

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN

FACULTAD DE AGRONOMÍA

SUBDIRECCIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO



**ANÁLISIS MORFOLÓGICO Y MOLECULAR PARA EL MEJORAMIENTO
POBLACIONAL DE MAÍCES CRIOLLOS DEL CENTRO-NORTE DE NUEVO
LEÓN**

TESIS

**COMO REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL GRADO DE
DOCTOR EN CIENCIAS AGRÍCOLAS**

PRESENTA:

M.C. GILBERTO RODRÍGUEZ PÉREZ

MARÍN, NUEVO LEÓN

DICIEMBRE 2013

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN

FACULTAD DE AGRONOMÍA

SUBDIRECCIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO



**ANÁLISIS MORFOLÓGICO Y MOLECULAR PARA EL MEJORAMIENTO
POBLACIONAL DE MAÍCES CRIOLLOS DEL CENTRO-NORTE DE NUEVO
LEÓN**

TESIS

**COMO REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL GRADO DE DOCTOR EN
CIENCIAS AGRÍCOLAS**

PRESENTA:

M.C. GILBERTO RODRÍGUEZ PÉREZ

MARÍN, NUEVO LEÓN

DICIEMBRE 2013

La presente tesis titulada “**ANÁLISIS MORFÓLOGICO Y MOLECULAR PARA EL MEJORAMIENTO POBLACIONAL DE MAÍCES CRIOLLOS DEL CENTRO-NORTE DE NUEVO LEÓN**” fue sometida para su revisión bajo la dirección del Comité Particular indicado, y ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

DOCTOR EN CIENCIAS AGRÍCOLAS

Comité Particular:

Ph.D. Francisco Zavala García
Asesor Principal

Ph.D. Ciro G. S. Valdés Lozano
Coasesor

Dra. Adriana Gutiérrez Díez
Coasesor

Dr. Elías Treviño Ramírez
Coasesor

Dra. Carmen Ojeda Zacarías
Coasesor

Ph. D. Froylán Rincón Sánchez
Coasesor Externo

Ph. D. Rigoberto Vázquez Alvarado

Subdirector de Estudios de Posgrado e Investigación
Facultad de Agronomía de la Universidad Autónoma de Nuevo León
Marín, Nuevo León, México. Diciembre de 2013

DEDICATORIA

A Dios, creador y sustentador de todas las cosas, por permitirme concluir una etapa más de mis estudios profesionales.

A mis padres Silvestre Rodríguez e Isabel Pérez por darme la vida y su incondicional apoyo durante las etapas de mi vida por la que he pasado, por enseñarme honestidad e inculcarme a forjar mi desempeño en cada ambiente laboral y profesional que se me ha presentado.

A mi Esposa Magdalena por su ejemplo de salir adelante y sostener el apoyo incondicional a pesar de las vicitudes presentadas en los distintos procesos de nuestras vidas.

A mis hijos, Christian, Esmeralda, Jonathan y mi nieto Sebastián, quienes han sido el motivo principal de mi superación profesional y personal para que en un futuro vean reflejados sus metas y objetivos.

A mis compañeros de generación y profesores por todos los momentos vividos en el aula de clase, en especial a Ph. D. Francisco Zavala García, Dr. Elías Treviño Ramírez, Dra. Adriana Gutiérrez Diez, Dra. Carmen Ojeda Zacarías, Dr. Humberto Rodríguez y Dr. Emilio Olivares Sáenz.

AGRADECIMIENTO

Quiero expresar mi más sincero agradecimiento a Ph. D. Francisco Zavala García, Ph. D. Ciro G. Valdés Lozano, Dra. Adriana Gutiérrez Diez, Dr. José Elías Treviño Ramírez, Dra. Ma. Carmen Ojeda Zacarías y Ph. D. Froylán Rincón Sánchez por formar parte del Comité de Tesis, así como por sus valiosas sugerencias e interés, en la revisión del presente trabajo.

Al personal de Campo Rogelio Meza, Javier Sánchez y Eulalio Benavides por brindarme todo el apoyo y las facilidades necesarias para concluir este trabajo.

Al CONACYT y la Universidad Autónoma de Nuevo León y particularmente a la Facultad de Agronomía por permitirme realizar mis estudios de Doctorado.

A mis compañeros de Posgrado con quien compartí gratos momentos de compañerismo. En especial a Sergio Garza, Fidel Blanco, Luis Samaniego, Rubén López, Rubén Trejo, Jaime Armendáriz, Francisco Piñera, Alfonso Yerbes, Cristina, Karely y Keren.

NOMBRE: GILBERTO RODRÍGUEZ PÉREZ

Nació el 04 de febrero de 1963, en la ciudad Texcoco, Estado de México. Radica en primera cerrada de Insurgentes No. 13, San Diego, Texcoco, Estado de México. Cursó sus estudios de primaria en la Escuela Lic. Benito Juárez García, Secundaria Oficial No 27 Netzahualcóyotl, Preparatoria Texcoco, en Texcoco, Estado de México. Curso estudios profesionales en la Universidad Autónoma Agraria “Antonio Narro” de 1984 a 1988, obteniendo su título de Ingeniero Agrónomo Fitotecnista, posteriormente obtuvo el grado de Maestro en Ciencias con especialidad en Fitomejoramiento en la misma Universidad en 2007. Actualmente candidato a Doctor en Ciencias Agrícolas en la Subdirección de Estudios de Posgrado e Investigación de la Facultad de Agronomía de la UANL.

DESARROLLO PROFESIONAL

Mi ingreso al servicio profesional inicio en 1988 como inspector de campo en el SNICS (Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas) en Celaya Guanajuato, posteriormente en 1990 en PRONASE (Productora Nacional de Semillas) en el área de producción en el mismo estado, de 1991 al 1993, en Semillas Híbridas Dekalb, en el área de investigación en el programa de sorgo en Irapuato, Guanajuato. De 1995 a 1996 en Novartis, en el área de asistencia técnica en el Estado de Tlaxcala, de 1997 a 2000 en Semillas Berentsen S. A. de C. V., en el programa de investigación y producción trabajando en los cultivos de maíz, sorgo y trigo. Para el periodo 2000 a 2003 ingresó a CIMMYT (Centro Internacional de

Mejoramiento de Maíz y Trigo), ubicada en la carretera México-Veracruz, el Batán, Texcoco Estado de México, como coordinador en las estaciones de el Batán y Ciudad Obregón de la planeación de actividades en la preparación de semilla, siembras, toma de datos agronómicos en los cultivos de Trigo y Triticales, así como la realización en la producción de libros de campo, manejo del programa IWIS (Internacional Wheat Information Software) y análisis estadísticos de datos. De 2007 a 2008 en el Proyecto Maestro de Maíces Mexicanos (PMMM) fungió como subdirector de organización y capacitación en el Estado de Puebla, desarrollando actividades de organización y capacitación con los productores, formando las asociaciones agrícolas locales, regionales y estatales.

ÍNDICE

Índice.....	viii
Índice de Cuadros	x
Índice de Figuras.....	xiii
RESUMEN	xiv
SUMMARY	xvi
1.INTRODUCCIÓN.	1
1.1 Objetivo general.....	3
1.2 Objetivos específicos	3
1.3 Hipótesis.....	4
2.REVISIÓN DE LITERATURA	5
2.1 El maíz en el mundo	5
2.2 El maíz en México	7
2.3 Diversidad del maíz en México	10
2.4 El maíz en Nuevo León.....	14
2.5 Caracterización morfológica	18
2.6 Caracterización molecular	21
2.6.1 Marcadores AFLP	22
2.7 Mejoramiento genético del maíz	25
2.7.1 Selección masal.....	27
2.7.2 Selección familiar	30
2.7.3 Formación de líneas endogámicas	34
2.7.4 Diseños genéticos.....	34
2.8 Índices de selección	41

3. MATERIALES Y MÉTODOS	45
3.1 Caracterización morfológica y molecular	45
3.1.1 Caracterización morfológica	46
3.1.2 Caracterización molecular	48
3.2 Formación de híbridos y heterosis	50
3.3 Variedades de polinización abierta	54
3.4 Índices de selección	57
4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	63
4.1 Resultados del objetivo 1. Caracterización morfológica.....	63
4.1.2 Caracterización molecular.	68
4.2 Resultados del objetivo 2. Formación de híbridos	75
4.2.1 Efectos de aptitud combinatoria general.....	78
4.2.2 Efectos de aptitud combinatoria específica.....	82
4.2.3 Valores de heterosis	85
4.3 Resultados del objetivo 3. Variedades de polinización abierta	89
4.4 Resultados del objetivo 4. Índices de selección.....	96
5. CONCLUSIONES	118
6. BIBLIOGRAFIA	120

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro		Página
1	Poblaciones de maíces criollos de Pinto Amarillo y Liebre del estado de Nuevo León. Primavera 2010.....	45
2	Análisis de varianza y esperanza de cuadrados medios del Diseño 3 de Griffing, Marín, N.L. Otoño 2011.....	52
3	Cuadrados medios indicativos (CM) y sus esperanzas (ECM), del análisis de varianza individual, Marín, N.L. Otoño 2010.....	56
4	Metas e intensidades para el cálculo de índices de selección en las poblaciones “10” y “37” de Liebre, “15” y “45” de Pinto Amarillo, Marín, N.L. Otoño 2010.....	59
5	Combinaciones de iniciadores Msel-EcoRI y bandas seleccionadas de las 30 poblaciones de maíces criollos de Nuevo León. Primavera 2010.....	68
6	Líneas S_3 endogámicas de maíces de Nuevo León utilizadas en el diseño dialélico, en Marín, N.L. Primavera 2011.....	76
7	Cuadrados medios para FM, FF, AP y AM de las cruzas directas y recíprocas del dialélico, Marín, N.L. Otoño 2011.....	77
8	Efectos de aptitud combinatoria general (ACG) de cinco líneas de Pinto Amarillo (PA) y dos de Liebre (L), para FM, FF, AP, AM evaluadas en Marín, N.L. Otoño 2011.....	79
9	Comparación de medias de características agronómicas de cinco líneas de Pinto Amarillo y dos de Liebre evaluadas en Marín, N.L. Otoño 2011.....	81
10	Efectos de aptitud combinatoria específica de 21 cruzas directas (AxB) y recíprocas (BxA), formadas por el apareamiento de cinco líneas de Pinto Amarillo y dos de Liebre para cuatro características agronómicas evaluadas en Marín, N.L. Otoño 2011.....	84

11	Valores de heterosis de 21 cruzas directas (AxB) y recíprocas (BxA), formadas por el apareamiento de cinco líneas de Pinto Amarillo y dos de Liebre de características agronómicas evaluadas en Marín, N.L. Otoño 2011.....	86
12	Cuadrados medios del análisis de varianza individual para la población “10” de Liebre, Marín, N.L. Otoño 2010.....	89
13	Cuadrados medios del análisis de varianza individual para la población “37” de Liebre, Marín, N.L. Otoño 2010.....	92
14	Cuadrados medios del análisis de varianza individual para la población “45” de Pinto Amarillo, Marín, N.L. Otoño 2010.....	94
15	Cuadrados medios del análisis de varianza individual para la población “15” de Pinto Amarillo, Marín, N.L. Otoño 2010.....	95
16	Coeficientes y ganancias genéticas con índices de selección y selección independiente entre ocho caracteres de maíz de grano para la población “10” de Liebre, Marín, N.L. Otoño 2010.....	97
17	Parámetros genotípicos y fenotípicos de ocho características de la población “10” de Liebre. Marín, N.L. Otoño 2010.....	100
18	Familias seleccionadas de la población “10” de Liebre en base a los índices de selección, Marín, N.L. Otoño 2010.....	102
19	Coeficientes y ganancias genéticas con índices de selección y selección independiente entre ocho caracteres de maíz de grano para la población “37” de Liebre, Marín, N.L. Otoño 2010.....	104
20	Parámetros genotípicos y fenotípicos de ocho características de la población “37” de Liebre. Marín, N.L. Otoño 2010.....	105
21	Familias seleccionadas de la población “37” de Liebre en base a los índices de selección, Marín, N.L. Otoño 2010.....	107
22	Coeficientes y ganancias genéticas con índices de selección y selección independiente entre ocho caracteres de maíz de grano para la población “45” de Pinto Amarillo, Marín, N.L. Otoño 2010...	109
23	Parámetros genotípicos y fenotípicos de ocho características de la población “45” de Pinto Amarillo. Marín, N.L. Otoño 2010.....	111

24	Familias seleccionadas de la población “45” de Pinto Amarillo en base a los índices de selección, Marín, N.L. Otoño 2010.....	112
25	Coeficientes y ganancias genéticas con índices de selección y selección independiente entre ocho caracteres de maíz de grano para la población “15” de Pinto Amarrillo, Marín, N.L. Otoño 2010...	114
26	Parámetros genotípicas y fenotípicos de ocho características de la población “15” de Pinto Amarillo, Marín, N.L. Otoño 2010.....	116
27	Familias seleccionadas de la población “15” de Pinto Amarillo en base a los índices de selección, Marín, N.L. Otoño 2010.....	117

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura		Página
1	Superficie sembrada mundial de maíz en el 2011 en los principales países del mundo (USDA, 2012).....	5
2	Producción mundial de maíz en el 2011 en los principales países del mundo (USDA, 2012).....	6
3	Rendimientos promedio por ha de maíz en los principales países a nivel mundial en el 2011 (USDA, 2012).....	6
4	Comportamiento de las importaciones de maíz en los principales países a nivel mundial en el 2011 (USDA, 2012).....	7
5	Superficie sembrada de maíz en México por regiones (SIAP, 2010)...	8
6	Principales estados productores de maíz en México, (SIAP, 2012)...	9
7	Principales municipios con siembras de maíz del sur de Nuevo León (SIAP, 2012).....	16
8	Procedimiento para generar los dendogramas de las poblaciones de maíces criollos de Pinto Amarillo y Liebre.....	48
9	Dendograma generado en base a datos obtenidos a través de la caracterización morfológica de 22 poblaciones de maíces criollos de Pinto Amarillo de Nuevo León. Primavera 2010.....	63
10	Dendograma generado a base a los datos obtenidos a través de la caracterización morfológica de ocho poblaciones de maíces criollos de Liebre de Nuevo León. Primavera 2010.....	66
11	Productos de amplificación de marcadores AFLP, obtenidos con la combinación M-CTT—AAG de 30 poblaciones de maíces criollos de Nuevo León. Primavera 2010.....	69
12	Dendograma generado en base a datos obtenidos a través de la AFLP de 22 poblaciones de maíces criollos de Pinto Amarillo de Nuevo León. Primavera 2010.....	70
13	Dendograma generado en base a datos obtenidos a través de la AFLP de ocho poblaciones de maíces criollos de Liebre de Nuevo León. Primavera 2010.....	73

RESUMEN

Este trabajo se desarrolló en cuatro etapas. 1) Caracterización morfológica y molecular de 30 poblaciones criollas presentes en las zonas baja del norte de Nuevo León; 2) Formación de híbridos a partir de siete líneas endogámicas S_3 pertenecientes a dos grupos: cinco líneas del de Pinto Amarillo y dos de Liebre; 3) Mejoramiento poblacional por selección recurrente de cuatro poblaciones la “10” y “37” de Liebre y “15” y “45” de Pinto Amarillo. 4), estimación de índices de selección. En la caracterización morfológica el objetivo fue identificar grupos homogéneos de criollos colectados en Nuevo León; se estableció un experimento en primavera 2009, las variables registradas fueron altura de planta, días a floración masculina y femenina, número de hileras por mazorca, granos por hilera de mazorca, longitud y diámetro de mazorca. Para la caracterización molecular el objetivo fue identificar grupos homogéneos de criollos en base al análisis molecular. Las 30 variedades se sembraron en febrero del 2010 en macetas con peat-moss, depositando seis semillas en cada una. Se realizó el análisis utilizando la técnica AFLP; posteriormente se realizó un análisis de conglomerados utilizando el método de UPGMA. Se identificaron 12 poblaciones con similitud morfológica y molecular de Pinto Amarillo en el primer grupo fueron ocho y cuatro en el segundo; en las poblaciones de Liebre en el primer grupo solo una población presentó similitud, en el segundo fueron dos poblaciones. Los grupos se asociaron más a la raza de maíz que al lugar de colectas. Para la formación de híbridos se encontró líneas PA-1, PA-3, PA-5 y de Pinto Amarillo y la L-6 y L-7 de Liebre que participaron en las

combinaciones que tuvieron mayores efectos de ACE en las cruzas directas; las líneas PA-1, PA-2, PA-4 y PA-5 de Pinto Amarillo y L-6 de Liebre en las cruzas recíprocas. La mayor heterosis se encontró en floración masculina y altura de planta fueron en las cruzas PA-1xPA-4 y PA-1xPA-2 en las directas, en altura de mazorca fueron las cruzas PA-2xPA-5 y PA-4 xL-6 para floración femenina. Referente a las cruzas recíprocas, para floración masculina y femenina la craza PA-1xPA-4 se conservó en los mejores valores y en altura de plantan y mazorca sobresalieron las cruzas PA-1xPA-3 y PA-2xL-6. En el mejoramiento poblacional se encontró variabilidad genética en las cuatro poblaciones "10", "37" de Liebre en la "15", "45" de Pinto Amarillo como altura de planta, altura de mazorca, floración masculina, floración femenina y rendimiento de grano, lo cual pueden considerarse para hacer mejoramiento por selección recurrente. Los índices de selección más eficientes fueron los que tomaron en cuenta días a floración masculina, altura de planta y mazorca, longitud y diámetro de mazorca; así como rendimiento de grano en las cuatro poblaciones.

SUMMARY

This work was developed in four stages. 1) Morphological and molecular characterization of 30 native populations from the lowlands of the northern part of the state of Nuevo Leon; 2) Formation of hybrids from seven inbred S_3 lines of two groups, five lines from Pinto Amarillo and two of Liebre. 3) Population improvement by recurrent selection of four populations "10" and "37" of Liebre and "15" and "45" of Pinto Amarillo. 4) Selection indices estimation. In the morphological characterization the objective was to identify homogeneous groups from landraces in Nuevo Leon; the experiment was established in spring 2009, the variables recorded were plant height, days to male and female flowering, number of rows per ear, grains per row in the ear, length and diameter ear. For molecular characterization the objective was identify homogeneous groups of landraces using molecular analysis. The 30 varieties were planted in February 2010 in pots with peat-moss, sowing six seeds in each pot. A cluster analysis was performed using the UPGMA method. Twelve Pinto Amarillo populations were grouped using morphological and molecular data in the first group were eight populations and four in the second; in Liebre populations, the first group only one population was included meanwhile in the second were two populations. The groups were associated to the race of maize and the place were collected the populations. For hybrid formation It was found that lines PA-1, PA-3 and PA-5 of Pinto Amarillo and the L-6 and L-7 of Liebre participated in combinations that had major effects of ACE in direct crosses; lines PA-1, PA-2, PA-4 and PA-5 of Pinto Amarillo and L-6 of Liebre in the reciprocal crosses. The highest heterosis was found for male flowering and plant height in PA-1xPa-4 and PA-1xPA-2 direct crosses and for ear

height were the crosses PA-2xPA-5 and PA-4xPA-6 to silking. Regarding the reciprocal crosses, for male and female flowering crosses PA-1xPA-4 was the best values and plant height and ear height were PA-1xPA-3 and PA-2xL-6 crosses. In the breeding population genetic variability found that the four populations, "10", "37" of Liebre and "15", "45" of Pinto Amarillo in plant height, ear height, tasseling, silking and grain yield, can be considered for improvement by recurrent selection. Selection indices were more efficient taking into account male flowering, plant and ear height, length and diameter ear and grain yield in the four populations.

1. INTRODUCCIÓN

El Maíz es el tercer cultivo por área sembrada a nivel mundial, después del trigo y del arroz, con una extensión de 168.64 millones de hectáreas y una producción de 864.11 millones de toneladas obteniendo en promedio 5.12 t ha^{-1} . El mayor productor es Estados Unidos con una producción de 316.17 millones de toneladas anuales (USDA, 2012).

México, contó con una superficie agrícola alrededor de 22 millones de hectáreas; de estas, el maíz contribuyó con el 33.66% lo que representa alrededor de 8 millones de hectáreas con rendimientos promedios de 3.19 t ha^{-1} . Chiapas, Jalisco Oaxaca, Puebla, Veracruz, Estado de México y Michoacán son los principales estados con una superficie sembrada de 705.2, 605.0, 601, 574.8, 573.9, 556.3 y 481.6 mil hectáreas, respectivamente. El maíz blanco ocupa el 92% destinado principalmente al consumo humano, el maíz amarillo contribuye con el 7%, mientras que los maíces de granos de color son los de menor superficie con el 1% de participación (SIAP, 2012).

Nuevo León contó con una superficie agrícola de maíz de 33,735 ha (87.69%) de siembras bajo condiciones de temporal con una producción promedio entre 0.63 a 1.49 t ha^{-1} ; el 12.31% (4,150 ha) se realizan bajo riego obteniendo rendimientos promedios entre 1.46 a 5.33 t ha^{-1} (SIAP, 2012) comparados con el promedio nacional de 3.19 t ha^{-1} .

Las siembras se realizan con tecnología intermedia y aún son frecuentes las siembras con variedades criollas de polinización abierta como Pinto Amarillo y Liebre, que cuentan con amplia distribución, precocidad y adaptación a sequía entre otras características.

La diversidad del maíz ha sido objeto de estudios con diversos propósitos, siendo uno de éstos, conocer la variabilidad genética existente dentro de un grupo de poblaciones de diferentes nichos ecológicos por medio de la caracterización morfológica y molecular; en algunos estudios, se han caracterizado poblaciones de maíces utilizando diversos tipos de información, técnicas de agrupamiento y teorías del origen del maíz para identificar grupos raciales bien definidos. Durante las colectas de 75 poblaciones criollas en 14 municipios de la parte centro-norte del estado de Nuevo León, de acuerdo a la información proporcionada por los agricultores, como parte de los resultados del proyecto financiado por CONABIO, Zavala *et al.* (2010) establecieron que dentro de estas colectas existe un alto porcentaje de preferencia (40.0%), que corresponden a las variedades Pinto Amarillo y Liebre.

Los agricultores han estado sembrando estas variedades por más de 15 años en condiciones de temporal y refieren que sus rendimientos son de 1.0 t ha⁻¹. Debido a estos bajos rendimientos, y a la escasez de semilla mejorada y falta de híbridos locales, surge la necesidad de desarrollar mejores genotipos con mayor grado de adaptación e incrementar el rendimiento, lo cual puede impactar directamente la

economía de los agricultores y en un mejor abasto de semilla. Por tal motivo, el presente trabajo persigue los siguientes objetivos:

Objetivo General:

Caracterizar y mejorar las poblaciones de maíces criollos Pinto Amarillo y Liebre presentes en la zona baja del norte de Nuevo León.

1.2 Objetivos específicos:

1. Caracterizar morfológica y molecularmente 22 poblaciones criollas de Pinto Amarillo y ocho de Liebre.
2. Estimar los efectos de aptitud combinatoria general, específica y heterosis en híbridos derivadas de poblaciones de maíz.
3. Formar nuevas variedades criollas de Pinto Amarillo y Liebre por selección recurrente.
4. Estimar índices de selección utilizando caracteres agronómicos y comparar sus eficiencias relativas, así como su ganancia genética predicha comparado con la selección independiente.

1.3 Hipótesis

1. Debido al patrón de distribución de los criollos en Nuevo León, existe variabilidad fenotípica y molecular dentro de los maíces Pinto Amarillo y Liebre que puede reducirse para identificar grupos comunes.
2. Los cruzamientos entre progenitores con características contrastantes provenientes de las poblaciones criollas de Nuevo León producirán híbridos con altos niveles de heterosis.
3. Dentro de los maíces criollos, el proceso de selección natural e individual es bajo, por lo que existe variabilidad genética que permita mejorar genéticamente las poblaciones en los criollos Pinto Amarillo y Liebre.
4. Existe una respuesta diferencial en la eficiencia de los índices de selección y la selección independiente rendimiento de grano en las poblaciones de maíz utilizadas.

2. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1 El maíz en el mundo

El Maíz es el tercer cultivo por área sembrada a nivel mundial, después del trigo y del arroz. Se reportó una superficie de maíz en el 2011 de 168.64 millones de hectáreas. Estados Unidos y China son los principales países con mayor superficie agrícola de maíz; cuentan con 33.99 y 33.40 millones de hectáreas, respectivamente (Figura 1), seguidos de Brasil y la Unión Europea que comprende 27 países. México ocupó el sexto lugar con alrededor de las 8 millones de hectáreas (USDA, 2012).

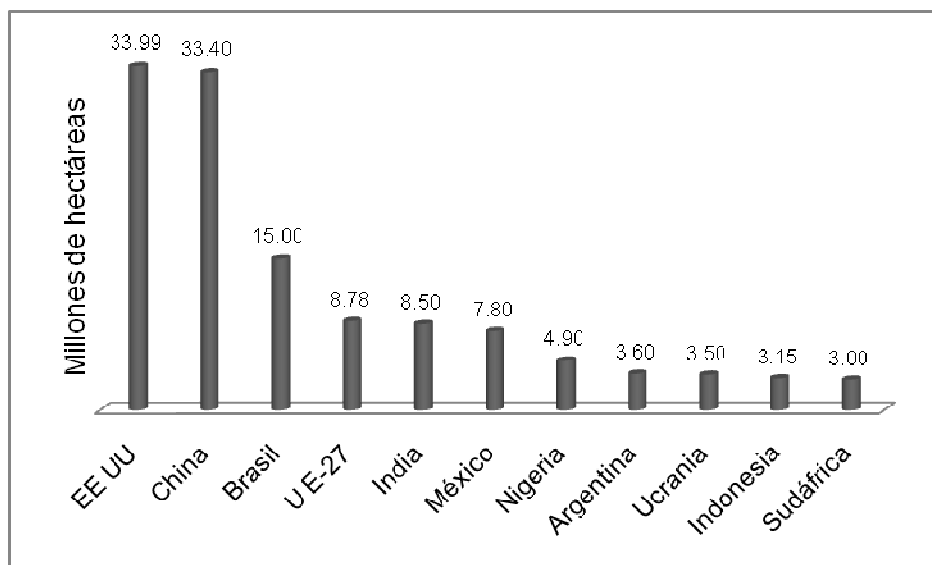


Figura 1. Superficie sembrada de maíz en el 2011 en los principales países del mundo (USDA, 2012).

La producción mundial de maíz en el 2011 fue de 864.11 millones de toneladas; en orden de importancia Estados Unidos contribuyó con el 36.58% y una producción de 316.17 millones de toneladas (Figura 2); siguió China con el 20.51% obteniendo 177.25 millones de toneladas, Brasil (6.65%) con 57.50 millones de toneladas, Unión

Europea (6.47%) con 55.88 millones de toneladas, Argentina (2.60%) con 22.50 millones de toneladas, México (2.52%) con una producción aproximada de 22 millones de toneladas (USDA, 2012).

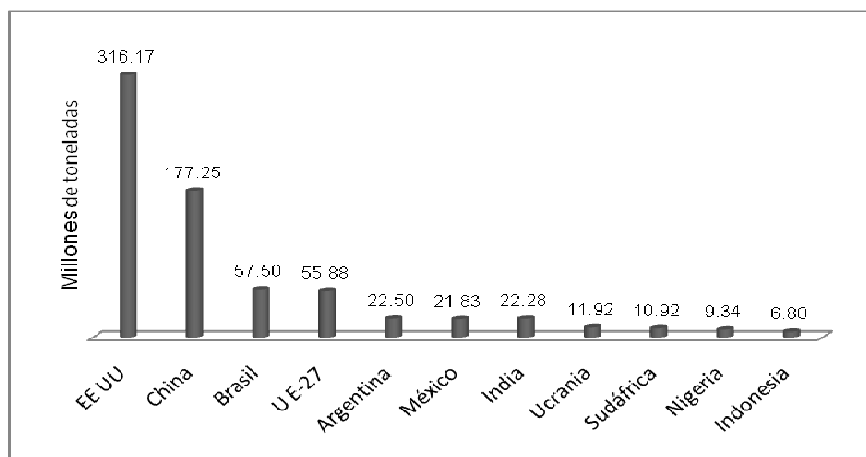


Figura 2. Producción mundial de maíz en el 2011 en los principales países del mundo (USDA, 2012).

En términos de rendimiento por hectárea, Estados Unidos, la Unión Europea, Argentina y China son los países de mayor importancia, ya que son los de mayor rendimiento promedio en la producción mundial de maíz (Figura 3), con valores de 9.24, 7.35, 6.11 y 5.74 t ha⁻¹. México se encuentra por debajo del promedio mundial (5.12t ha⁻¹) con 3.08 t ha⁻¹

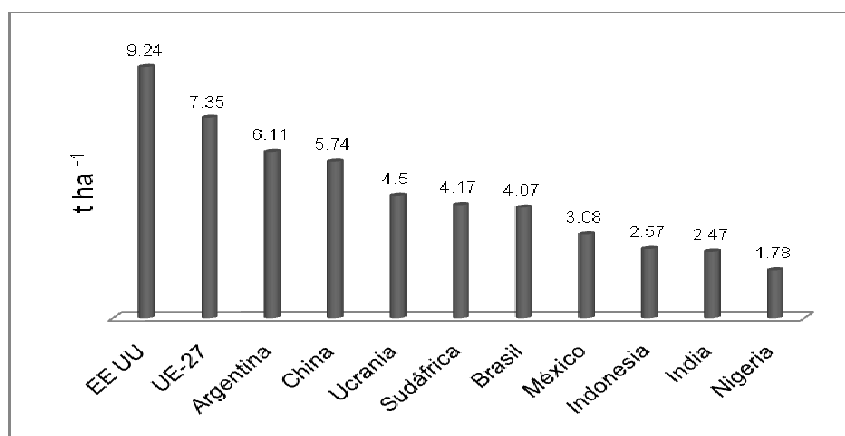


Figura 3. Rendimientos promedio por hectárea de maíz en los principales países en el 2011 (USDA, 2012).

En cuanto a las importaciones mundiales, en el 2011 fueron de 91.64 millones de toneladas; Japón fue el principal importador con alrededor de 16 millones de toneladas representando el 17.07% (Figura 4), Corea del Sur con 8.11 millones (8.85%), México con 8.0 millones de toneladas (8.72%), Egipto y Taiwán ocuparon el cuarto y quinto lugar con 5.40 y 4.20 millones de toneladas (5.89% y 4.58%, respectivamente). A la luz de estas estadísticas mundiales, México figura en el tercer lugar de los países importadores del grano principalmente de maíz amarillo proveniente de los Estados Unidos.

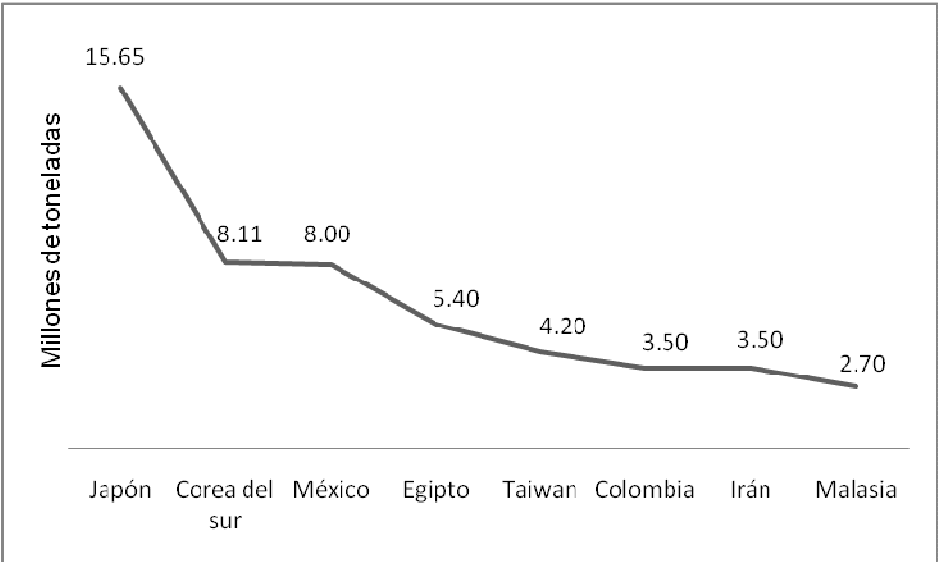


Figura 4. Comportamiento de las importaciones de maíz en los principales países a nivel mundial en el 2011 (USDA, 2012).

