7	4.8**	4.6	4.3	4.5	53.4**
CV _{DM}	9.6	12.0		8.4	13.6	9.7	
LM (cm)	14.0	12.1	10.0**	14.6	11.6	14.4	165.7**
CV _{LM}	20.7	16.7		17.5	19.7	19.5	
HM (No.)	12.7	12.7	0.2NS	14.2	11.3	12.0	30.8**
CV _{HM}	14.1	15.0		12.2	16.2	14.9	

GM (No.)	364.0	319.1	6.1**	400.4	264.3	380.1	164.6**
CV _{GM}	29.0	28.7		26.1	45.9	31.2	
RGp (g)	110.7	98.1	4.9**	155.9	79.9	125.8	272.5**
CV _{RGp}	33.0	34.4		31.5	43.2	42.1	

¶ = Tamaño de muestra, NS= No significativo; * = significativo para $P \leq 0.05$; ** = significativo para $P \leq 0.01$; CV = coeficiente de variación, expresado en valor en porcentaje.

En lo que respecta a la expresión promedio de las variables medidas en las poblaciones en estudio (Cuadro 2.1), se observaron diferencias altamente significativas entre los promedios de las poblaciones UM, CI y la F_1 UM x CI; las máximas diferencias se observaron en el ciclo otoño-invierno 2018/2019, en la variable de floración masculina (FM), la población CI (59.9 d) fue 13.8 días más precoz que UM (73.7 d), y el comportamiento de la población F_1 UM x CI (73.1 d) tuvo una floración masculina similar a su progenitor femenino (UM). La respuesta observada en la altura de planta (AP), la población UM (203.6 cm) fue 45.7 cm más alta que la CI (157.9 cm), en tanto que la población F_1 UM x CI (188.4 cm) resultó con una altura de planta de aproximadamente el promedio entre ambos progenitores. En lo que respecta al rendimiento de grano por planta; la población UM (155.9 g) superó en 48.7 % el rendimiento de la población CI (79.9 g), mientras que la población F_1 UM x CI (125.8 g) mostró un rendimiento ligeramente superior al promedio de ambos progenitores (117.9 g). Los resultados obtenidos del análisis de medias entre las poblaciones progenitores y cruce F_1 concuerdan con el hecho de que las variedades mejoradas presentan un mejor comportamiento agronómico que las poblaciones nativas de maíz, como lo reportó González *et al.* (2008) quienes encontraron que los materiales mejorados, híbridos en su caso, superan a los criollos en componentes vegetativos y reproductivos asociados con rendimiento; sin embargo la poblaciones nativas son un reservorio de alelos no presentes en variedades mejoradas. Por lo que, una estrategia lógica es aprovechar las características de ambas poblaciones, para mejorar características específicas de interés económico para productores de maíz, y considerar que dichas características son del tipo cuantitativo que están

controladas por un gran número de genes y algunas muestran alta heredabilidad (Sadin y Cruz, 2016), lo que favorece el mejoramiento del maíz.

Los resultados de la evaluación agronomica en condiciones de campo de las poblaciones progenitoras (UM y CI), su cruce directa (UM x CI) y recíproca (CI y UM), así como dos variedades mejoradas comerciales (Costeño Mejorado y H-515) como testigos; se presentan en el Cuadro 2.2; donde se observa que las diez variables de respuesta mostraron diferencias altamente significativas para la fuente de variación entre poblaciones, (Guerrero *et al.*, 2014).

En cuanto a la fuente de variación de repeticiones, solo cuatro de 10 variables mostraron diferencias estadísticas. Respecto a los valores de los coeficientes de variación, éste parámetro resultó con valores aceptables, fluctuaron desde 2.30 a 13.57 %, que corresponden a sincronía floral (SF) y a rendimiento de grano (RG), respectivamente. Las altas significancias observadas entre poblaciones, tienen origen probablemente en la naturaleza de las poblaciones progenitoras CI y UM, debido a que la CI es una accesión nativa de amplia base genética, en tanto que la población UM, es una variedad mejorada experimental de polinización libre y conserva aún parte de la variación de la variedad nativa de la cual se originó; por otro lado, en las cruces tanto directas como recíprocas entre dichas poblaciones se espera un mayor grado de variación genética y fenotípica; además de que el germoplasma de polinización abierta contribuye a una mayor adaptabilidad geográfica (Forrest, 2006).

Cuadro 2.2. Cuadrados medios de las variables medidas en seis poblaciones de maíz, evaluadas en otoño-invierno 2018/2019.

Variable	Población	Repeticiones	Error	CV (%)
FM (d)	266.13**	5.53NS	3.18	2.58
FF (d)	278.13**	7.53NS	3.68	2.71
SF (trans)	0.01*	0.01NS	0.00	2.30
AP (cm)	3028.78**	4337.78**	86.60	4.68
AM (cm)	1324.35**	1594.39**	59.10	10.71
DM (cm)	0.58**	0.47NS	0.06	5.23
LM (cm)	34.74**	10.51*	0.89	6.32
HM (No.)	1.47*	1.28NS	1.37	9.27
GM (No.)	0.01**	0.02*	0.01	3.59
RG (t.ha ⁻¹)	8.07**	6.27NS	0.90	13.57

NS= No significativo; * = significativo para $P \leq 0.05$; ** = significativo para $P \leq 0.01$.

Los promedios de las variables medidas en la evaluación que comparó las poblaciones UM, CI, poblaciones F₁'s y variedades testigos (Cuadro 2.3), indicaron que en la variable de floración masculina (FM), el progenitor CI fue 13.6 días más precoz que el progenitor UM, la F₁ donde el progenitor UM se usó como hembra, dicha población tendió a mostrar una floración masculina similar a la de UM (72.6 días); en tanto que cuando el progenitor precoz CI (59.0 días) se utilizó como hembra, los días a floración de la F₁ fue similar (60.8 días) a CI, como la heterosis reportada por Dickert y Tracy (2002) para el tiempo de floración. En la altura de planta, el progenitor UM superó con 36.2 cm a la altura del progenitor CI. Donde UM fue el progenitor femenino, la F₁ mostró heterosis panmíctica positiva y tuvo una altura de planta de 215 cm. En referencia al rendimiento de grano (RG), el progenitor UM (7.8 t ha⁻¹) resultó con 30.8 % más rendimiento que el progenitor CI (5.4 t ha⁻¹), y donde UM fue la hembra de la cruce, la F₁ mostró alto rendimiento (7.1 t ha⁻¹), mientras que cuando CI fue progenitor femenino, su F₁ tuvo un rendimiento de grano

de 5.5 t ha⁻¹; una interacción similar fue reportada por Esquivel *et al.*, (2011) al evaluar cruzas con sus poblaciones progenitoras.

La respuesta obtenida en las características críticas como son la floración masculina, altura de planta y rendimiento de grano, presentaron resultados de acuerdo a lo esperado; el progenitor UM al ser una variedad mejorada experimental, superó al progenitor CI en las tres características, también éste experimento confirmó lo contrastante en floración entre los progenitores, precoz en CI e intermedio-tardía en UM. Así mismo, resultó que la F₁ donde el progenitor hembra fue UM, el comportamiento agronómico fue similar a UM; de forma contrapuesta cuando el progenitor hembra fue CI, el comportamiento agronómico de la F₁ tendió a ser similar a dicho progenitor. Sin embargo, no en todas las variables se da el comportamiento esperado, lo que se atribuye al efecto del ambiente de crecimiento sobre los sistemas poligénicos que controlan las características cuantitativas (Durand *et al.*, 2015). Por otro lado, el periodo de floración es genéticamente estable pero altamente variable, depende de los antecedentes genéticos del germoplasma, antecedentes que empezaron a cambiar desde y durante la domesticación y posteriormente la selección, procesos que han permitido generar numerosas líneas endogámicas con adaptaciones a diversos ambientes (Alter *et al.*, 2016).

Cuadro 2.3. Promedios de las variables medidas en seis poblaciones de maíz, evaluadas en otoño-invierno 2018/2019.

Variable	CI	COSTEÑO	UM x CI	UM	CI x UM	H-515	DMS_(0.05)
FM (d)	59.0	75.4	70.2	72.6	60.8	75.6	2.4
FF (d)	60.2	79.2	72.0	73.8	63.2	76.0	2.5
SF (trans)	1.2	3.8	1.8	1.2	2.4	0.4	0.1
AP (cm)	169.8	235.2	215.0	206.0	177.6	188.8	12.3
AM (cm)	57.9	98.3	81.9	74.3	58.8	59.5	10.1
DM (cm)	4.3	5.2	4.7	4.8	4.5	5.0	0.3

LM (cm)	11.7	17.0	15.5	16.6	11.6	17.4	1.3
HM (No)	12.5	12.7	12.1	12.8	12.1	13.6	1.6
PL (No)	1.1	1.0	1.0	1.0	1.1	1.0	0.1
RG (t.ha ⁻¹)	5.4	7.9	7.1	7.8	5.5	8.3	1.3

NS= No significativo; * = significativo para $P \leq 0.05$; ** = significativo para $P \leq 0.01$.

El análisis de correlación fenotípica entre variables realizado en las poblaciones progenitoras UM y CI (Cuadro 2.4) determinó que en general, los coeficientes de correlación fueron relativamente bajos entre muchos caracteres. En lo que respecta a la correlación entre el rendimiento de grano y la floración masculina en ambas poblaciones fue significativa ($P < 0.1$), de igual manera para la floración femenina, pero con un coeficiente de correlación mayor, -0.26^{**} para UM y -0.25^{**} para CI.

