

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO  
SUBDIRECCIÓN DE POSTGRADO



POTENCIAL AGRONÓMICO Y EFECTOS GENÉTICOS DE LÍNEAS DE MAÍZ  
EN CRUZAS DE ÁREAS INTERMEDIAS Y DE VALLES ALTOS

Tesis

Que presenta MANUEL SÁENZ ALARCÓN  
Como requisito parcial para obtener el Grado de  
MAESTRO EN CIENCIAS EN FITOMEJORAMIENTO

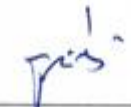
Saltillo, Coahuila

Noviembre 2025

POTENCIAL AGRONÓMICO Y EFECTOS GENÉTICOS DE LÍNEAS DE MAÍZ  
EN CRUZAS DE ÁREAS INTERMEDIAS Y DE VALLES ALTOS


Tesis

Elaborada por MANUEL SÁENZ ALARCÓN como requisito parcial para  
obtener el grado de Maestro en Ciencias en Fitomejoramiento  
con la supervisión y aprobación del Comité de Asesoría



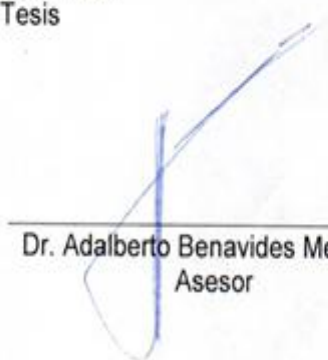
---

Dr. Froylán Rincón Sánchez  
Director de Tesis




---

Dra. Norma Angélica Ruiz Torres  
Asesor



---

Dr. Adalberto Benavides Mendoza  
Asesor



---

Dr. Antonio Flores Naveda  
Subdirector de Postgrado  
UAAAN

Saltillo, Coahuila

Noviembre 2025

## **AGRADECIMIENTOS**

Agradezco profundamente a la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro por brindarme la formación y el respaldo necesarios durante este proceso.

Gracias al CONACYT por el apoyo económico que hizo posible la realización de mis estudios de Postgrado.

Al Departamento de Fitomejoramiento, mi sincero agradecimiento por su guía académica y por fomentar mi crecimiento profesional.

Agradezco al Dr. Froylán Sánchez Rincón por su orientación constante, sus enseñanzas y el compromiso mostrado en cada etapa de este trabajo.

A la Dra. Norma Angélica Ruíz Torres y al Dr. Adalberto Benavides Mendoza, por su paciencia, sus valiosas observaciones y por motivarme a seguir adelante en momentos clave.

Al Ing. José Alfredo Osorio Francisco y a la MC. Delia Margarita Olvera Aguilar, por su valioso apoyo técnico y disposición durante el desarrollo de este trabajo.

A Victorino, Rubén, Cesar y al Dr. José Luis gracias por su compañía, ánimo y por estar presentes en los momentos más importantes de este camino.

## DEDICATORIA

A Dios, por ser mi guía constante, darme fortaleza en los momentos difíciles y acompañarme con su luz a lo largo de este camino.

A mis padres, Manuel Abelardo Sáenz Terrazas y Angélica María Alarcón Carreón por su amor, ejemplo y sacrificio, pilares fundamentales en mi vida y fuente de inspiración para alcanzar cada meta.

A mis hermanos Alejandro y Alan por estar presentes en cada paso, compartir alegrías y desafíos y brindarme siempre su cariño y comprensión.

A mi familia, por su apoyo incondicional, palabras de aliento y confianza que siempre me impulsaron a seguir adelante.

A mi novia Alejandra Martínez Limón, por su amor firme, su compañía incansable y su fe en mí incluso en los momentos más difíciles del trayecto.

## ÍNDICE GENERAL

Lista de Cuadros.....	vii
Lista de Figuras .....	viii
RESUMEN.....	ix
ABSTRACT.....	xi
INTRODUCCIÓN.....	1
OBJETIVOS E HIPÓTESIS .....	3
Objetivo general .....	3
Objetivos específicos.....	3
Hipótesis.....	3
REVISIÓN DE LITERATURA.....	4
Importancia del maíz .....	4
Cambio climático en la agricultura.....	4
Selección de genotipos.....	6
Efectos genéticos .....	8
Heterosis .....	9
Análisis dialélicos .....	11
MATERIALES Y MÉTODOS.....	13
Material genético .....	13
Ubicación del sitio experimental .....	13
Diseño experimental.....	14
Fertilización .....	14
Riegos .....	15
Labores culturales .....	15
Variables evaluadas .....	15
Análisis de la información .....	16
Estimaciones de Aptitud Combinatoria .....	18
Estimación de heterosis.....	18
RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....	19
Análisis de varianza.....	19
Comportamiento promedio .....	22

Interacción genotipo por ambiente .....	25
Efectos de aptitud combinatoria general (ACG) .....	28
Efectos de aptitud combinatoria específica (ACE).....	30
Heterosis .....	32
CONCLUSIONES .....	35
REFERENCIAS .....	36