2.2 El maíz en México

El maíz es por mucho, el cultivo agrícola más importante de México, el 69% es utilizado en la dieta de los mexicanos, el 20% al sector pecuario como alimento forrajero, 10% como insumo en la agroindustria y 1% a la producción de semillas.

Este grano se produce en dos ciclos productivos: primavera-verano y otoño-invierno, bajo las más diversas condiciones agroclimáticas. México cuenta con una superficie agrícola alrededor de 22 millones de hectáreas (Figura 5), de estas el maíz representa el 35.67%.

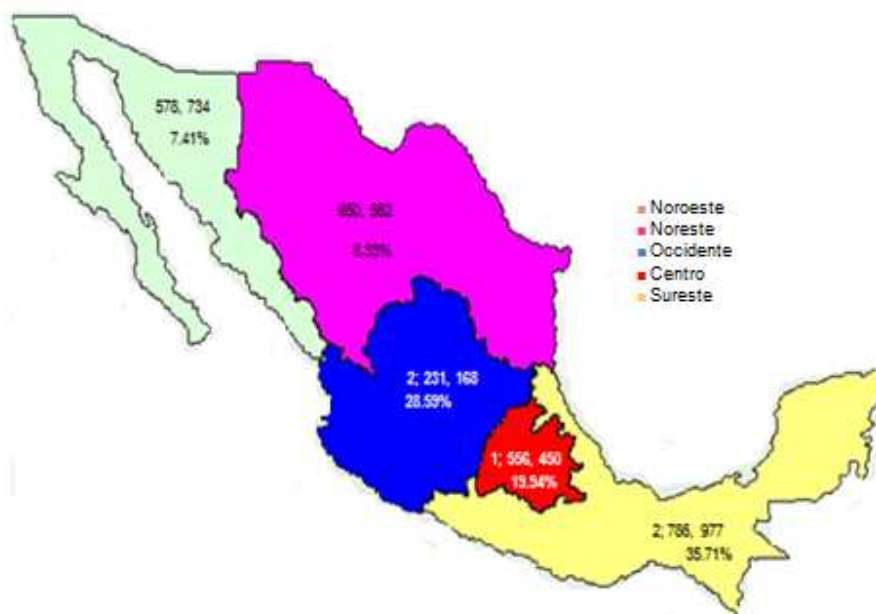


Figura 5. Superficie sembrada de maíz en México por regiones SIAP, (2010).

La producción de este grano está diseminada en todo el territorio nacional; sin embargo, las regiones Centro Occidente y Sureste del país aportaron el 64.3% de la producción total durante el periodo 2009 (SIAP, 2010).

SIAP (2012) reportó 7.4 millones de hectáreas sembradas en México, de estas el 83% son siembras en condiciones de temporal (6.1 millones de has) y el 17% de riego (1.2 millones), con una producción total de 22.1 millones de toneladas, los rendimientos promedio nacional fueron de 7.51 t ha⁻¹ en condiciones de riego y 2.24 t

ha⁻¹ bajo temporal. Los principales estados productores de maíz fueron: Sinaloa con 3.6 millones de toneladas (16.31%) (Figura 6); Jalisco con 3.2 millones de toneladas (14.49%), Michoacán con 1.8 (8.15%), Estado de México produjo 1.6 millones (7.24%), Guerrero entre otros contribuyó con el 5.89%. Otro importante estado en la producción de este grano fue Veracruz, produjo 1.3 millones de toneladas. En conjunto, estas entidades aportaron el 64.34% de la producción total del país en el 2012.

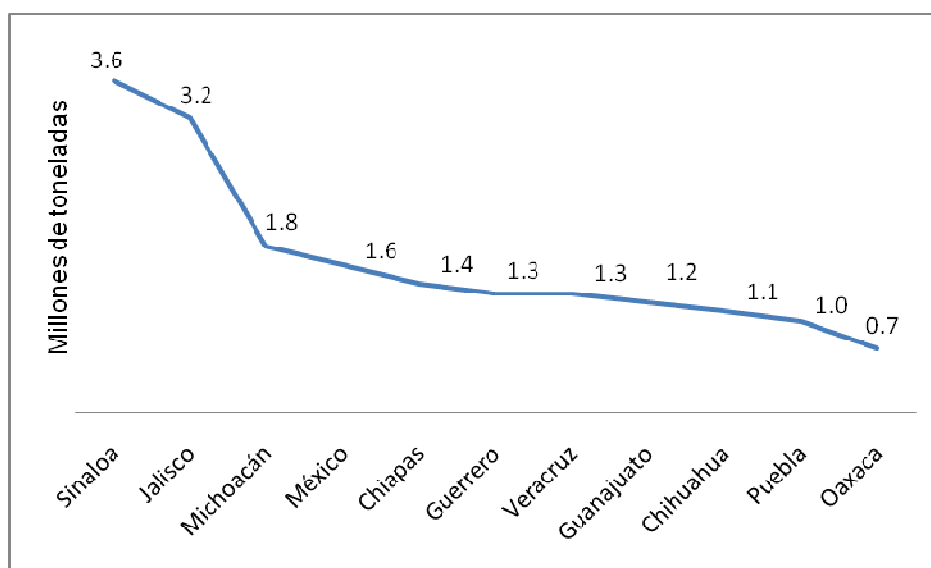


Figura 6. Principales estados productores de maíz en México, (SIAP, 2012).

La mayor superficie sembrada en México es con maíces criollos (5.0 millones de hectáreas), seguido de las variedades mejoradas de polinización abierta e híbridos ocupando 1.5 y 1.0 millones de hectáreas, respectivamente (SIAP-SAGARPA, 2010). En relación al color, el maíz blanco ocupa el 92% destinado principalmente al consumo humano, el maíz amarillo ocupa el 7%, mientras que los maíces de granos de color son los de menor superficie con el 1% de participación.

2.3 Diversidad del maíz en México

El maíz es la forma domesticada de la gramínea silvestre mexicana conocida como teocintle. La agrobiodiversidad del maíz tiene tres componentes principales: la riqueza de la variedad del maíz que se siembra, la riqueza del producto que se cosecha y los procesos que están involucrados en su producción y cosecha. El mercado favorece la riqueza de la biodiversidad, principalmente por el tipo de maíz que se comercializa y por el intercambio que se da entre los agricultores de las semillas que van a utilizar cada ciclo. En este intercambio influyen las características de las semillas y el gusto que tienen los productores por el sabor. Esto son factores importantes para la conservación de diversas semillas o bien su desaparición.

Se estima que existen aproximadamente 400 razas de maíz en todo el mundo (Sánchez *et al.*, 2000), 300 razas se encuentran en América. Las clasificaciones más completas de las razas de maíz de México realizadas hasta fecha son las de Sánchez y Goodman (1992), Sánchez *et al.* (2000b) y Ruiz *et al.* (2008), quienes consideran 51 razas ordenadas en cuatro grupos (complejo cónico, complejo sierra de Chihuahua, Complejo de ocho hileras y maíces dentados tropicales) y algunos subgrupos de acuerdo a la similitud de sus características morfológicas, isoenzimáticas y climáticas de los sitios de colectas. Los resultados de las investigaciones para elaborar dichas clasificaciones apoyaron firmemente las relaciones propuestas por Wellhausen *et al.* (1951), Hernández y Alanís (1970) y Cervantes *et al.* (1978). Asimismo, la clasificación de Sánchez *et al.* (2000b)

permitieron aclarar la situación actual de los grupos raciales que antes eran incompletos o confusos.

En muchas regiones de México los agricultores que cultivan variedades locales o criollas de maíz en forma tradicional, contribuyen a la conservación de la diversidad genética *in situ* del cultivo (Bommer, 1991). Los productores tradicionales mantienen las variedades locales al reproducirlas de una generación a otra (Louette y Smale, 1996) y llegan a formarse nuevos tipos de variedades o híbridos (Hernández, 1972; Dobzhansky, 1982).

La forma cultivada del maíz está representada en México con características especiales de uso y adaptación a las diferentes condiciones ambientales y sistemas de producción (Benz, 1993). Louette (1996) destacó que la diversidad genética del maíz en México se mantiene a través de un proceso dinámico, existiendo miles de variedades de más de 70 razas que se transportan e intercambian constantemente entre localidades y regiones a veces separadas por grandes distancias. Altieri (1993) señaló que la diversidad genética depende del manejo directo que el hombre tiene con respecto a los cultivos, como por ejemplo las prácticas agrícolas desarrolladas por culturas particulares y a las formas de conocimiento complejo que éstas representan.

Por otra parte, tal diversidad y adaptabilidad se relaciona con conocimientos y prácticas de manejo y cultivo por parte de estos agricultores, como la selección de semillas en la cosecha, el flujo de semillas entre agricultores y la asociación de tipos

específicos con ambientes particulares (Pressoir y Berthaud, 2004). El sistema tradicional de uso del maíz es dinámico y se incorporan nuevos tipos mientras que otros se abandonan. Este proceso incluye la incorporación de variedades mejoradas que son sometidas al mismo manejo que las variedades criollas, lo que da lugar a tipos adaptados localmente que los propios agricultores reconocen como “acriollados” y finalmente como criollos (Bellon *et al.*, 2006).

Hellin y Bellon (2007) señalaron que en las prácticas tradicionales de manejo agronómico de las semillas de maíz, el agricultor ha jugado un papel importante en la selección, manejo y almacenamiento de la semilla a través de variables como: rendimiento de grano y caracteres morfológicos. A su vez, los agricultores tienen en ocasiones más de una variedad local del mismo sistema de cultivo, lo que contribuye a un intercambio génico, incrementando las combinaciones genéticas y la diversidad.

Bellon *et al.* (2005) destacaron que los agricultores de subsistencia invierten poco dinero y tiempo en el cultivo. Encontraron en seis poblaciones criollas de maíz de Oaxaca, características importantes como las siguientes: la tolerancia a la sequía, resistencia a insectos, su capacidad para almacenamiento, peso del grano y sabor que dan a las tortillas. Además, encontraron evidencias que la emigración de agricultores con conocimientos agrícolas tradicionales y experiencia resultó una amenaza para la conservación de variedades locales.

Otros autores como Soleri *et al.* (2006) y Perales *et al.* (2005) encontraron que en las variedades criollas de maíz se utilizan menos agroquímicos a diferencia de las

semillas mejoradas e híbridas, ya que gran parte de su rentabilidad se explica por el uso de insumos para la producción. Los productores de maíz que usan variedades criollas son más intensivos en mano de obra y menos intensivos en agroquímicos y maquinaria, situación que prevalece en productores con bajo nivel de insumos.

Desde la perspectiva comercial y con base en un análisis microeconómico, Dyere Yúnez (2003) señalaron que contrariamente a lo esperado por algunos especialistas, el Tratado de Libre Comercio de América de Norte (TLCAN) y la reforma interna agrícola en México, no han frenado la agricultura de subsistencia del maíz. Sus investigaciones comprueban que el cambio en los precios quizá haya ayudado a transformar la agricultura comercial de maíz en agricultura de subsistencia en algunas regiones del país, y gracias a ello, se ha conservado la diversidad local. Por otra parte, Escobar (2006) señaló que la conservación de las variedades de maíces criollos se debe en gran parte a que el maíz blanco tiene más preferencia que otros maíces criollos de colores.

Dyer y Taylor (2008) realizaron un acercamiento teórico combinado con un análisis demográfico, para demostrar el papel del agricultor en la difusión de las semillas de maíz provenientes de sus cosechas y su relación con los procesos tecnológicos, como la apropiación del germoplasma no local. Las variedades locales incluidas en el modelo teórico fueron clasificadas de acuerdo a los lugares donde se colectaron según la Encuesta Nacional a Hogares Rurales de México (ENHRUM). Estos autores encontraron que el reemplazo e intercambio de la semilla a través de los agricultores, pueden dar lugar a la expansión en los usos de algunos tipos de germoplasma

locales o favorecer la extinción de otras. En algunos casos, ello ocurre independientemente de cualquier diferencia visible o ventaja agronómica que exista entre las variedades. Esto es parte de un proceso social complejo, motivado por el deseo de los pequeños agricultores de apropiarse del valor que el cultivo tiene para ellos. En este caso, no necesariamente influye la preservación de semillas locales ya que a veces pueden inclinarse por variedades introducidas.

2.4 El maíz en Nuevo León

Nuevo León ocupa el vigésimo lugar a nivel nacional en la superficie sembrada de maíz, las siembras se realizan con tecnología intermedia y aún son frecuentes las siembras con variedades criollas de polinización abierta como Pinto Amarillo y Liebre, que cuentan con amplia distribución, precocidad y adaptación a sequía entre otras características. En el 2012, Nuevo León reportó una superficie agrícola de 337,735 hectáreas, de las cuales 33,735 fueron para el cultivo de maíz, el 87.7% fueron siembras bajo condiciones de temporal con una producción promedio entre 0.63 a 1.49 t ha⁻¹; el 12.3% se realizaron bajo riego obteniendo rendimientos promedios entre 1.46 a 5.3 t ha⁻¹ (SIAP, 2012). Estos bajos rendimientos se deben a restricciones impuestas por factores ambientales, tales como los bióticos, y los factores físico-químicos del ambiente que determinan el manejo agronómico, lo cual pone en evidencia el problema de competitividad en la producción de este grano. A pesar de lo anterior, se abren escenarios atractivos para este cultivo por lo que se impone la necesidad de aplicar nueva tecnología como el mejoramiento poblacional por selección recurrente e incrementar el nivel de rendimiento y calidad de grano.

En un trabajo realizado por Zavala *et al.* (2010) y financiado por la CONABIO, se detectó la presencia de 75 criollos de maíz en 14 municipios de la región norte del estado, destacando las variedades criollas Pinto Amarillo (29.3%) y Liebre (10.7%); la alta frecuencia de aparición de estos criollos indican una posibilidad de parentesco a pesar de haber sido colectadas en diferentes municipios del estado. Debido a la necesidad de identificar las mejores variedades criollas y a la escases de semilla mejorada, así como en la falta de híbridos locales, surge la necesidad de desarrollar mejores genotipos con mayor grado de adaptación e incrementar el rendimiento de granolo cual puede apoyar la economía de los agricultores y al abasto de semilla.

La producción de maíz se desarrolla principalmente en los valles y llanos del Estado, siendo los municipios del centro y sur de la entidad los que presentan la mayor superficie dedicada a este cultivo (82%; Figura 7); de estas, corresponden 36,750 hectáreas de temporal y 12,250 de riego, Galeana es el de mayor impacto y contribuye con el 42% de siembras en condiciones de temporal y 19.2% de riego.

Los municipios de Mier y Noriega y General Zaragoza ocupan el segundo y tercer lugar con 5,000 y 2,600 ha, respectivamente, contribuyendo con el 13.6% y 7.07% de la superficie.

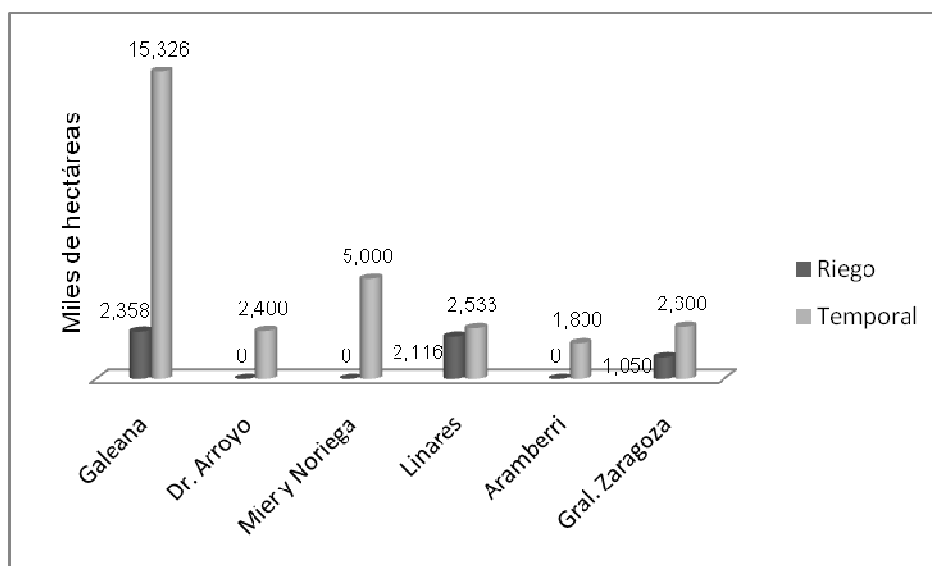


Figura 7. Principales municipios con siembras de maíz del sur de Nuevo León (SIAP, 2012).

En la región norte del Estado de Nuevo León donde se realizaron las colectas, los principales municipios con mayores superficie de siembras de maíz son García, Bustamante, Pesquería y Sabinas Hidalgo con 9,500, 4,950, 295 y 110 ha, respectivamente, el resto de los municipios en el área de estudio como Cadereyta, Mina, Los Ramones, Salinas Victoria, Vallecillo y Villaldama comprenden 131 ha entre ellos. El Estado de Nuevo León produce casi el 1.3% del volumen de los productos cosechados en México y presenta un valor de la producción agrícola promedio anual de 2 mil 956 millones de pesos (SIAP, 2012).

En 1974 se creó el Proyecto de Mejoramiento de Maíz, Frijol y Sorgo para las partes bajas del estado de Nuevo León, cuyos objetivos principales fueron la formación de recursos humanos y el desarrollo de nuevas variedades de estos cultivos con mayor

grado de adaptación para la zona en particular. Específicamente para el cultivo del maíz, la variabilidad genética original se obtuvo de una colecta realizada en las zonas bajas de Nuevo León durante 1975. El trabajo representó la parte más importante para la clasificación de los maíces colectados. Villalobos (1977) evaluó 170 colecciones de maíz de 29 localidades previamente agrupadas en variedades precoces, intermedias y tardías. Considerando como caracteres de alto valor taxonómico al patrón de alargamiento de entrenudos y a las diferentes variables en la mazorca, este autor detectó tres grupos raciales: Tuxpeño, Vandeño y Nal-Tel, así como una influencia relativa de las razas del tipo cónico y cónico norteño.

Cantú (1977) trabajó con el material identificado como **PRECOZ**; las colectas de las partes bajas de N.L., formaron un grupo de 36 maíces criollos. La caracterización de este grupo se realizó en Marín, Nuevo León, donde sobresalió por su rendimiento los materiales Liebre-Terán, Chinaco-Terán, Maíz Ligero del Aire. Además Colectó maícescriollos como Ratón-Hualahuises, Pilingue-Montemorelos y la variedad San Nicolás provenientes de las zonas bajas de Nuevo León. Posteriormente, las colectas de maíces criollos se agruparon en precoces, intermedios y tardíos se evaluaron por Bazaldúa en 1978, Salazar (1979) y Bocanegra (1980). Los criollos sobresalientes fueron: Blanco Anáhuac, Guerito-Raúl B., Grueso Olote Mina, Pinto amarillo Salinas Victoria y Mezcla de genotipos. Así mismo, la FAUANL mejoró, produjo y distribuyó semilla de algunas variedades criollas como: Ranchero, Tampiqueño, Blanco la Purísimay Blanco Hualahuises.

Posteriormente, 31 años después, Zavala *et al.* (2010) recuperaron solo 75 de las 170 colectas realizadas en 1974, por lo que se concluye una erosión genética del 44.1 %de maíces criollos en el Estado.

2.5 Caracterización morfológica

El análisis de la diversidad existente dentro y entre poblaciones se ha establecido evaluando sus diferencias morfológicas. Estas medidas tienen la ventaja de que son fácilmente realizables, no requieren de un equipo sofisticado y son la apreciación más directa de un fenotipo. Sin embargo, el análisis morfológico debe ser realizado por un experto, ya que los componentes están sujetos a cambios debidos a factores ambientales y pueden variar en las diferentes etapas del desarrollo de la planta. El maíz como otras especies, posee adaptaciones morfológicas en respuesta a las condiciones ambientales donde se desarrolla. Tales adaptaciones se manifiestan como modificaciones en la altura de la planta, el número, tamaño y ángulo de las hojas, número de ramificaciones de la espiga, etc., producto de la selección natural (Bolaños y Edmeades, 1993).

Pecina *et al.* (2009) evaluaron 29 poblaciones nativas de Tamaulipas en cuatro grupos clasificados por su origen ecológico: grupo 1: clima cálido subhúmedo; grupo 2: clima semicálido seco; grupo 3: clima cálido húmedo y grupo 4: clima templado seco. Además, estudiaron otros dos grupos integrados por variedades mejoradas: grupo 5, por dos variedades del estado de Tamaulipas, y grupo 6 por cuatro variedades de los Valles Altos Centrales de México. El grupo de poblaciones

correspondientes al grupo 4 de clima templado, presentó un comportamiento fenológico y morfológico similar al grupo 6 de los Valles Altos Centrales de México. Los grupos 1 y 3 de climas cálido subhúmedo y húmedo fueron más tardíos y asincrónicos, tuvieron plantas más altas y con más hojas. Las poblaciones nativas de maíz estudiadas en diferentes ambientes presentaron alta diversidad, lo cual sugiere que en el estado de Tamaulipas, estas poblaciones nativas tienen alto potencial para ser aprovechadas localmente y en otros ambientes.

Harada *et al.* (2009) evaluaron 40 colectas de maíces nativos de Japón de dos localidades, 36 colectados en Shikoku y cuatro en Kysushu, se consideraron 18 características agronómicas incluyendo al rendimiento de grano y caracteres morfológicos de la mazorca; para un análisis de agrupamiento utilizaron el método de Ward. Los resultados mostraron cuatro grupos diferentes con 11, 8, 8 y 13 poblaciones cada uno, en el primer grupo las poblaciones fueron de bajo rendimiento, semilla larga, mazorca cilíndrica y de un ciclo tardío, en el segundo grupo la poblaciones fueron de un ciclo intermedio, mazorca cónica, semilla pequeña y rendimiento intermedio, para el tercer grupo fueron de un ciclo intermedio-largo, mazorca cónica, con un rendimiento alto y semilla pequeña y en el cuarto grupo las poblaciones fueron aquellas con ciclo precoz, mazorca cilíndrica, rendimiento alto y semilla grande.

Otra investigación relacionada con la caracterización de maíces criollos se realizó por Martín *et al.* (2008), quienes evaluaron y caracterizaron 127 colectas de maíz en tres localidades bajo condiciones de temporal en el noroccidente de México; los

criollos se colectaron en los estados de Michoacán, Jalisco, Nayarit y Sinaloa y el objetivo fue evaluar el rendimiento de grano y otras características de importancia agronómica, así como conocer la relación de los maíces nativos con los maíces mejorados. Utilizaron el método de agrupamiento UPGMA el cual les permitió formar tres grupos: el primero con 53 poblaciones con influencia de la raza Tuxpeño, el segundo lo formaron 33 poblaciones de la zona costera de Nayarit predominando la raza Tabloncillo y el tercer grupo se constituyó por 41 poblaciones procedentes de la parte alta de Michoacán con influencia de la raza Mushito. Estos autores concluyeron que las colectas que presentaron en promedio un rendimiento superior y otras características de importancia fueron: M05100 (Tabloncillo perla) y M05021 (Tabloncillo) así como Tabloncillo RC₁, comparables al testigo mejorado (LUG03 x LUG14) el cual fue superado por los criollos precoces cuando se sembraron en condiciones limitantes de humedad. Los maíces utilizados para pozole y elote que presentaron mayores rendimientos de grano fueron: M05002 (ancho), M05089 (elotero occidental), INIFAP41 (elotero Sinaloa) e INIFAP56 (bofo), pero fueron más tardíos, con mayor altura de planta, de baja calidad de grano y mazorca y bajo porcentaje de mazorca por planta, en comparación con los maíces mejorados y los criollos destinados a la producción de grano para tortillas blancas (Martín *et al.*, 2008).

Guillen *et al.* (2010) caracterizaron 40 poblaciones de maíces criollos de la región del Istmo de Tehuantepec, Oaxaca. El objetivo fue caracterizar genéticamente la diversidad de las poblaciones nativas de maíz; el ADN lo extrajeron de los coleóptilos de las plantas de seis días después de la siembra. Se realizó un análisis de

conglomerados utilizando el método de vecindad cercana para la cual se formaron dos grupos: el primero lo integraron 16 poblaciones de maíz nativos con influencia de la raza Zapalote Chico, mientras que el segundo agrupó 24 poblaciones con influencia de las razas Tuxpeño, Vandeño y Tepecintle. Concluyeron que La diferenciación genética de las poblaciones de maíz del Istmo de Tehuantepec representó el 42 y 63% dentro del primer y segundo grupo de los municipios, respectivamente.

2.6 Caracterización molecular

La caracterización molecular se refiere a la identificación de genotipos utilizando técnicas para detectar polimorfismos tanto en proteínas como en ADN. Actualmente estas técnicas permiten identificar marcadores moleculares, con los cuales se reconocen directamente las diferencias genéticas entre individuos.

Para el caso del maíz, existe una gran variabilidad en caracteres morfológicos y moleculares, aunque ciertas poblaciones tienen niveles bajos de diversidad, aparentemente por tratarse de variedades para usos especiales (Sánchez *et al.*, 2000). Estudios más recientes utilizando la técnica de microsatélites, confirman una discrepancia entre la estructura poblacional medida con datos morfológicos y la medida con marcadores moleculares de una misma muestra de maíces, lo cual ha sido explicado como el resultado de un gran flujo génico entre poblaciones, pero también a una fuerte selección divergente utilizando características morfológicas determinadas por parte de los agricultores (Pressoir y Berthaud, 2004).

2.6.1 Marcadores AFLP

La técnica AFLP's se publicó por primera vez por Vos *et al.* (1995) y ha sido ampliamente adoptada debido a su sencillez y a la cantidad de datos obtenidos en un tiempo relativamente corto. La técnica se basa en la combinación de digestión con enzimas de restricción y el uso de PCR para hacer un reconocimiento de múltiples marcadores dentro de una sola muestra. Con los AFLP's se obtienen patrones de bandas en número de 50-100 (Simpson, 2004) por amplificación de un iniciador, lo que facilita los estudios de mapeo y genotipificación, es decir se explota al máximo la tasa de polimorfismo que presenta el organismo en estudio. Los polimorfismos se basan en la presencia o ausencia de los sitios de restricción del ADN genómico, ya que mutaciones puntuales pueden resultar en presencia o ausencia de bandas en el resultado final. El proceso para generar marcadores tipo AFLP se divide en cinco etapas (Vos *et al.*, 1995):

1. Generación de fragmentos de restricción de ADN: el ADN del organismo de interés es digerido con dos enzimas de restricción distintas, una de corte frecuente (que reconoce y corta cuatro bases) y otra de corte menos frecuente (que reconoce y corta seis bases) por ejemplo *MseI* (para cuatro bases) y *EcoRI* (para seis bases).
2. Ligación de adaptadores sintéticos específicos a los fragmentos: a los fragmentos digeridos de ADN se les ligan adaptadores sintéticos de secuencia específica complementaria a los iniciadores a emplear en la preamplificación.

3. Preamplificación la mezcla se somete a una amplificación preliminar por PCR utilizando iniciadores específicos a los sitios de restricción/adaptador, se añade un nucleótido extra, por ejemplo A, de este modo se permite que solo un subgrupo de la mezcla de los fragmentos sea amplificado (aquellos en los cuales la secuencia del sitio de restricción esta seguida directamente por una A).

4. Amplificación selectiva: se lleva a cabo una segunda amplificación utilizando oligonucleótidos iniciadores similares, pero con tres nucleótidos extras (+3) por ejemplo AGG; por lo tanto, solo un subgrupo de la reacción de la amplificación original será sometido a una amplificación subsiguiente durante la segunda ronda de PCR. Uno de los oligonucleótidos iniciadores +3 es marcado con radioactividad o con un fluorocromo que emite longitudes de onda de 700 u 800 nm.

5. Separación de los fragmentos amplificados por electroforesis y análisis de los mismos: los productos de la segunda amplificación se separan mediante electroforesis en un gel de poliacrilamida. Los fragmentos amplificados y separados se detectan por autoradiografía del gel en el caso de utilizar radioactividad, o directamente por computadora cuando se utiliza fluorocromo.

Esta técnica de los AFLP se utilizó por Hartings *et al.* (2008) quienes realizaron un estudio de 54 colectas de poblaciones de maíces nativos en 10 localidades de Italia. Utilizaron marcadores moleculares AFLP los cuales produjeron altas frecuencias de bandas de polimorfismo; extrajeron el ADN de plántulas germinadas de dos semanas de edad, utilizaron el método de UPGMA donde se formaron cuatro grupos y

concluyen que la diversidad genética de las poblaciones fueron altamente adaptadas a condiciones ambientales específicas y locales en base a su origen geográfico, mas no se estableció las relaciones en base a las razas de maíz *per se*. Además de los AFLP's se puede utilizar otras técnicas como la de microsatélites, como es el caso de Liu *et al.* (2009), quienes evaluaron 247 poblaciones de maíces nativos del sureste de China, el propósito era conocer la diversidad genética de cada una de estas poblaciones, las cuales se obtuvieron de las localidades de Sichuan, Guizhou, Yunnan, South Shaanxi, West Hube, West Hunan y Guangxi con 39, 37, 51, 34, 38, 19 y 29 poblaciones, respectivamente.

Para el análisis se colectaron las hojas de 15 plantas las cuales se mezclaron para la extracción de ADN; encontraron alto nivel de la diversidad genética, utilizaron 53 secuencias simples repetidas por microsatélites (SSR). Los resultados indicaron que 599 alelos totales representaron el 11.3 % por locus reportando alto nivel de diversidad genética, indicando una abundante variación genética entre las 247 poblaciones de maíces nativos. Solo 165 poblaciones (66.8%) formaron cuatro grupos diferentes, el primero integrado por las localidades West Hube, West Hunan y Guangxi, el segundo por Sichuan, el tercero formado por Guizhou y Yunnan y el cuarto por South Shaanxi asociados a los factores geográficos de las siete provincias del sur de China. Yunnan, Guizhou y Sichuan obtuvieron el mayor número de alelos por locus y por lo tanto la mayor diversidad genética.

Esta misma técnica de microsatélite se utilizó también por Reif *et al.* (2006) quienes examinaron muestras de 24 razas descritas por Wellhausen (1951). Encontraron un

mayor número total de alelos por locus (7.84) que en estudios previos hechos en Estados Unidos (6.5 alelos/locus; Labate *et al.*, 2003) y Europa (5.9 alelos/locus). Asimismo, la distribución de la diversidad genética presentó un patrón de aislamiento por distancia; esto es, poblaciones más cercanas se parecieron más entre sí que las poblaciones más lejanas (Matsuoka *et al.*, 2002). Aunque el ambiente tiene un papel fundamental en la estructura de la diversidad de los maíces, existen también nuevas evidencias del papel que los agricultores han tenido y siguen teniendo, al generar y mantener esta diversidad (Pressoir y Berthaud, 2004; Perales *et al.*, 2005).

2.7 Mejoramiento genético del maíz

El mejoramiento de las especies se practicó por primera vez cuando el hombre aprendió a seleccionar las mejores plantas; por lo cual la selección se convirtió en el primer método de mejoramiento de los cultivos. Indiscutiblemente, los resultados de los primeros esfuerzos del hombre en la selección de plantas, constituyeron importantes contribuciones para el desarrollo de muchas de las especies cultivadas, independientemente de lo poco consciente que haya estado de sus propios esfuerzos en ese principio. Al descubrir la sexualidad de las plantas, pudo agregar la hibridación a sus técnicas de mejoramiento. Aun cuando la práctica de hibridación ya se efectuaba antes de Mendel, su importancia en la herencia no fue debidamente comprendida hasta la realización de los experimentos de Mendel, que establecieron las bases para comprender el mecanismo de la herencia.

El arte en el mejoramiento de las plantas, depende de la habilidad del fitomejorador para observar en las mismas, diferencias que pueden tener importancia económica. Antes de que los genetistas dispusieran del conocimiento científico con que ahora cuentan, dependían principalmente de su capacidad de juicio para seleccionar tipos superiores. Muchos de los mejoradores fueron muy buenos observadores, reconociendo rápidamente plantas de la misma especie, con variaciones que podían utilizarse como bases para establecer nuevas variedades. Para ellos el mejoramiento fue principalmente un arte. Muchos de los primeros fitomejoradores fueron aficionados agricultores que encontraron plantas fuera de tipo, en el campo o en los viveros. El mejoramiento genético del maíz, es un proceso continuo para el mejoramiento de nuevas variedades de polinización libre como para la formación de híbridos. En todo programa de mejoramiento genético, la selección de germoplasma es una de las decisiones más importantes que se deben considerar.