En cuanto a las correlaciones entre el rendimiento y sus componentes en el progenitor UM, la menor correlación la expuso hileras por mazorca (HM) con 0.33^{**} y la mayor correlación fue de granos por mazorca (GM) con un valor de 0.72^{**} , mientras que las correlaciones entre rendimiento de grano y los mismos componentes del rendimiento en el progenitor CI, la más baja correlación correspondió también para hileras por mazorca (HM) 0.33^{**} y la más alta para diámetro de mazorca 0.75^{**} , en relación con la sincronía floral, el progenitor UM mostró una correlación negativa (-0.26^{**}) lo que indica que mientras más corto es el intervalo en días entre floración masculina y femenina, mayor rendimiento de grano (Badu *et al.*, 2012).

Cuadro 2.4. Correlación entre las variables medidas en las poblaciones progenitoras UM (valores superiores de la diagonal) y CI (valores inferiores de la diagonal), evaluadas en otoño-invierno 2018/2019.

Var.	FM	FF	SF	AP	AM	DM	LM	HM	GM	RG
FM		0.85**	-0.13**	0.07NS	0.09*	-0.25**	-0.03NS	-0.05NS	-0.07NS	-0.13**
FF	0.85**		0.42**	0.01NS	-0.03NS	-0.30**	-0.13**	-0.07NS	-0.17**	-0.26**
SF	-0.48**	0.05NS		-0.11*	-0.21**	-0.13**	-0.19**	-0.04NS	-0.20**	-0.26**
AP	-0.06NS	-0.11*	-0.07NS		0.63**	0.28**	0.33**	0.03NS	0.19**	0.37**
AM	-0.10NS	-0.21**	-0.16**	0.66**		0.15**	0.30**	0.07NS	0.24**	0.33**
DM	-0.18**	-0.23**	-0.05NS	0.40**	0.38**		0.23**	0.48**	0.49**	0.66**
LM	-0.27**	-0.35**	-0.07NS	0.51**	0.52**	0.55**		0.02NS	0.56**	0.66**
HM	-0.18**	-0.24**	-0.06NS	0.23**	0.28**	0.43**	0.25**		0.60**	0.33**
GM	-0.09NS	-0.17**	-0.10*	0.32**	0.33**	0.41**	0.45**	0.48**		0.72**
RG	-0.18**	-0.25**	-0.08NS	0.53**	0.52**	0.75**	0.62**	0.33**	0.51**	

NS= No significativo; * = significativo para $P \leq 0.05$; ** = significativo para $P \leq 0.01$.

El comportamiento de la correlación entre características en la población F1 (UM x CI), se presenta en el Cuadro 2.5; donde resalta un incremento en la correlación entre la floración masculina y femenina (0.92**), existió una correlación aunque baja pero altamente significativa entre el rendimiento de grano y floración masculina (0.19**) y con la sincronía floral (- 0.30**); y entre el rendimiento de grano y sus componentes, los valores variaron de entre 0.27** a 0.72**, correspondiendo para hileras por mazorca y longitud de mazorca, respectivamente.

Los resultados obtenidos en el análisis de correlación de caracteres componente del rendimiento y el rendimiento de grano, son similares a los reportados en otras investigaciones con diferente tipo de germoplasma de maíz (Borroel *et al.*, 2018; Rivas *et al.*, 2018), lo que es lógico debido a que son componentes que determinan el rendimiento. Las correlaciones con componentes de rendimiento, son útiles para

realizar selección indirecta para rendimiento de grano, sobre todo si las correlaciones son positivas y altamente significativas como fueron en ésta investigación, aunque en algunos casos fueron correlaciones intermedias.

Cuadro 2.5. Correlación entre las variables medidas en la cruz F₁, evaluada en otoño-invierno 2018/2019.

	FM	FF	SF	AP	AM	DM	LM	HM	GM	RG
FM		0.92**	-0.15**	0.34**	0.07NS	0.01NS	0.19**	0.04NS	0.16**	0.19**
FF			0.24**	0.26**	-0.01NS	-0.09NS	0.06NS	-0.004NS	0.04NS	0.07NS
SF				-0.18**	-0.22**	-0.26**	-0.32**	-0.12**	-0.32**	-0.30**
AP					0.62**	0.31**	0.50**	0.17**	0.43**	0.43**
AM						0.24**	0.34**	0.15**	0.32**	0.32**
DM							0.38**	0.44**	0.48**	0.62**
LM								0.14**	0.70**	0.72**
HM									0.53**	0.27**
GM										0.67**

NS= No significativo; * = significativo para $P \leq 0.05$; ** = significativo para $P \leq 0.01$.

2.6. CONCLUSIONES

Con base en lo objetivos de la investigación, se puede concluir que existe amplia variabilidad genética y fenotípica en las poblaciones progenitoras, lo mismo que en las cruzas F_1 evaluadas. Se confirmó que las poblaciones progenitoras difieren y contrastan en el periodo a floración, siendo la diferencia de casi 14 días, la cual puede ser explotada por medio de selección para precocidad en la generación F_1 . Las correlaciones de los componentes de rendimiento y el rendimiento, fueron mayormente intermedias, las que pueden usarse como características a tomarse en cuenta en un índice de selección para selección indirecta del rendimiento de grano. En lo que respecta al rendimiento de grano, existe una diferencia altamente significativa; sin embargo, con 7.8 t ha^{-1} para UM (variedad mejorada experimental) y 5.4 t ha^{-1} en CI (accesión nativa), ambos progenitores mostraron ser agrónomicamente competitivos en el ciclo agrícola de otoño-invierno.

2.7. LITERATURA CITADA

- Alter P., Bircheneder S., Zhou L., Schlüter U., Gahrtz M., Sonnewald U. y Dresselhaus T. 2016. **Flowering Time-Regulated Genes in Maize Include the Transcription Factor ZmMADS1**. *Plant Physiology*. 172(1): 389-404.
- Badu A. B., Akinwale R. O., Fakorede M. A., Oyekunle M. and Franco J. 2012. **Relative Changes in Genetic Variability and Correlations in an Early-Maturing Maize Population During Recurrent Selection**. *Theor Appl Genet*. 125(6): 1289-1301. Doi: 10.1007/s00122-012-1913-8.
- Badu A. B., Talabi A.O., Fakorede M. A. B., Fasanmade Y., Gedil M., Magorokosho C. and Asiedu R. 2019. **Yield Gains and Associated Changes in an Early Yellow Bi-Parental Maize Population Following Genomic Selection for Striga Resistance and Drought Tolerance**. *BMC Plant Biol*. 19(1): 129. Doi: 10.1186/s12870-019-1740-z.
- Balderrama C. S., Ron P. J., Sánchez G. J.J., Rodríguez G. E. y Adolfo U. S. 2016. **Formación de un Patrón Heterótico con Líneas Templadas y Tropicales de Maíz**. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*. 7(3): 521-530. ISSN 2007-0934.
- Blazquez M. A. 2010. **Bases Moleculares de la Floración**. *Ciencia al Día Internacional* © Diciembre 2000. 3(3). ISSN 0717-3849.
- Borroel G. V.J., Salas P. L., Ramírez A. M.G., López M. J.D. y Luna A. J. 2018. **Rendimiento y Componentes de Producción de Híbridos de Maíz en la Comarca Lagunera**. *Terra Latinoamericana* 36(4): 423-429. Doi: <https://doi.org/10.28940/terra.v36i4.281>.

Bouchet S., Servin B., Bertin P., Madur D., Combes V., Dumes F., Brunel D., Laborde J., Charcosset N. and Nicolas S. 2013. **Adaptation of Maize to Temperate Climates: Mid-Density Genome-Wide Association Genetics and Diversity Patterns Reveal Key Genomic Regions, with a Major Contribution of the Vgt2 (ZCN8) Locus.** Plos One 8(8): 1-17.

Bruce W.B., Edmeades G.O. and Barker T.C. 2001. **Molecular and physiological approaches to maize improvement for drought tolerance.** Journal of Experimental Botany, 53(366): 13-25.

Buckler S. E., Holland B. J., Bradbury J.P., Acharya B. C., Brown J. P., Browne C., Ersoz E., Flint G. S., Garcia A., Glaubitz C., Goodman M. M., Harjes C., Guill K., Kroon D. E., Larsson S., Lepak K. N., Li H., Mitchell E. S., Pressoir G., Peiffer A. P., Oropeza R. M., Rocheford R. T., Cinta R. M., Romero S., Salvo S., Sanchez V. H., da Silva H. S., Sun Q., Tian F., Upadyayula N., Ware D., Yates H., Yu J., Zhang Z., Kresovich S. and McMullen M. D. 2009. **The Genetic Architecture of Maize Flowering Time.** Science AAAS 325(1): 714-718. Doi: 10.1126/science.1174276.

Dickert T. E. and Tracy W.F. 2002. **Heterosis for Flowering Time and Agronomic Traits among Early Open-pollinated Sweet Corn Cultivars.** Journal of the American Society for Horticultural Science. 127(5): 793–797. <https://doi.org/10.21273/JASHS.127.5.793>.

Dong Z., Danilevskaya O., Abadie T., Messina C., Coles N. y Cooper M. 2012. **A Gene Regulatory Network Model for Floral Transition of the Shoot Apex in Maize and Its Dynamic Modeling.** Plos One 7(8): 1-11.

Durand E., Tenailon M.I., Raffoux X., Thépot S., Falque M., Jamin P., Bourgeois A., Ressayre A. and Dillmann C. 2015. **Dearth of Polymorphism Associated with a Sustained Response to Selection for Flowering Time in Maize.** Bio

Medic Central Evolutionary Biology 15(103): 1-16. DOI10.1186/s12862-015-0382-5.