## LISTA DE CUADROS

Cuadro 1. Clasificación del material genético utilizado para producir las progenies evaluadas .....	13
Cuadro 2. Características climáticas y geográficas de las localidades de evaluación del experimento durante el ciclo P.V. 2024.....	14
Cuadro 3. Cuadros medios del análisis de varianza de 56 genotipos evaluados en primavera-verano en cuatro ambientes en 2024.....	20
Cuadro 4. Medias de rendimiento de grano y caracteres estudiados de 28 genotipos superiores en la evaluación agronómica en 2024. ....	22
Cuadro 5. Efectos de aptitud combinatoria general (ACG) para las variables evaluadas cuatro ambientes en 2024. ....	28
Cuadro 6. Efectos de ACE de 28 cruzas directas para los caracteres en estudio en la evaluación 2024. ....	31
Cuadro 7. Estimación de heterosis en combinaciones de cruzas directas entre ocho líneas de maíz evaluadas en 2024.....	33

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Interacción genotipo x ambiente para rendimiento de grano de 56 cruzas de maíz evaluadas en cuatro ambientes (GC1, GC2, MEZ1 y MEZ2) en 2024. Los números que acompañan a las cruzas corresponden a las líneas parentales, donde las líneas 1–4 provienen de áreas intermedias y las líneas 5–8 de valles altos .....	26
---	----

## **RESUMEN**

**POTENCIAL AGRONÓMICO Y EFECTOS GENÉTICOS DE LÍNEAS DE MAÍZ  
EN CRUZAS DE ÁREAS INTERMEDIAS Y DE VALLES ALTOS**

Por

**MANUEL SÁENZ ALARCÓN**

**MAESTRÍA EN CIENCIAS EN FITOMEJORAMIENTO**

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO**

**DR. FROYLÁN RINCÓN SÁNCHEZ – ASESOR –**

Saltillo, Coahuila

Noviembre 2025

El maíz (*Zea mays* L.) es un cultivo de gran importancia a nivel mundial, cuya mejora genética ha sido crucial en el incremento de su producción y en su capacidad de adaptación a distintos entornos. El objetivo de este trabajo fue analizar los efectos genéticos de ocho líneas en cruzas de germoplasma de zonas intermedias y de valles altos, y su potencial agronómico. El estudio utilizó ocho líneas de maíz: cuatro líneas S<sub>2</sub> adaptadas a zonas intermedias, derivadas de las razas Ratón x Olotillo y Celaya, además cuatro líneas S<sub>3</sub> derivadas de la variedad Jaguan, adaptadas a valles altos. A partir de este material genético, se obtuvieron 56 cruzas en el ciclo primavera-verano 2023 en El Mezquite, Galena, N.L., conformadas por 28 cruzas directas y 28 recíprocas. Se evaluó el rendimiento de grano (REND) la prolificidad (PRO), asincronía de floración (ASI), floración masculina (FM), cobertura de mazorca (COBMAZ) y altura de planta (APTA). Se analizó la interacción genotipo x ambiente (GxA) para cada craza y se estimó heterosis, así como los efectos genéticos de aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE). Se observaron diferencias significativas ( $p \leq 0.01$ ) en rendimiento, asincronía de floración y prolificidad, además de la interacción genotipo x ambiente para REND. Los genotipos con mayor rendimiento superaron las 9.08 t ha<sup>-1</sup>, destacando combinaciones entre líneas de zonas intermedias (1, 2 y 4) y valles altos (6, 7 y 8). La heterosis más alta en rendimiento alcanzó el 6.77, destacando combinaciones como 1x6, 1x8 y 1x5 presentando valores superiores a sus progenitores. La aptitud combinatoria general indicó que las líneas 2 y 6 fueron los mejores progenitores para incrementar rendimiento, mientras que la aptitud combinatoria específica identificó cruzas sobresalientes entre líneas de áreas intermedias y de valles altos en rendimiento (1x7, 3x7, 2x8 y 3x8), prolificidad (2x7, 3x8) y ASI (1x7). Estos resultados destacan la importancia de la heterosis y la aptitud combinatoria general para la selección de genotipos con potencial para el mejoramiento genético para valles altos.