El mejoramiento de poblaciones de maíz mediante la selección masal y la selección recurrente, ha sido efectivo para incrementar la frecuencia de alelos favorables de importancia económica. Estas poblaciones mejoradas se han utilizado comercialmente como variedades de polinización libre y en híbridos intervarietales, así como fuente de líneas endocriadas (Lonnquist, 1949; Eberhart *et al.*, 1967; Hallauer, 1990).

2.7.1 Selección masal

Este método de selección se lleva a cabo para características fenotípicas fácilmente identificables, generalmente se trata de descartar plantas indeseables como plantas enfermas, acamadas, cloróticas, etc. Se realiza en esta forma sobre variedades criollas que van a usarse en algún programa de mejoramiento genético.

La selección masal es el método de mejoramiento de maíz más antiguo y más simple; es además el menos costoso y el que requiere recursos mínimos. Un cierto tipo de selección masal basado en la selección visual de diferencias fenotípicas entre plantas y mazorcas individuales en los campos de maíz, fue probablemente utilizado por los agricultores durante las primeras etapas de domesticación y evolución del maíz hacia una planta de gran producción de granos. La selección masal fue también bastante usada por los primeros mejoradores de maíz que desarrollaron variedades de maíz de altos rendimientos.

Miranda (1985) sugirió que cuando se trabaje con poblaciones de maíz de base amplia, la selección masal será más efectiva en los primeros ciclos a fin de incrementar el valor de adaptación de la población y mejorar las características agronómicas tales como altura de la planta, resistencia al acame y resistencia a los insectos y enfermedades. La importancia de la selección masal para mejorar rápidamente la adaptación de poblaciones exóticas a un nuevo ambiente se ha demostrado por varios mejoradores tanto en ambientes tropicales como templados.

Los agricultores han practicado siempre la selección; sin embargo, en el maíz, en la selección masal sólo se conoce al progenitor femenino, y sólo se selecciona con base en este individuo; es decir, la unidad de selección es la planta y, en la forma como lo hace o haría el agricultor, se selecciona sólo con base en los valores fenotípicos de las plantas. Por otra parte, prácticamente la selección se hace basándose en la producción de la planta, siguiendo una de las dos siguientes formas:

- a) Seleccionando en el montón de mazorcas en el lote al momento de la cosecha o
- b) posteriormente en la troje. En ambas ocasiones no se conocen las causas de la buena conformación, tamaño o peso de las mazorcas seleccionadas, pudiendo suceder que dichas características favorables se deban más a la influencia ambiental que al patrimonio genético de la planta.

A continuación se describe en detalle la técnica de Gardner (1963) para hacer la Selección Masal; en esencia la metodología de la selección masal (moderna, modificada o estratificada; como se le ha denominado) consiste en dos aspectos o niveles básicos en la selección, que tienden a la eliminación de la influencia de la heterogeneidad del suelo en el lote de selección: a nivel de lote ya nivel de plantas.

Técnica de selección Intrasublote de Gardner, 1963; (según Márquez, 1985)

1. Escoger un lote aislado de otras siembras de maíz, lo más homogéneo posible y de forma cuadrada preferentemente.
2. Sembrar cuatro fajas de 50 surcos cada una, con un compuesto balanceado de 200 mazorcas de la variedad que se desea mejorar.

3. Los surcos de cada faja se siembran con 22 plantas equidistantes entre sí a una distancia que depende de la densidad de población que se use en las siembras regulares. En cada sitio sembrar dos semillas para posteriormente aclarear a una sola planta.
4. Dividir conceptualmente los 50 surcos de cada faja en 10 sublotes de 5 surcos cada uno; habrá por lo tanto, 40 sublotes en todo el lote. Cada sublote, en teoría contendrá por lo tanto 100 plantas.
5. En la cosecha considerar sólo plantas con competencia completa, es decir, deben tener vecinas inmediatas sobre el surco a uno y otro lado. Cosechar antes las plantas que no reúnan esta condición a fin de evitar errores. Considerar también la producción total por planta (una o más mazorcas).
6. Cosechar cada sublote por separado; dentro de cada sublote seleccionar las mejores plantas, sea por su rendimiento de grano total (selección por rendimiento) o por el número de mazorcas por planta (selección por prolificidad). Si se usa $p = 5\%$, entonces se seleccionan 5 plantas por sublote.
7. Tomar una mazorca de cada una de las plantas seleccionadas; como se tienen 40 sublotes en todo el lote y 5 plantas seleccionadas por sublote, se tendrán $40 \times 5 = 200$ mazorcas de otras tantas plantas seleccionadas. Hacer un compuesto balanceado con estas 200 mazorcas el cual constituye la población mejorada de primer ciclo, o bien puede usarse como población para iniciar el segundo ciclo de selección.

2.7.2 Selección familiar

El mejoramiento de poblaciones mediante selección familiar puede ser inter o intrapoblacional. La selección intrapoblacional involucra el mejoramiento de una población y los métodos más comunes para hacerlo son la familiar en cualquiera de sus variantes: medios hermanos paternos o maternos, hermanos completos y de autohermanos (líneas S_1 ó S_2), (Márquez, 1985) Teóricamente, en la selección familiar un ciclo completo consta de tres etapas generales: a) obtención de las familias, b) prueba y selección de familias, c) recombinación genética con semilla remanente de familias seleccionadas, según sea el tipo de familia. En cada etapa se harán las técnicas de campo particulares y un ciclo completo tomará un número variable de años. El método de hermanos completos es más eficiente que el masal y que el de medios hermanos debido a que permite un mejor control parental, por lo que la respuesta a la selección es de mayor magnitud (Márquez, 1985; Hallauer y Miranda, 1988); sin embargo, tiene la desventaja de ser más caro que los otros, pues es indispensable formar las familias utilizando polinización manual controlada.

La técnica de polinización llamada cruza en cadena (CC), en la cual una planta poliniza a otra, ésta poliniza a una tercera, ésta a una cuarta, y así sucesivamente, hasta que la última poliniza a la primera; en este caso se tienen "n" cruza, tantas como plantas. En la práctica es más difícil el sistema de cruza planta a planta (PaP) aunque en éste se pueden tener problemas de apareamiento clasificado; sin embargo, con las cruza en cadena no se generan exclusivamente familias de

hermanos completos (HC) como cada planta participa en dos cruzamientos, en uno como macho y en otro como hembra.

Técnicas de campo utilizando familias de hermanos completos (HC) utilizado en la presente investigación.

Ciclo agrícola 1:

Obtención de familias: Hacer 200 cruzas de PaP utilizando 400 plantas con características agronómicas deseables como resistencia a enfermedades, al acame de raíz y tallo, de ser posible hacer cruzas directas y recíprocas para tener suficiente semilla para utilizar una parte para ensayo de rendimiento y otra de reserva.

Ciclo agrícola 2:

Evaluación de las 200 familias formadas en un ensayo de rendimiento, familia por surco, seleccionar las mejores familias aplicando una $P=20\%$.

Ciclo agrícola 3:

Hacer un compuesto balanceado con semilla remanente de las 40 mejores familias seleccionadas, 40 (25 semillas)=1,000 semillas/las 40 familias, sembrar el compuesto y hacer 200 cruzas P a P para generar otras tantas familias de HC e iniciar el siguiente ciclo.

El método de selección familiar de hermanos completos ha sido efectivo para incrementar el rendimiento de grano (Moll *et al.*, 1978; Pandey *et al.*, 1987; Stromberg y Compton, 1989); para reducir la altura de planta (Johnson *et al.*, 1986, Pandey *et al.*, 1987) e incrementarla resistencia al acame (Stromberg y Compton, 1989); además, al utilizar plantas prolíficas se pueden formar las familias y

simultáneamente obtener líneas S₁ de las plantas seleccionadas con propósitos de hibridación (Hoegemeyer y Hallauer, 1976).

Coutiño *et al.* (2008) realizaron tres ciclos de selección recurrente de familias de hermanos completos en forma simultánea en las poblaciones V-424, V-534 y V-526 de ciclos precoz, intermedio y tardío, respectivamente, provenientes de 17 ciclos de selección recurrente de la población Tuxpeño. El objetivo fue incrementar el rendimiento de grano, y a la vez mantener el fenotipo y madurez de cada población. Las siembras fueron de riego en 2006 y temporal 2005. Entre las variedades precoces sobresalió la variedad V-424 Coita C₃ con un incremento de 0.474 t ha⁻¹ que representó el 9% sobre la población original y un mayor índice de cosecha (0.461) que la población original (0.411). En las variedades intermedias, la más sobresaliente fue V-534 Coita C₃ la cual rindió 0.823 t ha⁻¹ y representó el 15.7% más que la población original. De las variedades experimentales tardías, sobresalió V-526 Villaflores C₃, con una ganancia de 0.713 t ha⁻¹ o un 12.6% sobre la variedad original. En las tres variedades sobresalientes, en el tercer ciclo de selección, la floración y altura de planta se mantuvieron similares a las poblaciones originales.

Pixley *et al.* (2006) compararon 12 variedades experimentales de maíz obtenidas de la población Pool 9A en 13 ambientes en África, el método de selección recurrente fue el de hermanos completos, y con este mismo método combinado con líneas S₁ a S₃ lograron mejorar la resistencia al virus del rayado del maíz (Maize streak virus), sin reducir el rendimiento de grano.

2.7.3 Formación de líneas endogámicas

Cuando se usa el método de autofecundación para obtener líneas homocigóticas, el método clásico requiere generalmente de hacer 10 o más autofecundaciones (en algunos casos se ha llegado hasta 20). En otros casos y particularmente debido a la urgencia de producir híbridos en un plazo relativamente corto, se han usado también líneas de una sola autofecundación llamadas S_1 . Estos dos extremos parecen un tanto indeseables; en el primer caso, o sea cuando se hace la autofecundación durante muchas generaciones, se requiere mucho tiempo y generalmente se pierde mucho vigor en las líneas homocigóticas. Por otro lado, cuando se utilizan líneas de una sola autofecundación (S_1), como es el caso del híbrido H-1 producido para la altiplanicie de México y de otras obtenidas para el Bajío, se corre el riesgo de perder las líneas básicas, puesto que éstas no son en realidad líneas, sino plantas que todavía segregan intensamente y también tiene que saberse de antemano que el híbrido será considerablemente variable debido a esta misma segregación.

La selección individual es uno de los métodos más utilizados para formar líneas endogámicas y consiste en seleccionar en el campo en una población de plantas, aquellos individuos que fenotípicamente se manifiestan sobresalientes a los restantes; éstos se marcan y se cosecha su semilla individualmente, se coloca en una bolsa y se etiqueta asignándole una tarjeta con todas las características de campo y los atributos de la semilla, tales como color, peso, etc.

En el ciclo agrícola siguiente, la semilla de cada individuo o planta se siembra también individualmente en una parcela y se practica otra vez la selección entre parcelas y dentro de ellas, repitiendo el proceso de selección de plantas anteriormente descrito. La progenie de cada planta individual será una familia, por lo cual también se suele llamar selección entre familias y dentro de familias. Al repetir el proceso por varios ciclos agrícolas y con los registros adecuados, es posible conocer la genealogía de una familia, de su ascendencia, de sus ancestros o de alguna planta individual originalmente seleccionada (Robles, 1975).

La evaluación y selección de líneas es la etapa de mayor relevancia en el proceso de mejoramiento, ya que además de identificar las mejores líneas, también es importante que las líneas se evalúen en diferentes localidades para seleccionar los genotipos con mayor estabilidad (Coutiño y Vidal, 2003).

2.7.4 Diseños genéticos

El mejoramiento genético del maíz es una herramienta que permite la formación de híbridos y variedades para uso comercial. En el mejoramiento de plantas es importante el conocimiento relativo al componente genético de los materiales usados como progenitores (Gutiérrez *et al.*, 2004); conocer la acción génica que controla los caracteres de interés económico es básico para la planeación de un programa de mejoramiento genético. Mediante la aptitud combinatoria de los progenitores, el mejorador logra mayor eficiencia en su programa de mejoramiento, pues le permite seleccionar progenitores con un comportamiento promedio aceptable en una serie de

cruzamientos e identificar combinaciones específicas con un comportamiento superior a lo esperado, con base en el promedio de los progenitores que intervienen en el cruzamiento.

Los cruzamientos dialélicos se utilizan para estimar los efectos genéticos de las poblaciones y la información analizada críticamente es valiosa para definir patrones heteróticos, los cuales constituyen una fuente de germoplasma para la generación de líneas élite de suma utilidad en un programa de mejoramiento dinámico. En todo programa de mejoramiento genético, la elección de germoplasma es una de las decisiones más importantes que el mejorador debe tomar, ya que puede ser determinante en el éxito del programa. El mejoramiento del maíz incluye dos componentes de igual importancia: la elección del germoplasma y el desarrollo de líneas para su uso en híbridos.

El diseño de cruzamiento dialélico ha sido usado más que cualquier otro tipo de diseño de apareamiento para evaluar el potencial genético entre poblaciones de maíz. La teoría para la estimación de varianza genética y efectos genéticos usando este tipo de diseños fue propuesta por Griffing (1956). Sin embargo, Gardner-Eberhart (1966) recomendaron el uso de cruza varietales en un dialélico para un mejor entendimiento de las cruza dialélicas entre variedades de polinización libre de maíz. El método de cruza dialélicas permite estimar la Aptitud Combinatoria General (ACG) y Aptitud Combinatoria Específica (ACE) y se considera eficaz para detectar fuentes de germoplasma útiles para el mejoramiento genético del maíz. El apareamiento de cruzamientos dialélicos es útil para la evaluación de componentes

genéticos en la variación del rendimiento de los progenitores y para calcular la capacidad productiva de sus cruzas.

La ACG se determina con el desempeño promedio de una línea en sus combinaciones híbridas, mientras que la ACE separa las combinaciones híbridas específicas que resulten mejor o peor de lo que se esperaría en relación con la media de la ACG de las dos líneas progenitoras.

Con relación al origen genético de la aptitud combinatoria general (ACG) de las líneas, se considera que está determinada por la varianza genética aditiva de la población base y de manera mas precisa por el efecto medio de sustitución en la varianza genética total para el carácter en cuestión, en tanto que la aptitud combinatoria específica (ACE) está dada por la varianza no aditiva, esto es, la varianza debido a la dominancia y la epistasis (Falconer, 1981; Poehlman y Allen, 2003). Griffing (1956) propuso cuatro métodos para el análisis dialélico los cuales son de uso frecuente para estimar los efectos de ACG y ACE, así como para el estudio genético de poblaciones biológicas y la comprensión de la acción génica en caracteres cuantitativos de importancia agrícola; asimismo, suministra al fitomejorador, las herramientas necesarias para la adecuada aplicación de los planes de mejoramiento a emplear (Hallauer y Miranda, 1981).

En México, varios fitomejoradores han utilizado algunos de los diseños dialélicos de Griffing, como son los casos de Coutiño *et al.* (2010) quienes utilizaron el Diseño 2, de seis progenitores que evaluaron, el progenitor 6 (0.781) y 4 (0.381) presentaron

mayores efectos de ACG; De la Cruz *et al.* (2009) de ocho poblaciones sobresalieron la población 43 con 272.51 y la 23 con 224.53 presentando mayores efectos de ACG, Dzib *et al.* (2011) evaluaron cinco poblaciones nativas, de las cuales presentaron mayores efectos de ACG la población VS-536 (0.21), Nalxoy blanco (0.18) y Nalxoy amarillo (0.10); De la Rosa *et al.* (2006) utilizaron el método IV en 13 híbridos, encontraron que los híbridos PP9539, AN447 y ASP910 fueron de mayores valores de ACG con 1.117, 0.68 y 0.52, respectivamente, estos investigadores encontraron mayores efectos de la ACG en la manifestación de los caracteres que estudiaron para rendimiento de grano.

En algunos casos, el cruzamiento recíproco para detectar efectos maternos ha mostrado ser un factor relevante y de cierta consistencia, por lo que puede tener implicaciones en el mejoramiento genético del maíz; la expresión de estos efectos está fuertemente influenciado por la diversidad genética de los progenitores.

Guillen de la Cruz *et al.* (2009) evaluaron ocho poblaciones tropicales de maíz, las cuales cruzaron en un sistema dialélico. Las poblaciones y sus 28 cruzas se evaluaron para rendimiento de grano en dos fechas de siembra. El objetivo fue estimar los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) de las poblaciones y la aptitud combinatoria específica (ACE) de las cruzas. Las poblaciones fueron: Pob 21, Pob 22, Pob 23, Pob 25, Pob 32, Pob 43, Pob 49 y la variedad comercial VS-536. Para estimar los efectos de ACG y ACE se empleó el diseño 2 de efectos aleatorios del dialélico de Griffing, el análisis dialélico indicó diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$ y $P \leq 0.05$) en las fuentes de variación de: fechas de siembra (FS), cruzas (C), ACG e

interacciones FS×C y FS×ACE. Los mayores efectos significativos en ACG ($P \leq 0.01$) lo tuvieron las poblaciones 23 y 43, en tanto que para ACE, las cruzas VS 536×Pob 32, Pob22×Pob43, Pob25×Pob49 y Pob43×Pob49 mostraron los mayores efectos. Se encontraron efectos positivos de heterosis con respecto al progenitor superior sobresaliendo las cruzas Pob25×Pob49, Pob43×Pob49 y Pob22×Pob43. De acuerdo con los resultados las poblaciones 23 y 43 tienen potencial para usarse en un programa de mejoramiento genético.

De la Rosa *et al.* (2006) realizaron un estudio cuyo objetivo fue identificar híbridos comerciales con alto valor genético e identificar pares heteróticos y diversidad genética entre híbridos; los experimentos se establecieron en dos localidades de Celaya, Guanajuato, el tercero en Nuevo León; evaluaron 13 híbridos de maíz comerciales con adaptación al Bajío y sus 78 cruzas posibles provenientes de un dialélico, se estimaron los efectos genéticos para rendimiento de grano, altura de planta, contenido de humedad de grano y días a floración, utilizaron un análisis de conglomerado por el método de UPGMA. Encontraron que los mayores efectos de ACG para rendimiento de grano fueron: PP9539 (1.17), AN447 (0.68) y ASP910 (0.52). Las cruzas entre híbridos que presentaron mayor heterosis fueron: PP9603 x PP9539, PP9539xAN453 y PP9539xAN447, con 13.9, 12.8 y 11.1%, respectivamente. Los híbridos que se relacionaron mas genéticamente entre sí fueron: AN450 y AS910; el híbrido que presentó mayor diversidad en comparación con los demás fue PP9539. La agrupación de los híbridos por distancias genéticas evidenció que la mayoría de los híbridos se agruparon de acuerdo a la compañía semillera que los produjo.

Ávila *et al.* (2009) determinaron el tipo de acción génica involucrada y la influencia de los efectos recíprocos en el rendimiento y características agronómicas de una cruz dialélica (directas y recíprocas) de ocho líneas endogámicas de maíz de Valles Altos del centro de México. Se evaluaron ocho líneas y 56 híbridos simples en dos fechas de siembra; para determinar los efectos de ACG, ACE y efectos recíprocos, se utilizó el método I de Griffing. Los resultados mostraron diferencias entre genotipos y en los efectos de ACG y ACE para la mayoría de los caracteres evaluados. Los efectos genéticos no aditivos fueron de mayor importancia en rendimiento de grano, días a floración masculina y longitud de mazorca, en tanto que los efectos aditivos fueron de mayor relevancia en altura de planta. Las líneas 1, 2 y 4 presentaron efectos positivos de ACG en rendimiento. La línea 4 junto con la 3, 6 y 7 mostraron promedios altos en las características agronómicas estudiadas. Entre los híbridos de alto rendimiento, las cruzas 8x4, 4x1 y 2x4 mostraron efectos positivos de ACE; además, el último genotipo mostró la menor altura de planta. Los efectos recíprocos fueron significativos para altura de planta y longitud de mazorca; no obstante, mostraron menores efectos que los de la ACG y ACE.

Dzib *et al.* (2011) estimaron la ACG y ACE de dos dialelos formados cada uno con cinco poblaciones nativas de maíz en Yucatán. El primer dialelo incluyó poblaciones precoces: Nalxoy Blanco, Nalxoy Amarillo, Xmehen-nal de Yaxcabá, V-533 y VS-536. El segundo incluyó maíces tardíos y precoces: Dzit-Bacal de Kantunil, Dzit-Bacal de Presumida, Dzit-Bacal de Bulukax, V-533 y VS-536. Los datos se analizaron con el diseño 2 de Griffing. Para la variable rendimiento de grano, en las poblaciones precoces, la ACG explicó 86% de la variación y la ACE 14%. Las

poblaciones VS-536, Nalxoy Blanco y Nalxoy Amarillo presentaron ACG de 0.21, 0.18 y 0.10, respectivamente. Con base en la ACE la mejor cruza fue Nalxoy Blanco x VS-536 (0.27). Para rendimiento de grano en el grupo de poblaciones tardías y precoces, la ACG contribuyó con 78% de la variación y ACE con 22%. El mejor progenitor fue Dzit-Bacal de Bulukax (ACG = 0.21) y las mejores cruzas Dzit-Bacal de Bulukax x VS-536 (ACE = 0.54) y Dzit-Bacal de Kantunil x VS-536 (ACE = 0.10). Los materiales más rendidores fueron combinaciones de poblaciones nativas x variedades mejoradas, propuestos como base para programas de mejoramiento.

Los mejores progenitores en las poblaciones de maíces precoces de acuerdo con su ACG en rendimiento de grano, fueron las poblaciones VS-536, Nalxoy Blanco y Nalxoy Amarillo, y en los maíces tardíos fue Dzit-Bacal de Bulukax, por lo que es posible su mejoramiento por selección. Las poblaciones nativas Nalxoy Amarillo, Nalxoy Blanco, Dzit-Bacal de Bulukax y Dzit-Bacal de Kantunil, al cruzarlas con el maíz mejorado VS-536 mostraron un ligero incremento del rendimiento de grano, disminuyó la altura de la planta y la longitud del ciclo haciéndolas más precoces; además, mantuvieron la dureza de grano de las poblaciones nativas, lo que es favorable para su mejoramiento genético. Por tanto, las combinaciones de poblaciones nativas mejoradas son un material base prometedor para el mejoramiento participativo de maíz para el sistema milpa en la Península de Yucatán.

2.8 Índices de selección

La selección es la esencia dentro del proceso de mejoramiento genético vegetal y consiste en la reproducción diferencial de genotipos en base a una apreciación de rasgos fenotípicos. El aspecto más importante de la selección artificial, consiste en escoger de un grupo de individuos, aquellos a los cuales se les permitirá reproducirse. Así también, la selección se basa en entidades medibles, ya sean individuos o familias y puede ser hecha directa o indirectamente.

Una de las principales responsabilidades del fitomejorador vegetal, señala Xu (2003), es seleccionar las mejores plantas, aunque el criterio de lo que es mejor dependa de lo que se desea mejorar; y generalmente significa la mejor calidad genética. En la actualidad existen varios métodos para el mejoramiento genético simultáneo de varios caracteres, y los tres de mayor importancia son: selección en tándem, selección simultánea de caracteres independientes e índice de selección. Los índices de selección permiten separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres. Cada método tiene una eficiencia diferente y el que proporcione la ganancia genética máxima por unidad de tiempo y esfuerzo se conociera el mejor (Hazel y Lush, 1942; Baker, 1996; Henning y Teuber, 1996).

Falconer (1981) mencionó que se ha demostrado el hecho de que el mejoramiento genético más rápido se espera cuando la selección se aplica simultáneamente a varios caracteres, dando a cada uno de ellos su respectiva ponderación de acuerdo a

la importancia económica relativa, la heredabilidad y las correlaciones genotípicas y fenotípicas que existen entre los diferentes caracteres.

Hazel (1942) dio a conocer las bases genéticas para el uso y construcción de los índices de selección que permiten obtener el máximo avance genético; encontró que la mejor oportunidad de ganancia genética mediante la selección simultánea de varios caracteres dentro de un grupo de individuos, es asegurando una correlación lo más grande posible entre el valor genotípico agregado y el índice de selección.

Robinson *et al.* (1951) y Singh y Chaudary (1979) hicieron una clara y objetiva descripción sobre la construcción de los índices de selección; utilizaron varianzas y covarianzas genotípicas y fenotípicas para la construcción de índices de selección en maíz. Hicieron notar que el rendimiento de grano es un carácter muy complejo e influenciado altamente por el medio ambiente; por lo que aquellos caracteres que estén correlacionados con el rendimiento, de alta heredabilidad y debidamente ponderados, pueden servir como buenos indicadores de potencialidad genética del rendimiento de las progenies.

Mohammadi *et al.* (2003) mencionaron que el conocimiento de las interrelaciones entre el rendimiento y los caracteres considerados como componentes de rendimiento podría mejorar la eficiencia de los programas de mejoramiento a través del uso apropiado de los índices de selección. Así, Smith (1936) fue quien sugirió el empleo del concepto de una función discriminante como una forma lógica y sistemática en la selección de líneas para mejorar simultáneamente varias

características cuantitativas, y el objetivo principal del índice de selección es maximizar el promedio del valor genético de una población. La respuesta a la selección podría ser más eficiente si se consideran simultáneamente caracteres con alta heredabilidad y positivamente correlacionados con el rendimiento de grano (Bujak *et al.*, 2007).

Montes *et al.* (2008), y Vergara e Iriarte (2002) mencionaron que el índice de selección se puede estimar de acuerdo con los objetivos de cada sistema de producción. Para ello se debe considerar que cada índice es particular para cada sistema, ya que este va a depender de los parámetros genéticos (heredabilidad y correlaciones), sistema de producción, comercialización y la importancia económica relativa que se le dé a cada carácter.

Muhammad y Syed (2010) compararon índices de selección por Smith (1936) y Hazel (1942), índice de ganancia esperada e índices base para mejorar una población de maíz dulce mediante la selección de familias S_1 , concluyeron que el mejor índice fue el de Smith-Hazel cuando se combinaron variables relacionados con el rendimiento de grano con altura de planta, floración masculina, longitud de mazorca, diámetro de mazorca, número de granos por hilera e hileras por mazorca.

Tucuch *et al.* (2011) estimaron índices de selección de acuerdo con los principios establecidos por Smith (1936) y Hazel (1943) en 28 cruza directas producto de un diseño de cruza dialélicas de ocho líneas de maíz con alta calidad proteínica, las variables evaluadas fueron: altura de planta, altura de mazorca, rendimiento de

forraje verde y seco. Encontraron que los índices de selección más eficientes fueron los que consideraron relación de rendimiento de forraje verde con altura de planta y altura de mazorca, así mismo presentaron mayor ganancia genética que presentaron altas correlaciones genéticas como altura de planta y mazorca en el rendimiento de forraje verde.

3.0 MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 Caracterización morfológica y molecular

Para cubrir el primer objetivo se hizo la caracterización morfológica y molecular de 30 poblaciones criollas de maíz de las cuales 22 fueron de Pinto Amarillo y ocho de Liebre (Cuadro 1); esto se hizo con la finalidad de conocer las similitudes y diferencias entre ellas e identificar grupos comunes que permitan un mejoramiento genético más eficiente.

Cuadro 1. Poblaciones de maíces criollos de Pinto Amarillo y Liebre del estado de Nuevo León. Primavera 2010.

Población	Raza	Municipio de colecta	Población	Raza	Municipio de colecta
1. Pinto Amarillo 1	Ratón x Tuxpeño	Villaldama	18. Pinto Amarillo 46	Ratón	García
2. Pinto Amarillo 11	Ratón x Tuxpeño	Pesquería	19. Pinto Amarillo 48	Tuxp. N. x Ratón	Mina
3. Pinto Amarillo 12	No Identificada	Hidalgo	20. Pinto Amarillo 50	Ratón	China
4. Pinto Amarillo 13	Ratón	Mina	21. Pinto Amarillo 70	Tuxpeño	Dr. González
5. Pinto Amarillo 14	Ratón	Salinas V.	22. Pinto Amarillo 71	Tuxpeño	Paras
6. Pinto Amarillo 15	Tuxpeño x Ratón	Villaldama			
7. Pinto Amarillo 16	Ratón x Tuxpeño	Bustamante			
8. Pinto Amarillo 17	Ratón	Bustamante	1. Liebre 10	Ratón	Pesquería
9. Pinto Amarillo 18	Ratón	Villaldama	2. Liebre 19	Ratón (Olotillo)	Los Ramones
10. Pinto Amarillo 21	Tuxpeño x Ratón	Pesquería	3. Liebre 23	Ratón (Olotillo)	Pesquería
11. Pinto Amarillo 24	Ratón x Tuxp. Norteño	Los Ramones	4. Liebre 35	Ratón (Olotillo)	Pesquería
12. Pinto Amarillo 26	Ratón x Tuxp Norteño	Los Ramones	5. Liebre 37	Ratón (Olotillo)	Los Ramones
13. Pinto Amarillo 30	Tuxpeño x Ratón	Cerralvo	6. Liebre 60	Tuxpeño x Ratón	Cadereyta
14. Pinto Amarillo 42	Ratón	Zuazua	7. Liebre 61	Ratón x Tuxpeño	Cadereyta
15. Pinto Amarillo 43	Ratón	Vallecillo	8. Liebre 63	Ratón x Tuxpeño	Cadereyta
16. Pinto Amarillo 44	Tuxpeño	Vallecillo			
17. Pinto Amarillo 45	Tuxpeño x Ratón	Vallecillo			

3.1.1. Caracterización morfológica

Para la caracterización morfológica se estableció un experimento de bloques completos al azar con cuatro repeticiones. Las parcelas fueron de cinco surcos de 5 m de longitud a una distancia entre surcos de 0.80 m y cinco plantas por metro lineal.

En esta caracterización se midieron las siguientes variables: 1. Altura de planta (AP cm), medida desde la base de la planta a la punta de la espiga. 2. Altura de mazorca (AM cm), medida desde la base de la planta a la base de la mazorca. 3. Días a floración masculina (FM días), se considero cuando más del 50 % de las plantas de la parcela estuvieran soltando polen en más del 50 % de la espiga. 4. Días a floración femenina (FF días), se registró cuando más del 50 % de las plantas de la parcela estuvieran con los estigmas receptivos. 5. Longitud de la mazorca (LM cm), se midió con una regla graduada en cm, desde la base a la punta de la mazorca; el tamaño de muestra fue de cinco mazorcas por parcela. 6. Diámetro de la mazorca (DM cm), se midió con un vernier graduado en cm, se colocó en la parte media de la mazorca y se obtuvo el dato de cinco mazorcas. Se calculó el promedio en cm y se registro el dato por parcela. 7. Número de hileras de la mazorca (HM), se estimó contando las hileras de una muestra de de cinco mazorcas da cada parcela; el dato se promedio y se registro como el dato promedio por mazorca.

Se construyó una matriz promediando con los datos agronómicos de las cuatro repeticiones de las siete características agronómicas para generar el dendograma por medio del análisis de conglomerados; en eje de las (X) se representaron las

distancias de ligamientos eucladiana y en el eje de la (Y) representaron las poblaciones criollas. Se utilizó método de UPGMA (media métrica no ponderada) para calcular las distancias y generar los grupos lo más compactos y homogéneos y así diferenciar los grupos morfológica y molecularmente dentro de las poblaciones. Estos grupos permitieron observar la tendencia de agrupamiento de las poblaciones de Pinto Amarillo y Liebre. El método UPGMA relaciona las poblaciones para encontrar grupos más cercanos basado en la matriz de distancias eucladianas, calcula una matriz de distancia y repite el proceso hasta que todas las poblaciones estén conectadas a un único grupo. Esta estrategia computa la distancia promedio para formar un agrupamiento (i j). Este proceso usa las distancias de todos los pares de las poblaciones en el dendograma (ni, nj), las distancias entre el grupo (i j) y otro dendograma H es obtenido por:

$$D(ij)H = \frac{\sum_i \sum_k D_{ik}}{N(K)N(H)}$$

Donde: D_{ik} = es la distancia entre las poblaciones en el dendograma (i j) y poblaciones en el dendograma H.

$N(K) N(H)$ = es el número de datos en el dendograma (i j) y H, respectivamente.