Esquivel E. G., Castillo G. F., Hernández C. J. M., Santacruz V. A., García D. G., Acosta G. J. A. y Ramírez H. A. 2011. **Heterosis en Maíz del Altiplano de México con Diferente Grado de Divergencia Genética**. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas. 2(3): 331-344.

Forrest T. A. 2006. **Adaptedness and Heterosis in Corn and Mule Hybrids**. Crop Science. 46(2): 528-543.

Gaytán B. R. y Mayek P. N. 2010. **Heterosis en Híbridos de Maíz Producidos de Cruzamientos entre Progenitores de Valles Altos por Tropicales**. Investigación y Ciencia. No. 48. Universidad Autónoma de Aguascalientes.

Gómez E. A.L., Molina G. J.D., García Z. J.J., Mendoza C. M.C. y De la Rosa L. A. 2015. **Poblaciones Exóticas Originales y Adaptadas de Maíz. I: Variedades Locales de Clima Templado x Variedades Tropicales**. Revista Fitotecnia Mexicana. 38(1): 57–66.

González H. A., Vázquez G. L. M., Sahagún C.J. y Rodríguez P. J. E. 2008. **Diversidad Fenotípica en Variedades e Híbridos de Maíz en el Valle de Toluca-Atlacomulco, México**. Revista Fitotecnia Mexicana. 31(1): 67-76.

Guerrero G. C., Gallegos R. M. A., Luna O. J. G., Orona C. I., Vázquez V. C., García C. M., Moreno R. A. and González T. A. 2014. **Combining Ability and Heterosis in Corn Breeding Lines to Forage and Grain**. American Journal of Plant Sciences. 5(6): 845-856. Doi:10.4236/ajps.2014.56098.

Guillén D. P., De la Cruz L. E., Rodríguez H. S. A., Castañón N. G, Gómez V. A. y Lozano D. A.J. 2014. **Diversidad Morfológica de Poblaciones de Maíces**

Nativos (*Zea Mays* L.) del Estado de Tabasco, México. Revista FCA UNCUYO. 46(2): 239-247.

Inafed. 2018. **Enciclopedias de los Municipios y Delegaciones de México. Estado de Morelos, Ayala.** Disponible en: <http://www.inafed.gob.mx/work/enciclopedia/EMM17morelos/municipios/17004a.html>. [Fecha de consulta: 4 de Febrero de 2018].

INEGI. 2017. **Anuario estadístico y Geográfico de Morelos 2017 / Instituto Nacional de Estadística y Geografía. México.** Instituto Nacional de Estadística y Geografía (México), INEGI.

INIFAP. 2017. **Agenda Tecnológica Agrícola Morelos.** Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Campo Experimental Zacatepec, INIFAP.

Matsubara K., Yamanouchi U., Wang Z.X., Minobe Y., Izawa T. and Yano M. 2008. **Ehd2, a Rice Ortholog of the Maize INDETERMINATE1 Gene, Promotes Flowering by Up-Regulating Ehd1.** Plant Physiology 148(1): 1425–1435.

O'Leary M. 2016. **Maíz: de México Para el Mundo.** Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo.

Otahola G. V. y Rodríguez Z. 2001. **Comportamiento Agronómico de Maíz (*Zea Mays* L.) Tipo Dulce Bajo Diferentes Densidades de Siembra en Condiciones de Sabana.** Revista UDO Agrícola 1(1): 18-24.

Pardey R. C., García D. M. A. y Moreno C. N. 2016. **Caracterización de Maíz Procedente del Departamento del Magdalena, Colombia.** Corpoica Cienc Tecnol Agropecuaria, Mosquera (Colombia). 17(2): 167-190. ISSN 0122-8706.

- Preciado O. R.E., Terrón I. A.D., Gómez M. N.O. y Robledo G. E.I. 2002. **Componentes Genéticos en Poblaciones Heteróticamente Contrastantes de Maíz de Origen Tropical y Subtropical.** *Agronomía Mesoamericana*, 16(2): 145-151.
- Ritchie, S. W.; J. J. Hanway; and G. O. Benson. 1992. **How a Corn Plant Develops.** Special Report No. 8. Iowa State University of Science and Technology. Cooperative Extension Service Ames, Iowa.
- Rivas J. M.A., Carballo C. A., Quero C. A.R., Hernández G. A., Rojas G. A.R. y Mendoza P. S.I. 2018. **Comportamiento de Componentes Agronómicos y su Productividad en Híbridos Trilineales de Maíz Forrajero (*Zea mays* L.).** *Agroproductividad*, 11(5): 93-99.
- Romero N. J.A., Willcox M., Burgueño J., Romay C., Swarts K., Trachsel S., Preciado E., Terron A., Vallejo D. H., Vidal V., Ortega A., Espinoza B. A., Gómez M. N.O., Ortiz M. I., San Vicente F., Guadarrama E. A., Atlin G., Wenzl P., Hearne S. and Buckler E.S. 2017. **A Study of Allelic Diversity Underlying Flowering-time Adaptation in Maize Landraces.** *Nature Genetics*. 49(1): 476–480. Doi:10.1038/ng.3784.
- Sadin C. J. y Cruz S. D.J. 2016. **Parámetros Fenotípicos y Genéticos de Caracteres de la Mazorca Asociados al Rendimiento del Cultivo de Maíz (*Zea Mays* L.) Cv NB-6, en Postrera, Managua 2014.** Tesis. Universidad Nacional Agraria.
- Salvi S., Sponza G., Morgante M., Tomes D., Niu X., Fengler K.A., Meeley R., Ananiev E.V., Svtashev S., Bruggemann E., Li B., Hainey C.F., Radovic S., Zaina G., Rafalski J.A., Tingey S.V., Miao G.H., Phillips R.L. and Tuberosa R. 2007. **Conserved Noncoding Genomic Sequences Associated with a**

Flowering-Time Quantitative Trait Locus in Maize. PNAS 104(27): 11376–11381.

Sámano G. D., Rincón S. F., Ruíz T. N.A., Espinoza V. J y De Leon C. H. 2009. **Efectos Genéticos en Cruzas Directas y Recíprocas Formadas a Partir de Líneas de Dos Grupos Germoplásmicos de Maíz.** Revista Fitotecnia Mexicana. 32(1): 62-74.

SIAP. 2019. **Avance de Siembras y Cosechas. Resumen Nacional por Cultivo.** Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. Disponible en: http://infosiap.siap.gob.mx:8080/agricola_siap_gobmx/AvanceNacionalSinPrograma.do. [Fecha de consulta: 12 de febrero de 2020].

USDA. 2017. **Foreign Agricultural Service.** Comodity intelligence report. United States Department of Agriculture.

Vega C. R. C. 2011. **Determinación del Rendimiento de Maíz Ante Modificaciones en el Manejo de la Densidad, Distancia Entre Surcos y Fecha de Siembra.** Análisis de Campañas 2007-2010 de Miembros de MAIZAR en el NOA. Buenos Aires (AR): MAIZAR. Asociación Maíz y Sorgo Argentino. 55 p. Disponible en: [http://www.maizar.org.ar/documentos/vega%20\(2011\).pdf](http://www.maizar.org.ar/documentos/vega%20(2011).pdf). [Fecha de consulta: 9 de diciembre de 2018].

CAPÍTULO III.

ANÁLISIS GENÉTICO DE FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE MAÍZ CONTRASTANTES EN EL PERIODO DE FLORACIÓN

3.1. Resumen

La selección recurrente es un método de selección eficiente para mejorar rasgos de interés en el cultivo de maíz, especialmente en poblaciones donde existe suficiente varianza aditiva. Los objetivos principales de la investigación fueron: 1) Cuantificar la expresión fenotípica de un grupo de familias de medios hermanos contrastantes por su periodo de floración, a través de diez variables cuantitativas y 2) Estimar los parámetros genéticos y correlaciones genéticas y fenotípicas de la población base de selección, por medio del grupo de las familias de medios hermanos. En la investigación se evaluaron 36 familias de medios hermanos (FMH) de maíz seleccionadas por el periodo a floración, los progenitores que formaron la población base y dos híbridos como testigos. El experimento se estableció en Ayala, Morelos, en el ciclo de primavera-verano 2019. El diseño experimental fue de bloques completos al azar, con cuatro repeticiones, se registraron diez variables cuantitativas y sus datos se analizaron mediante análisis de varianza y covarianza, prueba de $DMS_{(0.05)}$ y de correlación genética y fenotípica. Los resultados demostraron la presencia de alta variación genética y fenotípica entre las familias en todas las variables medidas. Del análisis de los componentes de varianza, heredabilidad y correlaciones genéticas y fenotípicas, se concluye que existen suficiente varianza aditiva y relativa alta heredabilidad en características secundarias como, altura de planta, granos por mazorca y floración femenina que, por el grado de correlación con el rendimiento de grano, se garantiza un avance genético por selección recurrente y selección indirecta para alto rendimiento y precocidad.

Palabras clave: *Zea mays*, parámetros genéticos, precocidad.

3.2. Abstract

Recurrent selection is an efficient selection method for improving traits of interest in the maize crop, especially in populations where there is sufficient additive variance. The main objectives of the research were to: 1) Quantify the phenotypic expression of a group of half sib families of contrasting by their flowering period, through ten quantitative variables, and 2) Estimate the genetic parameters and genetic and phenotypic correlations of the base selection population, through the group of half sib families. The research evaluated 36 half sib families of maize (FMH) selected for the flowering period, the parents who formed the base population and two hybrids as controls. The evaluation was conducted by establishing an experiment in Ayala, Morelos, in the spring-summer 2019 cycle. The experimental design was a randomized complete blocks, with four replications, ten quantitative variables were recorded and their data analyzed using variance and covariance analysis, DMS(0.05) test, and phenotypic genetic correlation. The results demonstrated the presence of high genetic and phenotypic variation among families in all measured variables. From the analysis of the components of variance, heritability and genetic and phenotypic correlations, it is concluded that there is sufficient additive variance and relative high heritability in secondary traits such as, plant height, grains per ear and female flowering that, by the degree of correlation with grain yield, a genetic advance is guaranteed by recurrent selection and indirect selection for high yield and precocity.