**Palabras clave:** *Zea mays* L., heterosis, efectos genéticos, interacción genotipo x ambiente.

## **ABSTRACT**

**AGRONOMIC POTENTIAL AND GENETIC EFFECTS OF MAIZE LINES IN  
CROSSES FROM INTERMEDIATE AND HIGHLAND AREAS**

By

**MANUEL SÁENZ ALARCÓN  
MASTER OF SCIENCE IN PLANT BREEDING**

**ANTONIO NARRO AUTONOMOUS AGRICULTURAL UNIVERSITY  
DR. FROYLÁN RINCÓN SÁNCHEZ – ADVISOR –**

Saltillo, Coahuila

November 2025

Maize (*Zea mays* L.) is a crop of great global importance, whose genetic improvement has been crucial in increasing its productivity and adaptability to different environments. The objective of this study was to analyze the genetic effects of eight lines in crosses among germplasm from intermediate and highland areas, and to evaluate their agronomic potential. The study used eight maize lines: four S2 lines adapted to intermediate areas, derived from the *Ratón* × *Olotillo* and *Celaya* races, and four S3 lines derived from the *Jaguan* variety, adapted to highland areas. During the 2023 spring–summer cycle in El Mezquite, Galena, N.L., fifty-six crosses—twenty-eight direct and twenty-eight reciprocals—were obtained using this genetic material. Grain yield (REND), prolificacy (PRO), flowering asynchrony (ASI), male flowering (FM), ear cover (COBMAZ), and plant height (APTA) were evaluated. The genotype × environment (G×E) interaction was analyzed for each cross, and heterosis as well as general (GCA) and specific (SCA) combining abilities were estimated. Significant differences ( $p \leq 0.01$ ) were observed in yield, flowering asynchrony, and prolificacy, as well as in the G×E interaction for yield. The highest-yielding genotypes exceeded  $9.5 \text{ t ha}^{-1}$ , particularly combinations between lines from intermediate areas (1, 2, and 4) and highlands (6, 7, and 8). The highest heterosis for yield reached 35%, with combinations such as 1×6, 1×8, and 1×5 showing superior performance to their parents. The general combining ability indicated that lines 3 and 6 were the best parents for improving yield, while the specific combining ability identified outstanding crosses between lines from intermediate and highland areas for yield (1×7, 3×7, 2×8, and 3×8), prolificacy (2×7, 3×8), and ASI (1×7). These results highlight the importance of heterosis and general combining ability in selecting genotypes with potential for genetic improvement in highland environments.

**Keywords:** *Zea mays* L., heterosis, genetic effects, genotype × environment interaction.

## INTRODUCCIÓN

El maíz constituye el alimento básico de la población mexicana, siendo consumido en diversas formas tradicionales como tortillas, tamales, pozole y sopas. Su relevancia no solo es cultural y alimentaria, sino también económica, ya que muchos agricultores dependen directamente de su producción para su sustento. Sin embargo, el cultivo de maíz en México se ve seriamente afectado por las fluctuaciones climáticas, especialmente por variaciones en la precipitación anual y periodos prolongados de sequía, los cuales representan amenazas significativas para la seguridad alimentaria y la estabilidad económica de las regiones productoras (Murray-Tortarolo y Jaramillo, 2018).

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los cultivos más importantes a nivel mundial, y su mejora genética ha sido fundamental para aumentar la producción y adaptación a diversas condiciones ambientales. La selección y el mejoramiento genético del maíz se han centrado en técnicas como la selección recurrente, y selección recíproca recurrente. El cambio climático es un fenómeno que ha modificado las condiciones ambientales en todo el mundo, impactando de manera significativa la producción agrícola. En el caso del maíz, las alteraciones en la temperatura y la variación de las precipitaciones han generado un entorno más desafiante para su desarrollo y rendimiento (Abbass *et al.*, 2022). En regiones como el sureste de Coahuila, las sequías prolongadas y la escasez de lluvias han dificultado el establecimiento de cultivos, lo cual, en casos extremos resulta en la pérdida de material genético valioso y reduciendo la productividad agrícola (Rincón *et al.*, 2014). Estos cambios no solo afectan a los agricultores, sino que también comprometen la seguridad alimentaria, ya que el maíz es un cultivo fundamental en muchas dietas a nivel mundial.

Ante este panorama, es crucial implementar estrategias para mitigar los efectos del cambio climático en la producción de maíz. Cairns *et al.* (2012) destacan que el acceso a germoplasma mejorado y la selección de variedades tolerantes al estrés abiótico y biótico son herramientas clave para garantizar la sostenibilidad del cultivo. Ortiz *et al.* (2023) señalan que el aumento de la temperatura, junto con el déficit hídrico dificultan el desarrollo fenológico y reducen la eficiencia del

maíz, por lo que es clave adaptar híbridos tolerantes al calor y optimizar prácticas de manejo para enfrentar estos desafíos climáticos. Por otro lado, es necesario fortalecer la investigación en fitomejoramiento y promover prácticas agrícolas resilientes que permitan enfrentar los desafíos climáticos actuales y futuros.

Para optimizar el mejoramiento genético del maíz, se han desarrollado diversos métodos, entre los cuales las cruzas dialélicas destacan por su efectividad en la evaluación de la aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) (Sprague y Tatum, 1942). Griffing (1956) destaca que, además de evaluar el rendimiento agronómico de líneas, los efectos genéticos, en particular la aptitud combinatoria, son fundamentales en el mejoramiento genético al analizar el comportamiento de genotipos con diversidad genética en combinaciones híbridas.