Los parámetros utilizados por la fórmula combinatoria son: $\alpha_i = \alpha_j = -0.5$ (Everitt, 1980; Lance y Williams, 1967).

El procedimiento para generar los dendogramas fue el siguiente: Se utilizó el programa Statistic (versión 6.0), el primer paso consistió en construir la matriz acumulativa con la base de datos en donde las columnas fueron las poblaciones y las hileras los datos agronómicos de las siete características; posteriormente en la

función “statistics” se seleccionó “multivariate exploratory technique” para realizar el dendograma, se indicó en la pestaña “clusters analysis” para visualizar la ventana donde aparece varias pestañas, en esta ventana se seleccionaron todas las variables agronómicas tal y como se muestra en la Figura 8.

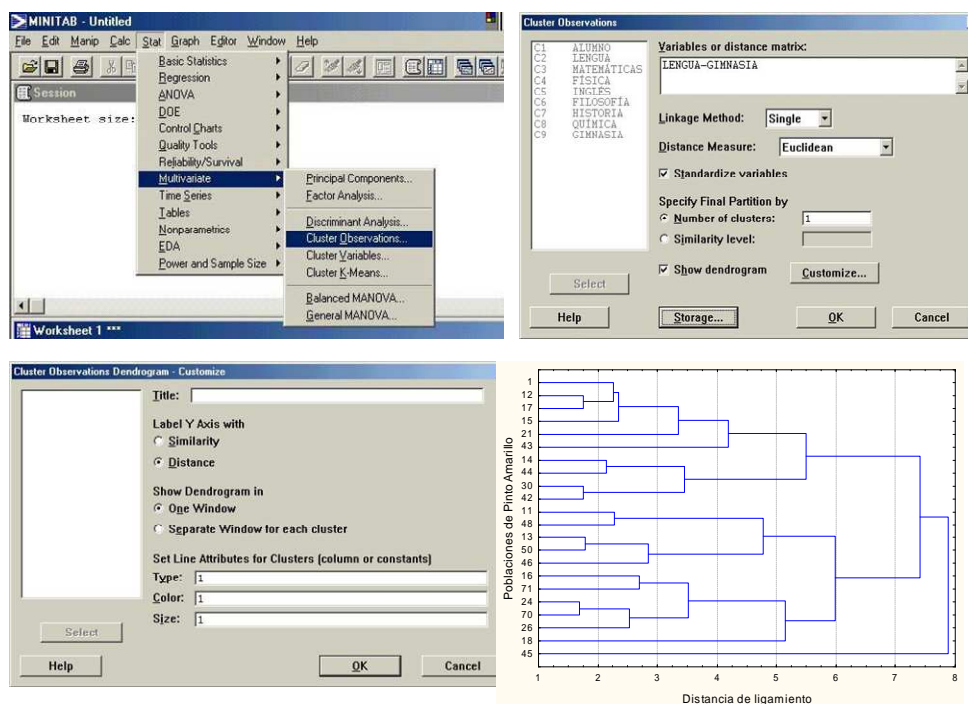


Figura 8. Procedimiento para generar los dendrogramas de las poblaciones de maíces criollos de Pinto Amarillo y Liebre.

3.1.2 Caracterización molecular

Se depositaron seis semillas en macetas de 30 x 15 cm rellenas con peat-moss de las 30 poblaciones mencionadas anteriormente en el Cuadro 1. Posteriormente las plántulas de 30 días de edad se utilizaron para la toma de las muestras cuando plántulas alcanzaron una altura promedio de 20 cm. En este momento, se cortaron cada una por separado al ras del suelo con tijeras, colocándolas en bolsas de

polietileno de cierre hermético, previamente identificadas con el número de la muestra, las cuales se almacenaron en un ultracongelador (-70 °C) hasta su procesamiento.

Para la extracción de ADN se realizó de acuerdo con el protocolo modificado de Saghai-Marroof y colaboradores (Hoisington *et al.*, 2001). La cuantificación del ADN se realizó por medio del espectrofotómetro NanoDrop 2000c (Thermo Scientific) y la calidad se verificó en gel de agarosa al 1% teñido con SYBR Green. Para la generación de los AFLP se utilizó el estuche comercial IRDye Fluorescent AFLP Kit for Large Plant Genome Analysis (LI-COR Biosciences, Nebraska, modelo 4200).

La amplificación selectiva se realizó con un protocolo de PCR “con 12 combinaciones dúplex” (con dos iniciadores *EcoRI* marcados con fluorescencia, uno a 700 nm y el otro a 800 nm) en un volumen total de reacción de 11 µl. La separación de los productos de amplificación se llevó a cabo en un gel de poliacrilamida al 6.5% en un secuenciador de LI-COR IR2 4200 (LI-COR Biosciences, Lincoln, NE). El programa para el análisis fue el SAGA^{mx} y se utilizó como criterio de selección la definición e intensidad de las bandas amplificadas. Se generó una matriz de datos binarios para determinar el nivel de agrupamiento o similitud entre las poblaciones a partir de la base de datos del análisis estadístico utilizando el método de UPGMA para generar los dendogramas, el criterio de selección en las bandas amplificadas fue al observar una intensidad oscura fuerte utilizando el número “1” para indicar la presencia de patrones amplificados y “0” cuando la fue ausente.

3.2 Formación de híbridos y heterosis

De acuerdo al segundo objetivo relacionado con la estimación de efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) de las líneas de maíz utilizadas para la formación de híbridos, en el ciclo agrícola otoño 2009 se sembraron cuatro surcos de 75 poblaciones de maíz criollo colectas por Zavala *et al.* (2010) en las partes bajas del Norte del Estado de Nuevo León. Dentro de estas colectas hubo seis de "Güerito", tres "Breve Padilla", cinco "Hualahuises", cuatro "Ligero", cuatro "Blanco Liviano", cuatro "Temprano", cuatro "La Purísima", cuatro "Blanco Grueso", cuatro "Olote Colorado", tres "Pilinque-Saire", dos "NL-Amarillo", dos "NL-127", ocho "Liebre" y 22 "Pinto Amarillo", sobresaliendo las poblaciones Pinto Amarillo y Liebre que conforman el 40% de las colectas.

Para derivar las líneas se sembraron cuatro surcos de cada una de las 75 colectas; asimismo, se realizaron cuatro autofecundaciones en cada surco obteniendo un total de 1,200 familias de autohermanos S_1 . Para identificar las plantas y proceder a la autofecundación, se realizó una selección visual entre y dentro de las poblaciones en plantas sin acame y otras características agronómicas deseables como sanidad y porte como altura de planta y mazorca.

En primavera 2010, se continuó derivando líneas obteniendo las generaciones S_2 . Para esto, se sembraron las 1,200 familias derivadas de autohermanos en un surco de cada familia en 5 m de longitud a 0.80 m entre surcos. Se realizó el mismo procedimiento de selección de caracteres agronómicos deseables, realizando cuatro

autofecundaciones por surco de cada población obteniendo 4,800 familias de autohermanos; en la cosecha se seleccionaron las familias que presentaron mayor cantidad de semilla y sanidad.

En otoño 2010, se seleccionaron 30 poblaciones debido a su porcentaje de las 75 colectas (40%) 22 correspondieron a Pinto Amarillo y ocho de Liebre, se sembraron 448 líneas S_3 en un surco por familia, 352 fueron de Pinto Amarillo y 96 de Liebre para autofecundar cuatro plantas y obtener 1792 familias de autohermanos. Al final de la cosecha se seleccionaron siete líneas, cinco fueron de Pinto Amarillo y dos de Liebre para formar un dialelico. La semilla se identificó previamente etiquetando en un sobre correspondiente a cada familia indicando el ciclo y genealogía de cada generación para su reserva en el banco de germoplasma.

Una vez seleccionadas e identificadas las mejores siete líneas S_3 , se diseñó un dialelico en primavera 2011 para realizar los cruzamientos posibles, sembrándose seis surcos de cada línea. Se formaron 21 cruza directas y 21 recíprocas con el propósito de demostrar la posible presencia de efectos maternos. En otoño 2011, las 42 cruza se evaluaron en el campo experimental de la Facultad de Agronomía, Campus Marín, ubicado en el Municipio de Marín, Nuevo León; la fecha de siembra fue el 24 de Agosto del 2011. El ensayo fue un diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones, la parcela experimental estuvo constituida por un surco de 5 m de largo y 0.80 m de ancho, con distancia de 0.25 m entre plantas, lo que dio una densidad aproximada de 50,000 plantas ha^{-1} .

Las variables registradas fueron:

1. Altura de planta (AP, cm). Se utilizó una muestra aleatoria de 10 plantas medidas desde la base de la planta a la punta de la espiga,
2. Altura de mazorca (AM, cm). Se midió desde la base de la planta a la base de la mazorca,
3. Días a floración masculina (DFM). Se consideró cuando más del 50 % de las plantas de la parcela estuvieron soltando polen en más del 50 % de la espiga, y el dato se registró en días.
4. Días a floración femenina (DFF). Se registró el dato cuando más del 50 % de las plantas de la parcela estuvieron con los estigmas receptivos.

Con las variables evaluadas se realizaron análisis de varianza, representado en el Cuadro 2, utilizando el Diseño I de efectos aleatorios del modelo de Griffing (1956) para estimar los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE).

Cuadro 2. Análisis de varianza y esperanzas de cuadrados medios del Diseño 3 de Griffing, Marín, N.L. Otoño 2011.

FV		GL	ECM
Rep	r-1	2	
Cruzas	c-1	21	
ACG	p-1	6	$\delta^2e + r \delta^2s + r (p-2) \delta^2g$
ACE	$p(p-3)/2$	14	$\delta^2e + r \delta^2s$
Error	$(r-1)[p(p-1)/2 - 1]$	54	δ^2e
Total	$rp(p-1)/2$	83	

El modelo fue el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + \beta_k + \epsilon_{ijk}$$

donde:

Y_{ijk} = es el valor fenotípico observado de la cruza ij en el bloque k

μ = es el efecto verdadero de la media general

g_i = es el efecto de la aptitud combinatoria general de la línea i

g_j = es el efecto de la aptitud combinatoria general de la línea j

s_{ij} = es el efecto de la aptitud combinatoria específica de las líneas ij

β_k = es el efecto del k-ésimo bloque

ϵ_{ijk} = es el error experimental

La estimación de los efectos se realizó de la siguiente manera:

$$g_i = \mu_i - \mu; g_j = \mu_j - \mu; s_{ij} = \mu_{ij} - \mu - g_i - g_j$$

donde:

g_i y g_j son los efectos de ACG para los progenitores i, j , respectivamente

s_{ij} , es el efecto de ACE de la cruce

μ_i, μ_j es la media de las cruces donde interviene el progenitor i, j ,

μ es la media general.

La heterosis se calculó para cada una de las variables en relación al progenitor medio y se expresó en porcentaje. Los valores se consideraron altos cuando fueron aquellas superiores al valor de la media más el error estándar ($\mu + \sigma$), la fórmula que se utilizó para estimar los valores de heterosis fue la siguiente:

$$\text{Heterosis (\%)} = \frac{(F_1 - \text{Progenitor medio})}{\text{Progenitor medio}} \times 100$$

3.3 Variedades de polinización abierta

Para el caso del mejoramiento poblacional de las variedades de polinización abierta de acuerdo al tercer objetivo planteado; se sembraron cuatro poblaciones seleccionadas de las 75 colectadas por Zavala *et al.*, (2010) en un proyecto financiado por la CONABIO. Estas cuatro poblaciones se obtuvieron de los mejores rendimientos promedios de grano identificado dentro de un ensayo de rendimiento en cuatro repeticiones establecido en el ciclo primavera 2009 en Marín, Nuevo León. Las poblaciones se seleccionaron con base a los grupos que presentaron una proporción del 40% de las 75 colectas: las poblaciones “10” y “37” del grupo de Liebre provenientes de los municipios de Pesquería y Los Ramones, respectivamente y las poblaciones “15” de Pinto Amarillo perteneciente a Villaldama y la “45” de Pinto Amarillo de Vallecillo.

La evaluación de las familias se realizó en otoño 2010, para lo cual se estableció un ensayo de rendimiento con las 169 familias de hermanos completos de Liebre y las 81 de Pinto Amarillo bajo un látice triple 13x13 y 9x9, respectivamente. La unidad experimental consistió de un surco de 5 m de longitud por familia con 25 semillas espaciadas a 20 cm a una distancia entre surcos de 0.80 m. para una densidad de 50,000 plantas ha⁻¹. La siembra se realizó el 19 de Agosto. Al momento de la cosecha, se aplicó una p=10%.

Las variables evaluadas fueron:

1. Altura de planta (AP cm). Medida desde la base de la planta a la punta de la espiga.
2. Altura de mazorca (AM cm). Medida desde la base de la planta a la base de la mazorca.
3. Días a floración masculina (FM). Se considero cuando más del 50 % de las plantas de la parcela estuvieran soltando polen en más del 50 % de la espiga, y el dato se registro en días.
4. Días a floración femenina (FF). Se registró cuando más del 50 % de las plantas de la parcela estuvieran con los estigmas receptivos.
5. Longitud de la mazorca (LM cm). Se midió con una regla graduada en cm, desde la base a la punta de la mazorca. El tamaño de muestra fue de cinco mazorcas por parcela.
6. Diámetro de la mazorca (DM cm). Se midió con un vernier graduado en cm, se colocó en la parte media de la mazorca y se obtuvo el dato de cinco mazorcas. Se calculó el promedio en cm y se registró el dato por parcela.
7. Número de hileras de la mazorca (HM). Se estimó contando las hileras de una muestra de de cinco mazorcas da cada parcela; el dato se promedió y se registró como el dato promedio por mazorca.
8. Rendimiento de grano (RG). Se cosecharon todas las plantas de la parcela y se pesó el grano en kg, posteriormente se transformó en $t\ ha^{-1}$, ajustándose al 15% de humedad.

Los análisis de varianza se realizaron para todas las variables de acuerdo con el delineamiento experimental de látice triple, conforme al método presentado por Cochran y Cox (1980). El Cuadro 3 muestra el esquema de análisis de varianza, con las respectivas esperanzas de los cuadrados medios.

Cuadro 3. Cuadrados medios indicativos (CM) y sus esperanzas (ECM), del análisis de varianza individual, Marín, N.L. Otoño 2010.

FV	GL	ECM
Bloque	b-1	
Rep (B)	b(r-1)	$\delta^2 e + r\delta^2 bf + r\delta^2 f + f\delta^2 rb$
Familias	f-1	$\delta^2 e + r\delta^2 bf + r\delta^2 f$
B*F	(b-1) (f-1)	$\delta^2 e + r\delta^2 bf$
Error	B (f-1) (r-1)	$\delta^2 e$

La estimación de las varianzas fenotípicas ($\delta^2 F$), genéticas ($\delta^2 G$), aditivas ($\delta^2 A$) y heredabilidad en sentido estrecho, las cuales se hicieron a través de las siguientes formulas:

$$\delta^2 F = \delta^2 rb + \delta^2 \text{familias} + \delta^2 bf + \delta^2 \text{error}$$

$$\delta^2 G = \frac{\text{ECM (familias)} - \text{ECM (error)}}{r}$$

$$\delta^2 A = 4 (\delta^2 \text{familias}) \text{ (Hallauer y Miranda, 1981)}$$

$$\text{Heredabilidad en sentido estrecho } h^2 = \frac{\delta^2 A}{\delta^2 F}$$

Se calculó la predicción de la respuesta a la selección (R), la cual es el cambio producido por la selección que interesa, significa la diferencia de valor fenotípico medio entre la descendencia de los progenitores seleccionados y la generación parental antes de la selección. Se utilizó la fórmula de Hazel y Lush (1942).

$$R = i h^2 \delta^2 A$$

Donde:

R= predicción de selección

i = presión de selección 10% = 1.40

h^2 = heredabilidad en sentido estrecho

$\delta^2 A$ = varianza aditiva

3.4 Índices de selección

Para la selección de las mejores familias en el proceso de selección y mejoramiento de las variedades de polinización abierta, se construyeron los índices con base a la metodología propuesta por Barreto *et al.* (1991). Este método es más eficiente para el mejoramiento y realizar selección simultanea de varias características cuantitativas en un programa de mejoramiento; la fórmula empleada para estimar el índice fue la siguiente:

$$IS = \left\{ [(Y_j - M_j)^2 * I_j] + [(Y_i - M_i)^2 * I_i] + \dots \dots \dots [(Y_n - M_n)^2 * I_n] \right\}^{1/2}$$

Donde:

IS = Índice de selección

Y_j = variable en la j iésima observación

M_j = meta en la j iésima observación

Y_i = variable en la i iésima observación

M_i = meta en la i iésima observación

I_j = intensidad de selección en la j iésima observación

La meta de selección asignada a cada variable, se refiere a las unidades de desviación estándar que se desea lograr en la selección. La meta puede tomar valores de -3.0 a +3.0; con valor negativo la selección será para aquellos genotipos que se encuentren por debajo de la media de la población para la variable en evaluación; por el contrario, con valores positivos son para aquellos genotipos que se encuentren por arriba de la media de la población y para seleccionar genotipos que se encuentren cercanos al promedio se utilizan metas con valor de cero.

La intensidad de selección es el grado de importancia que se le asignan a cada una de las variables a ser utilizadas en la selección y toma valores de 1 a 10. Este valor es diferente para cada una de las variables, según el criterio del investigador. El valor de intensidad más pequeño (1) es asignado a la variable de menor interés y el valor más alto (10) representa la variable de mayor importancia.

Las variables que fueron incluidas en la selección se encontraban con valores en unidades distintas (toneladas, centímetros, días, porcentajes, etc.), por lo que fue necesario estandarizar cada uno de ellos y de esta forma las características pudieran combinarse mediante la fórmula siguiente:

$$Z = \frac{y_j - \bar{y}}{s}$$

Dónde:

Z= valor estandarizado

Y_j= valor observado de la familia en la j iesima observación

\bar{y} = promedio de la familia

S= desviación estándar del grupo de familias

El valor estandarizado de cada una de las variables es que entre más cerca se encuentre a la meta deseada, más pequeño será el valor del índice de selección y más cerca se encontrarán las familias con los criterios deseados; sin embargo, entre más grande sea el valor del índice, más alejado se encuentra la familia con los criterios establecidos. La familia que obtenga el valor del índice de selección más pequeño es considerada como superior, ya que reúne la mayoría de los caracteres requeridos en la selección.

Para la construcción de los índices en la población “10” de Liebre, se consideró reducir la selección tanto en altura de planta como altura de mazorca y seleccionar las familias precoces; se requirió además, familias con buen potencial de rendimiento, mayor longitud de mazorca, con buen diámetro de mazorca y mayor número de hileras de mazorca (Cuadro 4).

Cuadro 4. Metas e intensidades para el cálculo de índices de selección en las poblaciones “10” y “37” de Liebre, “15” y “45” de Pinto Amarillo. Marín Nuevo León. Otoño 2010.

Variable	Pob. “10”		Pob. “37”		Pob. “15”		Pob. “45”	
	M	I	M	I	M	I	M	I
Altura de planta	-2	1	0	2	-1	2	-2	3
Altura de mazorca	-2	2	0	3	-2	2	-1	2
Floración masculina	-1	2	-1	2	1	3	1	2
Floración femenina	-1	3	-1	3	1	3	1	2
Rendimiento de grano	3	8	3	8	3	7	3	8
Longitud de mazorca	2	7	2	8	2	7	1	7
Diámetro de mazorca	2	7	2	7	1	6	2	7
Hileras de mazorca	2	7	2	7	2	7	1	7

M= Meta, I= Intensidad

En la población “37” se consideró como criterios de la selección mantener la media poblacional tanto en altura de planta como altura de mazorca, además de familias con precocidad media, individuos con buena longitud y diámetro de mazorca, número de hileras por mazorca y con buen potencial de rendimiento. En el caso de las poblaciones de Pinto Amarillo “15” y “45”, se requirió en mantener la media poblacional en altura de planta y altura de mazorca, además de identificar familias

precoces, con buena longitud y diámetro de mazorca, así como número de hileras por mazorca y buen potencial de rendimiento.

Se estimaron ganancias genéticas a través de la siguiente ecuación (Robinson *et al.*, 1951):

$$\Delta G = z / p \sqrt{b_1 \delta y_g + b_2 \delta y_g + \dots b_n \delta y_{gn}}$$

Donde:

ΔG = Ganancia genética

z/p = Diferencial de selección estandarizado (con valor de 1.75)

$b_{1,2,n}$ = coeficiente de ponderación

δy_{gn} = covarianza genética del rendimiento (y) con el carácter n

El cálculo de la eficiencia relativa de la respuesta esperada a la selección con los índices, se realizó de acuerdo a la fórmula de Hazel y Lush (1942).

$$R_1 = k [h^4 \delta_{p(l)}^2 + \dots h^4_n \delta_{p(n)}^2]^{0.5}$$

Para el cálculo de la respuesta a la selección de caracteres independientes se utilizó la siguiente fórmula:

$$R_2 = h k_1 \delta_{p(l)} + \dots \dots \dots h_n k_n \delta_{p(n)}$$

Donde:

R = Respuesta a la selección

k = Diferencial de selección estandarizado (con valor de 1.40)

δ_p = desviación estándar fenotípica

h = heredabilidad

Se realizó un análisis de correlación tanto fenotípica como genotípica entre los caracteres estudiados, para esto se utilizaron las estimaciones de los componentes

de varianza y covarianza, respectivos. La correlación fenotípica se estimó con la siguiente fórmula:

$$r_{pxy} = \frac{Cov_{pxy}}{\sqrt{(\delta^2_{px})(\delta^2_{py})}}$$

r_{pxy} = correlación fenotípica entre los caracteres x y y

Cov_{pxy} = covarianza fenotípica entre los caracteres x y y

δ^2_{px} = varianza fenotípica del carácter x

δ^2_{py} = varianza fenotípica del carácter y

La correlación genética se estimó con la fórmula:

$$r_{gxy} = \frac{Cov_{gxy}}{\sqrt{(\delta^2_{gx})(\delta^2_{gy})}}$$

r_{gxy} = correlación genética entre los caracteres x y y

Cov_{gxy} = covarianza genética entre los caracteres x y y

δ^2_{gx} = varianza genética del carácter x

δ^2_{gy} = varianza genética del carácter y

Se estimaron los componentes de covarianzas fenotípicas y genéticas, varianzas fenotípicas y genéticas, obteniéndose los valores estimados de los componentes de variación simultánea de cada par de variables utilizando la fórmula reportada por Kempthorne (1969).

La covarianza fenotípica se estimó de la siguiente manera:

$$Cov_{pxy} = \frac{\delta^2_{pxy} - \delta^2_{px} - \delta^2_{py}}{2}$$

Donde:

Cov_{pxy} = covarianza fenotípica entre los caracteres x y y

δ^2_{pxy} = varianza fenotípica a entre los caracteres x y y

δ^2_{px} = varianza fenotípica del carácter x

δ^2_{py} = varianza fenotípica del carácter y

La covarianza genética fue estimada de la siguiente manera:

$$Cov_{gxy} = \frac{\delta^2_{gxy} - \delta^2_{gx} - \delta^2_{gy}}{2}$$

Dónde:

Cov_{gxy} = covarianza genotípica entre los caracteres x y y

δ^2_{gxy} = varianza genética a entre los caracteres x y y

δ^2_{gx} = varianza genética del carácter x

δ^2_{gy} = varianza genética del carácter y

En el ciclo agrícola primavera 2011 se realizó la recombinación con las mejores familias seleccionadas de las cuatro poblaciones, basado en los índices de selección. Para esto, se formó un compuesto balanceado (mezcla mecánica de una misma cantidad de semillas de cada familia seleccionada) utilizando las 17 mejores familias seleccionadas en ambas poblaciones de Liebre con 340 gramos en total, considerando 20 gramos por familia seleccionada. Para el caso de las nueve familias de Pinto Amarillo, el compuesto balanceado fue de 180 gramos considerando 20 gramos por familia. La siembra fue el 04 de marzo en lotes aislados para permitir la recombinación y generar el C_1 de selección.

4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1 Resultados del objetivo 1. Caracterización morfológica

De acuerdo al primer objetivo planteado referente a la caracterización morfológica, el análisis de los datos usando conglomerados mostró una agrupación entre las 22 poblaciones de Pinto Amarillo, representada en la Figura 9, apreciándose la formación de tres grupos principales.

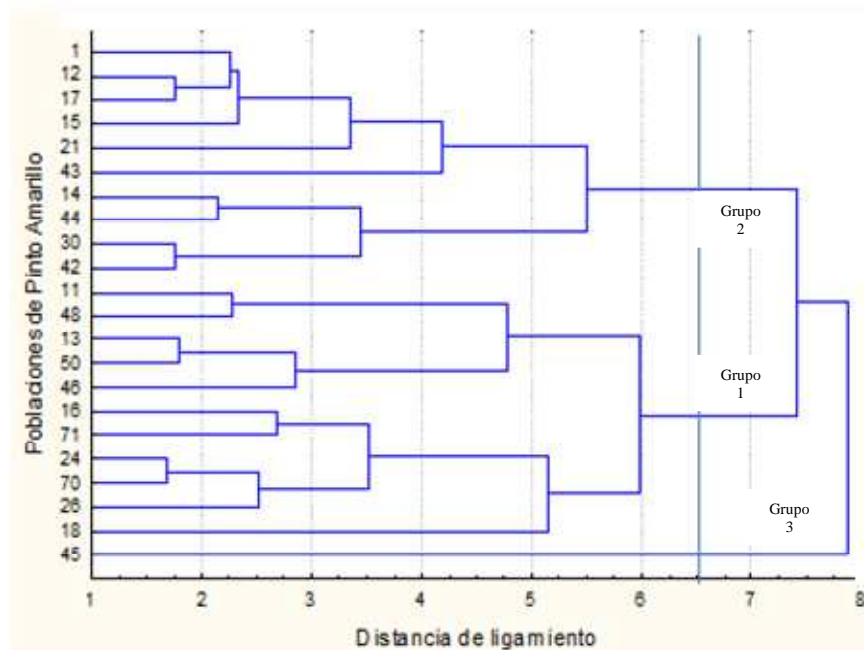


Figura 9. Dendrograma generado en base a datos obtenidos a través de la caracterización morfológica de 22 poblaciones de maíces criollos de Pinto Amarillo de Nuevo León. Primavera 2010.

El grupo más grande se formó con 11 poblaciones (11, 48, 13, 50, 46, 16, 71, 24, 70, 26 y 18) y estuvo representado por un 37.0% de la raza Ratón, el 18.18% de Tuxpeño y el 45.45% de Tuxpeño x Ratón; este grupo se caracteriza porque al realizar un análisis del origen de las colectas, el 75% se siembra bajo condiciones de temporal limitado representado por un rango entre 380-650 mm anuales de precipitación; este

grupo se caracteriza por tener promedios en altura de planta de 180 cm, de ciclo precoz con 77 días a floración, con una longitud de mazorca de 13.5 cm, con un número de hileras por mazorca promedio de 11.8; presentó en promedio 30 granos por hileras y un diámetro de mazorca de 5.1 cm.

De acuerdo a esta caracterización parece ser un grupo con una excelente fuente de resistencia a sequia; bajo las condiciones ambientales en las que se cultivan estas variedades, difícilmente prosperarían los híbridos comerciales, razón por la cual han sido conservadas por los agricultores, conscientes de la eventualidad de las lluvias para la agricultura de temporal tal como lo mencionaron Martin *et al.* (2008), quienes evaluaron y caracterizaron 127 colectas de maíces criollos bajo condiciones de temporal provenientes de los estados de Jalisco, Nayarit, Michoacán y Sinaloa.

El segundo grupo más grande (grupo 2) se integró por 10 poblaciones (1, 12, 17, 15, 21, 43, 14, 44, 30 y 42) provenientes de ocho municipios de Nuevo León; este grupo estuvo representado en un 30% con la raza Ratón y el 70 % de Tuxpeño, se caracterizó por sus promedios como altura de planta con 180 cm, con 76 días a floración, presentaron 13.3 cm en la longitud de mazorca y un diámetro de mazorca de 5.6 cm, este grupo presentó 12 hileras por mazorca.

La distribución de estas colectas presentaron amplia variabilidad y con sus características agronómicas e influencia de las razas Ratón y Tuxpeño, se han estado sembrando por los agricultores reconociendo las características de sus mazorcas. Ron *et al.* (2006) encontraron amplia variabilidad morfológica de 127

colectas de maíces criollos, lo cual les permitió identificar 53 poblaciones con el 42% influencia de la raza Tuxpeño, 26% a Tabloncillo y 41 poblaciones con 32% influencia de la raza Mushito.

El tercer grupo (Grupo 3) lo formó la población 45 con influencia de la raza Tuxpeño x Ratón proveniente del municipio de Vallecillo, la cual se siembra en condiciones de temporal y de acuerdo a características con 210 cm de altura de planta, 77 días a floración masculina, 15.4 cm en longitud de mazorca, 4.4 cm en diámetro de mazorca y 13 hileras por mazorca, este grupo se observa que posee características diferentes a las mencionadas en los dos grupos anteriores principalmente con respecto a altura de planta y longitud de mazorca.

Con relación a la caracterización morfológica de las ocho colectas de Liebre, los resultados del análisis de conglomerados se observan en la Figura 10. El dendograma presenta dos grupos; el Grupo 1 estuvo formado por cuatro poblaciones, la 60 y 63 pertenecientes al municipio de Cadereyta asociadas a la raza Tuxpeño x Ratón, la 35 de Pesquería y la 37 de Los Ramones que se asociaron a la raza Ratón (Olotillo).

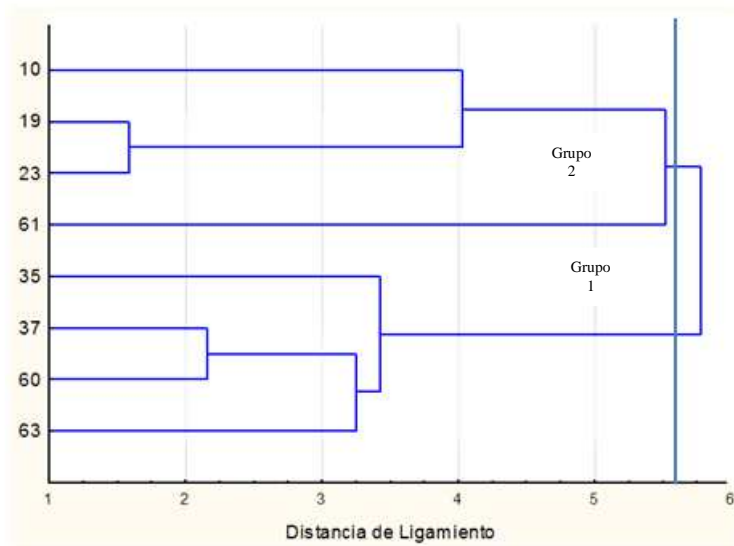


Figura 10. Dendrograma generado en base a datos obtenidos a través de la caracterización morfológica de ocho poblaciones de maíces criollos de Liebre de Nuevo León. Primavera 2010.

De la información proporcionada por los agricultores al momento de las colectas, se observó que tres poblaciones 60, 37 y 63 de este grupo, se cultivan bajo condiciones de temporal; distinguiéndose por tener promedios de planta de 200 cm de altura, precoces con 74 y 77 días de floración masculina y femenina, respectivamente; tuvieron longitud y diámetro de mazorca de 14 y 3.6 cm, respectivamente, el número de hileras por mazorca fue de 11.5 y con 34 granos por hilera. Estas poblaciones presentaron una marcada diferencia en las características agronómicas al sembrarse en condiciones de escasa precipitación en ambientes de temporal, lo que coincide con lo mencionado por Pecina *et al.* (2009) quienes evaluaron características agronómicas de cuatro grupos de maíces criollos bajo condiciones de riego y temporal provenientes de diferentes regiones del estado de Tamaulipas.

El segundo grupo (Grupo 2) se formó por las poblaciones 10 y 23 provenientes del municipio de Pesquería, la 61 de Cadereyta y la 19 de Los Ramones, se asociaron a la raza Ratón. En este grupo, las poblaciones 23 y 10 fueron del grupo tardío, se siembran bajo condiciones de riego y se distinguieron por el porte de altura con 210 cm, de ciclo más tardío con 78 y 81 días de floración masculina y femenina, respectivamente; la longitud de mazorca fue de 15.6 cm con un grosor de 4.1 cm, presentaron 13 hileras por mazorca.