Key words: *Zea mays*, genetic parameters, precocity.

3.3. INTRODUCCIÓN

En México el cultivo de maíz es el más importante, ya que ocupa la mayor superficie sembrada y constituye el principal componente en la dieta alimenticia de la población mexicana (García *et al.*, 2002). Este cultivo continuamente ha permanecido bajo selección, al menos selección natural de las variedades locales; sin embargo, la mayor ganancia genética en cuanto a rendimiento ocurrió después del redescubrimiento de las leyes de herencia de Gregorio Mendel (Otegui y Slafer, 2000), lo cual fue la base para determinar la herencia de los rasgos cuantitativos y para desarrollar métodos de selección de plantas (Hallauer, 2007). El desarrollo y evaluación de progenies en la región de interés, la selección y recombinación de las mejores, hace que las poblaciones mejoradas lleguen a ser agrónomicamente superiores a las originales y a mantener suficiente variabilidad genética en los caracteres elegidos, lo que les permite seguir en uso a largo plazo (Coutiño *et al.*, 2008).

En los programas de mejoramiento genético de maíz, el periodo de floración es una característica considerada dentro de las más importantes. Uno de los métodos de mejoramiento convencional empleados para reducir el ciclo de la planta e intervalo de antesis a floración femenina es la selección recurrente, el cual se basa en la reproducción cíclica para aumentar el promedio de la población; involucra obtención, evaluación y recombinación de progenie seleccionada, a diferencia de otros métodos, aumenta el promedio de la población y mantiene la variación genética suficiente para obtener ganancia genética en ciclos posteriores de selección (Doná *et al.*, 2012; Durrishahwar, 2008). Este método también ha sido usado con éxito para otras características como reducción de las alturas de planta y de mazorca, el tamaño de espiga y para mejorar prolificidad, índice de cosecha, tolerancia a sequía, insectos y enfermedades (Coutiño *et al.*, 2008; Hallauer y Carena, 2012). En cualquier programa de selección recurrente, el progreso desde la selección está directamente relacionado con el cambio esperado en la frecuencia alélica y la magnitud de la varianza genética en la población reproductora por lo que la mejora

de la población a través de la metodología recurrente se centra principalmente en dos objetivos, la mejora de la media de rendimiento de la población a través de un aumento en la frecuencia de alelos favorables y, el mantenimiento de la variabilidad genética adecuada en la población mejorada para continuar la selección y mejora genética en generaciones posteriores (Noor *et al.*, 2013). Las poblaciones mejoradas bajo este esquema se han utilizado comercialmente como variedades de polinización libre e híbridos intervarietales, así como fuente de líneas endocrías (Ramírez *et al.*, 2000).

La selección familiar de medios hermanos es un tipo de selección recurrente que se utiliza para la mejora intrapoblacional (Sohail *et al.*, 2018; Ullah *et al.*, 2013), se basa en el comportamiento promedio de cada una de las familias, las cuales se comparan con el promedio de la población. La selección dentro de familias de medios hermanos se basa en el comportamiento individual de cada planta, la cual se compara con el promedio de la familia a que pertenece (Lagos *et al.*, 2015). Con el fin de evitar problemas los programas de mejoramiento, en su mayoría utilizan líneas y poblaciones desarrolladas por el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) y líneas formadas en los centros de investigación nacional (Ramírez *et al.*, 2000), puesto que la utilización de maíz nativo puede llegar a ser complicado ya que el germoplasma presenta características agronómicas indeseables. Sin embargo hay casos de éxito, los más relevantes se obtuvieron en Estados Unidos de América, donde se logró introgresar nuevos alelos a las líneas elite que diversificó el germoplasma, y además se incrementó el rendimiento de grano y se mejoraron algunos atributos de calidad del grano y forraje (Ramírez *et al.*, 2015).

La selección de nuevos genotipos se realiza mediante índices de selección, los cuales son técnicas multivariadas que coinciden con información sobre varios rasgos bajo selección con las propiedades genéticas de la población estudiada. Funcionan como un rasgo teórico adicional, resultante de la combinación de ciertos rasgos seleccionados (Cremonini *et al.*, 2016).

La floración tiene un papel muy importante en la aclimatación de las plantas a diferentes entornos geográficos (Bouchet *et al.*, 2013) y es una de las características que es altamente influenciada según el clima del lugar donde se cultive, en lugares cálidos y con mayor altura sobre el nivel del mar reducen sus días a floración y, a menor temperatura se prolonga la floración (Palafox *et al.*, 2016). Se ha hipotetizado que es un rasgo controlado por pocos genes, debido a que comúnmente se obtienen valores relativamente altos de la heredabilidad de ésta característica, lo que se determina con base en las medias de floración masculina o femenina (Romero *et al.*, 2017). Muchos autores coinciden en que la densidad poblacional es otro de los factores que influyen en la floración, a menor densidad poblacional, menor es la diferencia entre la floración masculina y la floración femenina (Otaola y Rodríguez, 2001).

El uso de variedades de ciclo corto representa una opción para atender la demanda de grano en el país, diversificar los sistemas de producción con la posibilidad de cosechar maíz temprano y poder disponer del lote para la siembra de otro cultivo en el mismo ciclo agrícola, al mismo tiempo reducir las dificultades por las condiciones limitantes del temporal, pues está documentado que las zonas productoras de maíz más importantes del país serán afectadas por sequía y altas temperaturas (Ramírez *et al.*, 2015). Por lo que, es necesario usar métodos de mejoramiento que optimicen la selección de genotipos que garanticen un significativo avance genético de la selección y desarrollen nuevas variedades en el menor tiempo posible. Los objetivos de la presente investigación fueron: 1) Cuantificar la expresión fenotípica de un grupo de familias de medios hermanos contrastantes por su periodo de floración, a través de diez variables cuantitativas y 2) Estimar los parámetros genéticos y correlaciones genéticas y fenotípicas de la población base de selección, por medio del grupo de las familias de medios hermanos.

3.4. MATERIALES Y MÉTODOS

3.4.1 Genotipos de estudio

El germoplasma de estudio estuvo constituido por un grupo de 36 familias de medios hermanos (FMH), derivadas de la población formada por el cruzamiento de la variedad experimental de maíz UAEM-BD1 (UM) y la población nativa C-Ix-R (CI), la variedad UM, la población CI y dos variedades mejoradas como testigo, H515 y VS-516 (Cuadro 3.1).

Cuadro 3.1. Germoplasma de estudio.

Id Familias	Criterio de Selección	Id Familias	Criterio de Selección	Id Familias/ Genotipos	Criterio
F-01	Precoz	F-22	Precoz	F-37	Tardía
F-03	Precoz	F-23	Precoz	F-39	Tardía
F-04	Precoz	F-24	Precoz	F-40	Tardía
F-05	Precoz	F-25	Tardía	F-41	Tardía
F-06	Precoz	F-26	Tardía	F-42	Tardía
F-07	Precoz	F-28	Tardía	F-44	Tardía
F-08	Precoz	F-30	Tardía	F-45	Tardía
F-09	Precoz	F-31	Tardía	F-47	Tardía
F-10	Precoz	F-32	Tardía	F-48	Tardía
F-12	Precoz	F-33	Tardía	UM	Progenitor Tardío
F-13	Precoz	F-34	Tardía	CI	Progenitor Precoz
F-14	Precoz	F-35	Tardía	H515	Testigo

F-17	Precoz	F-36	Tardía	VS-516	Testigo
F-21	Precoz				

3.4.2. Formación de la población base de selección.

La población se formó por el cruzamiento de los progenitores UM x CI; el progenitor UM, es una variedad experimental de polinización libre de grano blanco desarrollada por el Programa de Fitomejoramiento de Maíz de la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc (EESX), dependiente de la Universidad Autónoma del Estado de Morelos, esta variedad tiene un periodo de floración masculina de 66 días y un rendimiento potencial en condiciones de temporal de 6.9 t ha⁻¹; en tanto, que el progenitor CI, es una población nativa de maíz de grano rojo, con un periodo de floración masculina de 54 días y un promedio de rendimiento en temporal de 3.7 t ha⁻¹. El cruzamiento de progenitores se realizó en el ciclo primavera-verano 2018 en el campo experimental de la EESX, mediante la siembra de ambas poblaciones en surcos alternos. Debido a que la variedad UM presenta un periodo a floración más largo que CI, ésta se sembró 10 días antes que la CI. Cuatro días antes de la emergencia de estigmas, se cubrieron los jilotes de al menos 40 plantas de cada población; durante la floración se procedió a realizar los cruzamientos, con mezcla de polen de al menos 10 plantas. En la madurez comercial de las poblaciones se cosecharon al menos 20 plantas producto del cruzamiento, se desgranaron las mazorcas y se mezcló la semilla, lo que constituyó la población F₁.