La investigación se centra en abordar la problemática generada por el cambio climático y el aumento de temperatura en valles altos, donde el maíz se ha visto afectado por la escasez de lluvias, sequías prolongadas y la reducción en los rendimientos. Estas condiciones adversas han ocasionado pérdidas significativas en la producción, poniendo en riesgo la seguridad alimentaria y el sustento de los productores. El objetivo principal es identificar combinaciones genéticas que puedan ser de utilidad en mitigar los impactos del cambio climático en estas áreas. Para lograr esto, se llevaron a cabo cruzamientos entre líneas de germoplasma de zonas intermedias y de valles altos, buscando incorporar alelos favorables que refuercen características importantes para el rendimiento y la adaptación en este entorno específico.

## OBJETIVOS E HIPÓTESIS

### Objetivo general

Analizar los efectos genéticos y su potencial agronómico en cruzas de ocho líneas derivadas de germoplasma de zonas intermedias y de valles altos.

### Objetivos específicos

- Evaluar el potencial agronómico y combinaciones genéticas entre ocho líneas de maíz de diferente área de adaptación.
- Estimar los efectos genéticos (aptitud combinatoria y heterosis) en cruzas entre ocho líneas de maíz derivadas de germoplasma de zonas intermedias y de valles altos.

### Hipótesis

H<sub>i</sub>: El estudio de líneas de maíz en cruzas de germoplasma de diferente área de adaptación permitirá identificar combinaciones genéticas con características que coadyuven a mitigar los cambios de temperatura en la zona de valles altos.

H<sub>0</sub>: El estudio de líneas de maíz en cruzas de germoplasma de diferente área de adaptación no permitirá identificar combinaciones genéticas con características que coadyuven a mitigar los cambios de temperatura en la zona de valles altos.

## REVISIÓN DE LITERATURA

### **Importancia del maíz**

De acuerdo con el USDA (2024), la producción mundial de maíz en grano para el ciclo 2024/2025 se estima en aproximadamente 1,288.6 millones de toneladas, siendo Estados Unidos y China los principales productores con 425.3 y 295 millones de toneladas, respectivamente. México ocupó el octavo lugar en la producción de maíz para grano con un volumen de 24 millones 336 mil toneladas, cultivadas en una superficie de 6.65 millones de hectáreas, con un rendimiento promedio de 3.70 t ha<sup>-1</sup>, lo que representa aproximadamente 1.89 % de la producción mundial (SIAP, 2024 a).

El maíz en México se cultiva en dos ciclos productivos: Primavera-verano y otoño-invierno, bajo los esquemas de riego y temporal donde las principales entidades federativas productoras son Sinaloa (13.3 %), Jalisco (15.3 %) y Michoacán (8.1 %). En el estado de Coahuila se sembraron 14,778 ha con una producción de 14,994.28 toneladas con un rendimiento promedio de 1.02 t ha<sup>-1</sup>. De esta superficie, 11,456 ha fueron sembradas bajo temporal con un rendimiento de 0.29 t ha<sup>-1</sup> (SIAP, 2024 b).

El maíz es la base principal de la alimentación para la mayoría de los mexicanos, se consume de muchas maneras, como en tortillas, pozole, tamales, tostadas e incluso en sopas. No obstante, su importancia es aún más crítica para los agricultores que dependen de él para su sustento. Además, la producción de maíz está fuertemente influenciada por las variaciones anuales en las lluvias, y periodos prolongados de sequía que representan una amenaza considerable para su cultivo en México (Murray-Tortarolo y Jaramillo, 2018).

### **Cambio climático en la agricultura**

El clima de una región se refiere a las condiciones más comunes de la atmósfera durante un período prolongado, generalmente superior a 30 años. En este sentido, el cambio climático implica una alteración sostenida en las características habituales o promedio del clima en una zona determinada (Santos y Bakhshoodeh, 2021).

De acuerdo con Hellin *et al.* (2014), el cambio climático ha provocado alteraciones significativas en las condiciones ambientales, entre las que destaca el incremento de la temperatura. Este aumento térmico representa una amenaza directa para la producción de maíz en México, especialmente en zonas de temporal, donde los cultivos se ven cada vez más afectados por el calor excesivo y la disminución de lluvias, lo que incrementa su vulnerabilidad y reduce el rendimiento.

En el sureste de Coahuila, los efectos de la sequía han sido particularmente severos durante el primer semestre de 2025, impactando de manera directa la producción de maíz en municipios como Saltillo, Arteaga, Ramos Arizpe y General Cepeda. Con base en el Monitor de Sequía de la CONAGUA (2025), esta región presenta desde sequía moderada hasta sequía excepcional, es decir, el nivel más extremo de sequía, lo que ha provocado una disminución significativa en la disponibilidad de humedad en el suelo, generando un ambiente poco favorable para la siembra y el desarrollo del maíz de temporal, especialmente durante las fases críticas de germinación y floración.