De acuerdo a su origen geográfico, estos tres municipios están muy cercanos, lo que indica que los agricultores han estado contribuyendo al intercambio de semilla a través de los años. Por otra parte, las poblaciones 61 y 19 son precoces, se siembran en condiciones de temporal caracterizándose por presentar en promedio 210 cm en altura de planta, 75 días a floración masculina, con una longitud de mazorca de 13.8 cm; presentan un diámetro de 3.6 cm con 12 hileras por mazorca.

En forma general, se puede decir que el análisis de agrupamiento desarrollado, permitió distinguir grupos homogéneos en cada una de las poblaciones de Pinto Amarillo y Liebre, ya que el análisis individual de los grupos mostró características morfológicas diferentes a la de otros grupos. Por tal motivo, este procedimiento ayuda a mejorar la eficiencia en el proceso de selección, al utilizar poblaciones representativas de cada uno de los grupos, en lugar de trabajar con todas ellas en forma individual.

4.1.2 Caracterización molecular

Para el caso de la caracterización molecular, los resultados del análisis y de los productos de los AFLP's se seleccionaron 434 bandas amplificadas de 12 combinaciones dúplex de los dos iniciadores utilizados (EcoRI-700 y EcoRI-800). Estos indicadores produjeron fragmentos de amplificación de los ácidos nucleótidos como: (A) adenina, (C) citocina, (G) guanina y (T) tiamina la cual se presenta en el (Cuadro 5).

Cuadro 5. Combinaciones de iniciadores Msel-EcoRI y bandas seleccionadas de las 30 poblaciones de maíces criollos de Nuevo León. Primavera 2010.

No. de combinación	Combinaciones		Bandas seleccionada
1	Primer M-CAA	Primer E-AAC*	23
2	Primer M-CAC	Primer E-ACC*	20
3	Primer M-CAC	Primer E-AGG*	16
4	Primer M-CTT	Primer E-AAG*	59
5	Primer M-CTT	Primer E-ACT*	46
6	Primer M-CAT	Primer E-ACA*	48
7	Primer M-CAT	Primer E-AGC**	33
8	Primer M-CTC	Primer E-AGG**	35
9	Primer M-CTG	Primer E-ACC**	50
10	Primer M-CTG	Primer E-ACG**	44
11	Primer M-CAT	Primer E-AAC**	43
12	Primer M-CAT	Primer E-ACT**	17
	Total		434

(M)= iniciador Msel, (A)= adenina, (C)= citocina, (G)= guanina, (T)= tiamina, *= iniciador de EcoRI-700, **= iniciador EcoRI-800.

Después de utilizar el programa SAGA^{mx}, que incluyó también un análisis de conglomerados por el método UPGMA, se pudo identificar algunos grupos a partir de la generación de una matriz acumulativa de datos considerando las 30 poblaciones (22 de Pinto Amarillo y ocho de Liebre).

En la Figura 11 se muestra un ejemplo del patrón de bandas amplificadas con la combinación de iniciadores M-CTT–E-AAG; en esta se observan las bandas como variables binarias utilizando el número “1” para indicar la presencia de patrones amplificados con la intensidad de color oscuro y “0” cuando la intensidad fuera tenue para indicar su ausencia.

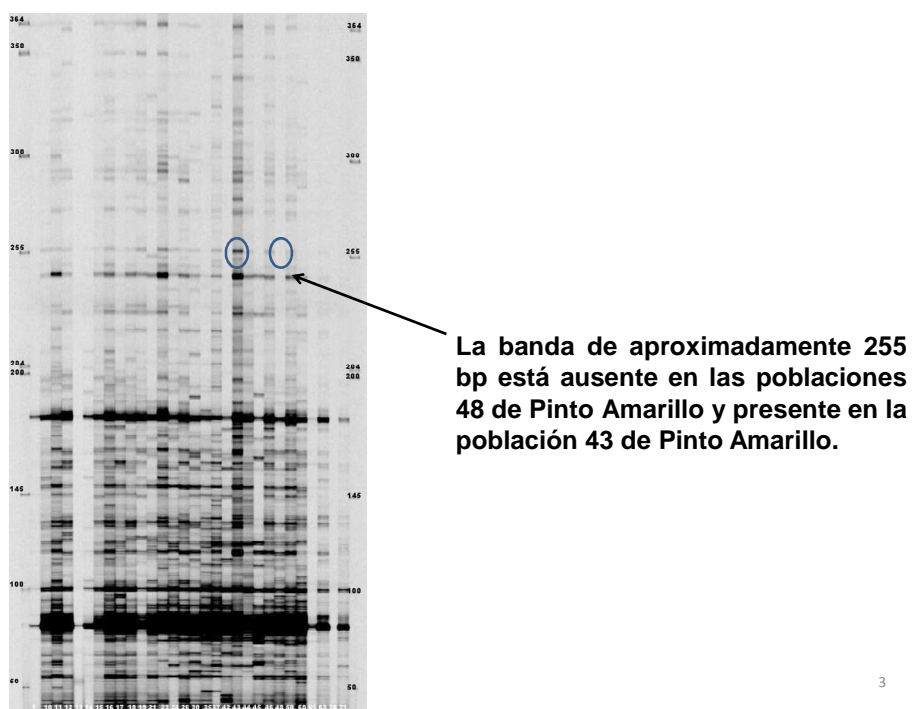


Figura 11. Productos de amplificación de marcadores AFLP, obtenidos con la combinación M-CTT--AAG de 30 poblaciones de maíces criollos de Nuevo León. Primavera 2010.

En la Figura 12 se observa la formación de tres grupos principales de las 22 poblaciones de Pinto Amarillo, las cuales se agruparon específicamente de acuerdo a la presencia de las bandas seleccionadas.

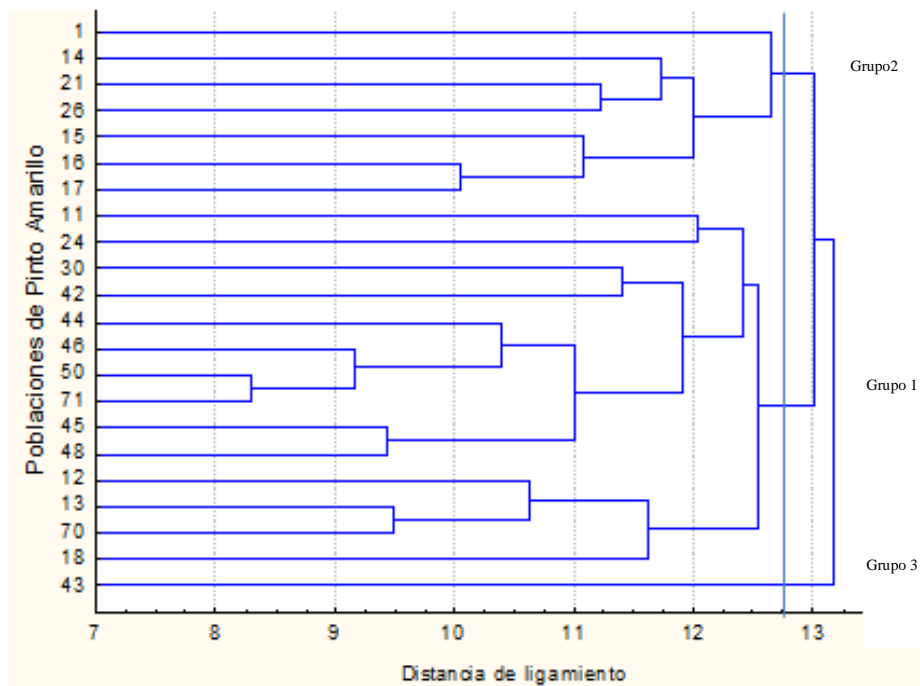


Figura 12. Dendrograma generado en base a datos obtenidos a través de AFLP de 22 poblaciones de maíces criollos de Pinto Amarillo de Nuevo León. Primavera 2010.

El primer grupo (Grupo 1) se constituyó por 14 poblaciones pertenecientes a 12 municipios, el 35.70% de las colectas estuvieron asociadas a la raza Ratón, el 28.60% a Tuxpeño y 36.70 a Tuxpeño x Ratón. Este grupo se caracterizó porque el 50% de las poblaciones se siembran bajo condiciones de temporal, lo que agrupó aquellas poblaciones con un porte de planta de 198 cm, 77 días a floración, longitud de mazorca de 13.5 cm y 2.3 cm el diámetro de mazorca. El 50% restante se caracterizó por siembras en riego, distinguiéndose en su altura con 220 cm, fueron más tardíos con 79 y 82 días a floración masculina y femenina, respectivamente, con un promedio de 14.7 en longitud de mazorca y 3.6 cm en el diámetro de mazorca.

El segundo grupo (Grupo 2), lo integraron siete poblaciones con el 71.40% de influencia por la raza Ratón x Tuxpeño y el 28.6% de Ratón; estas poblaciones se siembran bajo condiciones de temporal distinguiéndose en altura de planta con 190 cm, con 77.7 días a floración, tuvieron una longitud de mazorca de 13.3 cm, con 13.3 hileras por mazorca y 3.6 cm de diámetro de mazorca. Esta información indica que existe variación entre las poblaciones adaptadas a condiciones de temporal en climas secos, la cual es aplicable a la diversidad observada en las siete poblaciones de maíz, ya que es posible que dentro de una microrregión se pueda diferenciar poblaciones de maíz en base a sus características agronómicas.

Las poblaciones de este segundo grupo se colectaron en 12 municipios, indicando que existe amplia distribución de la diversidad encontrada del lugar de origen; es decir, las poblaciones que se incluyeron en este grupo son molecularmente iguales y estos resultados tienen coincidencia con lo reportado por Liu *et al.* (2009), quienes encontraron alto nivel de diversidad de 247 colectas de maíces nativos en China formando grupos diferentes, principalmente enfocados a los factores geográficos de siete provincias del sur de China.

El tercer grupo (Grupo 3) se constituyó por la población 43 de Vallecillo con influencia de la raza Ratón; esto es debido a la ubicación geográfica en la que se encuentra, ya que es comparada con el resto de los dos grupos de poblaciones sus características hicieron que se diferenciara del resto por poseer un promedio mayor de 2 m en altura de planta, más tardía con 82 días de floración masculina; en cuanto

a longitud y diámetro de mazorca presentaron 13.1 y 3.6 cm, respectivamente, lo cual no tuvieron gran diferencia a los grupos anteriores.

Referente al agrupamiento de las ocho poblaciones de Liebre utilizando datos moleculares, los resultados se presentan en la Figura 13, donde se observa la formación de dos grupos. El primero se integró por tres poblaciones (37, 23 y 19) pertenecientes a los municipios de Los Ramones y Pesquería; este grupo se caracterizó por presentar asociación a la raza Ratón (Olotillo); sin embargo, estas poblaciones se siembran bajo condiciones de riego caracterizándose por sus promedios en altura de planta de 210 cm, 78 días a floración, 14.4 cm en longitud de mazorca, presentaron en promedio 3.7cm en diámetro de mazorca y 12.1 granos por hilera por mazorca.

El segundo grupo se constituyó por cinco poblaciones, tres de ellas (63, 60 y 61) pertenecen al municipio de Cadereyta, las cuales representaron el 60% asociados a Ratón x Tuxpeño; las dos restantes (10 y 35) se colectaron en Pesquería y representan el 40% de asociación a la raza Ratón.

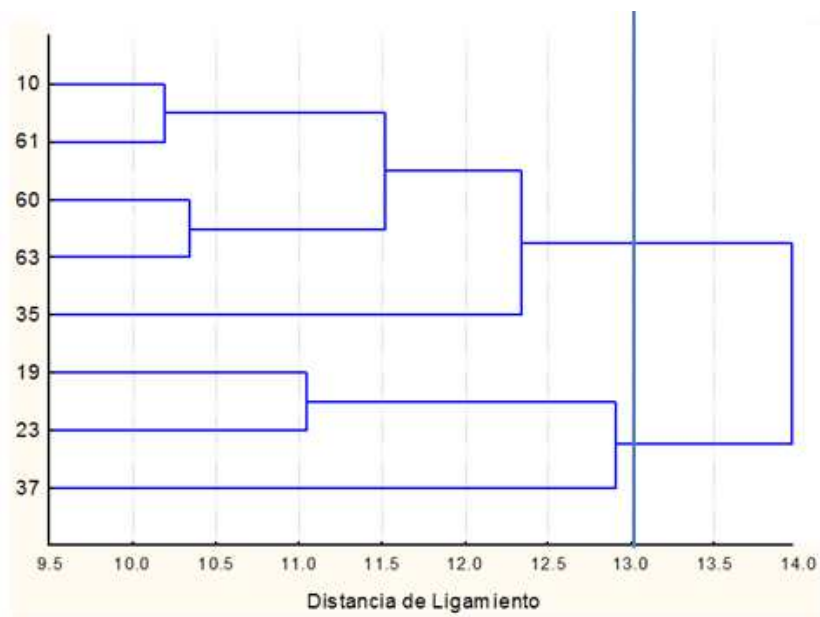


Figura 13. Dendrograma generado en base a datos obtenidos a través de AFLP de ocho poblaciones de maíces criollos de Liebre de Nuevo León. Primavera 2010.

Este grupo de poblaciones se cultivan con poca disponibilidad de agua bajo condiciones de temporal; lo que se distinguen por presentar un porte de 200 cm de altura de planta, fueron mas precoces con 74 y 77 días de floración masculina y femenina, respectivamente, tuvieron una longitud de mazorca de 13.6 cm, diámetro de mazorca de 3.5 cm y en promedio presentaron 11.5 hileras por mazorca.

Las características agronómicas de las poblaciones tienen relación con las precipitaciones, esto es, que las poblaciones más precoces y menor altura de planta se cultivan donde las precipitaciones anuales son escasas (380-650 mm); lo anterior refleja una relación entre la diversidad del maíz y la variación ecológica ambiental, lo cual refiere Muñoz (2003) y Gil *et al.* (1995), quienes evidenciaron la presencia de una amplia diversidad morfológica entre poblaciones de maíz en el estado de Puebla,

las cuales manifestaron una continua variación en atributos como días a 50 % de floración femenina, altura de planta y de mazorca, longitud de la mazorca, diámetro de mazorca y número de hileras.

En forma general, considerando los análisis de conglomerados y utilizando datos moleculares y morfológicos permitieron identificar a 12 poblaciones de Pinto Amarillo en dos grupos, ocho estuvieron en un grupo, la 70 de Dr. González, 13 de Mina, 18 de Villaldama, 71 de Paras, 50 de China, 46 de García, 24 de Los Ramones y 11 perteneciente a Pesquería. El segundo grupo lo integraron las poblaciones 17 de Bustamante, 1 y 15 de Villaldama y la 21 de Pesquería. Estos agrupamientos y similitudes puede ser debido al intercambio continuo que han realizado los agricultores a través de los años y que aún se están conservando estos recursos genéticos tan importantes en la vida de los agricultores Nuevoleoneses.

En cuanto a las poblaciones de Liebre, la similitud molecular y morfológica permitió la identificación de dos grupos; el primero fue la 37 del municipio de Los Ramones, mientras que las poblaciones 10 y 61 de los municipios de Pesquería y Cadereyta se incluyeron en el segundo grupo. Esta similitud fue debido a la cercanía en que están geográficamente los municipios donde se colectaron y coincide con la investigación de Reif *et al.*(2006), quienes concluyeron que una distribución de la diversidad en poblaciones de maíces de diferentes regiones geográficas, presentan un patrón de aislamiento por distancia; esto es, poblaciones más cercanas morfológicamente y genéticamente por su origen geográfico se parecen más entre sí.

La diversidad encontrada entre las 30 poblaciones indicó que existe variabilidad entre estas a pesar de pertenecer a diferentes nichos ecológicos. Esta variabilidad fue atribuible a la selección e intercambio de semilla efectuada durante generaciones por los agricultores, de tal manera que los análisis de conglomerados sirvieron para agrupar 12 poblaciones (40%) con similitud molecular y morfológica de acuerdo a las características agronómicas cuya relación existió en altura de planta, altura de mazorca, días a floración femenina, días a floración masculina, longitud de mazorca, número de hileras de grano por mazorca y diámetro de mazorca.

4.2 Resultados del objetivo 2. Formación de híbridos

De acuerdo al segundo objetivo enfocado a la formación de híbridos, se seleccionaron siete líneas provenientes de dos grupos de poblaciones que representaron el 40% de las 75 originales, cinco fueron de Pinto Amarillo: la población 24-1-5-7, Pinto Amarillo 50-1-4-3, Pinto Amarillo 13-1-3-1, Pinto Amarillo 15-1-3-3, Pinto Amarillo 17-1-4-2, y dos fueron de Liebre: Liebre-10-1-2-1 y Liebre-37-1-3-2 (Cuadro 6). Estas líneas fueron seleccionadas de acuerdo a la información generada por los dendogramas basados en los grupos que se formaron con similitud encontrada en la caracterización morfológica y molecular.

Cuadro 6. Líneas S₃ endogámicas de maíces de Nuevo León utilizadas en el diseño dialélico en Marín, N.L. Primavera 2011.

Línea	Genealogía	Municipio de Colecta
1	Pinto Amarillo-24-1-5-7	Los Ramones
2	Pinto Amarillo-50-1-4-3	Cerralvo
3	Pinto Amarillo-13-1-3-1	Mina
4	Pinto Amarillo-15-1-3-3	Villaldama
5	Pinto Amarillo-17-1-4-2	Bustamante
6	Liebre-10-1-2-1	Pesquería
7	Liebre-37-1-3-2	Los Ramones

Una vez seleccionadas e identificadas las mejores siete líneas S₃, se diseñó un dialélico en primavera 2011 para realizar los cruzamientos posibles entre las mejores siete líneas, sembrándose seis surcos de cada línea. Se formaron 21 cruza directas y 21 recíprocas con el propósito de demostrar la posible presencia de efectos maternos. En los seis surcos se realizaron cuatro cruza de cada línea de tal manera que intervinieran las siete líneas en sus cruzamientos posibles. La fecha de siembra fue el 12 de febrero del 2011.

El análisis de varianza (Cuadro 7) del Diseño 3 de Griffing no se encontraron diferencias para cruza y ACG en las cruza directas (AxB) en FM, FF, AP y AM, sin embargo, detectó diferencias significativas en las cruza y ACG en las cruza recíprocas para FM y FF.

Cuadro 7. Cuadrados medios para FM, FF, AP, AM, de las cruzas directas y recíprocas del dialélico, Marín, N.L. Otoño 2011.

FV	GL	FM		FF		AP		AM	
		AxB	BxA	AxB	BxA	AxB	BxA	AxB	BxA
Rep	2	47.56**	33.77**	14.54 ns	43.68**	516.37 ns	56.50 ns	78.30**	762.87**
Cruzas	20	10.17 ns	23.01**	12.59 ns	20.31**	679.88 ns	78.09 ns	406.24 ns	89.51 ns
ACG	6	9.15 ns	21.57**	7.975 ns	18.444*	255.638 ns	60.298 ns	92.126 ns	128.48 ns
ACE	14	10.61**	23.63**	14.58 **	21.11**	861.71*	85.71 ns	540.86 ns	72.81 ns
Error	40	8.67	4.11	6.92	8.29	285.06	668.82	326	94.35
Total	62	10.41	11.16	8.99	12.06	1979.74	1609.07	593.95	114.35
CV (%)		4.98	3.36	4.31	4.39	10.18	6.16	10.08	7.14

GL= grados de libertad, CV =coeficiente de variación, ns= no significativo, ** =significativo 0.01 * significativo 0.05.FM= Floración masculina, FF= Floración femenina, AP= Altura de planta, AM= Altura de mazorca, AXB= Cruzas directas, BXA= Cruzas recíprocas.

En ACE se encontró significancia para FM y FF tanto en las cruzas directas como en la recíproca excepto para altura de planta donde fue significativo en las cruzas directas. los resultados concuerdan con lo mencionado por Espinoza *et al.* (2010) quienes encontraron diferencias estadísticas en ACE en días a floración masculina y femenina así como para altura de planta en cinco poblaciones de maíces nativos del Estado de México. Las diferencias encontradas entre cruzas y ACE en floración masculina y femenina presentaron efectos maternos, en ACG fue en floración femenina y altura de mazorca, estos resultados puede ser debido a la diversidad genética de los progenitores. Al respecto, Guillen-De la Cruz *et al.* (2010) encontraron que a medida que se incrementa la diversidad genética de los progenitores, se incrementan las diferencias entre sus cruzas.

El análisis de los cuadrados medios en el Cuadro 7, mostró que los efectos de ACG fueron de mayor expresión en las cruzas recíprocas para floración masculina y femenina. Estos resultados coinciden con lo reportado por De la Cruz-Lázaro *et al.*

(2010) quienes encontraron que los efectos aditivos constituyen el componente genético más importante para altura de planta, altura de mazorca y floración tanto masculina como femenina en maíces tropicales. Los resultados encontrados nos sugieren que además de la variabilidad genética que se presenta, influye en el comportamiento de las cruzas, la forma de cómo participan los progenitores, ya sea como macho o como hembra, lo que coincide con lo informado por Pollak *et al.* (1991) quienes encontraron efectos maternos importantes en altura de planta y rendimiento de grano, al comparar las combinaciones heteróticas entre poblaciones de maíz del Caribe y del trópico.

De cualquier manera, si en una población de maíz los efectos de acción génica aditiva son más importantes que los efectos de acción génica no aditiva, se recomienda mejorar la población por selección recurrente; por el contrario, si los efectos de acción génica no aditiva son los más importantes, La población debe enfocarse a derivar líneas para la formación de híbridos. Sin embargo, se sugiere explorar primero la varianza genética aditiva por selección y después la varianza no aditiva por hibridación.

4.2.1 Efectos de aptitud combinatoria general

La estimación de los efectos de ACG mostraron en la cruce directa AxB para floración masculina, (FM) mayores valores (Cuadro 8) en las líneas PA-1 y PA-5 con 1.219 y 0.419, respectivamente, lo que indica su mayor capacidad de combinación; sin embargo; las líneas PA-4 (-0.181), L-6 (-0.581) y L-7 (-1.248) indican una baja

capacidad de combinación para ser consideradas en un programa de cruzamiento a menos de demostrar altos efectos de ACE. Para las cruzas recíprocas BxA, las líneas L-6 con 1.352 y la PA-4 con 1.219 fueron las mejores en términos de su ACG, mostrando efectos maternos, por lo que se consideraría su participación en un programa de cruzamiento al utilizarse como progenitores hembras.

Para el caso de floración femenina (FF), las líneas que presentaron valores altos fueron las líneas PA-1 (1.171) y L-6 (0.371), en las cruzas directas, mientras que en las cruzas recíprocas la línea PA-5 presentó 1.238, seguido de la PA-4 con 1.105 indicando la existencia de efectos maternos y su ventaja como hembra en un programa de cruzamiento.

Cuadro 8. Efectos de aptitud combinatoria general (ACG) de cinco líneas de Pinto Amarillo (PA) y dos de Liebre(L) para FM, FF, AP y AM evaluadas en Marín, N.L. Otoño 2011.

Línea	FM		FF		AP		AM	
	AxB	BxA	AxB	BxA	AxB	BxA	AxB	BxA
PA-1	1.219	0.686	1.171	0.971	2.900	-5.365	1.661	2.482
PA-2	0.152	-0.448	-0.095	-1.019	-1.175	-6.476	-5.153	-0.111
PA-3	0.219	-0.848	0.171	-0.695	0.640	5.228	2.217	0.889
PA-4	-0.181	1.219	-0.029	1.105	-3.841	2.376	0.106	1.222
PA-5	0.419	0.019	-0.362	1.238	-0.730	1.339	-1.783	-1.259
L-6	-0.581	1.352	0.371	-0.562	2.455	3.153	2.143	-0.593
L-7	-1.248	-1.981	-1.229	-1.029	-0.249	5.746	0.810	-2.630

FM= Floración masculina, FF= Floración femenina, AP= Altura de planta, AM= Altura de mazorca, AXB= Cruzas directas, BXA= Cruzas recíprocas.

Para altura de planta los valores de la ACG se mostraron positivos en las cruzas directas AxB, para las líneas PA-1, L-6 y PA-3 con valores de 2.900, 2.455 y 0.640, respectivamente; en cuanto a las cruzas recíprocas BxA, fueron cinco líneas con

valores positivos, indicando su mayor capacidad de combinación. Estos resultados coinciden con los obtenidos por Dhliwayo *et al.* (2005) quienes encontraron cambios en aptitud combinatoria general de líneas en maíces debido a los efectos maternos en altura de planta y floración masculina.

Para altura de mazorca cinco líneas presentaron valores positivos; dentro de estas, las de mayor valor fueron las líneas PA-3 (2.217), L-6 (2.143) y PA-1 (1.661) en las cruzas directas AxB, indicando mayor capacidad de combinación participando como machos, mientras que en las cruzas recíprocas BxA fueron las líneas PA-1 (2.482), PA-4 (1.22) y PA-3 (0.889); indicando su capacidad de combinación como hembras. El resto de las líneas mostraron baja capacidad de combinación según sus valores negativos.

Estos resultados concuerdan con lo reportado por Sámano *et al.* (2009) quienes encontraron cambios en la magnitud de los valores de la ACG de las líneas debido a efectos maternos y no maternos. La importancia de estos resultados radica en la posibilidad de identificar las mejores líneas con capacidad de combinarse con otros, ya sea como hembras ó machos.

Para el caso de la comparación de medias de las cuatro características agronómicas consideradas (Cuadro 9), se observó que en las cruzas directas para floración masculina, no hubo diferencias significativas, en tanto que en las recíprocas, las líneas PA-3 y PA-5 fueron más tardías comparadas con el resto a ser consideradas más precoces. Estos resultados demostraron los efectos maternos encontrados.

Para floración femenina, la crusa directa con el mayor valor fue la PA-1 con 61.4 días a floración mientras que las más precoces fueron las líneas L-6 y L-7 (59.8 y 59.4, respectivamente) coincidentemente ambas provenientes de Liebre. Estos resultados concuerdan con Dzib-Aguilar *et al.* (2011) quienes identificaron dos líneas precoces al evaluar cinco líneas de maíz en cruzas directas para floración femenina de dos grupos germoplásmicos: uno precoz y el otro tardío.

Cuadro 9. Comparación de medias de características agronómicas de cinco líneas de Pinto Amarillo y dos de Liebre evaluadas en Marín, N.L. Otoño 2011.

Línea	FM		FF		AP		AM	
	AxB	BxA	AxB	BxA	AxB	BxA	AxB	BxA
PA-1	58.056 a	59.500 bc	61.444 a	61.589 bc	172.583 a	155.967 a	69.917 a	66.000 b
PA-2	58.944 a	60.222 b	60.667 b	61.500 bc	169.042 b	141.417 d	62.250 c	64.583 c
PA-3	59.278 a	61.333 a	60.944 ab	63.000 a	170.042 b	154.583 b	69.542 a	67.792 a
PA-4	59.444 a	59.833 b	61.111 ab	61.111 b	169.000 bc	151.375 c	69.167 a	64.333 c
PA-5	59.222 a	61.222 a	61.278 ab	62.778 a	168.500 c	150.208 c	67.042 b	66.375 b
L-6	58.611 a	60.778 b	59.889 c	62.889 c	167.800 dc	133.250 e	61.458 d	64.875 c
L-7	60.111 a	58.556 bc	59.444 c	60.711 c	167.083 cd	135.167 ef	61.958 d	62.042 cd
Media	59.095	60.178	60.754	61.768	169.150	145.988	66.191	65.143
DMS (0.05)	57.000	65.000	59.000	63.333	162.667	157.667	56.000	67.000

FM= Floración masculina, FF= Floración femenina, AP= Altura de planta, AM= Altura de mazorca, AXB= Cruzas directas, BXA= Cruzas recíprocas.

Para el caso de las cruzas recíprocas BxA, se observa un mayor valor promedio con 61.7 días; sin embargo, los efectos maternos más aparentes estuvieron en las líneas PA-3 y L-6 ya que en la crusa directa el valor fue de 60.9 y en la recíproca de 63 para la línea PA-3, mientras que para la L-6 los valores fueron de 59.8 y 62.8 para la directa y recíproca, respectivamente.

De las cuatro variables agronómicas evaluadas, posiblemente Altura de Planta (AP, Cuadro 9) es donde se observó en forma más clara los efectos maternos. Al menos en estas siete líneas de maíz, cuando se utilizaron como hembras mostrando una tendencia a valores bajos que cuando se utilizan como machos. Aunque los valores fueron diferentes para altura de planta para la cruce directa y recíproca, la línea PA-1 aparece como la línea más alta estadísticamente.

En general, las Pinto Amarillo fueron de un porte más alto que las de Liebre tanto en las cruces directas como en las recíprocas. Estos resultados coinciden con *Ávila et al.* (2009) que también encontraron líneas precoces con sus efectos negativos en ACG. Al observar los valores promedio (Cuadro 9) para FM, AP, y AM, se observó que las cruces recíprocas fueron más tardías para floración masculina (FM con valores de 59 vs 60), y floración femenina (FF con valores de 60 vs 61) pero de un porte mas bajo al presentar valores inferiores que las cruces directas, para altura de planta (AP con valores de 169 vs 145) y altura de mazorca (AM con valores de 66 vs 65).

4.2.2 Efectos de aptitud combinatoria específica

Los efectos de aptitud combinatoria específica ACE (Cuadro 10) mostraron que en las cruces directas AxB para floración masculina destacaron las cruces PA-1xPA-3 (2.867), PA-4xL-7 (2.737), PA-1xPA-5 (2.333), PA-3xPA-5 (1.600) y PA-1xPA-2 (1.333). Aunque se observó que los efectos ACE no fue la misma en las cruces

recíprocas BxA, se notó que las cruzas PA-1xPA-2 y PA-3xPA-5 los efectos de ACE fueron positivos en ambos tipos de cruzas.

Para el caso de las cruzas recíprocas BxA, los valores más altos fueron para las cruzas PA-4xL-6 (5.222), PA-1xPA-4 (4.422), PA-4xPA-5 (3.556), PA-1xL-6 (1.222) y PA-2xPA-4 (1.089); según se aprecia hay una alta frecuencia en la participación de la línea PA-4 ya que de los cinco más altos, en cuatro de ellos la línea PA-4 estuvo participando en la cruce, lo que sugiere la posibilidad exitosa de esta línea en un programa de formación de híbridos. Los efectos positivos en la estimación de ACE en las cruzas indica la participación de genes dominantes.

Para floración femenina las cruzas directas AxB que presentaron los valores más altos fueron: PA-1xL-6 (3.222), PA-3xPA-4 (2.822), PA-4xL-6 (2.156) y PA-1xPA-4 (1.489), en cuanto a las cruzas recíprocas BxA fueron las cruzas PA-1xPA-5 (4.15), PA-1xPA-4 (3.82), PA-4xL-6 (1.48) y la PA-4xPA-5 (1.08); sin embargo, las cruzas PA-1xPA-4, PA-3xPA-4, PA-4xL-6 y L-6xL-7 presentaron efectos positivos tanto en AxB como en BxA.

Al igual que para FM, se aprecia en FF alta frecuencia de participación de las líneas 1 y 4 en los valores más altos de los efectos de ACE, lo que corrobora su importancia en un programa de formación de híbridos y para introducir variación genética en programas de selección recíproca recurrente. Estos resultados coinciden con Ávila *et al.* (2009) quienes mencionaron que los efectos no aditivos son favorables para aportar precocidad en líneas endogámicas de maíz.

Cuadro 10. Efectos de aptitud combinatoria específica de 21 cruzas directas (AxB) y recíprocas (BxA), formadas por el apareamiento de cinco líneas de Pinto Amarillo y dos de Liebre para cuatro características agronómicas evaluadas en Marín, N.L. Otoño 2011.