3.4.3. Formación de las familias de medios hermanos (FMH).

Las familias en estudio, son medios hermanos maternos, derivadas de la población F₁ (UM x CI). Por lo que, en el ciclo de otoño-invierno 2018/2019, en el campo experimental de la EESX se estableció un lote de 24 surcos de 5 m de largo,

distanciados a 0.8 m y 0.25 m entre plantas; donde se sembró la semilla F_1 , depositando una semilla por punto. Para todas las plantas establecidas en el lote, se llevó un registró de los días a floración masculina y femenina. Al final de la floración de las plantas F_1 , se etiquetaron al menos 25 plantas precoces y 25 plantas tardías en la floración masculina, de estas, en la madurez comercial, se cosecharon las mazorcas de 17 plantas con el menor número de días a floración masculina y 19 plantas con el mayor número de días a floración masculina. Finalmente se procedió a desgranar la semilla de cada planta y se mantuvo la semilla de cada una por separado, con lo que se constituyeron las 36 familias de medios hermanos maternos.

3.4.4. Evaluación agronómica de las familias de medios hermanos

El grupo de las 36 familias de medios hermanos contrastantes en floración, las poblaciones progenitoras UM y CI y los testigos comerciales H-515 y VS-516, se establecieron en el campo experimental de la EESX, en el ciclo agrícola primavera-verano 2019. El campo experimental se ubica en el municipio de Ayala; a los 18° 43' de latitud norte y a los 98° 54' de longitud oeste, a una altitud de 1294 msnm. El sitio de evaluación tiene un suelo tipo vertisol, un clima tropical cálido sub-húmedo, con temperatura promedio de 24°C, la precipitación media anual es de 912 mm (INEGI, 2017; Inafed, 2018). El manejo agronómico del cultivo se realizó siguiendo las recomendaciones de la guía técnica del Campo Experimental de Zacatepec del INIFAP (INIFAP, 2017), la fertilización se realizó con la aplicación de fertilizantes comerciales bajo la dosis 120-70-60, se aplicó en dos momentos, la primera aplicación se realizó al momento de la siembra con el 50% de la cantidad de nitrógeno, todo el fósforo y potasio (60-70-60); el resto del nitrógeno (60-0-0) se aplicó cuando las plantas se encontraron en la etapa fenológica de V6 (Ritchie *et al.*, 1992).

3.4.5. Diseño experimental

El experimento se estableció utilizando el Diseño de Bloques Completos al Azar, con cuatro repeticiones por entrada. La unidad experimental para las FMHs, se constituyó de un surco de 5 m de largo, distanciados a 0.8 m y con una distancia entre plantas de 0.25 m, mientras que para los progenitores y testigos la unidad experimental se conformó de dos surcos por entrada, de las mismas dimensiones, que representó una densidad poblacional de 50 000 plantas por hectárea.

3.4.6. Variables de respuesta

Se midieron las variables de días a floración masculina (FM, en días) y femenina (FF, en días), sincronía floral (SF, en días), altura de planta (AP, en centímetros) y mazorca (AM, en centímetros), diámetro (DM, en centímetros) y longitud de mazorca (LM, en centímetros), número de hileras (HM, en número) y número de granos por mazorca (GM, en número), prolificidad (PL, en número) y rendimiento de grano (RG, en t ha⁻¹).

3.4.6. Análisis estadístico

Se probó la normalidad de los datos de la totalidad de las variables, lo que determinó que la característica de sincronía floral no tenía normalidad, por lo que se utilizó la siguiente transformación:

$$\text{IAE}_{\text{Transformado}} = \sqrt[n]{\text{IAE}+10}^{1/2}$$

Posteriormente, se procedió a realizar los análisis de varianza para cada variable, bajo el diseño de bloques completos al azar, se hizo con una comparación de medias mediante el procedimiento de Diferencia Mínima Significativa al 0.05 de probabilidad. Con las esperanzas de cuadrados medios del análisis de varianza del diseño

(Cuadro 3.2), se estimaron para la población bajo selección los componentes de varianza aditiva (σ^2_A) y varianza fenotípica (σ^2_F), para cada una de las variables registradas. Asimismo, se estimaron los parámetros genéticos de coeficiente de variación genético aditiva (CV_A), la heredabilidad en sentido estrecho (h^2), el intervalo de confianza a un 95% para la heredabilidad estimada (IC_{h^2}) (Knapp *et al.*, 1985; Fehr, 1993; Peña-Lomelí *et al.*, 2008). Para las estimaciones se consideró el arreglo de componentes del Cuadro 3.2.

Las ecuaciones utilizadas en las estimaciones fueron:

$$\sigma^2_A = M_1 - M_2/r \text{ (varianza aditiva de las familias de medios hermanos).}$$

$$EE\sigma^2_A = \left\{ \left[\frac{2}{r^2} \right] \frac{(M_1)^2}{gl \text{ familias} + 2} + \frac{(M_2)^2}{gl \text{ error} + 2} \right\}^{0.5}$$

$$\sigma^2_F = M_1/r \text{ (varianza fenotípica de las familias de medios hermanos).}$$

$$EE\sigma^2_F = \left\{ \left[\frac{2}{r^2} \right] \frac{(M_2)^2}{g.l. \text{ error} + 2} \right\}^{0.5}$$

$$CV_A = (\sigma_A/\bar{Y}_{..}) \times 100$$

Donde:

σ_A : desviación estándar aditiva.

$\bar{Y}_{..}$: media general de la variable.

$EE\sigma^2_A$: error estándar de la varianza aditiva de familias de medios hermanos.

$EE\sigma^2_F$: error estándar de la varianza fenotípica.

$g \ell$: grados de libertad.

$$h^2 = (M_1 - M_2/r) / M_1/r \text{ (heredabilidad en sentido estricto)}$$

Para la heredabilidad, se estimaron el límite inferior (LI_h^2) y superior (LS_h^2) del intervalo de confianza, con un nivel de significancia estadística de 5 %, mediante las siguientes ecuaciones:

$$LI_h^2 = 1 - [(M_1/M_2) F_{\alpha/2; gl2, gl1}]^{-1}$$

$$LS_h^2 = 1 - [(M_1/M_2) F_{1 - \alpha/2; gl2, gl1}]^{-1}$$

Cuadro 3.2. Análisis de varianza combinado de acuerdo al diseño utilizado.

Fuentes de variación	Grados de Libertad	Cuadrados Medios	Productos Cruzados Medios	Cuadrados Medios Esperados
Repeticiones	(r - 1)			
Familias	f - 1	M ₁	PCM ₁	$\sigma_e^2 + r\sigma_F^2$
Error	(f - 1)(r - 1)	M ₂	PCM ₂	σ_e^2

r = repeticiones; f = familias; σ_F^2 = varianza de familias, σ_e^2 = varianza ambiental.

Con base en el análisis de varianza, se estimaron los componentes de covarianza, la covarianza genético-aditiva (Cov Gxy) y la covarianza fenotípica (Cov Fxy); con las covarianzas entre pares de caracteres entre el rendimiento de grano y el resto de las variables, se estimaron los coeficientes de correlación genética (r_{Gxy}) y de correlación fenotípica (r_{Fxy}), de acuerdo a las fórmulas siguientes:

$$r_{Gxy} = \text{Cov Gxy} / s_{GX} \cdot s_{Gy};$$

$$r_{Fxy} = \text{Cov Fxy} / s_{FX} \cdot s_{FY}$$

Donde:

s_{Gx} , s_{Gy} , s_{Fx} , s_{Fy} : son las desviaciones estándar genéticas y fenotípicas de las variables x e y, respectivamente.

Los análisis de datos se realizaron con el paquete estadístico Statistical Analysis System (SAS).

3.5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El cuadro 3.3 muestra los resultados de los análisis de varianza de las variables; en la fuente de variación familias se encontraron diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$) en las variables de floración masculina (FM) y femenina (FF), esta diferencia en los rasgos de floración concuerda con Hullat *et al.* (2013), quienes también reportaron diferencias significativas en esas variables, lo que demuestra la presencia de alta variación fenotípica entre las familias evaluadas. En las variables de altura de planta (AP) y de mazorca (AM), longitud (LM), número de hileras (HM) y granos por mazorca (GM), así como la variable rendimiento de grano (RG) también muestran diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$), esta amplia variación detectada se puede atribuir a la heterosis, generada por la cruce entre progenitores que dieron origen a la población de donde se derivaron las familias, como lo sugirieron Afonso *et al.* (2012) en el cultivo del maíz. Únicamente diámetro de mazorca (DM) mostró diferencias significativas ($P \leq 0.05$); en tanto que la sincronía floral (SF) no tuvo diferencia estadística significativa. Respecto a la fuente de variación de repeticiones solo la altura de mazorca (AM) y rendimiento de grano (RG) mostraron diferencias altamente significativas; y en la de altura de planta (AP) y granos por mazorca (GM) las significancias fueron al 0.05 de probabilidad. Los valores de los coeficientes de variación (CV), el menor valor correspondió a floración masculina (FM) con 3.48 % y el más alto lo presentó sincronía floral con 18.71 %, estos valores están dentro del rango de confiabilidad aceptable (menor al 25 %) que se reportan en evaluaciones de germoplasma de maíz (Márquez, 1988; De la Cruz *et al.*, 2005; Kang *et al.*, 1999). El rendimiento de grano controlado por un sistema poligénico, mostró un coeficiente de variación de 14.03 %, lo que concuerda con De la Cruz y *et al.* (2005) quienes mencionan que un coeficiente de variación de alrededor del 15 % para rendimiento de grano, es un valor típico en experimentos de maíz en diseño de bloques completos al azar.

Cuadro 3.3 Cuadrados medios de las variables en 36 familias de medios hermanos de maíz, evaluadas en condiciones de temporal en Ayala, Mor., en primavera-verano 2019.