En el sureste de Coahuila, las poblaciones nativas de maíz muestran variaciones en su adaptación a las condiciones ambientales locales, incluyendo la disponibilidad limitada de humedad y las fluctuaciones de temperatura. Estas condiciones ambientales influyen en el crecimiento y desarrollo del cultivo, afectando la productividad de las variedades locales y la estabilidad de los sistemas agrícolas bajo temporal, lo que resalta la importancia de evaluar la respuesta de los genotipos a factores climáticos adversos (Espinosa *et al.*, 2019). En el caso del cultivo del maíz, en esta región se ha documentado la presencia de una notable diversidad de maíces nativos, representada por ocho grupos raciales: Celaya, Cónico Norteño, Elotes Cónicos, Elotes Occidentales, Olotillo, Ratón, Tuxpeño y Tuxpeño Norteño (Rincón *et al.*, 2010). Esta variabilidad genética se distribuye a lo largo de un amplio rango altitudinal, que va desde los 887 hasta los 2557 metros sobre el nivel del mar, reflejando la adaptación de estas razas a distintas condiciones agroecológicas (Rincón y Ruiz, 2015).

Abbass *et al.* (2022) señalan que las actividades humanas, como la industrialización, la agricultura intensiva, la deforestación y el consumo de

combustibles fósiles, han provocado transformaciones progresivamente más rápidas en el clima. Estas incluyen un incremento en la temperatura media de la superficie terrestre, fenómeno conocido como cambio climático.

Cairns *et al.* (2012) analizaron nuevas tecnologías como solución al cambio climático, donde identificaron que el acceso de los agricultores a germoplasma mejorado y la aplicación de metodología para selección de variedades resistentes al estrés biótico y abiótico serán clave a la adaptación al cambio climático. La producción de maíz está estrechamente vinculada a las condiciones climáticas y a la presencia de eventos extremos, como sequías, lluvias intensas, olas de calor o frío, granizo y vientos fuertes, los cuales pueden alterar la fisiología de la planta y afectar significativamente su rendimiento (Baum *et al.*, 2020).

El aumento de la temperatura, junto con el déficit hídrico, afecta directamente el crecimiento, desarrollo y rendimiento del maíz, al alterar la acumulación de unidades de calor (GDU) y las tasas de maduración. Ortez *et al.* (2023) señalan que estos cambios dificultan el desarrollo fenológico y reducen la eficiencia del cultivo, por lo que es clave optimizar prácticas de manejo y seleccionar híbridos con mayor tolerancia al calor para enfrentar estos desafíos climáticos. En este contexto Rizzo *et al.* (2022) encontraron que los cambios climáticos favorables, como el aumento de la radiación solar durante el llenado de grano y temperaturas más frescas, contribuyeron significativamente al aumento del rendimiento del maíz con 89 kg ha<sup>-1</sup> por año, lo que representó el 48 % del aumento total del rendimiento durante el período de 2005 a 2018.

### **Selección de genotipos**

La selección recurrente constituye un método de mejoramiento genético de carácter cíclico, en el que se seleccionan y recombinan de manera continua los individuos con mejor comportamiento. Su propósito es promover la acumulación de alelos favorables, mantener la diversidad genética dentro de la población y asegurar un progreso sostenido en los programas de mejoramiento (Ramya *et al.*, 2016). De acuerdo con Hallauer y Miranda (1981), la selección recíproca recurrente es un método de mejoramiento genético orientado a incrementar la frecuencia de alelos favorables en dos poblaciones que representan patrones

heteróticos contrastantes, mediante ciclos sucesivos de selección y recombinación.

Juárez-Lorenzo *et al.* (2025) señalan que, en el sureste de Coahuila, la selección familiar dentro de variedades nativas ha permitido identificar y mejorar características deseables en el maíz, manteniendo la diversidad genética y adaptabilidad a condiciones locales. Asimismo, la adaptación de maíces de la raza Tuxpeño a valles altos ha ampliado la base genética utilizada en programas de mejoramiento, incorporando materiales exóticos para diversificar y potenciar el rendimiento en diferentes ambientes (Santiago-López *et al.*, 2020).

Por otro lado, la selección masal es un método de mejoramiento genético que consiste en elegir un conjunto de plantas con fenotipos deseables dentro de una población, cosechar sus semillas en forma conjunta y utilizarlas para establecer el siguiente ciclo de cultivo (Hallauer y Miranda, 1981).

Martínez-Zambrano *et al.* (1999) reportaron que la aplicación de esquemas de selección recíproca recurrente bajo condiciones de sequía generó ganancias sustanciales en rendimiento de grano, alcanzando 15.4 % por ciclo de selección bajo sequía, comparado con 6.6 % bajo riego y 4.6 % en condiciones de temporal. Complementariamente, Del Carmen-Bravo *et al.* (2022) evaluaron tres variedades de maíz durante tres ciclos de recombinación, en tres localidades donde mantuvieron o mejoraron el rendimiento respecto a sus poblaciones progenitoras, con ganancias promedio de rendimiento que oscilaron entre 1.8 % y 10.6 %.