Cruza	FM		FF		AP		AM	
	AxB	BxA	AxB	BxA	AxB	BxA	AxB	BxA
PA-1 x PA-2	1.333	0.257	0.214	-1.023	5.523	8.015	9.538	9.704
PA-1 x PA-3	2.867	-1.012	-1.325	-1.312	-4.654	38.546	17.259	9.296
PA-1 x PA-4	-1.094	4.422	1.489	3.822	43.806	31.732	2.924	-9.739
PA-1 x PA-5	2.333	-0.578	-1.444	4.156	7.086	15.823	12.630	-2.735
PA-1 x L-6	-1.600	1.222	3.222	-1.044	13.765	-3.930	-4.725	7.720
PA-1 x L-7	-0.067	0.622	-0.911	0.756	20.148	11.924	8.394	2.946
PA-2 x PA-3	-1.133	-1.444	-0.911	-2.644	12.732	17.293	11.593	4.835
PA-2 x PA-4	-0.667	1.089	-2.111	-3.711	-9.321	30.324	10.394	9.074
PA-2 x PA-5	-2.067	-0.978	-1.978	0.956	-5.676	14.102	12.963	2.037
PA-2 x L-6	0.333	-0.644	0.156	-0.244	20.769	32.250	6.963	8.111
PA-2 x L-7	0.526	-0.911	-2.644	-0.711	2.456	10.694	0.963	0.556
PA-3 x PA-4	0.933	-1.778	2.822	0.639	7.880	18.694	10.395	12.340
PA-3 x PA-5	1.600	0.889	-0.311	-1.044	20.769	21.732	10.185	6.630
PA-3 x L-6	-0.800	-1.244	0.622	-0.978	41.065	-0.046	9.259	5.823
PA-3 x L-7	-1.200	-0.578	-0.778	-0.511	0.065	11.021	5.432	3.148
PA-4 x PA-5	-1.930	3.556	-0.778	1.089	35.583	27.250	-4.111	9.037
PA-4 x L-6	-1.933	5.222	2.156	1.489	6.361	26.435	6.704	-1.296
PA-4 x L-7	2.737	-1.044	-3.311	0.089	26.546	-4.824	4.370	3.889
PA-5 x L-6	-0.056	-3.578	-0.578	-1.378	32.250	10.472	-3.074	8.889
PA-5 x L-7	0.867	-1.444	-0.963	-0.911	8.287	-13.873	-3.193	-0.593
L-6 x L-7	0.267	-4.444	0.289	0.289	38.250	20.126	10.333	4.022

FM= Floración masculina, FF= Floración femenina, AP= Altura de planta, AM= Altura de mazorca, AXB= Cruzas directas, BXA= Cruzas recíprocas.

Para altura de planta en las cruzas directas AxB se encontraron mayores efectos positivos en las cruzas PA-1xPA-4 (43.80), PA-3xL-6 (41.06), L-6xL-7 (38.25) y PA-4xPA-5 (35.58), mientras que en las cruzas recíprocas BxA se presentaron en las cruzas PA-1xPA-3 (38.54), PA-2xL-6 (32.25), PA-1xPA-4 (31.73) y en la PA-2xPA-4 (30.32). Para esta variable, nuevamente se observa la participación de las líneas PA-1 y PA-4 de manera importante en las cruzas con mayores efectos de ACE.

Para altura de mazorca (AM) las cruzas directas AxB presentaron los mayores efectos positivos en PA-1xPA-3 (17.25), PA-2xPA-5 (12.96), PA-1xPA-5 (12.63) y en la cruz PA-2xPA-3 (11.59), mientras que en las cruzas recíprocas BxA fueron la PA-

3xPA-4 (12.34), PA-1xPA-2 (9.70), PA-1xPA-3 (9.29) y la PA-2xPA-4 (9.07). Para esta variable al igual que las anteriores se observan grandes diferencias en los valores de ACE entre las cruzas directas y recíprocas.

En el mismo cuadro 11 se parecía que tanto en las cruzas directas como recíprocas, el valor más alto de los efectos de ACE estuvo cruzando con la línea PA-1 (con excepción de las cruzas BxA, lo que sugiere el alto potencial de esta línea para ser utilizada como progenitora en un programa de formación para híbridos.

En forma general, las cruzas con los mayores valores de ACE pueden considerarse en programas de mejoramiento genético para formar híbridos y para introducir variación genética. La diferencia entre las cruzas directas y recíprocas detectadas en las características analizadas pueden estar asociadas a efectos maternos. Estos resultados coinciden con los obtenidos por Dhliwayo *et al.* (2005), quienes encontraron cambios en la aptitud combinatoria específica debido a efectos maternos. En este sentido, las líneas de PA-1 y PA-5 fueron más sensibles a cambiar su expresión genética al ser consideradas como hembras o como machos.

4.2.3 Valores de heterosis

Las estimaciones de heterosis para floración masculina (FM; Cuadro 11) variaron de -7.48 a 8.31% y de -7.77 a 10.11 para las cruzas directas y recíprocas, respectivamente; de las 21 cruzas directas sobresalieron la PA-1xPA-5 (8.312), PA-1xPA-3 (3.922), PA-1xPA-2 (2.540) y PA-3xPA-5 (2.507). En las cruzas recíprocas

fueron la PA-4xPA-5 (10.112), PA-2xPA-5 (8.342), PA-1xL-6 (7.278) y PA-1xPA-2 (3.722). Estos valores son mayores a los reportados por De la Cruz *et al.* (2010) en poblaciones de maíces tropicales, quienes encontraron valores entre -1.6 a 1.4%. Las cruzas con valores de heterosis mas negativas fueron la 1x6 (-7.48), y la 2x6 (-7.75) tanto en las directas como en reciprocas, respectivamente, en ambas cruzas intervienen la línea L-6 que pertenece a la población de Liebre.

Cuadro 11. Valores de heterosis de las 21 cruzas directas (AxB) y recíprocas (BxA) formadas por el apareamiento de siete líneas para FM, FF, AP y AM evaluadas en Marín, N.L. Otoño 2011.

Cruza	FM		FF		AP		AM	
	AxB	BxA	AxB	BxA	AxB	BxA	AxB	BxA
PA-1 x PA- 2	2.540	3.722	-4.831	3.578	12.208	5.288	12.675	13.528
PA-1 x PA-3	3.922	-3.220	-1.630	0.000	11.880	33.427	20.367	18.093
PA-1 x PA-4	0.283	1.410	2.164	-3.992	26.249	9.063	-0.069	10.997
PA-1 x PA-5	8.312	0.284	-5.888	7.061	8.050	-9.596	-9.435	14.825
PA-1 x L-6	-7.487	7.278	-9.040	-2.130	24.479	3.874	0.630	-8.819
PA-1 x L-7	0.000	-1.694	-2.959	-1.342	12.765	7.872	-8.919	9.339
PA-2 x PA-3	-5.174	-5.174	0.287	0.848	18.751	5.348	-11.316	15.578
PA-2 x PA-4	1.108	0.569	-3.297	-8.242	15.917	2.351	-5.517	0.065
PA-2 x PA-5	-3.325	8.342	-2.471	-3.868	-3.616	8.129	25.312	3.110
PA-2 x L-6	-1.129	-7.775	-0.280	-0.008	11.363	27.275	8.639	14.174
PA-2 x L-7	-5.298	-1.435	0.834	-0.558	22.238	6.996	-1.450	-1.823
PA-3 x PA-4	-6.744	-3.049	3.509	-2.912	4.523	14.394	19.962	16.783
PA-3 x PA-5	2.507	1.321	-0.538	-0.529	12.246	16.145	15.417	12.297
PA-3 x L-6	-4.488	-3.427	0.264	2.704	15.010	23.411	16.067	4.027
PA-3 x L-7	-4.306	-4.838	0.821	1.364	25.163	22.679	18.788	4.749
PA-4 x PA-5	-5.380	10.112	0.255	4.686	21.593	19.149	18.498	14.250
PA-4 x L-6	0.558	-2.225	-1.862	12.204	2.502	19.006	11.253	-2.482
PA-4 x L-7	-1.410	0.288	8.342	-1.604	21.846	-0.829	7.060	3.924
PA-5 x L-6	-1.631	-0.541	-3.199	9.584	18.140	8.224	-4.337	14.285
PA-5 x L-7	-6.636	-3.058	-1.894	-1.342	5.309	-1.021	19.273	-1.882
L-6 x L-7	-0.274	-0.274	0.265	0.265	-2.349	23.176	16.919	-21.208

FM= Floración masculina, FF= Floración femenina, AP= Altura de planta, AM= Altura de mazorca

Estos resultados reflejan que las líneas PA-1 y L-6 pudiera ser fuente de genes hacia precocidad. Al respecto, Romero *et al.* (2002) mencionaron que la expresión de la heterosis es un indicador de la divergencia genética, aunque la ausencia de ella no necesariamente infiere falta de ella. Todas las cruzas en las que intervino la línea 6

de Liebre presentaron niveles bajos y negativos de heterosis, lo que puede haber influenciado a la precocidad de esta línea.

En relación a floración femenina, la heterosis oscilo entre -9.04 a 8.34 y -8.24 a 12.20 para las cruzas directas y reciprocas, respectivamente; las cruzas directas con valores de mayores heterosis mas altos se presentaron en PA-4xL-7 (8.34), PA-3xPA-4 (3.50) y PA-1xPA-4 (2.16); en las reciprocas fueron en las cruzas PA-4xL-6 (12.20), PA-5xL-6 (9.58) y PA-1xPA-5 (7.06). En ambos casos (directos ó recíprocos) el mayor valor estuvo asociado a una crusa entre un Pinto Amarillo y una de Liebre. Esto indica que las líneas L-6 y L-7 de Liebre son adecuadas para formar híbridos intervarietales con precocidad, o derivar líneas que la cruzarse tenga buena combinación entre ellas ya que ambas líneas pertenecen al grupo de Liebre con características particulares a precocidad y resistencia a sequía.

Las cruzas directas que presentaron heterosis negativas fueron en la PA-1xL-6, PA-1xPA-5 y PA-1xPA-2 con -9.040, -5.888 y -4.831 respectivamente, mientras que en las reciprocas fueron las cruzas PA-2xPA-4 (-8.242), PA-1xPA-4 (-3.992) y PA-2xPA-5 (-3.868), estos resultados sugieren que las líneas PA-1 y L-6 pueden inferir fuente de precocidad para poder derivar líneas con características a resistencia a sequía.

Para el carácter altura de planta, las cruzas directas que presentaron heterosis altas fueron PA-1xPA-4 con 26.249%, PA-3xL-7 con 25.163% y PA-1xL-6 con 24.479%, para las reciprocas fueron PA-1xPA-3 (33.427%), PA-2xL-6 (27.275%) y PA-3xL-6 (23.411%). Se puede inferir que las líneas PA-1, PA-3, L-6 y L-7 son criterio para ser

seleccionarlas en la formación de híbridos. Estos resultados coinciden con Morales *et al.* (2007), quienes mencionaron que líneas de maíces que obtengan mayores valores de heterosis son consideradas para la formación de híbridos. Al respecto, se puede observar que la estimación de heterosis positivas y negativas están involucradas las líneas L-6 y L-7 que corresponden al grupo de Liebre cuyas características son de precocidad y resistencia a sequía. Las cruzas directas que presentaron valores negativos de heterosis fueron la PA-2xPA-5 (-3.616%) y L-6xL-7 (-2.349%), en las recíprocas se presentaron en la PA-1xPA-5 (-9.596%) y PA-5xL-7 (-1.021%); se puede notar que en las cruzas intervienen líneas de Pinto Amarillo y Liebre, por lo que es importante obtener híbridos con fuentes de germoplasma diferente para transmitir características deseables a resistencia a sequía, acame de raíz y tallo.

En altura de mazorca, para las cruzas directas con valores positivos de heterosis fueron las cruzas PA-2xPA-5, PA-1xPA-3 y PA-3xPA-4 con el 25.312%, 20.367% y 19.962% respectivamente, mientras que en las recíprocas fueron en PA-1xPA-3 (18.093%), PA-3xPA-4 (16.783%) y PA-2xPA-3 (15.578%). indicando que pueden ser fuentes apropiadas de mejoramiento genético para este carácter. Sin embargo, se observa que las heterosis negativas en las cruzas directas se presentaron la PA-2xPA-3 (-11.316%), PA-1xPA-5 (-9.435%) y en PA-1xL-7 (-8.919%), en las recíprocas fueron L-6xL-7 (-21.208%), PA-1xL-6 (-8.819%) y PA-4xL-6 (-2.482%).

Con respecto a estas dos variables, los valores negativos que presentaron las cruzas sugieren que el porte de planta y posición de mazorca pueden conferir tolerancia al

acame. Al respecto, De La Cruz *et al.* (2010) mencionaron que es deseable contar con materiales de porte bajo como es el caso de este estudio, en la cruce directa PA-2xPA-3 (-11.31%) y en la cruce reciproca L-6xL-7 (-21.29%), ya que las líneas que intervienen en estas cruces pueden tolerar altas densidades de plantas por hectárea y resistir al acame.

4.3 Resultados del objetivo 3. Variedades de polinización abierta

En el mejoramiento de las variedades de polinización abierta, de acuerdo al tercer objetivo, el análisis estadístico de las 169 familias (Cuadro 12) de la población “10” de Liebre, indicó únicamente significancia para familias ($P \leq 0.01$) en AP, AM, RG y LM.

Cuadro 12. Cuadrados medios del análisis de varianza individual para la población “10” de Liebre, Marín, N.L. Otoño 2010.

FV	GL	AP	AM	FM	FF	RG	LM	DM	HM
Bloques	12	873.86**	1123.67**	21.35**	52.12**	121011*	2.75**	0.109 ns	2.12 ns
Rep (B)	24	2266.29**	1886.01**	5.66 ns	27.64*	156405**	3.24**	0.149 ns	1.61 ns
Familias	168	644.90**	417.04**	4.63 ns	11.16 ns	83051**	2.29**	0.103 ns	2.06 n
B*Fam	276	447.96**	346.44 ns	4.14 ns	10.26 ns	62411**	2.08**	0.108 ns	2.03 ns
Error	287	267.04	445.39	5.63	12.19	62215	1.25	0.120	2.082
δ^2G		125.953	-9.450	-0.333	-0.343	6945.333	0.346	-0.005	-0.007
δ^2F		343.16	423.320	5.151	11.667	63243.607	1.537	0.1173	2.028
δ^2A		20.196	7.24	0.05	0.092	2116.920	0.021	-0.0005	0.003
h^2		0.050	0.020	0.009	0.008	0.030	0.014	-0.004	0.0015
R		1.410	0.170	0.0006	0.0010	88.910	0.0004	-0.0004	0.000006

NS= no significativo, *= significativo al 0.05, **=significativo al 0.01, δ^2G = varianza genética, δ^2F =varianza fenotípica, δ^2A =varianza aditiva, h^2 = heredabilidad sentido estrecho, R =predicción a la selección.

Las estimaciones de las varianzas genética (σ^2_G) presentaron valores mayores para RG (6945.333), AP (125.953) y LM (0.346); para la varianza fenotípica (σ^2_F) los valores respectivos fueron para RG (63243.607), AM (423.320) y AP (343.160); así mismo, los valores para la varianza aditiva (σ^2_A) en RG (2116.920), AP (20.196) y AM (7.24). Estos resultados mostraron la existencia de variación genética en la población de Liebre.

Para el caso de las estimaciones de heredabilidad en general fueron bajos y los mayores valores fueron para AP (0.050), RG (0.030) y AM (0.020) lo que indica la transmisión de estos caracteres a la descendencia posiblemente por ser caracteres muy sensibles a los cambios en su ambiente. Las estimaciones de h^2 mas altos se vieron reflejadas particularmente cuando el componente de varianza del error experimental fue menor que la de la varianza en las familias; esta información es diferente a la reportada por González *et al.* (2009) quienes encontraron valores superiores de heredabilidad para altura de planta (0.374), rendimiento de grano (0.420) y altura de mazorca (-0.154) en 34 poblaciones de maíz Cacahuacintle evaluados en el Estado de México.

En relación a la respuesta predicha a la selección, se encontraron valores superiores para RG (88.910) y AP (1.410) principalmente; los resultados indicaron que cuando la selección de caracteres se realiza en base a un criterio de selección, existe una respuesta de ganancia predicha mayor; en este caso, para estas dos variables al obtener mayores valores pueden ser consideradas para enfocarse dentro de un programa de mejoramiento. Se estima que 76.5% de los agricultores mexicanos

utilizan semilla criolla que seleccionan en base a características como altura de planta y altura de mazorca y rendimiento de grano. Herrera *et al.* (2002) mencionaron que una estrategia de selección en poblaciones criollas de maíz en los sistemas de agricultura tradicional, puede implementarse al hacer selección para altura de planta y mazorca para evitar el acame, característica que poseen los maíces criollos, así como para incrementar la media del rendimiento.

Por su parte, González *et al.* (2006) sugirieron que podría lograrse un mayor éxito en el mejoramiento vegetal si el fitomejorador se enfocara a dos aspectos: la selección entre genotipos, basada en el fenotipo y la respuesta a la selección como una función de variabilidad genética y de heredabilidad. Ellos propusieron incrementar la heredabilidad encontrando diferencias entre la varianza genética y la varianza fenotípica.

Para la población "37" de Liebre (Cuadro 13), la fuente de variación Familias mostró significancia ($p \leq 0.01$) para AP, FF, RG, LM,DM y HM. Los valores más altos de la varianza genética (δ^2G) se presentaron en RG (13817.666), AP (96.666) y FF (1.323); para la varianza fenotípica (δ^2F) fueron RG (43087.027), AP (386.302), AM (375.130) y FF (13.116), en la varianza aditiva (δ^2A) los valores mayores se presentaron en RG, AP, FF y AM con 4226.350, 20.688, 13.840 y 7.080, respectivamente. Para el caso de heredabilidad, los mayores valores se presentaron en FF (0.940), AP (0.053), AM (0.018) y FM (0.018).

Cuadro 13. Cuadrados medios del análisis de varianza individual para la población "37" de Liebre, Marín, N.L. Otoño 2010.

FV	GL	AP	AM	FM	FF	RG	LM	DM	HM
Bloques	12	1458.24**	579.23NS	12.20**	28.30**	104438**	6.689**	0.16**	1.99**
Rep (B)	24	2797.27**	1860.31**	13.09**	34.79**	181251**	8.247**	0.41**	2.87**
Familias	168	628.88**	362.89 NS	5.34 NS	13.33**	82819**	4.355**	0.19**	1.87**
B*Fam	276	427.14**	293.83 NS	4.39 NS	9.87**	41612**	4.656**	0.19**	1.760**
Error	287	338.88	399.83	5.44	9.36	41366	1.149	0.03	0.78
δ^2G		96.666	-12.313	-0.033	1.323	13817.666	1.068	0.053	0.363
δ^2F		386.302	375.130	5.160	13.116	43087.027	2.333	0.084	1.115
δ^2A		20.688	7.080	0.097	13.840	4226.35	-0.030	0.001	0.011
h^2		0.053	0.018	0.018	0.940	0.098	-0.013	0.012	0.010
R		1.535	0.178	0.0024	18.210	579.850	0.00054	0.00001	0.00015

NS= no significativo, *=significativo al 0.05, **=significativo al 0.01, δ^2G = varianza genética, δ^2F =varianza fenotípica, δ^2A =varianza aditiva, h^2 =heredabilidad sentido estrecho, R =predicción a la selección.

Estas estimaciones encontradas para las variables analizadas están relacionadas a la heterogeneidad fenotípica aparente que presentaron las familias. Sin embargo, González *et al.* (2009) encontraron valores negativos de heredabilidad en sentido estrecho para longitud de mazorca (-0.437), número de hileras por mazorca (-0.696), altura de mazorca (-0.154) y diámetro de mazorca (-0.319) sugiriendo que existe poca variabilidad o que son caracteres que no se transmiten fácilmente a la descendencia en poblaciones, así como caracteres que pueden ser fácilmente modificados por el ambiente. Al respecto, Hallauer y Miranda (1981) mencionaron que rendimiento de grano es el resultado de la expresión total del genotipo desde que la semilla se siembra hasta la cosecha, por lo tanto, el rendimiento de grano es la expresión combinada del genotipo y el ambiente a lo largo de todo el período de crecimiento y desarrollo y por lo mismo es afectado mucho por el ambiente, esto se comprueba por el valor bajo de heredabilidad que se encontró en RG. Los valores encontrados en este trabajo son menores que los reportados por Hallauer y Miranda

(1981) quienes encontraron valores de heredabilidad en sentido estrecho de 0.579 para altura de planta y 0.662 para altura de mazorca.

Las estimaciones de predicción de la respuesta a la selección fueron altas en RG (579.850), FF (18.210), AP (1.535) y AM (0.178). Estos valores indican que estas cuatro variables pueden ser consideradas en la selección para mejorar la población. El resultado de las estimaciones en estas variables al obtener mayores valores pueden considerarse para incluirse dentro de un programa de mejoramiento genético.

Para la población "45" de Pinto Amarillo (Cuadro 14) se encontraron diferencias significativas dentro de familias para AP, AM, FM, RG, LM, DM y HM. En las estimaciones para varianza genética (δ^2G) los valores más altos se presentaron en AP (119.101), AM (79.822) y LM (2.154); sin embargo, para la varianza fenotípica (δ^2F) las variables de mayor interés fueron AP (220.453), AM (112.077), FF (4.700), FM (2.972) y LM (2.772); en el caso de la varianza aditiva (δ^2A) las variables con mayores valores fueron AM (0.802), LM (0.170) y HM (0.112). Para las estimaciones de heredabilidad, las variables de mayor interés por presentar mayores valores fueron LM (0.061) y HM (0.028), aunque los valores realmente fueron bajos.

Cuadro 14. Cuadrados medios del análisis de varianza individual para la población "45" de Pinto Amarillo, Marín, N.L. Otoño 2010.

FV	GL	AP	AM	FM	FF	RG	LM	DM	HM
Bloques	10	776.885	214.174	5.814	6.947	0.621	10.329	0.199	9.564
Rep (B)	22	258.807	112.641	4.157	5.019	0.204	6.030	0.231	4.536
Familias	120	425.845*	275.091**	3.590*	4.307 ns	0.207*	7.603**	0.227**	5.710*
B*Fam	200	535.692**	267.264**	3.331*	4.098 ns	0.233*	5.939**	0.254*	4.609*
Error	362	68.542	35.625	2.779	4.988	0.381	1.139	0.72	3.635
δ^2G		119.101	79.822	0.270	-0.227	-0.058	2.154	-0.164	0.691
δ^2F		220.453	112.077	2.972	4.700	0.330	2.772	0.564	3.980
δ^2A		-11.216	0.802	0.026	0.021	-0.003	0.170	-0.003	0.112
h^2		-0.051	0.0071	0.009	0.004	-0.008	0.061	-0.005	0.028
R		-0.800	0.008	0.00032	0.0001	-0.00003	0.014	-0.00002	0.0043

NS= no significativo, *=significativo al 0.05, **=significativo al 0.01, h^2 , = Significativo a 0.01 de probabilidad del error, no significativo, δ^2G = varianza genética, δ^2F =varianza fenotípica, δ^2A =varianza aditiva, h^2 =heredabilidad sentido estrecho, R =predicción a la selección.

En el caso de la respuesta a la selección, las variables que sobresalieron fueron LM (0.014), AM (0.008) y HM (0.004), los valores encontrados en estas tres variables tiene implicaciones importantes desde el punto de vista de mejoramiento práctico, ya que las mejores familias seleccionadas para estas variables pueden ser aprovechadas más adecuadamente en la formación de una población por selección recurrente (Hallauer y Miranda, 1981).

Para la población “15” de Pinto Amarillo (Cuadro 15) los análisis presentaron diferencias entre familias para AM, FM, FF y RG.

Cuadro 15. Cuadrados medios del análisis de varianza individual para la población “15” de Pinto Amarillo, Marín, N.L. Otoño 2010.

FV	GL	AP	AM	FM	FF	RG	LM	DM	HM
Bloques	8	115.351	242.531	15.283	16.054	0.108	1.535	0.355	2.161
Rep (B)	13	570.146	465.285	6.108	7.424	0.225	2.020	0.197	0.990
Familias	80	443.279 ns	313.414**	3.399*	6.698**	0.110*	1.793 ns	0.118 ns	1.491 ns
B*Fam	132	515.237 ns	257.308 **	4.136*	6.341**	0.105*	2.260 ns	0.117 ns	1.031 ns
Error	160	869.479	62.50	6.20	5.91	32.28	5.32	0.25	3.635
δ^2G		-142.066	83.638	-0.933	0.262	-10.723	-1.175	-0.044	-0.714
δ^2F		750.304	129.772	4.133	6.067	21.555	4.289	0.2061	2.775
δ^2A		-7.380	5.754	-0.075	0.036	0.00051	-0.047	0.00010	0.047
h^2		-0.0098	0.044	-0.018	0.0060	0.0002	-0.011	0.0005	0.101
R		-0.101	0.354	-0.0018	0.00030	0.000	-0.00072	0.0000	0.0066

NS= no significativo, *=significativo al 0.05, **=significativo al 0.01, δ^2G = varianza genética, δ^2F =varianza fenotípica, δ^2A =varianza aditiva, h^2 =heredabilidad sentido estrecho, R =predicción a la selección.

La diferencias significativas encontradas entre familias para RG coinciden con Coutiño *et al.* (2008) quienes reportaron diferencias entre familias al realizar selección recurrente de hermanos completos en tres poblaciones de maíz en Chiapas. En las estimaciones de la varianza genética (δ^2G) se encontraron valores positivos en AM (83.638) y FF (0.262), estas variables son indicadores para enfocarse a realizar la selección dentro de la población. En cuanto a la varianza fenotípica (δ^2F) las variables que obtuvieron mayores valores fueron AP (750.304), AM (129.772) y RG (21.55) lo que permite postular que estas variables para mejorar tales caracteres. Para la varianza aditiva (δ^2A) se encontraron mayores estimaciones en AM (5.754), HM (0.047) y FF (0.036). Estos resultados podrían estar relacionado con la variabilidad genética de la población y que las varianzas representan casi toda

la variación existente dentro de estas o, en otras palabras, que las estimaciones de los componentes genéticos son el principal factor de variación existente dentro de la población; por su parte la gran mayoría de los agricultores del Estado de Nuevo León realizan la selección de la semilla de sus maíces criollos en base a mazorca, las eligen bien desarrolladas y que no presenten daño por plagas y enfermedades.

En las estimaciones de heredabilidad, las variables de mayor interés fueron HM (0.101) y AM (0.044); mientras que en la respuesta a la selección, las de mayor interés por sus valores obtenidos se presentaron en AM (0.354), HM (0.006) y FM (0.0018). De acuerdo con Pérez *et al.* (2000), deben tomarse en cuenta y que aunque las estimaciones de heredabilidad son mayores, esto no es garantía de que la respuesta a la selección sea grande. Para que esto suceda es necesario que la variabilidad genética existente en la población original permita la formación de individuos o grupos de individuos cuya media tenga una superioridad sobre la media de la población, tal que al ser multiplicada por la heredabilidad, el resultado todavía sea grande.

4.4 Resultados del objetivo 4. Índices de selección

Es un proceso de selección familiar, la selección de las mejores familias es de vital importancia para continuar con el proceso de selección. Con el propósito de hacer mejor selección de las familias de maíz desarrolladas y evaluadas de cada una de las poblaciones, se estimaron coeficientes y ganancias genéticas, de acuerdo a la metodología de Robinson, *et al.* (1951), eficiencias relativas a través de índices de

selección y selección simultanea de caracteres independientes utilizando un carácter ó combinado con dos, tres y cuatro caracteres asociadas al rendimiento de grano, de acuerdo a la metodología de Hazel y Lush, (1942).

En el Cuadro 16 se presentan los resultados en la ganancia genética predicha para índices de selección y selección simultanea de caracteres independientes de la población “10” de la raza Liebre.

Cuadro 16. Coeficientes y ganancias genéticas con índices de selección y selección independiente entre ocho caracteres de maíz de grano de la población “10” de Liebre, Marín, N.L. Otoño 2010.

Carácter	Coeficientes	Ganancia Genética	Índice de Selección	Selección Independiente
R	3.813	3.490	0.716	0.151
AP	0.800	4.289	0.509	0.486
AM	0.511	4.026	0.799	0.208
FF	0.220	0.909	0.132	0.004
FM	0.145	0.697	0.599	0.637
LM	0.217	0.922	0.430	0.056
DM	3.185	4.626	3.408	1.907
HM	0.778	4.285	0.992	0.362
R/AP	4.252	3.817	6.552	4.637
R/AM	2.013	2.555	6.548	5.359
R/FF	0.510	6.102	1.606	0.155
R/FM	0.115	0.866	2.002	0.788
R/LM	0.961	1.809	1.868	0.207
R/DM	0.045	0.570	3.551	2.121
R/HM	0.342	0.917	2.283	0.513
R/AP/FF	5.442	6.802	6.583	4.641
R/AP/LM	6.120	6.103	6.652	5.198
R/AP/FM/DM	7.866	7.090	7.430	7.181
R/AM/FM/LM	4.283	5.395	6.785	6.052
R/AM/FM/DM	2.153	6.208	7.426	8.054

R= rendimiento de grano, AP= altura de planta, AM= altura de mazorca, FM= floración masculina, FF= floración femenina, LM= longitud de mazorca, DM= diámetro de mazorca y HM= hileras por mazorca

Se obtuvieron coeficientes que fluctuaron entre 0.045 a 7.866 como era de esperarse, las combinaciones que obtuvieron mayores ganancias genéticas fueron aquellas que incluyeron más caracteres, la combinación que presento las mayores ganancias genéticas fueron: R/AP/FM/DM (7.090), R/AP/FF (6.802) y R/AM/FM/DM (6.208). Smith (1936) estableció que el valor genético de una planta puede expresarse como una función lineal de los valores genotípicos cuando se utilizan varios caracteres y que los coeficientes esperados maximizan el avance esperado para mejorar una población.

En este caso, R/AP/FM/DM con altura de planta, floración masculina y diámetro de mazorca expresó el valor más alto, los cuales deben indicadores a considerarse para mejorar la población. Sin descartar la posibilidad de enfocarse a realizar la selección cuando se involucra una variable además del rendimiento como es el caso de R/FF (6.102). Estos resultados indican la factibilidad de realizar selección con uno o varios caracteres cuando se incluye el rendimiento como parte del criterio de selección. Esto concuerda con Tucuch *et al.* (2011) quienes encontraron mayor ganancia genética involucrando varios caracteres que para selección de los caracteres *per se*. Los caracteres con valores mayores en los índices de selección se presentaron en R/AP/FM/DM (7.430), R/AM/FM/DM (7.426) y R/AM/FM/LM (6.785). Reyes (1985) mencionó que en los índices de selección podrían incrementarse con el uso de componentes de rendimiento, cuya relación casual con el mismo tenga sólidas bases fisiológicas. En selección independiente los mejores índices se encontraron en R/AM/FM/DM (8.054), R/AP/FM/DM (7.181) y R/AM/FM/LM (6.052). Se observa que presentaron una tendencia a mejorar a medida que aumentó el número de caracteres

concordando esto con lo reportado por Taba *et al.* (1998), quienes encontraron mejores índices de selección considerando tres caracteres como altura de mazorca, floración masculina y pudrición de la mazorca asociados al rendimiento de grano.

Al calcular las correlaciones genéticas, de acuerdo a la metodología de Barreto *et al.* (1991) se observó que existe una estrecha relación entre rendimiento de grano y el valor encontrado con algunas variables de (0.418) para R/FM, (0.341) R/AM y (0.302) en R/HM, así mismo, presentaron mayores valores de correlaciones genéticas entre las variables como fueron los casos de: FF/DM (0.92), AP/LM (0.84) FM/LM (0.80), DM/HM (0.79), LM/DM (0.68), FF/LM (0.66) y FF/FM (0.64) indicadas en el Cuadro 17.

Con estas correlaciones cabría la posibilidad de aumentar el rendimiento mediante la selección de plantas con mayor interés para realizar selección considerando AM, FM y HM principalmente, dado que presentaron asociación con RG sin descartar AP y DM que presentan mayor heredabilidad, 0.11 y 0.31, respectivamente, el progreso que se podría esperar por el uso de estos caracteres en generaciones tempranas sería significativo, lo cual concuerda con Presterl *et al.* (2003), quienes reportaron heredabilidades en sentido estrecho por la variación genética en rendimiento de grano, diámetro de mazorca, altura de mazorca y altura de planta.

Cuadro 17. Parámetros genotípicos y fenotípicos de ocho características de la población "10" de Liebre. Marín, N.L. Otoño 2010.