FV	Familias	Rep	Error	CV	R²
FM (d)	13.98**	9.82NS	4.21	3.48	0.54
FF (d)	29.01**	2.38NS	4.98	3.63	0.66
SF (trans)	0.04NS	0.01NS	0.03	18.71	0.31
AP (cm)	1226.75**	1337.13*	363.20	6.79	0.55
AM (cm)	661.04**	1217.01**	91.77	7.33	0.73
DM (cm)	0.15*	0.08NS	0.08	6.00	0.38
LM (cm)	4.90**	1.37NS	0.67	4.87	0.71
HM (No)	4.06**	0.89NS	0.89	7.10	0.61
GM (No)	9051.15**	5012.53*	1851.54	9.03	0.63
RG (t.ha ⁻¹)	5.47**	10.75**	1.58	14.03	0.57

FV = Fuentes de variación; NS= No significativo; * = significativo para $P \leq 0.05$; ** = significativo para $P \leq 0.01$; CV = coeficiente de variación, expresado en porcentaje.

En el cuadro 3.4 se presenta el comportamiento medio de dos grupos de familias; uno de alto y otro de bajo rendimiento de grano. Se observó que la familia F-48 fue la de mayor rendimiento de grano (9.08 t ha^{-1}) y superó en 2.01 t ha^{-1} al rendimiento del progenitor UM, que es el progenitor de alto rendimiento, de igual forma superó en 1.28 t ha^{-1} el rendimiento del testigo H515 (7.80 t ha^{-1}). El menor rendimiento de grano para una familia, fue de 5.00 t ha^{-1} , que correspondió a la familia F-23; la cual tuvo una superioridad de 1.46 t ha^{-1} , en comparación con el progenitor CI de bajo rendimiento de grano (3.54 t ha^{-1}). El mayor rendimiento de grano lo presentó el híbrido H-516 (10.16 t ha^{-1}), utilizado como testigo. La altura de planta del germoplasma de maíz como un indicador de vigorosidad fenotípica, indicó que en general las familias de alto rendimiento de grano manifestaron una mayor altura de planta, desde 278.4 cm en la F-34 hasta 306.5 cm en F-48; en contraste, las de bajo rendimiento de grano estuvieron en un rango de 246.5 cm (F-23) a 295.7 cm (F-01). En cuanto a la altura de los progenitores, UM expresó una altura de 283.5 cm y CI

245.6 cm, los resultados indican que las familias de alto rendimiento, tuvieron mayor vigor que ambos progenitores por lo que la cruce manifiesta heterosis panmíctica, lo que se puede aprovechar para continuar seleccionando genotipos sobresalientes (Vasal *et al.*, 1992). En cuanto a la floración, del germoplasma evaluado sin considerar su rendimiento de grano, las familias tendieron a ser precoces; debido a que la floración masculina en familias de alto rendimiento fluctuó de 58.3 (F-37) a 60.5 días (F26), en tanto que las de bajo rendimiento estuvieron de 56.5 (F-10) a 58.0 días (F-12 y F-23). Particularmente, las familias F-04 y F-12 fueron asincrónicas negativas con valores de -1.5 y -0.5 días, respectivamente. La sincronía o la asincronía negativa son características importantes, ya que la liberación de polen en sincronía con la emergencia de estigmas, asegura el llenado de grano y en consecuencia mayor rendimiento (Rehman y Khan, 2019).

Cuadro 3.4. Promedios del 20 por ciento de las familias de medios hermanos extremas en rendimiento de grano evaluadas en condiciones de temporal en Ayala, Mor., en primavera-verano 2019.

Id. de Familias	FM d	FF d	SF d	AP cm	AM cm	DM cm	LM cm	HM No.	GM No.	RG t ha ⁻¹
FMH de alto rendimiento de grano										
F-48	59.3	60.8	1.5	306.5	145.1	4.9	16.6	14.1	502.0	9.08
F-47	59.0	63.0	4.0	302.4	141.0	5.0	16.9	15.0	557.2	8.66
F-26	60.5	63.8	3.3	290.9	132.4	5.0	16.8	14.5	533.2	8.64
F-17	58.3	59.8	1.5	286.9	116.2	4.8	17.7	12.5	449.4	8.60
F-25	59.8	62.0	2.3	286.3	133.4	4.9	17.1	13.4	523.2	8.52
F-34	58.8	62.8	4.0	278.4	145.4	4.9	16.4	13.1	482.4	8.38
F-37	58.3	61.0	2.8	289.5	134.4	4.9	17.6	15.0	530.5	8.30
FMH de bajo rendimiento de grano										
F-10	56.5	61.3	4.8	271.0	125.1	4.7	17.4	12.2	472.2	6.36
F-04	57.5	56.0	-1.5	262.7	104.2	4.3	14.8	12.9	449.2	6.21
F-01	57.8	60.0	2.3	295.7	139.0	4.7	16.3	12.3	425.5	6.20
F-22	57.0	60.0	3.0	265.2	137.6	5.1	15.3	13.8	410.3	5.91
F-12	58.0	57.5	-0.5	257.4	122.9	4.7	16.0	14.2	467.3	5.85

F-23	58.0	59.0	1.0	246.5	106.8	4.9	16.4	13.4	488.3	5.00
Poblaciones testigo										
H-515	58.8	61.5	2.8	245.6	106.1	5.0	16.6	14.8	537.9	7.80
H-516	61.8	67.0	5.3	286.5	129.6	4.9	19.1	16.7	602.2	10.16
UM	59.5	62.3	2.8	283.5	131.1	4.9	16.4	13.0	459.7	7.07
CI	55.8	58.5	2.8	244.7	116.9	4.4	12.8	11.9	344.4	3.54
DMS _(0.05)	2.88	3.13	3.74	26.64	13.31	0.40	1.15	1.32	59.73	1.76

UM: variedad mejorada experimental y progenitora intermedia-tardía; CI: población nativa de maíz y progenitor precoz; DMS_(0.05): diferencia mínima significativa al 0.05 de probabilidad.

La estimación de parámetros genéticos y sus errores estándar se presentan en el Cuadro 3.5. La estimación de la varianza aditiva poblacional de todas las variables medidas, fue alta respecto a las estimaciones de la varianza fenotípica, lo cual indica la presencia de alta variación genética entre familias de medios hermanos, que asegura un avance genético significativo en programas de mejoramiento intrapoblacional, especialmente en esquemas basados en selección recurrente (Rebolloza *et al.*, 2016). La información obtenida a partir de las varianzas aditivas y fenotípicas son de gran importancia, en la toma de decisiones sobre el método y grado de presión de selección a utilizar en el programa de fitomejoramiento (Moreno *et al.*, 2002). El valor del error estándar de las estimaciones de la varianza genético-aditiva de la población, no representaron importante porción de la estimación de dicha varianza, que fluctuó de 6.8 % en altura de mazorca (AM) a 12.5 % para diámetro de mazorca (DM), particularmente en la sincronía floral (SF), el valor del error estándar indicó alta imprecisión en la estimación de su varianza genético aditiva (47.5 %). Acerca a los valores de los errores estándar para la varianza fenotípica, estos indicaron un aceptable grado de precisión de los estimadores, debido a que las fracciones de los errores estándar con respecto a la varianza fenotípica, fueron desde 22.9 % en hileras por mazorca (HM) hasta 25.0 % en diámetro de mazorca (DM).

Cuadro 3.5. Parámetros genéticos de las variables medidas en las familias de medios hermanos, derivadas de la cruce entre los progenitores UM x CI.

Carácter/ Parámetro	σ^2_A	$EE\sigma^2_A$	σ^2_F	$EE\sigma^2_F$	CV_A (%)	h^2	LI_h^2	LS_h^2
FM (d)	9.40	0.79	3.36	0.78	5.20	0.70	0.50	0.83
FF (d)	22.84	1.62	6.93	1.61	7.80	0.82	0.71	0.90
SF (d)	1.20	0.57	2.20	0.51	46.44	0.14	-0.44	0.52
AP (cm)	680.48	62.90	264.70	61.54	9.23	0.64	0.41	0.80
AM (cm)	546.32	37.40	160.33	37.28	17.75	0.85	0.75	0.92
DM (cm)	0.08	0.01	0.04	0.01	5.52	0.50	0.17	0.72
LM (cm)	2.32	0.18	0.75	0.18	9.02	0.77	0.61	0.87
HM (No.)	2.00	0.17	0.70	0.16	10.75	0.72	0.53	0.84
GM (No.)	4058.52	352.22	1489.06	346.20	13.41	0.68	0.47	0.82
RG (t ha ⁻¹)	2.08	0.21	0.89	0.21	19.48	0.58	0.31	0.77

σ^2_A = varianza aditiva de familias de medios hermanos; $EE\sigma^2_A$ = error estándar de la varianza aditiva de familias de medios hermanos; σ^2_F = varianza fenotípica entre familias de medios hermanos; $EE\sigma^2_F$ = error estándar de la varianza entre familias de medios hermanos; CV_A = coeficiente de variación aditiva; h^2 = heredabilidad en sentido estricto; LI_h^2 , LS_h^2 = límite inferior y superior del intervalo de confianza de la heredabilidad.