En las últimas décadas (1980-2025), la selección en el mejoramiento del maíz ha evolucionado significativamente, incorporando técnicas avanzadas (selección genómica) para aumentar la eficiencia y precisión en la obtención de híbridos superiores (Beyene *et al.*, 2015). Un enfoque destacado es la selección genómica que puede reducir el ciclo de intervalo de mejoramiento en al menos la mitad del tiempo convencional y produce líneas que, en combinaciones híbridas, aumentan significativamente el rendimiento del grano (Crossa *et al.*, 2017).

## Efectos genéticos

Los efectos genéticos se refieren a las contribuciones específicas de los genes o alelos al fenotipo de un individuo y pueden clasificarse principalmente en efectos aditivos, de dominancia y de interacción génica (epistasia). Los efectos aditivos representan la suma de los efectos individuales de los alelos, mientras que los de dominancia se manifiestan por la interacción entre alelos en un mismo locus. La epistasia, por su parte, surge de la interacción entre alelos de distintos loci. La cuantificación de estos efectos (aditivos, de dominancia y epistáticos) es fundamental en programas de mejoramiento genético, ya que permite predecir la respuesta a la selección y diseñar estrategias de cruzamiento más eficientes (Falconer y Mackay, 1996).

Melchinger *et al.* (1986) demostraron que, en maíz, los efectos no aditivos, particularmente la dominancia, desempeñan un papel determinante en la expresión de caracteres como el rendimiento y la altura de planta, contribuyendo con más del 60 % de la varianza genética total. Según estos autores, en contraste, los efectos aditivos son más relevantes en caracteres como los días a floración y la altura de inserción de la mazorca. Además, Melchinger *et al.* (1986) identificaron la presencia de epistasia aditiva  $\times$  aditiva, la cual, en diversos casos, ejerció un efecto negativo sobre el vigor híbrido debido a la ruptura de combinaciones genéticas favorables en generaciones segregantes.

Los resultados de Tafolla-Rodríguez *et al.* (2021) confirman que la expresión de la prolificidad y la asincronía de floración en maíz está determinada principalmente por efectos genéticos aditivos, lo cual permite una respuesta eficiente a la selección en programas de mejoramiento. En contraste, el rendimiento de grano mostró una mayor influencia de efectos de dominancia y, en algunos cruzamientos, de epistasia aditivo  $\times$  dominancia, indicando que la heterosis desempeña un papel clave en su mejora. La alta heterosis observada para rendimiento (186 %) destaca la importancia de seleccionar adecuadamente los progenitores, especialmente cuando se combinan líneas prolíficas con líneas no prolíficas, optimizando así el aprovechamiento de efectos no aditivos en la formación de híbridos.

Los términos de aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) se utilizan para describir el comportamiento promedio de una línea en sus combinaciones híbridas, así como para identificar aquellas combinaciones híbridas específicas que superan el promedio de las líneas progenitoras. Estos conceptos son ampliamente utilizados para estimar tanto los efectos como las varianzas de ACG y ACE (Sprague y Tatum, 1942).

Griffing (1956) destaca que, además de evaluar el rendimiento agronómico de líneas, los efectos genéticos, en particular la aptitud combinatoria, son fundamentales en el mejoramiento genético al analizar el comportamiento de genotipos con diversidad genética en combinaciones híbridas.

Rodríguez-Pérez *et al.* (2019) evaluaron ocho líneas de maíz y encontraron que los progenitores con mayor ACG fueron los machos M-16 (0.64), M-11 (0.44) y M-14 (0.35), mientras que entre las hembras destacaron H-8 (0.53), H-2 (0.41) y H-4 (0.27), evidenciando una contribución aditiva positiva en el rendimiento de grano; en cuanto a la ACE, las combinaciones más sobresalientes fueron H-8 × M-16 (1.24), H-8 × M-11 (0.95) y H-2 × M-16 (0.88), lo que indica efectos no aditivos importantes en dichas cruzas.

Velasco-García *et al.* (2019), las cruzas interraciales de poblaciones de maíz tropical y subtropical adaptadas a valles altos de México presentaron heterosis positiva con un promedio 5.68 %, y un rango de 5.30 a 26.19 % con rendimientos de 3.89 a 11.71 t·ha<sup>-1</sup>; además, observaron correlaciones positivas entre rendimiento y componentes de mazorca (prolificidad, longitud y diámetro de mazorca, y número de granos por hilera). No obstante, más que las correlaciones por sí solas, estos resultados deben interpretarse en efectos genéticos no aditivos responsables de la heterosis: principalmente dominancia y sobredominancia y, en muchos casos, epistasia.