	RG	AP	AM	FF	FM	LM	DM	HM
	t ha ⁻¹	(cm)	(cm)	(días)	(días)	(cm)	(cm)	(número)
Valor Fen.	2.423	238.019	124.357	63.481	64.455	15.953	2.394	12.137
δ^2G	0.165	57.873	57.729	0.050	0.014	0.061	3.805	0.322
δ^2F	3.648	509.320	375.928	4.400	10.397	3.566	12.122	2.418
H	0.0452	0.1136	0.1535	0.0113	0.0013	0.017	0.313	0.1331
Valor Econ	1	1	1	1	1	1	1	1
	R/AP	R/AM	R/FF	R/FM	R/LM	R/DM	R/HM	AP/AM
Corr G	0.166	0.341	0.187	0.418	0.092	0.197	0.302	0.000
Cov G	0.506	0.119	-0.009	-0.130	0.108	-0.152	-0.067	15.022
Corr F	0.062	0.000	0.060	0.086	0.107	0.041	0.052	0.000
Cov F	2.689	3.442	-0.374	-0.347	-0.125	-0.275	-0.155	294.735
	AP/FM	AP/FF	AP/LM	AP/DM	AP/HM	AM/FF	AM/FM	AM/LM
Corr G	0.281	0.186	0.842	0.210	0.168	0.001	0.551	0.145
Cov G	0.800	0.172	-1.611	-3.152	0.730	0.813	0.458	0.279
Corr F	0.227	0.230	0.004	0.062	0.056	0.003	0.226	0.023
Cov F	0.776	0.743	0.174	4.899	1.975	12.963	-9.231	0.866
	AM/DM	AM/HM	FF/FM	FF/LM	FF/DM	FF/HM	FM/LM	FM/DM
Corr G	0.002	0.110	0.647	0.660	0.929	0.001	0.804	0.364
Cov G	1.721	1.403	-0.034	0.447	0.561	0.282	0.042	0.155
Corr F	0.001	0.052	0.817	0.032	-0.009	0.004	0.029	-0.035
Cov F	5.456	1.579	5.530	0.195	-0.103	0.330	0.115	-0.260
	FM/HM	LM/DM	LM/HM	DM/HM				
Corr G	0.519	0.681	0.107	0.791				
Cov G	0.158	0.310	0.014	0.870				
Corr F	0.013	0.226	0.132	0.509				
Cov F	0.043	1.488	0.389	2.759				

R= rendimiento de grano, AP= altura de planta, AM= altura de mazorca, FM= floración masculina, FF= floración femenina, LM= longitud de mazorca, DM= diámetro de mazorca y HM= hileras por mazorca

Por lo tanto, puede afirmarse cuando se selecciona un carácter como medio para mejorar otro, deberá considerarse, tanto el grado de asociación con el carácter por mejorar, como el porcentaje de heredabilidad del carácter seleccionado, lo cual conlleva una selección indirecta.

El hecho de que haya habido una tendencia favorable en los valores de los índices de selección comparado con la selección independiente cuando se combinaron dos a cuatro caracteres, cabe la posibilidad de considerar que las variables involucradas

presentaron mejores correlaciones genéticas asociadas con rendimiento de grano puedan enfocarse a realizar selección de estas variables. Lo que concuerda esto con lo reportado por Torres (1974), donde reportó que ciertos caracteres como altura de mazorca, altura de mazorca y longitud de mazorca estuvieron positivamente correlacionados con rendimiento de grano. Los caracteres correlacionados involucrados donde presentaron mayores índices fueron aquellos que consideraron al rendimiento de grano, lo cual concuerda con Robinson *et al.* (1951) reportaron correlaciones positivas en altura de planta y altura de mazorca con el rendimiento de grano y con lo reportado por Searle (1965) reportó asociación genética positiva en altura de planta y diámetro de mazorca con rendimiento de grano; sin embargo, otros autores han encontrado que los caracteres más eficientes en índices de selección a veces no contienen una correlación genética con la variable rendimiento de grano (Oyervides, 1979).

Siguiendo la metodología de Barreto *et al.* (1991), se calcularon los índices de selección para cada una de las familias evaluadas. En el cuadro 18 se presentan los valores de los índices y de cada una de las familias seleccionadas en la población 10 de Liebre. Para la construcción de los índices, se consideró reducir la altura de planta, altura de mazorca y seleccionar las familias precoces; además, se requirió encontrar familias con buen potencial de rendimiento, con mayor longitud de mazorca, buen diámetro de mazorca y mayor número de hileras por mazorca.

Cuadro 18. Familias seleccionadas de la población “10” de Liebre en base a los índices de selección, Marín, N.L. Otoño 2010.

F-HC	Índice	AP	AM	FF	FM	RG	LM	DM	HM
43	5.436	231.667	111.667	62.333	61.333	3.567	17.000	2.773	12.867
27	7.058	236.667	115.000	61.667	64.000	4.957	15.733	2.420	12.867
144	7.170	203.333	96.667	63.000	63.333	4.017	16.533	2.253	12.933
79	7.585	228.333	123.333	63.000	62.000	3.807	18.467	2.440	12.333
73	7.719	226.667	110.000	63.333	63.000	2.727	17.100	2.547	12.533
45	7.983	236.667	118.333	61.000	62.667	2.873	17.267	2.407	12.467
85	8.170	233.333	121.667	63.333	62.000	2.917	17.933	2.327	13.067
156	8.312	236.667	116.667	62.667	63.333	2.460	16.667	2.633	12.933
140	8.599	233.333	120.333	62.667	63.000	2.977	15.867	2.493	12.667
166	8.716	235.000	118.333	61.667	61.667	3.797	15.533	2.307	12.467
16	8.814	231.667	112.667	62.333	61.333	2.413	16.533	2.427	12.800
50	8.916	223.333	113.333	62.667	63.333	2.590	16.867	2.587	11.867
106	9.264	226.667	105.000	61.667	62.667	2.767	15.333	2.553	12.533
104	9.268	231.667	115.000	61.333	61.333	2.767	16.933	2.613	12.200
37	9.340	223.333	108.333	61.333	63.333	1.610	16.200	2.687	13.133
153	9.346	236.667	118.000	61.333	62.000	3.103	16.267	2.507	12.133
96	9.388	270.000	130.000	61.667	63.000	3.357	17.067	2.333	13.033
	Máxima	270.000	156.667	67.333	69.333	14.347	18.467	2.787	14.733
	Media	238.020	124.357	63.481	64.456	2.423	15.934	2.394	12.137
	Mínima	201.667	96.667	60.667	59.000	1.060	13.400	1.793	10.800

RG= rendimiento de grano, AP= altura de planta, AM= altura de mazorca, FM= floración masculina, FF= floración femenina, LM= longitud de mazorca, DM= diámetro de mazorca y HM= hileras por mazorca

Se aplicó el 10% de presión de selección dando como resultado 17 familias seleccionadas, las cuales obtuvieron valores del índice de selección más pequeños, considerados como mejores de acuerdo a esta metodología de Barreto *et al.* (1991). Estos autores mencionaron que entre más pequeño sea el valor del índice en la familia, mayor peso se le dará para seleccionarla y considerarla de importancia; en este caso, las cinco familias que presentaron valores bajos de los índices fueron la 43 (I= 5.436), 27 (I= 7.058), 144 (I= 7.170), 79 (I=7.585) y 73 (I= 7.719).

Los valores que se encontraron en cada variable representan la predicción que se le dio a cada una de estas; por ejemplo en AP y AM se consideró en reducir el porte, lo

cual arrojó resultados menores a su media poblacional, para AP (238.020 cm) y AM (124.357 cm). Para FM y FF se consideró en identificar familias más precoces, por lo que presentaron los valores más bajos que la media de cada una.

Para el caso de rendimiento de grano, longitud, diámetro e hileras por mazorca, se consideró en identificar aquellas familias con mejor rendimiento de grano, mas grandes, ancho de mazorca y con mayor número de hileras por mazorca, por tal motivo, las familias mostraron valores mayores que su media; los valores del Cuadro 19 indican que los resultados de los índices fueron efectivos para identificar las familias y considerarlas para el siguiente ciclo de selección.

Al realizar los análisis para la población "37" de Liebre, los resultados se presentan en el Cuadro 19. Los coeficientes de los índices mostraron valores entre 0.416 a 18.205 para dos y cuatro caracteres R/AP y R/AP/FM/DM, respectivamente, como era de esperarse las mayores ganancias genéticas se presentaron cuando se combinaron cuatro caracteres R/AP/FM/DM (9.031), R/AM/FM/LM (6.692) y R/AM/FM/DM (5.809).

Estos valores fueron los que consideraron al rendimiento de grano, altura de planta, altura de mazorca, floración masculina, longitud y diámetro de mazorca principalmente; sin embargo, Ajala y Olaoye (2009) reportaron mayores ganancias genéticas en familias de hermanos completos para caracteres sin combinación en altura de planta (77.0 cm), floración masculina (1.7 días) y floración femenina (1.7días) debido a la variación genética existente en poblaciones de maíz.

Cuadro 19. Coeficientes y ganancias genéticas con índices de selección y selección independiente entre ocho caracteres de maíz de grano de la población “37” de Liebre, Marín, N.L. Otoño 2010.

Carácter	Coeficientes	Ganancia Genética	Índice de Selección	Selección Independiente
R	0.218	1.117	0.760	0.308
AP	1.868	2.510	4.388	4.374
AM	1.422	3.591	4.139	4.137
FF	1.681	4.991	1.778	0.542
FM	1.018	3.459	0.800	0.169
LM	0.199	0.883	0.404	0.049
DM	3.213	4.147	3.395	1.893
HM	0.776	1.832	0.298	0.032
R/AP	0.416	0.640	13.092	4.682
R/AM	1.169	1.800	12.729	4.445
R/FF	0.046	0.708	1.934	0.850
R/FM	0.050	0.913	1.104	0.475
R/LM	0.375	1.155	0.861	0.357
R/DM	4.027	3.856	3.479	2.201
R/HM	0.779	1.730	0.816	0.340
R/AP/FF	10.824	4.598	13.212	5.224
R/AP/LM	7.350	4.737	13.098	4.731
R/AP/FM/DM	18.205	9.031	13.548	6.742
R/AM/FM/LM	13.673	6.692	12.761	4.662
R/AM/FM/DM	9.655	5.809	13.198	6.506

R= rendimiento de grano, AP= altura de planta, AM= altura de mazorca, FM= floración masculina, FF= floración femenina, LM= longitud de mazorca, DM= diámetro de mazorca y HM= hileras por mazorca

Referente a índices de selección, los mayores valores se encontraron en R/AP/FM/DM (13.548), R/AP/FF (13.212) y R/AM/FM/DM (13.198), mientras que los valores bajos fueron en HM (0.298) y LM (0.404). La combinación de tres y cuatro caracteres fueron más eficientes debido a que las variables que lo involucran como AP (4.388), AM (4.139) y DM (3.395) cuando se consideran solos. Esto puede explicarse al observar las correlaciones ya que los caracteres manifestaron valores altos de correlaciones genéticas con rendimiento de grano (Cuadro 20), R/FM $r=0.590$, R/DM $r=0.973$ y AP/FM $r=0.817$. Mohammadi y Syed (2010) mencionaron al respecto, que la correlación genética entre dos caracteres juega un papel importante

en la respuesta correlacionada de la selección; por lo tanto, siendo el rendimiento un carácter poligénico, cabe suponer que este correlacionado con otros caracteres y que asegura un máximo mejoramiento de los índices de selección. Así mismo, mencionaron también que cuando un carácter esta correlacionado con otros caracteres, la selección en algunos de éstos puede producir cambios en el rendimiento.

Cuadro 20. Parámetros genotípicos y fenotípicos de ocho características de la población "37" de Liebre. Marín, N.L. Otoño 2010.

	R t ha ⁻¹	AP (cm)	AM (cm)	FF (días)	FM (días)	LM (cm)	DM (cm)	HM (número)
Valor Fen.	227.218	108.149	63.021	63.617	2.889	15.837	2.405	12.231
δ^2G	0.190	56.156	52.790	1.040	0.214	0.056	3.766	0.321
δ^2F	1.152	498.036	497.389	11.109	4.759	3.567	12.102	2.418
H	0.164	0.112	0.106	0.093	0.044	0.015	0.311	0.012
Valor Econ	1	1	1	1	1	1	1	1
	R/AP	R/AM	R/FF	R/FM	R/LM	R/DM	R/HM	AP/AM
Corr G	0.089	0.337	-0.725	0.590	0.593	0.973	0.785	0.746
Cov G	-0.282	-0.529	-0.319	-0.110	0.061	0.829	0.199	20.615
Corr F	0.140	0.119	-0.221	0.223	0.170	0.749	0.509	0.629
Cov F	3.374	2.298	-0.791	-0.522	0.346	2.800	0.851	251.765
	AP/FM	AP/FF	AP/LM	AP/DM	AP/HM	AM/FF	AM/FM	AM/LM
Corr G	0.827	0.506	0.577	0.085	0.154	0.506	0.697	0.284
Cov G	-2.873	-3.865	-2.739	1.219	0.643	-1.912	-1.156	0.239
Corr F	0.220	-0.199	0.020	0.145	0.128	0.216	0.169	-0.013
Cov F	-10.718	-14.843	-0.870	11.251	4.474	-12.971	-6.649	-0.448
	AM/DM	AM/HM	FF/FM	FF/LM	FF/DM	FF/HM	FM/LM	FM/DM
Corr G	0.103	0.629	0.990	1.964	-0.530	-0.130	0.436	0.509
Cov G	0.739	1.369	0.415	0.464	-1.023	-0.653	0.370	-0.416
Corr F	0.093	0.086	0.803	-0.040	-0.236	-0.187	-0.016	0.347
Cov F	5.850	2.414	5.836	-0.253	-2.742	-0.973	-0.066	-1.880
	FM/HM	LM/DM	LM/HM	DM/HM				
Corr G	0.264	0.681	0.107	0.791				
Cov G	-0.308	0.310	0.014	0.870				
Corr F	-0.214	0.226	0.132	0.509				
Cov F	-0.727	1.488	0.389	2.759				

R= rendimiento de grano, AP= altura de planta, AM= altura de mazorca, FM= floración masculina, FF= floración femenina, LM= longitud de mazorca, DM= diámetro de mazorca y HM= hileras por mazorca

Para el caso de selección independiente, las combinaciones con mayores valores en R/AP/FM/DM (6.742), R/AM/FM/DM (6.506) y R/AP/FF (5.224), esto indica que cuando se combinan tres a cuatro caracteres son más eficientes que cuando están involucrados uno o dos caracteres.

Estos resultados tienen su explicación, en el sentido de que al aumentar el número de caracteres correlacionados con el carácter por mejorar, se obtendrá mayor avance genético. Siendo la correlación una medida de la comunidad de genes que gobiernan en común el carácter de objeto de la selección, se sugiere que los caracteres que involucraron mayores eficiencias relativas en los índices se deben ser considerados con el carácter rendimiento para mejorar genéticamente la población.

De acuerdo con las estimaciones de heredabilidad (Cuadro 21), se puede inferir que las variables en las cuales se puede esperar mayores avances al realizar selección en generaciones tempranas son en DM (0.311), R (0.164), AP (0.112) y AM (0.106) por presentar mayor heredabilidad, el resto de las variables mostraron baja heredabilidad.

Para el caso de la raza Liebre, la construcción de los índices de la población "37" (Cuadro 21), los valores del índice de selección más pequeños fueron considerados como superiores para obtener las mejores 17 familias en base a los valores del índice; se aplicó el 10% de presión de selección, las cinco familias que presentaron valores bajos de los índices fueron la 88 (I= 7.505), 130 (I= 7.652), 151 (I= 7.965), 59 (I=8.091) y la 149 (I= 8.162). Los valores que se encontraron en cada variable representan la predicción que se le dio a cada una de estas; por ejemplo en AP y AM

se considero en reducir el porte, lo cual arrojó resultados menores a su media poblacional, para AP (227.219 cm) y AM (108.150 cm).

Cuadro 21. Familias seleccionadas de la población “37” de Liebre en base a los índices de selección, Marín, N.L. Otoño 2010.

F-HC	Índice	AP	AM	FF	FM	RG	LM	DM	HM
88	7.505	223.333	106.667	61.667	61.333	4.400	16.333	2.360	13.133
130	7.652	218.333	88.333	62.667	62.667	4.517	16.600	2.593	12.000
151	7.965	213.333	98.333	62.333	63.000	3.630	16.067	2.767	12.800
59	8.091	226.667	103.333	61.333	61.667	3.613	16.733	2.513	12.600
149	8.162	218.333	107.333	62.667	62.667	3.883	16.167	2.550	12.533
137	8.473	223.333	107.333	61.667	61.667	4.217	16.067	2.387	12.533
147	8.702	221.667	108.000	62.667	62.000	3.253	16.667	2.667	12.800
66	8.883	230.000	103.333	63.000	61.667	3.150	16.533	2.827	13.467
161	8.961	223.333	106.667	62.333	63.333	3.637	15.333	2.767	14.000
33	8.976	226.667	105.000	62.667	61.667	3.317	15.733	2.653	13.800
85	9.164	224.000	105.000	62.000	62.000	3.307	16.133	2.753	12.400
153	9.382	221.667	107.333	62.667	63.607	3.530	16.533	2.620	12.133
64	9.441	217.000	105.000	60.333	58.667	4.083	16.067	2.287	13.600
144	9.499	223.333	103.333	62.333	62.000	3.547	16.067	2.453	12.667
141	9.517	218.333	103.333	62.667	63.333	3.110	16.467	2.640	12.667
38	9.715	218.333	96.667	61.667	61.333	3.300	16.267	2.440	12.800
48	9.815	220.000	107.333	62.333	60.333	3.607	16.933	2.333	12.267
	Máxima	256.667	138.333	66.667	69.000	4.517	28.000	3.073	14.533
	Media	227.219	108.150	63.022	63.617	2.889	15.837	2.306	12.231
	Mínima	177.333	80.000	59.000	57.667	1.043	13.733	1.867	10.000

RG= rendimiento de grano, AP= altura de planta, AM= altura de mazorca, FM= floración masculina, FF= floración femenina, LM= longitud de mazorca, DM= diámetro de mazorca y HM= hileras por mazorca

Para floración masculina y femenina se consideró en identificar familias más precoces, por lo que presentaron los valores menores que la media de cada una, FF (63.022 días), FM (63.617 días), además se consideró identificar familias con buen potencial de rendimiento, lo cual arrojaron resultados superiores a su media poblacional (2.889 t h⁻¹), también se consideró identificar familias con buena longitud

y diámetro de mazorca y mayor número de hileras por mazorca, por lo tanto sus promedios fueron superiores a su media LM (15.837 cm), DM (2.036 cm) y HM (12.231).

Con el propósito de realizar una mejor selección de las familias de maíz desarrolladas, se estimaron coeficientes, ganancias genéticas, índices de selección y selección independiente utilizando un carácter o combinado con dos, tres y hasta siete caracteres. En el Cuadro 22 se anotan estos resultados para la población 45 de Pinto Amarillo. Se observa que los mejores coeficientes se obtuvieron en un solo carácter, seguido de las combinaciones de dos, siete, seis y cinco, las mayores ganancias genéticas se presentaron cuando se involucraron siete caracteres que se asociaron a R. (R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM)(R/HM) (9.767), seis (R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM) (9.608) y cinco caracteres (R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM) (9.168), lo cual era de esperarse porque al considerar simultáneamente varios caracteres existe mayor ganancia genética lo cual puede ayudar a una mejor clasificación y selección.

Estos resultados indican que cuando la selección se realiza en base a un criterio que involucre varios caracteres existe mayor ganancia cuando se incluye el rendimiento de grano como parte del criterio de selección. Esto concuerda con Tucuch *et al.* (2011) quienes encontraron mayor ganancia genética involucrando más de cinco caracteres que para selección de los caracteres *per se* asociadas rendimiento de grano.

Cuadro 22. Coeficientes y ganancias genéticas con índices de selección y selección independiente entre ocho caracteres de maíz de grano de la población “45” de Pinto Amarillo, Marín, N.L. Otoño2010.

Carácter	Coeficientes	Ganancia Genética	Índice de Selección	Selección Independiente
R	0.312	1.901	3.401	1.899
AP	0.072	2.015	7.490	2.009
AM	0.113	4.469	13.275	4.462
FF	0.036	0.127	0.666	0.126
FM	0.447	2.290	3.424	2.289
LM	0.312	1.899	3.400	1.899
DM	0.294	1.506	2.776	1.505
HM	0.133	0.362	0.992	0.361
R/AP	0.031	2.770	8.226	3.909
R/AM	0.075	4.857	13.704	6.361
R/FF	0.204	1.905	3.466	2.025
R/FM	0.310	2.976	4.826	4.188
R/LM	0.301	2.687	4.810	3.798
R/DM	0.283	2.425	4.390	3.404
R/HM	0.203	1.935	3.543	2.260
(R/AP)(R/AM)	0.035	7.534	29.627	10.270
(R/AP)(R/AM)(R/FM)	0.030	7.557	29.655	12.295
(R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)	0.035	8.419	30.393	16.483
(R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)	0.049	9.168	31.104	20.281
(R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM)	0.050	9.608	31.568	23.685
(R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM)(R/HM)	0.080	9.747	31.627	25.945

R= rendimiento de grano, AP= altura de planta, AM= altura de mazorca, FM= floración masculina, FF= floración femenina, LM= longitud de mazorca, DM= diámetro de mazorca y HM= hileras por mazorca

Al realizar la comparación de los índices de selección con selección independiente, los valores mostraron una tendencia favorable cuando son considerados un solo carácter en los índices de selección, como fue en AM (13.275), AP (7.490) y FF (3.424), sin embargo; cuando se utilizan dos caracteres estas mismas variables en asociación con rendimiento de grano R/AM (13.704), R/AP (8.226) R/FM (4.826) fueron mayores sus valores, entre mas caracteres involucrados con el rendimiento de grano mayores valores fueron: R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM)(R/HM) con 31.627 y seis (R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM) con 31.568.

Los índices de selección fueron mas eficientes comparados con los de selección independiente por presentar mayores ganancias genéticas, lo cual era de esperarse al combinarse el rendimiento de grano con varios caracteres, estos resultados concuerdan con lo referido por (Hazel y Lush, 1942; Baker, 1996; Henning y Tuber, 1996) quienes mencionaron que el índice que proporcione mayor ganancia genética utilizando diferentes caracteres, es el mejor.

Estos resultados se ven reflejados ya que en las variables involucradas con rendimiento de grano existieron correlaciones genéticas positivas (Cuadro 23) en R/AP ($r=0.60$), R/AM ($r=0.56$) y R/FF ($r=0.45$), R/LM ($r=0.85$), así mismo entre variables como AP/AM ($r= 0.61$), AM/LM ($r= 0.99$), FF/FM ($r= 0.75$), FF/DM ($r= 0.80$), FM/LM ($r= 0.72$), LM/DM ($r= 0.68$), LM/HM ($r= 0.60$) y DM/HM ($r= 0.79$). Sin embargo estos valores fueron superiores a los reportados por Jawad and Sadaqat (2010) quienes reportaron ganancia genéticas al comparar tres métodos: índices de selección por Smith-Hazel, índice de ganancia esperada e índices base, reportaron valores en altura de planta (0.74), altura de mazorca (0.51) y floración femenina (0.63), ellos mencionan que al utilizar más de dos caracteres favorecen la selección de estos caracteres en familias S_1 de poblaciones de maíz, concluyendo que el método más efectivo fue índices de selección.

Cuadro 23. Parámetros genotípicos y fenotípicos de ocho características de la población "45" de Pinto Amarillo. Marín, N.L. Otoño 2010.

	R	AP	AM	FF	FM	LM	DM	HM
	t ha ⁻¹	(cm)	(cm)	(días)	(días)	(cm)	(cm)	(número)
Valor Fenotípico	0.076	503.779	337.663	5.560	4.126	3.210	0.245	3.475
δ ² G	3.783	18.424	57.729	3.832	0.147	3.778	2.521	0.322
δ ² F	12.109	254.431	509.277	8.565	4.030	12.105	8.562	2.417
H	0.312	0.072	0.113	0.447	0.036	0.312	0.294	0.133
Valor Econ	1	1	1	1	1	1	1	1
	R/AP	R/AM	R/FF	R/FM	R/LM	R/DM	R/HM	AP/AM
Corr G	0.609	0.562	0.452	0.129	0.857	-0.179	-0.418	0.610
Cov G	0.793	1.261	0.056	0.088	0.050	-0.073	-0.050	16.091
Corr F	0.045	0.056	0.025	-0.002	0.041	0.012	-0.081	0.657
Cov F	0.761	0.070	-0.062	-0.009	0.065	0.034	-0.105	14.906
	AP/FM	AP/FF	AP/LM	AP/DM	AP/HM	AM/FF	AM/FM	AM/LM
Corr G	0.150	0.103	0.362	-0.672	-0.503	0.118	0.068	0.992
Cov G	1.794	2.195	0.518	-7.989	-1.724	1.608	1.827	0.982
Corr F	-0.190	-0.167	-0.030	-0.097	-0.025	-0.019	-0.023	-0.033
Cov F	-6.099	-7.838	-1.164	-6.839	-0.803	-1.295	-1.052	-0.101
	AM/DM	AM/HM	FF/FM	FF/LM	FF/DM	FF/HM	FM/LM	FM/DM
Corr G	-0.348	0.022	0.751	0.069	0.803	0.315	0.721	0.063
Cov G	-2.906	0.054	-0.144	0.265	0.789	0.350	0.051	0.339
Corr F	-0.044	-0.064	0.545	0.035	0.082	0.024	0.433	0.056
Cov F	-0.228	-0.016	4.873	0.358	0.841	0.109	0.125	0.331
	FM/HM	LM/DM	LM/HM	DM/HM				
Corr G	0.141	0.681	0.607	0.791				
Cov G	0.280	0.311	0.014	0.870				
Corr F	-0.021	0.426	0.532	0.509				
Cov F	-0.066	1.488	0.389	2.759				

R= rendimiento de grano, AP= altura de planta, AM= altura de mazorca, FM= floración masculina, FF= floración femenina, LM= longitud de mazorca, DM= diámetro de mazorca y HM= hileras por mazorca

De acuerdo con las estimaciones de heredabilidad (Cuadro 23), se puede inferir que las variables en las cuales se puede esperar mayores avances al realizar selección en generaciones tempranas son en FF (0.447), LM (0.312), RG (0.312) y DM (0.294) por presentar mayor heredabilidad, el resto de las variables mostraron baja heredabilidad.

El análisis de las familias utilizando índices de selección basados en la metodología de Barreto *et al.* (1991) para la población 45 de Pinto Amarillo se presenta en el

Cuadro 24, los valores del índice de selección más pequeños fueron considerados como superiores para obtener las mejores nueve familias en base a los valores del índice; se aplicó el 10% de presión de selección, las cinco familias que presentaron valores bajos de los índices fueron la 15 (I= 5.674), 37 (I= 6.300), 70 (I= 6.925), 11 (I=7.647) y la 18 (I= 7.810).

Cuadro 24. Familias seleccionadas de la población “45” de Pinto Amarillo en base a los índices de selección, Marín, N.L. Otoño 2010.

F- HC	Índice	AP	AM	FF	FM	RG	LM	DM	HM
15	5.674	235.000	125.000	65.333	67.667	2.050	17.533	2.800	14.533
37	6.300	233.333	121.667	65.333	67.667	1.813	16.600	3.087	15.533
70	6.925	240.667	123.333	65.333	67.333	1.867	16.400	3.440	15.600
11	7.647	230.000	111.667	66.333	69.667	1.830	16.867	2.913	14.800
18	7.810	230.000	118.333	65.333	67.667	1.797	17.467	2.913	14.467
69	8.044	240.000	123.333	69.000	71.000	1.793	17.467	3.227	16.333
4	8.187	233.333	128.333	67.000	68.333	1.807	16.533	2.953	14.900
65	8.215	240.000	126.667	66.667	68.000	1.940	16.200	2.960	15.067
64	8.397	243.333	125.000	65.333	67.667	1.777	16.400	3.113	14.733
	Máxima	275.000	150.000	69.333	73.000	2.050	17.867	3.440	16.800
	Media	241.260	130.221	66.530	68.769	1.611	15.887	2.836	14.097
	Mínima	211.667	100.000	63.667	64.333	1.277	12.400	1.487	10.667

R= rendimiento de grano, AP= altura de planta, AM= altura de mazorca, FM= floración masculina, FF= floración femenina, LM= longitud de mazorca, DM= diámetro de mazorca y HM= hileras por mazorca

El criterio para seleccionar las mejores familias fue en identificar familias con porte bajo tanto en altura de planta como altura de mazorca, característica importante para evitar acame de raíz como de tallo, por lo tanto sus promedios de estas variables fueron inferiores a su media poblacional AP (241.260 cm) y AM (130.221cm), además de encontrar familias precoces, notándose que los promedios de las familias fueron más bajos que su media, para FF (66.530 días), FM (68.769 días), además se consideró identificar familias con buen potencial de rendimiento obteniendo valores superiores a su media R (1.611t h⁻¹), mayor LM y DM (15.887 cm) (2.836 cm),

respectivamente, familias con mayor número de HM (14.097), de esta manera queda demostrado que sus promedios fueron superiores a la media poblacional. Por lo tanto, estos valores del índice de selección indican que estas familias deben considerarse importantes para evaluarlas en el siguiente ciclo de selección.

Para el caso de la población 15 de Pinto Amarillo (Cuadro 25) se estimaron coeficientes, ganancias genéticas y se compararon índices de selección con selección independiente utilizando uno, dos, tres hasta siete caracteres asociados al rendimiento de grano. Los resultados reflejaron valores mayores en los coeficientes en HM (0.195), R/AP (0.163), AP (0.158) y DM (0.113), las mayores ganancias genéticas se presentaron en HM (0.772), AP (0.695), cuando se incluyeron dos caracteres fue en R/AP (0.689) y R/HM (0.625), cuando se incluyeron siete caracteres fue (R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM)(R/HM) con 0.356 seguido de seis y cinco caracteres.

Los mejores índices de selección se encontraron en AP (1.691), DM (1.569), HM (1.476) y LM (1.364), cuando se incluyó rendimiento de grano fueron R/AP (1.828), R/DM (1.716) y R/HM (1.541); al combinarse más caracteres se presentaron en la combinación de siete caracteres asociados al rendimiento de grano, como fue el caso de (R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM)(R/HM) al obtener mayor valor con 1.300, seguido de seis, cinco y cuatro caracteres.

Cuadro 25. Coeficientes y ganancias genéticas con índices de selección y selección independiente entre ocho caracteres de maíz de grano de la población “15” de Pinto Amarillo, Marín, N.L. Otoño2010.

Carácter	Coeficientes	Ganancia Genética	Índice de Selección	Selección Independiente
R	0.043	0.362	0.693	0.143
AP	0.158	0.695	1.691	0.672
AM	0.091	0.527	1.049	0.316
FF	0.014	0.207	0.667	0.040
FM	0.011	0.183	0.385	0.078
LM	0.017	0.228	1.364	0.567
DM	0.113	0.588	1.569	0.527
HM	0.195	0.772	1.376	0.607
R/AP	0.163	0.689	1.828	0.815
R/AM	0.046	0.348	1.257	0.459
R/FF	-0.006	0.150	0.962	0.183
R/FM	-0.032	0.165	0.792	0.221
R/LM	0.044	0.155	1.531	0.710
R/DM	0.057	0.220	1.716	0.670
R/HM	0.076	0.625	1.541	0.751
(R/AP)(R/AM)	0.038	0.286	0.788	1.274
(R/AP)(R/AM)(R/FM)	0.048	0.285	0.803	1.457
(R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)	0.034	0.284	0.845	1.678
(R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)	0.035	0.286	1.003	2.388
(R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM)	0.049	0.323	1.180	3.058
(R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM)(R/HM)	0.069	0.356	1.300	3.809

R= rendimiento de grano, AP= altura de planta, AM= altura de mazorca, FM= floración masculina, FF= floración femenina, LM= longitud de mazorca, DM= diámetro de mazorca y HM= hileras por mazorca

Para el caso de selección independiente se pudo notar que caracteres sin combinación con mayores valores fueron AP (0.672), HM (0.607), LM (0.567) y DM (0.527), cuando se asocian al rendimiento de grano fueron en R/AP (1.828), R/DM (1.716), R/HM (1.541) y R/LM (1.531), sin embargo, cuando se combinan más de tres caracteres asociados al rendimiento de grano los mayores valores se presentaron (R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM)(R/HM) con 3.809, lo cual indica que son un criterio importante a considerarse para mejorar la población y esto coincide con lo referido por Jawad y Sadaqat (2010) quienes encontraron mayores ganancias genéticas e índices de selección en familias S_1 de maíces derivadas de una población, cuando se involucraron más de dos caracteres en el primer ciclo de

selección y recomendaron considerarlas para el siguiente ciclo y mejorar la población tomando en cuenta los caracteres relacionados con el rendimiento de grano.