En cuanto a las estimaciones de los coeficientes de variación aditiva (CV_A) los valores estuvieron en el rango de 5.20 % en floración masculina (FM) y 46.44 % en sincronía floral (SF), sin embargo, este último valor, aunque es muy alto puede ser resultado de la poca precisión de la estimación de su varianza aditiva; el rendimiento de grano y altura de mazorca manifestaron altos coeficientes de variación aditiva de 19.48 y 17.75 %, respectivamente. La cantidad de variación genético aditiva poblacional, estimada en este estudio a partir de familias de medios hermanos, es similar a la estimada por líneas S_1 en una población de maíz con tolerancia a sequía, donde los valores en los coeficientes de variación aditiva fueron desde 4.0 % en floración masculina, hasta 17% para rendimiento de grano (Rebolloza *et al.*, 2016), lo que corrobora la presencia de suficiente variación para obtener avance genético por

selección recurrente. Las estimaciones de la heredabilidad fueron desde 0.14 en sincronía floral (SF) hasta 0.85 para altura de mazorca (AM); el rendimiento de grano (RG) manifestó una heredabilidad intermedia de 0.58, en tanto que, la floración masculina (FM), hileras por mazorca (HM), longitud de mazorca (LM) y floración femenina (FF) presentaron altas heredabilidades con valores de 0.70, 0.72, 0.77 y 0.82, respectivamente. Los altos valores de heredabilidad y la presencia de efectos génicos aditivo en las variables de floración y los componentes del rendimiento de hileras y longitud de mazorca, sugiere factible el avance genético para precocidad y alto rendimiento, si se realiza selección indirecta utilizando dichas variables (Rafiq *et al.*, 2010).

Los coeficientes de correlación genética y fenotípica entre el rendimiento de grano y las variables registradas en las familias de medios hermanos (Cuadro 3.6), indicaron un mayor grado de asociación genética que fenotípica. La menor correlación genética se encontró con floración masculina (FM), con una asociación positiva y significativa de 0.38* y la mayor correlación fue con altura de planta, manifestando una asociación positiva y altamente significativa (0.90**); la asociación del rendimiento de grano con granos por mazorca (GM) fue alta con un valor de 0.72**, correlación que favorece la selección indirecta para rendimiento de grano a través de GM. En cuanto a las correlaciones fenotípicas con el rendimiento de grano, únicamente se encontró asociación con longitud de mazorca (0.42*), granos por mazorca (0.46**), altura de mazorca (0.49**) y con altura de planta (0.67**), los sentidos de las correlaciones se mantuvieron entre los coeficientes de correlación genética y fenotípica. Los valores y sentidos de las correlaciones estimadas en el presente estudio están acorde a lo reportado en otros estudios, los cuales puntualizan la importancia de la correlación de caracteres con el rendimiento de grano, particularmente en la selección indirecta hacia alto rendimiento de grano, en programas de selección recurrente de maíz (Borras y Otegui 2000; Noriega *et al.*, 2011).

Cuadro 3.6. Correlaciones genéticas (r_{Gxy}) y fenotípicas (r_{Fxy}) entre el rendimiento de grano y las variables medidas en las familias de medios hermanos.

Parámetro / Característica	r_{Gxy}	$\pm EE^{\S}$	r_{Fxy}	$\pm EE^{\xi}$
FM	0.38*	0.14	0.24NS	0.16
FF	0.51**	0.12	0.31NS	0.15
SF	0.39*	0.14	0.20NS	0.16
AP	0.90**	0.02	0.67**	0.09
AM	0.64**	0.10	0.49**	0.13
DM	0.25NS	0.16	0.19NS	0.16
LM	0.55**	0.12	0.42*	0.14
HM	0.46**	0.13	0.27NS	0.15
GM	0.72**	0.08	0.46**	0.13

r_{Gxy} , r_{Fxy} : coeficiente de correlación genética y fenotípica, respectivamente; EE^{\S} error de la correlación genética; EE^{ξ} error de la correlación fenotípica; NS= No significativo; * = significativo para $P \leq 0.05$; ** = significativo para $P \leq 0.01$.

3.6. CONCLUSIONES

Se encontró una gran variabilidad fenotípica entre familias de medios hermanos en nueve de diez variables medidas. Con base, a que el propósito es desarrollar germoplasma precoz de alto rendimiento; el grupo de familias de menor rendimiento que corresponden a las de mayor precocidad, en promedio superó en 59.7 % al rendimiento de grano del progenitor precoz y de bajo rendimiento (CI). Se identificó a la familia F-04 con un rendimiento sobresaliente (6.36 t ha^{-1}), buen nivel de precocidad (57.5 d) y asincronía negativa (-1.5 d), por lo que la selección para precocidad y relativo alto rendimiento de grano es posible en la población de estudio. Del análisis de los componentes de varianza, heredabilidad y correlaciones genéticas y fenotípicas, se concluye que existe suficiente varianza aditiva y relativa alta heredabilidad en características secundarias (altura de planta, granos por mazorca y floración femenina) que, por el grado de correlación con el rendimiento de grano, se garantiza un avance genético por selección recurrente y selección indirecta.

3.7. LITERATURA CITADA

- Afonso D. A., Vieira M. G., Oliveira D. R., Gonçalves C. L. and Gomes G. E. E. 2012. **Genetic Parameters And Predictive Genetic Gain In Maize With Modified Recurrent Selection Method**. Chilean Journal of Agricultural Research. 72(1): 33-39.
- Borras L. and Otegui M. E. 2001. **Maize Kernel Weight Response to Postflowering Source–Sink Ratio**. Crop Science. 49: 1816-1822.
- Bouchet S., Servin B., Bertin P., Madur D., Combes V., Dumas F., Brunel D., Laborde J., Charcosset A. and Nicolas S. 2013. **Adaptation of Maize to Temperate Climates: Mid-Density Genome-Wide Association Genetics and Diversity Patterns Reveal Key Genomic Regions, with a Major Contribution of the *Vgt2 (ZCN8)* Locus**. Plos One. 8(8). doi:10.1371/journal.pone.0071377.
- Coutiño E. B., Sánchez G. G. y Vidal M. V. A. 2008. **Selección Entre y Dentro de Familias de Hermanos Completos de Maíz en Chiapas**. Revista Fitotecnia Mexicana. 31(2): 115-123
- Cremonini E. G., Fiorio V. J. C., Azevedo S. E., Gonzaga P. M. and Pio V. A. 2016. **Genetic Gain Estimates and Selection of S₁ Progenies Based on Selection Indices and REML/ BLUP in Super Sweet Corn**. Australian Journal Croop Science. 10(3): 411-417. ISSN:1835-2707.
- De la Cruz L. E., Rodríguez H. S. A., Estrada B. M. A., Mendoza P. J. D. y Brito M. N. P. 2005. **Análisis Dialélicos de Líneas de Maíz QPM para Características Forrajeras**. Publicaciones Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. 21(41): 19-26.

- Doná A. A., Miranda G. V, Lima R.O., Chaves L.G. and Gama E.E.G. 2012. **Genetic Parameters and Predictive Genetic Gain In Maize With Modified Recurrent Selection Method**. Chilean Journal of Agricultural Research. 72(1): 33-39.
- Durrishahwar, Rehman H., Shah S. M. A., Khalil I. A. and Ali F. 2008. **Recurrent Selection for Yield and Yield Associated Traits Under Leaf Blight (*Helminthosporium Maydis*) Stress in Maize**. Sarhad Journal Agricultural. 24(4): 599-605.
- Fehr W. R. 1993. **Principles of cultivar Development. Theory and Technique**. Macmillian Publishing Company. USA. 536 p.
- García Z. J., López R. J., Molina G. J. y Cervantes S. T. 2002. **Selección Masal Visual Estratificada y de Familias de Medios Hermanos en una Cruza Intervarietal F₂ de Maíz**. Revista Fitotecnia Mexicana. 25 (4): 387-391.
- Hallauer A. R. 2007. **History, Contribution, and Future of Quantitative Genetics in Plant Breeding: Lessons From Maize**. Crop Science. 47: 4-19. <https://doi.org/10.2135/cropsci2007.04.0002IPBS>.
- Hallauer A. R. and Carena M.J. 2012. **Recurrent Selection Methods to Improve Germplasm in Maize**. Maydica 57(1): 266-283.
- Inafed. 2018. **Enciclopedias de los Municipios y Delegaciones de México. Estado de Morelos, Ayala**. Disponible en: <http://www.inafed.gob.mx/work/enciclopedia/EMM17morelos/municipios/17004a.html>. [Fecha de consulta: 4 de Febrero de 2018].
- INEGI. 2017. **Anuario estadístico y Geográfico de Morelos 2017 / Instituto Nacional de Estadística y Geografía. México**. Instituto Nacional de Estadística y Geografía (México), INEGI.

- INIFAP. 2017. **Agenda Tecnológica Agrícola Morelos**. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Campo Experimental Zacatepec, INIFAP.
- Kang S. M., Kushairi D. A., Zhang Y. and Magari R. 1999. **Combining Ability For Rind Puncture Resistance in Maize**. *Crop Sci.* 39: 368-371.
- Knapp S. J., Stroup W. N. and Ross W. N. 1985. **Exact Confidence Intervals for Heritability on a Progeny Mean Basis**. *Crop Sci.* 25: 192-194.
- Lagos T. C., Apraez J., Lagos L. K. y Duarte D. E. 2015. **Comportamiento de 50 Familias de Medios Hermanos de *Solanum Quitoense* Lam Bajo Selección Recurrente**. *Temas Agrarios.* 20(2): 19–29.
- Márquez S. F. 1988. **Geotecnia Vegetal**. Tomo II. AGT EDITOR, S.A. México. pp 563.
- Moreno M. M., Peña L. A., Sahagún C. J., Juan Enrique Rodríguez P. J. E. y Mora A. R. 2002. **Varianza Aditiva, Heredabilidad y Correlaciones en la Variedad M1-Fitotecnia de Tomate de Cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot)**. *Rev. Fitotec. Mex.* 25(3): 231–237.
- Noor M., Rahman H., Iqbal M., Shah I. A., Ihteramullah, Durrishahwar and Ali F. 2013. **Evidence of Improving Yield and Morphological Attributes via Half-Sib Family Recurrent Selection in Maize**. *American Journal of Experimental Agriculture.* 3(3): 557-570.
- Noriega G. L. A., Preciado O. R. E., Andrio E. E., Terrón I. D. A. y Covarrubias P. J. 2011. **Fenología, Crecimiento y Sincronía Floral de los Progenitores del Híbrido de Maíz QPM H-374C**. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 2(4): 489-500.