### **Heterosis**

El concepto de heterosis, introducido por Shull (1908), se refiere al fenómeno en el cual los híbridos muestran mejoras significativas en características como vigor, tamaño, fertilidad, velocidad de desarrollo y resistencia a enfermedades, plagas o condiciones climáticas adversas en comparación con sus líneas endogámicas

correspondientes. Hallauer *et al.* (2010) definen la heterosis como el incremento en el rendimiento o comportamiento de los híbridos en comparación con el promedio de sus progenitores, específicamente, señalan que la heterosis de interés en el mejoramiento genético ocurre cuando la descendencia muestra un vigor superior debido a la complementariedad y la interacción de los alelos provenientes de sus progenitores.

La heterosis juega un papel fundamental en el mejoramiento del maíz, especialmente en la creación de híbridos de alto rendimiento. Según Darrah *et al.* (2019), señalaron que la heterosis en híbridos de maíz se sustenta en la complementariedad genética de los progenitores, es decir, en la combinación de alelos favorables dominantes provenientes de líneas distintas que, al cruzarse, generan descendencia con mayor rendimiento y mejor adaptación. Esquivel *et al.* (2009) evaluaron 15 poblaciones de maíz y reportaron que los cruzamientos entre progenitores genéticamente divergentes, como Dgo-189, Gto-208 y Tlax-151, generaron incrementos de heterosis superiores al 20 % en altura de planta y biomasa aérea, así como un aumento de hasta 18 % en la longitud del mesocótilo. Estas ganancias reflejan el impacto positivo de la diversidad genética, evidenciando que la distancia genética entre los progenitores es un factor determinante para mejorar características agronómicas fundamentales para el desarrollo del cultivo.

Ortega *et al.* (1991) resaltan que, a pesar de la gran diversidad genética del maíz en México, los programas de mejoramiento han concentrado sus esfuerzos en unas pocas razas como Cónico, Chalqueño, Tuxpeño y Celaya. Esta estrategia ha limitado la incorporación de otras razas con alto potencial adaptativo y genético, como Bolita y Cónico Norteño, lo que evidencia la necesidad de diversificar la base genética para robustecer la variabilidad y la resiliencia en variedades mejoradas. Estudios más recientes refuerzan este argumento: por ejemplo, Reif *et al.* (2006) utilizando marcadores SSR demostraron que las razas mexicanas constituyen un recurso valioso para la mejora genética, pero que muchas de ellas no se aprovechan ampliamente en los programas modernos

Crossa *et al.* (1990) evaluaron 300 cruzamientos entre 25 razas mexicanas de maíz bajo diferentes condiciones ambientales y reportaron que varias combinaciones raciales presentaron heterosis significativa, con incrementos de 30 a 40 % en rendimiento respecto a sus progenitores. Entre las más sobresalientes se encontraron Tuxpeño x Celaya, Tuxpeño x Nal-Tel, Tuxpeño x Vandeño, así como Celaya x Nal-Tel y Celaya x Vandeño, todas caracterizadas por un alto vigor híbrido. En ese mismo estudio, la raza Cónico Norteño mostró un rendimiento per se de 5.1 t ha<sup>-1</sup> y un rendimiento promedio en cruizas de 6.8 t ha<sup>-1</sup>, destacando especialmente en el ambiente de altitud donde presentó una heterosis promedio de 33 % respecto a sus progenitores. Estas evidencias confirman que el germoplasma racial mexicano constituye una fuente de divergencia genética.

### **Análisis dialélicos**

Los diseños dialélicos, propuestos por Griffing (1956), son herramientas fundamentales en los programas de mejoramiento genético, ya que permiten evaluar los efectos genéticos de los progenitores y su descendencia mediante la aptitud combinatoria general y específica. Estos arreglos de cruzamientos entre líneas progenitoras ofrecen una forma efectiva de estimar las interacciones genéticas y determinar las mejores combinaciones para mejorar características específicas.

Los diseños dialélicos permiten estimar varianzas genéticas y los efectos de ACG y ACE, especialmente cuando los progenitores provienen de una población panmíctica en equilibrio de ligamiento (Gardner y Eberhart, 1966). Estos diseños han sido ampliamente empleados en el fitomejoramiento de maíz, debido al valor de la información que generan cuando se analizan e interpretan correctamente (Hallauer *et al.*, 2010).

Elmyhun *et al.* (2020) emplearon un diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones para evaluar 16 cruzamientos de prueba (ocho líneas endogámicas cruzadas con dos probadores) y tres testigos estándar. Este enfoque permitió analizar la aptitud combinatoria general (ACG) y la aptitud combinatoria específica (ACE) de las líneas parentales y los probadores. Los

probadores seleccionados estratégicamente son líneas endogámicas que se utilizan para evaluar la capacidad combinatoria de otras líneas, proporcionando una base sólida para la selección de progenitores en la formación de híbridos de maíz.