Para sustentar más la información de los caracteres que presentaron relación con el rendimiento de grano, se confirma por las correlaciones genotípicas positivas anotadas en el Cuadro 26, existió asociación entre R/AP ($r=0.56$), R/DM ($r=0.73$) y R/HM ($r=0.60$), así mismo relación entre variables como: AP/HM ($r=0.79$), FF/HM ($r=0.93$), FF/LM ($r=0.66$), DM/HM ($r=0.79$) y LM/DM ($r=0.68$) lo cual es deseable ya que estos caracteres involucrados con estrecha relación pueden usarse con gran ventaja en la selección para el siguiente ciclo y ser consideradas para continuar mejorando la población. Con estos resultados cabe la posibilidad de aumentar el rendimiento de grano mediante la selección de plantas con mayor número de hileras diámetro de mazorca y longitud de mazorca dado que el progreso que se puede esperar por el uso de este carácter en generaciones tempranas. Por otra parte, la correlación genética entre dos caracteres juega un papel importante en la respuesta correlacionada de la selección y asegura un máximo mejoramiento de los índices de selección al combinar diferentes caracteres Badu (2007).

Al respecto Daros *et al.* (2004) mencionaron que los índices de selección son más eficientes para obtener mejores ganancias genéticas para rendimiento de grano y que la correlación es una medida de la comunidad de genes que gobiernan en común el carácter objeto de la selección y los caracteres del índice.

Cuadro 26. Parámetros genotípicos y fenotípicos de ocho características de la población “15” de Pinto Amarillo. Marín, N.L. Otoño 2010.

	R	AP	AM	FF	FM	LM	DM	HM
	t ha ⁻¹	(cm)	(cm)	(días)	(días)	(cm)	(cm)	(número)
Valor Fenotípico	0.090	4.289	5.024	5.584	2.854	2.244	0.126	1.090
δ^2G	0.159	0.940	0.360	0.148	0.050	0.061	0.805	0.621
δ^2F	3.647	5.916	3.952	10.397	4.400	3.516	7.122	3.173
H	0.043	0.158	0.091	0.014	0.011	0.173	0.113	0.195
Valor Econ	1	1	1	1	1	1	1	1
	R/AP	RAM	R/FF	R/FM	R/LM	R/DM	R/HM	AP/AM
Corr G	0.566	0.112	-0.187	-0.418	0.092	0.731	0.602	0.197
Cov G	0.506	0.119	-0.009	-0.130	0.108	-0.152	-0.067	15.022
Corr F	0.062	0.092	-0.060	-0.086	-0.007	-0.041	-0.052	0.067
Cov F	2.689	3.442	-0.374	-0.347	-0.025	-0.275	-0.155	29.735
	AP/FM	AP/FF	AP/LM	AP/DM	AP/HM	AM/FF	AM/FM	AM/LM
Corr G	-0.281	-0.186	-0.842	-0.210	0.797	0.168	0.555	0.496
Cov G	-0.480	-0.172	1.611	-3.152	0.730	0.813	0.458	0.279
Corr F	-0.227	-0.230	0.004	0.062	0.056	-0.207	-0.226	0.023
Cov F	-10.776	-16.743	0.174	4.899	1.975	-12.963	-9.231	0.866
	AM/DM	AM/HM	FF/FM	FF/LM	FF/DM	FF/HM	FM/LM	FM/DM
Corr G	0.332	0.601	-0.647	0.660	0.029	0.930	0.804	0.364
Cov G	1.721	1.403	-0.034	0.447	0.561	0.282	0.042	0.155
Corr F	0.080	0.052	0.817	0.032	-0.009	0.057	0.029	-0.035
Cov F	5.456	1.579	5.530	0.195	-0.103	0.330	0.115	-0.260
	FM/HM	LM/DM	LM/HM	DM/HM				
Corr G	0.519	0.681	0.107	0.791				
Cov G	0.158	0.310	0.014	0.870				
Corr F	0.013	0.626	0.132	0.509				

R= rendimiento de grano, AP= altura de planta, AM= altura de mazorca, FM= floración masculina, FF= floración femenina, LM= longitud de mazorca, DM= diámetro de mazorca y HM= hileras por mazorca

Para la identificación de las mejores familias de la población “15” de Pinto Amarillo se anotaron en el Cuadro 27, se aplicó el 10% de presión de selección.

Los valores del índice de selección más pequeños fueron considerados como superiores para obtener las mejores nueve familias en base a los valores del índice. Las cinco familias que presentaron valores bajos de los índices fueron la 65 (I= 6.172), 30 (I= 6.386), 42 (I= 6.591), 50 (I=6.697) y la 70 (I=7.179).

Cuadro 27. Familias seleccionadas de la población “15” de Pinto Amarillo en base a los índices de selección, Marín, N.L. Otoño 2010.

F- HC	Índice	AP	AM	FF	FM	RG	LM	DM	HM
65	6.172	225.000	110.000	64.667	65.667	2.400	15.800	2.980	12.667
30	6.386	218.333	118.333	65.000	66.667	2.107	17.200	2.880	13.333
42	6.591	210.000	113.333	64.667	66.667	2.087	16.733	2.607	13.200
50	6.697	223.333	120.000	64.000	64.667	1.970	16.270	2.807	12.950
70	7.179	205.000	95.000	63.667	65.333	1.880	15.800	2.687	12.933
49	7.783	223.333	123.333	64.667	65.333	1.837	16.133	2.787	14.467
71	7.812	213.333	110.000	64.333	65.667	1.797	17.333	2.700	12.867
23	8.359	220.000	106.667	65.667	64.667	2.047	16.600	2.580	12.537
31	8.562	220.000	120.000	65.333	65.000	1.903	15.533	2.633	13.867
	Máxima	258.333	151.667	67.000	69.333	2.400	17.333	3.207	14.467
	Media	226.430	64.580	66.189	67.749	1.382	10.883	2.533	12.678
	Mínima	195.000	93.333	61.667	62.000	1.310	13.633	1.840	11.067

RG= rendimiento de grano, AP= altura de planta, AM= altura de mazorca, FM= floración masculina, FF= floración femenina, LM= longitud de mazorca, DM= diámetro de mazorca y HM= hileras por mazorca

Como criterio para la construcción de los índices se determinó el criterio que las familias fueran de un porte más bajo que la media poblacional para altura de planta y mazorca, por lo tanto sus promedios fueron inferiores a la media AP (226.430 cm) y (64.580 cm); además de encontrar familias con precocidad, por lo cual estas dos variables obtuvieron valores inferiores a su media general FF (66.198 días) y FM (67.749 días). Se determinó identificar las familias con buen potencial de rendimiento de grano, esto se reflejó en que los valores de las familias fueron superiores a la media (1.382 t/ha⁻¹). También se consideró encontrar familias con mayor longitud de mazorca ancho y mayor número de hileras por mazorca, de esta manera los valores de las familias que se identificaron fueron superiores comparadas con su media poblacional LM (10.883 cm), DM (2.533 cm) y HM (12.678).

5. CONCLUSIONES

1. Se identificaron 12 poblaciones de Pinto Amarillo y dos de Liebre con amplia adaptabilidad y preferencia por los agricultores, las cuales presentaron similitud tanto molecular como morfológica, se localizaron dentro de una microregión de la zona baja del Norte del Estado, la diversidad genética encontrada de estas poblaciones indica que existe periódicamente un intercambio de semilla de parte de los agricultores a través de los años.

2. Se encontró amplia variación genética en las siete líneas en sus combinaciones con base a sus características agronómicas, factibles de usarse en un programa de formación de híbridos, especialmente las líneas PA-1, PA-3, PA-5 de Pinto Amarillo y L-6 y L-7 de Liebre que participaron en las combinaciones que tuvieron mayores efectos de ACE en las cruzas directas, las líneas PA-1, PA-2, PA-4 y PA-5 de Pinto Amarillo y L-6 de Liebre en las cruzas recíprocas.

3. La mayor heterosis en las cruzas directas para floración masculina y femenina se encontró en la PA-1xPA-5 y PA-4xL-7 respectivamente, en altura de planta fue en la cruz PA-1xPA-4, para altura de mazorca se presentó en PA-2xPA-5. Referente a las cruzas recíprocas, para floración masculina y femenina fueron en las cruzas PA-4xPA-5 y PA-4xL-6 respectivamente, en altura de planta y mazorca sobresalió la cruz PA-1xPA-3. Por lo que se considera que estas cruzas podrían ser buenos patrones heteróticos para iniciar un programa de hibridación.

4. En cuanto a las variedades de polinización abierta se existió variabilidad genética en las cuatro poblaciones “10” y “37” de Liebre y en la “15” y “45” de Pinto Amarillo en las variables altura de planta, altura de mazorca, floración masculina, floración femenina y rendimiento de grano, lo cual pueden considerarse para hacer mejoramiento por selección recurrente.

5. La predicción a la respuesta a la selección, las poblaciones “10” de Liebre y “45” de Pinto Amarillo indicaron que tanto en altura de planta, altura de mazorca y rendimiento de grano, floración masculina y floración femenina presentaron valores más altos de “R”, por lo que son importantes a considerarse estas variables para realizar selección recurrente en ambas poblaciones.

6. Los índices de selección más eficientes fueron los que tomaron en cuenta días a floración masculina, altura de planta y mazorca, longitud y diámetro de mazorca; así como rendimiento de grano en las cuatro poblaciones.

6. BIBLIOGRAFÍA

- Ajala S O, C E Ago, G Olaoye (2009) Comparison of predict response to three types of recurrent selection procedures for the improvement of a maize (*Zea mays L.*) population. *Journal of plant breeding and Crop Sci.* 1:8 284-292.
- Altieri M A, O Masera (1993) Sustainable rural development in Latin America. Building from the bottom up. *Ecological Economics* 7: 93-121.
- Altieri MA (1993) Ethnoscience and biodiversity: key elements in the design of sustainable pest management systems for small farmers in developing countries. *Agriculture, Ecosystems and Environment.* Amsterdam. 257-272 p.
- Antuna G O, F S Rincón, R E Gutiérrez, T N A Ruiz, G L Bustamante (2003) Componentes genéticos de caracteres agronómicos y de calidad fisiológica de semillas de líneas de maíz. *Rev. Fitotec. Mex.* 26: (1) 11-17.
- Ávila P M A, HSA Rodríguez, B M E Vázquez, B F Escalante, J A Lozano del Río, A B López (2009) Aptitud combinatoria y efectos recíprocos en líneas endogámicas de maíz de valles altos del centro de México. *Agric. Téc. Méx.* 35: (3) 285-293.
- Badu A B (2007) Genetic variances and correlations in an early tropical white maize population after three cycles of recurrent selection for striga resistance. *Maydica.* 52: (2) 205-217.
- Baker R J (1996) *Selection Indices in Plant Breeding.* CRC Press Inc. Boca Raton. Florida, USA. 218 p.
- Barrera E G, A O Muñoz, F S Márquez, A G Martínez (2005) Aptitud combinatoria en razas de maíz mejoradas por retrocruza limitada. Caracteres agronómicos. *Rev. Fitotec. Mex.* 28:231-242.
- Barreto (1991) Programa Índices de Selección. Guía para la operación del Software. CIMMYT. México. D.F. 27 p.
- Basaldúa R R (1978) Evaluación de 26 colectas de maíz (*Zea mays L.*) de las zonas bajas del estado de Nuevo León. Tesis de Licenciatura. Universidad Autónoma de Nuevo León.
- Bellon M R, M Adato, J Becerril, D Mindek (2005) Impact of Improved Germplasm on Poverty Alleviation: The Case of Tuxpeño-Derived Materials in México. México. D.F: CIMMYT.
- Bellon M R, M Adato, J Becerril, D Mindek (2005) Poor Farmers' Perceived Benefits from Different Types of Maize Germplasm: The Case of Creolization in Lowland Tropical México. *World Development.* 20: (10) 1-17.

- Bellon M R, M Adato, J Becerril, D Mindek (2006) Poor farmers perceived benefits from different types of maize germplasm. The case of creolization in lowland tropical México. *World Development*.34: 113-129.
- Benz B F (1993) *Biología, ecología y conservación del género Zea*, Universidad de Guadalajara, México. 52 p.
- Bocanegra P J (1980) Evaluación de 26 colectas de maíz (*Zea mays L.*) criollo de la zona baja del estado de Nuevo León. En General Terán. Tesis de Licenciatura. Universidad Autónoma de Nuevo León.
- Bolaños J, G O Edmeades (1993) Eight cycles of selection for wáter stress tolerance in lowland tropical maize. Responses in grain yield, biomass and radiation utilization. *Field Crops Research* 31: 233-252.
- Bommer D F R (1991) The historical development of international collaboration in plant genetic resources. *In: Searching for New Concepts for Collaborative Genetic Resources Management*. Van Hintun Th. J. L., L. Frese, and P. M. Perron (eds). Papers of the EUCARPIA/IBPGR Symposium. International Board for Plant Genetic Resources. Roma, Italia. 3-12 p.
- Bujak H, J Kaczmarek, S Jedynski, K Dmochowska-Huba, J Adamczyk, Z Kurczyk (2007) Index selection in maize breeding. *Plant Genetic and Breeding* 24: (94) 58-65.
- Cantú G J L (1977) Evaluación de 36 colectas de maíz (*Zea mays L.*) criollo de las zonas bajas del estado de Nuevo León en Gral. Mariano Escobedo, Nuevo León. Tesis de Licenciatura, Universidad Autónoma de Nuevo León.
- Cerón R J J, J Crossa, J Sahagún-Castellanos (2005) Un índice de selección basado en componentes principales. *Agrociencia* 39: 667-677.
- Cervantes S T, M M Goodman, E Casas, J O Rawlings (1978) Use of genetic effects and genotype by environmental interactions for the classification of Mexican races of maize. *Genetics* 90: 339-348.
- Cochram W G, G M Cox (1980) *Diseños experimentales*. México: Trillas. 661p.
- Coutiño E B, G G Sánchez, M V A Vidal (2008) Selección Entre y Dentro de Familias de Hermanos Completos de Maíz en Chiapas. *Rev. Fitotec. Mex.* 31: 115-123.
- Coutiño E B, V A M Vidal, B G Cruz, C V Cruz (2010) Aptitud combinatoria general y específica del contenido de azúcares en maíces eloteros. *Rev. Fitotec. Mex.* 33: (4) 57-61.
- Daros M, Amaral F X, M Gonzaga P, F Santana S (2004) Recurrente selection in inbred popcorn families. *Sci. Agric.* 61(6) 609-614.

- De la Cruz L E, R E Gutiérrez, G A Palomo, H S A Rodríguez (2003) Aptitud combinatoria y heterosis de líneas de maíz en la Comarca Lagunera. *Rev. Fitotec. Mex.* 26:279-284.
- De la Cruz L E, N G Castañón, M N P Brito, V A Gómez, T V Robledo, J A Lozano De Río (2010) Heterosis y aptitud combinatoria de poblaciones de maíz tropical. *Python* 79: 11-17.
- De la Rosa L A, H C De León, F S Rincón, G S Martínez (2006) Efectos Genéticos, Heterosis y Diversidad Genética entre Híbridos Comerciales de Maíz Adaptados al Bajío Mexicano. *Rev. Fitotec. Mex.* 29: (3) 247-254.
- Dhliwayo T, K V Pixley, Kazembe (2005) Combining ability for resistance to maize weevil among 14 Southern African maize inbred lines. *Crop Sci.* 45:662-667.
- Dobzhansky T (1982) *Genetics and the Origin of Species*. Columbia University Press. Series: The Columbia Classics in Evolution. New York. 364 p.
- Dyer-Leal G, A Yunez-Naude (2003) NAFTA and Conservation of Maize Diversity in Mexico. Paper for Program for Comission for Environmental Cooperation.
- Dyer G, J Taylor (2008) A crop population perspective on maize seed systems in Mexicoll. *PNAS.* 105: (2) 470–475.
- Dzib A L A, C J C Segura, R P Ortega, L M Latournerie (2011) Cruzas Dialelicas entre Poblaciones nativas de Yucatán y poblaciones mejoradas. *Tropical and Subtropical Agroecosystems.* 14:119-127.
- Eberhart S A, M N Harrison, F Ogada (1967) A comprehensive breeding system. *Zuchter* 37: 169-174.
- Escobar M, D Alejandro (2006) Plantas y semillas, nuevos recursos de protección legal agraria para los ejidos y comunidades de México (el caso del maíz). *Estudios Agrarios. Procuraduría Agraria.* 52 p.
- Espinoza T E, C M C Mendoza, F G Castillo, J C Ortiz, A A Delgado (2010) Aptitud Combinatoria del Rendimiento de Antocianinas y de Características Agronómicas en Poblaciones Nativas de Maíz Pigmentado. *Rev. Fitotec. Mex.* 33: (1) 11-19.
- Everitt B (1980) *Clusters analysis*. 2nd ed. Halsted Press. New York. 136 p.
- Falconer D S (1981) *Introduction to quantitative genetic*. Longman, New York. 340 p.
- Gardner C O (1963) Estimates of genetic parameters in cross fertilizing plants and their implications in plant breeding. *In: Statistical Genetics and Plant Breeding.*

- W D Hanson, H.F. Robinson (eds). National Research Council. Publication 982. Washington D.C. 225-252 p.
- González H A J C Sahagún, Pérez D L, A L Domínguez, C R Serrato, F V Landeros, C E Dorantes (2006) Diversidad fenotípica de maíz Cacahuacintle en el Valle de Toluca, México. *Rev. Fitotec. Mex.* 29: 255-261.
- González H A, D L Pérez, A L Domínguez, O M Franco, A M Balbuena, A M Ramos, J C Sahagún (2009) Variabilidad Genética, diversidad fenotípica e identificación de poblaciones sobresalientes de maíz Cacahuacintle. Universidad Autónoma del Estado de México. Toluca, México. *Ciencia Ergo Sum.* 15: (3) 297-305.
- Gil M A, A O Muñoz, A C Carballo, A S Trinidad (1995) El patrón en la región sureste de la Sierra Purépecha. Variables importantes empleadas en su definición. *Rev. Fitotec. Mex.* 18:163-173 p.
- Guillen-de la Cruz P E, G L De la Cruz, R N Castañón, P O N Osorio, A M Brito, J A Lozano-del Río, U N López (2009) Aptitud combinatoria general y específica de germoplasma tropical de maíz. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 10: 101-107.
- Griffing B (1956) Concepts of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. *Austr. J. Biol. Sci.* 9:463-493.
- Gutiérrez R E, A B Espinoza, A G Palomo, J G J Lozano, O G Antuna (2004) Aptitud combinatoria de híbridos de maíz para la comarca Lagunera. *Rev. Fitotec. Mex.* 27: (1) 7-11.
- Hallauer A R (1990) Methods used in developing maize inbreds. *Maydica* 36: 1-19.
- Hallauer A R, F B J Miranda (1981) Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press. Ames. 468 p.
- Hallauer A R, F B J Miranda (1988) Quantitative Genetics in Maize Breeding. 2nd (ed). Iowa State University Press. Ames. 468 p.
- Harada K, N V Huan, U Hiedo (2009) Classification of maize landraces from shikoku and kyushu, Japan. Based on phenotypic characteristics. *JARQ* 43 (3) 213-220.
- Hartings H, N Bernardo, G F Mazzinelli, P Valoti (2008) Assessment of genetic diversity and relationships among maize (*Zea mays L.*) Italian landraces by morphological traits and AFLP profiling. *Theor. Appl. Genet.* 117: 831-842.
- Hayes J L, J D Sayre (1956) Response of corn to within rows competition. *Agron. Jour.* 48

- Hazel L N, L J Lush (1942) The efficiency of three methods of selection. *J. Heredity* 33: 393-399.
- Hazel L N (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 28:(3) 476-490.
- Hellin J, M Bellon (2007) Manejo de semillas y diversidad del maíz. *Revista de agroecología. LEISA*. Septiembre 2007. 11 p.
- Henning J A, R L Teuber (1996) Modified convergent improvement: A breeding method for multiple trait selection. Review and interpretation. *Crop. Sci.* 36: 1-8.
- Hernández X E (1972) Exploración etnobotánica en maíz. *Fitotecnia Latinoamericana* 8: 46-51.
- Hernández X E, F G Alanís (1970) Estudio morfológico de cinco razas de maíz de la Sierra Madre Occidental de México. Implicaciones filogenéticas y fitogeográficas. *Agrociencia* 5: (1) 3-30.
- Herrera C B E, R L Macías, M R Díaz, A R Valadez, A Delgado (2002) Uso de semilla criolla y características de mazorca para la selección de semilla de maíz en México. *Rev. Fitotec. Mex.* 25:17-23.
- Hoegemeyer T C, R A Hallauer (1976) Selection among and within full-sib families to develop single crosses of maize. *Crop Sci.* 16: 76-81.
- Hoisington D, M Khairallah, D G De León (1994) *Laboratory Protocols: CIMMYT Applied Molecular Genetics Laboratory. Second Edition.* México, D.F. CIMMYT.
- Jawad M A, S M Sadaqat (2010) Selection indexes for yield and quality traits in sweet corn. *Pak. J. Bot.* 42:(2) 775-789.
- Johnson E C, S K Fisher, O G Edmeades, E A F Palmer (1986) Recurrent selection for reduced plant height in lowland tropical maize. *Crop Sci.* 26: 253-260.
- Labate J A, R K Lamkey, E S Mitchell, H S Kresovich, S Sullivan (2003) Molecular and historical aspects of corn belt dent diversity. *Crop Sci.* 43: 80-91.
- Lance G N, T W Williams (1967) A general theory of classificatory sorting strategies: I. Hierarchical systems. *Comp. J.* 9:373-380.
- Liu Z Z, H R Guo, R J Zhao, L Y Cai, G F Wang, J M Cao, H R Wang, S Y Shi, C Y Song, Y T Wang, Y Li (2009) Population Structure and Genetic Diversity of Maize Landraces from the Southwest Maize region of China. *Maidica.* 54:63-76.
- Lonnquist J H (1949) The development and performance of synthetic varieties of corn. *Agron. J.* 41:153-156.

- Louette D, M Smale (1996) Genetic Diversity and Maize Seed Management in a Traditional Mexican Community: Implications for *In Situ* Conservation of Maize. NRG papers 96-03. México. D.F. CIMMYT. 21 p.
- Matsuoka Y, Y Vigouroux, M M Goodman, J G Sánchez, E Buckler, J Doebley (2002) A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping. Proceedings of the National Academy of Sciences 99: 6080-6084.
- Márquez S F (1985) Genotecnia Vegetal. Tomo I. Métodos, Teoría y Resultados. AGT Ed. México, D.F. 356 p.
- Martin L J G, J P Ron, J J G Sánchez, L L De la Cruz, M R M Morales, J A V Carrera, A C Ortega, A M V Vidal, J H M Guerrero (2008) Caracterización Agronómica y Morfológica de Maíces Nativos del Noroccidente de México. Rev. Fitotec. Mex. 31: (4) 331-340.
- Moll R H, C C Cockerham, W C Stuber, P W Williams (1978) Selection responses, genetic-environmental interactions, and heterosis with recurrent selection for yield in maize. Crop Sci. 18:641-645.
- Mohammandi S A, M B Prasanna, N N Singh (2003) Sequential path model for determining interrelationships among grain yield and related characters in maize. Crop Sci. 43:1690-1697.
- Mohammandi J A, SM Sayed (2010) Selection indices for yield and quality traits in sweet corn. Park J. 42: (2) 775-789.
- Montes V D, O G Vergara, E M Prieto (2008) Determinación de un índice de selección para el peso al nacer y al destete en ganado bovino de la raza brahman. Revista MVZ Córdoba 13:(2)1365-1368
- Morales R M M, R B Gaytán, N P Mayek (2010) Heterosis en híbridos de maíz producidos de cruzamientos entre progenitores de valles altos por tropicales. Investigación y Ciencia. Universidad Autónoma de Aguascalientes 48: 4-8.
- Muñoz O A (2003) Centli-maiz. Prehistoria e historia, diversidad, potencial, origen genético y geográfico. Colegio de Posgraduados, Montecillo, Texcoco, México. 210 p.
- Oyervides G M 1979. Estimación de los parámetros genéticos heterosis e índices de selección en variedades tropicales de maíz adaptadas a Nayarit. Tesis de Maestría. Colegio de Posgraduados. Chápingo, México. 118p.
- Pandey S, O A Diallo, T M T Islam, J Deutsch (1987) Response to full-sib selection in four medium maturity maize populations. Crop Sci. 27: 617-622.

- Pecina M J A, M C C Mendoza, J A S López, F G Castillo, M R Mendoza (2009) Respuesta morfológica y fenológica de maíces nativos de Tamaulipas a ambientes contrastantes de México. *Agrociencia* 43: (7) 681-694.
- Pixley K V, T Dhliwayo, P Tongoona (2006) Improvement of Maize Population by full-sib selection alone versus full-sib with selection during inbreeding. *Crop Sci.* 46:1130-1136.
- Pecina M J A, C C Mendoza, A S J López, F G Castillo, M R Mendoza (2009) Respuesta Morfológica y Fenológica de Maíces Nativos de Tamaulipas a Ambientes Contrastantes de México. *Agrociencia* 43: 681-694.
- Perales H R, B F Benz, S B Brush (2005) Maize diversity and ethno-linguistic diversity in Chiapas, México. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 102: 949-954.
- Pérez G M, C J Sahagún, L A Peña, N F Alvarado, G A Aguilar (2000) Estimación de varianza aditiva y heredabilidad en dos poblaciones de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa Brot*). *Rev. Fitotec. Mex.* 23:49-58.
- Poehlman J M (1974) Mejoramiento genético de las cosechas. Ed. Limusa, México. D.F.
- Pollak L M, S C Torres, A R Sotomayor (1991) Evaluation of heterotic patterns among Caribbean and tropical x temperate maize populations. *Crop Sci.* 31:1480-1483.
- Pressoir G, J Berthaud (2004) Patterns of population structure in maize landraces from the Central Valleys of Oaxaca in Mexico. *Heredity* 92: 88-94.
- Presterl T, G Seitzb, M Landbehc, E M Thiemta, W Schmidtc, H H Geigera (2003) Improving nitrogen-use efficiency in European Maize. *Crop. Sci.* 43:1259-1265.
- Reyes V M H (1985) Índices de selección para rendimiento en girasol (*Heliantus annus*) L. Tesis de Maestría. UAAAN. Saltillo, Coahuila, México. 47 p.
- Reyes L D, D G J Molina, A R M Oropeza, E P Moreno (2004) Cruzas dialélicas entre líneas autofecundadas de maíz derivadas de la raza tuxpeño. *Rev. Fitotec. Mex.* 27: 49-56.
- Reif J C, X M L Warburton, X C Xia, A D Hoisington, J S Crossa (2006) Grouping of accessions of Mexican races of maize revisited with SSR markers. *Theoretical and Applied Genetics* 113: 177-185.
- Robles S R (1975) Producción de granos y forrajes. Ed. Limusa. México D. F.

- Romero P J, F G Castillo, R P Ortega (2002) Cruzas de poblaciones nativas de maíz de la raza Chalqueño: II. Grupos genéticos, diversidad genética y heterosis. Rev. Fitotec. Mex. 25:107-115.
- Ron P J, J G J Sánchez, A C A Jiménez, J A V Carrera, G L J Martin, M R M Morales, L L De la Cruz, A P S Huratado, S M Mena, G F J Rodríguez (2006) Maíces nativos del occidente de México. Colectas 2004. Sienta-CUCBA 8:1-139 p.
- Ruiz C, N J A Durán, J G J Sánchez, J P Ron, R E D González, G G Medina, J Holland (2008) Climatic adaptation and ecological descriptors of 42 maize races. Crop Science 48: (4) 1502-1512.
- Robinson H F, R E Comstock, P H Harvery (1951) Genetic variances in open pollinated varieties of com. Genetics 40: 45-60.
- SAGARPA. 2007. Servicio de Información y Estadística Agroalimentaria y Pesquera.
- SAGARPA. 2009. Producción de Maíz en México.
- Sámano G D, F S Rincón, n A T Ruiz, J V Espinoza, H C De León. (2009) Efectos genéticos en cruzas directas y recíprocas formadas a partir de dos grupos germoplásmicos de maíz. Rev. Fitotec. Mex. 32:(1) 67-74.
- Sánchez G J J, M M Goodman (1992) Relationships among the Mexican races of maize. Economic Botany 46: 72-85.
- Sánchez G J J, M M Goodman, W C Stuber (2000) Isozymatic and morphological diversity in the races of maize in Mexico. Economic Botany54:43-59.
- Sánchez G J J, M M Goodman, W C Stuber (2000a) Isozymatic and morphological diversity in the races of maize in Mexico. Economic Botany54:43-59.
- Sánchez G J J, M M Goodman, W C Stuber (2000b) Isozymatic and morphological diversity in the races of maize in Mexico. Economic Botany54:43-59.
- Salazar T (1979) Evaluación de 26 colectas de maíz (*Zea mays L.*) de las zonas bajas del estado de Nuevo León. Terán. Tesis de licenciatura. Universidad Autónoma de Nuevo León.
- Searle S R (1971) The value of indirect selection. Mass selection. Biometrics 21: (3) 682-707.
- Singh R K, D B Chaudhary (1979) Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis. Rev. Ed. Kalyani Publishers. New Delhi-Ludhiana. 318 p.

- SIAP (2009) Avance de Siembras y Cosechas en el Estado de Nuevo León. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. <http://www.siap.sagarpa.gob.mx>. 26 junio 2012.
- SIAP (2010) Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. <http://www.siap.sagarpa.gob.mx>. Abril 2011.
- SIAP (2012) Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. <http://www.siap.sagarpa.gob.mx>. 26 junio 2013.
- SIAP-SAGARPA (2010) Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera.
- Smith H F (1936) A discriminant function for plant selection. *Biometrics*. Ann. Eugen. 7:(2) 240-250.
- Soleri D, S E Smith, D A Cleveland (2000) An evaluation of potencial for farmer and plant breeder collaboration: A case study of farmer maize selection in Oaxaca, México. *Euphitica* 116: 41-57.
- Stromberg L D, A W Compton (1989) Ten cycles of full-sib selection in maize. *Crop Sci.* 29: 1170-1172.
- Taba S, J Diaz, J Franco, J Crossa (1998) Evaluation of Caribbean maize accessions to develop a core subset. *Crop Sci.* 38: 1378-1386.
- Torres G J, J G Molina, C D Casas (1974) Correlaciones genéticas e índices de selección en la genotecnia de la papa (*Solanum tuberosum L.*) *Agrociencia*. 15: (18) 21-37.
- Tucuch C C A, S A H Rodríguez, H V M Reyes, M F J Pat, M C C F Tucuch, H S O Córdoba (2011) Índices de selección para producción de forraje de maíz forrajero. *Agronomía Mesoamericana* 22: (1) 123-132.
- USDA (2012) United States Department of Agriculture. World Agricultural Supply and Demand Estimates. Economy Department. Research Service. 42 p.
- Vergara O, C Iriarte (2002) Determinación de un índice de selección para el peso al nacer y al destete en ganado cebú. *Rev. MVZ Córdoba*.
- Villalobos G N (1977) Clasificación racial de los maíces de las zonas bajas del estado de Nuevo León. Tesis de Licenciatura. Universidad Autónoma de Nuevo León.
- Vos P, R Hogers, M Bleeker, M Reinjans, T Van de Lee, M Hornes, A Frijters, J Pot, J Peleman, M Kuiper, M Zabeau (1995) AFLP. A new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Res.* 23: 4407-4414.

Wellhausen E J, L M Roberts, E X Hernández (1951) Razas de maíz en México. Su origen, características y distribución. Oficina de estudios especiales. Secretaría de Agricultura y Ganadería. Folleto No. 5 México D.F. 236 p.

Wellhausen E J, L Swortman (1954) Combining ability of S_1 and derived S_3 lines corn. Agronomy Journal 46: (2) 86-89 p.

Xu X, W B Barbazuk (2003) Utility of different gene enrichment approaches toward identifying and sequencing the maize gene space. Plant physiology 136: 3023-3033.

Zavala G.F, G G E Salinas, F J Piñera (2010) Conocimiento de la diversidad y distribución actual del maíz en Nuevo León. Informe Final. CONABIO. Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Agronomía. 150 p.