- Otahola G. V. y Rodríguez Z. 2001. **Comportamiento Agronómico de Maíz (*Zea Mays* L.) Tipo Dulce Bajo Diferentes Densidades de Siembra en Condiciones de Sabana**. Revista UDO Agrícola. 1(1): 18-24.
- Otegui M. E. and Slafer G. A. 2000. **Physiological Bases for Maize Improvement**. Food Products Press.
- Palafox C. A., Rodríguez M. F.A., Sierra M. M., Meza P. A. y Tehuacatl S. L. 2016. **Comportamiento Agronómico de Híbridos de Maíz Formados con Líneas Tropicales Sobresalientes**. Química, Biología y Agronomía. Handbook T-I. ©ECORFAN, Texcoco de Mora, México. 52-62.
- Peña L. A., Molina G. J. D., Sahagun C. J., Ortiz C. J., Marquez S. F., Cervantes S. T. and Santiaguillo H. J. F. 2008. **Genetic Parameters of the Husk Tomato (*Physalis ixocarpa* Brot.) CHF1**. Cultivar Revista Chapingo, Hortícola. 14: 5-11.
- Rafiq, Ch. M., Rafique, M., Hussain, A. and Altaf M. 2010. **Studies on Heritability, Correlation and Path Analysis in Maize (*Zea mays* L.)**. J. Agric. Res. 48(1): 35-39.
- Ramírez D. J. L., Ron P. J., Sánchez G. J. J. y Chuela B. M. 2000. **Selección Recurrente en la Población de Maíz Suptropical PABGT-CE**. Agrociencia. 34(1): 33-39.
- Ramírez D. J. L., Ledesma M. A., Vidal M. V. A., Gómez M. N. O., Ruíz C. J. A., Velázquez C. G. A., Ron P. J., Salinas M. Y y Nájera C. L. A. 2015. **Selección de Maíces Nativos como Donadores de Características Agronómicas Útiles en Híbridos Comerciales**. Revista Fitotecnia Mexicana. 38(2): 119–13.

- 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(8): 1893-1904.
- Rehman Q. S. U. and Khan K. M. 2019. **Assessment of Heritability and Genetic Variability for Morphological and Yield Contributing Traits in Open Pollinated Maize Varieties**. American Journal of BioScience. 7(6): 99-103. Doi: 10.11648/j.ajbio.20190706.13. ISSN: 2330-0159 (Print); ISSN: 2330-0167 (Online).
- Ritchie S. W., Hanway J. J. and Benson G. O. 1992. **How a Corn Plant Develops**. Special Report No. 8. Iowa State University of Science and Technology. Cooperative Extension Service Ames, Iowa.
- Romero N. J.A., Willcox M., Burgueño J., Romay C., Swarts K., Trachsel S., Preciado E., Terron A., Vallejo D. H., Vidal V., Ortega A., Espinoza B. A., Gómez M. N.O., Ortiz M. I., San Vicente F., Guadarrama E. A., Atlin G., Wenzl P., Hearne S. and Buckler E.S. 2017. **A Study of Allelic Diversity Underlying Flowering-time Adaptation in Maize Landraces**. Nature Genetics. 49: 476-480. Doi:10.1038/ng.3784.
- Sohail A., Rahman H., Hussain Q., Hadi F., Ullah U., Khan W., Khan Khan. A., Asad M., Yousafzai Z., Sami S. and Uddin S. 2018. **Genetic Variability, Heritability and Correlation Studies in Half Sib Recurrent Families of Cimmyt Maize Population Czp-132011**. ARPN Journal of Agricultural and Biological Science. 13(10): 106-112. ISSN 1990-6145.

Ullah K., Rahman H. U., Noor M., Rehman M. U., Iqbal M. and Sanauallah. 2013. **Heritability Estimates and Yield Performance of Half Sib Families Derived From Maize Variety Sarhad White**. Sarhad J. Agric. (29)1: 29-32.

Vasal S. K., Srinivasan G., Han G. C. and González F. C. 1992. **Heterotic Patterns Eighty-Eigh White Subtropical Cimmyt Maize Lines**. Maydica. 37:319-327

CAPITULO IV.

CONCLUSIONES GENERALES

Mediante el análisis de la variación fenotípica se confirmó la diferencia de 14 días, entre las poblaciones progenitoras UAEM-BD1 (intermedia-tardía) y C-Ix-R (precoz), de igual forma se detectó una gran variación fenotípica y nueve características cuantitativas, la cual puede ser explotada por medio de selección para precocidad y rendimiento de grano. Con base en el análisis genético de la población base de selección a través de familias de medios hermanos, se encontró suficiente variabilidad genética y fenotípica en nueve de diez características estudiadas. Se identificó a la familia F-04 con un rendimiento sobresaliente (6.36 t ha⁻¹), buen nivel de precocidad (57.5 d) y asincronía negativa (-1.5 d), por lo que la selección para precocidad y relativo alto rendimiento de grano es posible en la población de estudio, donde la selección para rendimiento de grano se puede realizar por medio de características secundaria como son altura de planta, granos por mazorca y floración femenina, las que mostraron un relativa alta heredabilidad y correlación genética con el rendimiento de grano.

CAPITULO V.

BIBLIOGRAFÍA GENERAL

- Afonso D. A., Vieira M. G., Oliveira D. R., Gonçalves C. L. and Gomes G. E. E. 2012. **Genetic Parameters and Predictive Genetic Gain in Maize with Modified Recurrent Selection Method**. Chilean Journal of Agricultural Research. 72(1): 33-39.
- Bouchet S., Servin B., Bertin P., Madur D., Combes V., Dumas F., Brunel D., Laborde J., Charcosset A. and Nicolas S. 2013. **Adaptation of Maize to Temperate Climates: Mid-Density Genome-Wide Association Genetics and Diversity Patterns Reveal Key Genomic Regions, with a Major Contribution of the *Vgt2 (ZCN8)* Locus**. Plos One. 8(8). doi:10.1371/journal.pone.0071377.
- Bruce W.B., Edmeades G.O. and Barker T.C. 2001. **Molecular and Physiological Approaches to Maize Improvement for Drought Tolerance**. Journal of Experimental Botany. 53(366): 13-25.
- CEDAF. 1998. **Cultivo de maíz. 1ª edición. Guía Técnica No. 33. Serie de Cultivos**. Centro para el Desarrollo Agropecuario y Forestal (CEDAF). Inc. Santo Domingo, República Dominicana.
- Gómez E. A.L., Molina G. J.D., García Z. J.J., Mendoza C. M.C. y De la Rosa L. A. 2015. **Poblaciones Exóticas Originales y Adaptadas de Maíz. I: Variedades Locales de Clima Templado x Variedades Tropicales**. Revista Fitotecnia Mexicana. 38(1): 57–66.
- Hallauer A. R. and Carena M.J. 2012. **Recurrent Selection Methods to Improve Germplasm in Maize**. Maydica 57(1): 266-283.

- O'Leary M. 2016. **Maíz: de México Para el Mundo**. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo.
- Otahola G. V. y Rodríguez Z. 2001. **Comportamiento Agronómico de Maíz (*Zea Mays* L.) Tipo Dulce Bajo Diferentes Densidades de Siembra en Condiciones de Sabana**. Revista UDO Agrícola. 1(1): 18-24.
- Palafox C. A., Rodríguez M. F.A., Sierra M. M., Meza P. A. y Tehuacatl S. L. 2016. **Comportamiento Agronómico de Híbridos de Maíz Formados con Líneas Tropicales Sobresalientes**. Química, Biología y Agronomía. Handbook T-I. ©ECORFAN, Texcoco de Mora, México. 52-62.
- Pérez C.A., Molina G. J., Martínez G. A., García M. P. y Reyes L. D. 2007. **Selección Masal Para la Adaptación a Clima Templado de Razas Tropicales y Sub-Tropicales de Maíz de México**. Bioagro. 9(3). Barquisimeto. ISSN 1316-3361.
- SEMARNAT-INE. 2010. **México. Cuarta Comunicación Nacional ante la Convención Marco de las Naciones Unidas sobre el Cambio Climático**. Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales. Instituto Nacional de Ecología. ISBN: 978-607-7908-00-5.
- SIAP. 2019. **Avance de Siembras y Cosechas. Resumen Nacional por Cultivo**. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. Disponible en: http://infosiap.siap.gob.mx:8080/agricola_siap_gobmx/AvanceNacionalSinPrograma.do. [Fecha de consulta: 12 de febrero de 2020].
- Sierra M. M., Palafox C. A., Vázquez C. G., Rodríguez M. F. y Espinosa C. A. 2010. **Caracterización Agronómica, Calidad Industrial y Nutricional de Maíz para el Trópico Mexicano**. Agronomía mesoamericana. 21(1): 21-29.

Smith C. W., Betrán J. and Runge E. C. A. 2004. **Corn: Origyn, History, Technology and Production**. Jonh Wiley & Sons, Inc.

Sohail A., Rahman H., Hussain Q., Hadi F., Ullah U., Khan W., Khan Khan. A., Asad M., Yousafzai Z., Sami S. and Uddin S. 2018. **Genetic Variability, Heritability and Correlation Studies in Half Sib Recurrent Families of Cimmyt Maize Population Czp-132011**. ARPN Journal of Agricultural and Biological Science. 13(10): 106-112. ISSN 1990-6145.

USDA. 2017. **Foreign Agricultural Service**. Comodity intelligence report. United States Department of Agriculture.