Cervantes-Ortiz *et al.* (2018) identificaron cruzas de maíz con reducción del ciclo fenológico de hasta 10 a 15 días respecto al promedio de genotipos evaluados, lo que representa una ventaja significativa para enfrentar ambientes con sequías tempranas o heladas. Además, estas cruzas precoces lograron mantener un rendimiento superior a  $6 \text{ t ha}^{-1}$ , demostrando que la precocidad no compromete la productividad. Estos resultados subrayan la importancia de incorporar genotipos con ciclos cortos en programas de mejoramiento dirigidos a zonas con limitaciones climáticas o para obtener dos cosechas al año.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Material genético

El presente trabajo de investigación comprendió un grupo de ocho líneas de maíz derivadas de poblaciones con diferente nivel de adaptación (Cuadro 1).

Cuadro 1. Clasificación del material genético utilizado para producir las progenies evaluadas.

Identificación	Origen	Categoría	Adaptación
1	Ratón x Olotillo	S <sub>2</sub>	Intermedia
2	Ratón x Olotillo	S <sub>2</sub>	Intermedia
3	Celaya	S <sub>2</sub>	Intermedia
4	Celaya	S <sub>2</sub>	Intermedia
5	Jaguan	S <sub>3</sub>	Valles altos
6	Jaguan	S <sub>3</sub>	Valles altos
7	Jaguan	S <sub>3</sub>	Valles altos
8	Jaguan	S <sub>3</sub>	Valles altos

Intermedia= 1001 a 1800 m.s.n.m.

Valles altos=  $\geq$  1801 m.s.n.m.

Se realizaron cruzamientos posibles entre las líneas de acuerdo con el método tres de Griffing (1956). Las cruzas e incremento de las líneas se realizaron durante el ciclo primavera-verano 2023, en la localidad El Mezquite, Galeana, N.L. Se realizaron cruzas directas y recíprocas entre pares de líneas con mezcla de polen (#) y cruzas fraternales (#PaP) dentro de progenitores.

Las parcelas fueron establecidas en dos fechas de siembra con seis surcos cada una, con la finalidad de asegurar la coincidencia en floración y obtener los cruzamientos posibles entre las ocho líneas.

### Ubicación del sitio experimental

Para la evaluación del material experimental se seleccionaron dos localidades representativas y contrastantes del sureste de Coahuila: El Mezquite, en Galeana, N. L., y General Cepeda, Coah., ambas bajo condiciones de riego. La

información general sobre las condiciones ambientales de cada sitio se muestra en el Cuadro 2.

Cuadro 2. Características climáticas y geográficas de las localidades de evaluación del experimento durante el ciclo P.V. 2024.

<b>Característica</b>	<b>General Cepeda, Coahuila</b>	<b>El Mezquite, Galeana, N.L.</b>
Latitud (N)	26° 01' 00''	25° 05' 18.7''
Longitud (O)	101° 27' 00''	101° 42' 32''
Altitud (m)	1350	1913
Temperatura promedio anual (°C)	18.4	15.5
Precipitación promedio anual (mm)	279.9	416.4

### **Diseño experimental**

Se establecieron dos experimentos, uno para las líneas y otro para los híbridos en dos fechas de siembra por localidad. En el caso de las líneas se usó un diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones. En las cruzas, se utilizó un diseño de bloques incompletos con arreglo  $\alpha$ -látice con dos repeticiones. Las fechas de siembra en cada localidad fueron: El Mezquite, Galeana. N. L., el 11 y 18 de mayo 2024 y en General Cepeda, Coah., el 30 de mayo y 8 de junio de 2024.

La unidad experimental estuvo compuesta por surcos de 4 m de longitud, con una distancia de 0.2 m entre plantas y 0.85 m entre surcos. Inicialmente se sembraron 30 semillas por unidad experimental, después se realizó un raleo para obtener un total de 21 plantas al final del proceso.

### **Fertilización**

En las dos localidades de estudio se utilizó una dosis de fertilización de 120-60-60. Al momento de la siembra, se añadió la mitad del nitrógeno junto con todo el fósforo y potasio utilizando un fertilizante con una composición de 17 – 17 – 17, la otra mitad se agregó al cultivo, utilizando urea (46-00-00).

## **Riegos**

Debido a las condiciones del suelo en la localidad de General Cepeda, la siembra se realizó en seco, mientras que en El Mezquite se llevó a cabo en condiciones húmedas. Posteriormente, la cantidad de riegos aplicados se ajustó según las condiciones climáticas particulares de cada zona.

## **Labores culturales**

Se llevaron a cabo las tareas agrícolas necesarias, así como la aplicación de herbicidas y pesticidas, de manera puntual y adaptada a las necesidades específicas de cada área de estudio.

## **Variables evaluadas**

Se obtuvo información de plantas promedio de cada parcela para las características agronómicas de mayor importancia las cuales se presentan a continuación:

**Altura de planta (APTA) (cm).** Se mide desde el suelo hasta el punto donde la espiga comienza a ramificarse.

**Floración masculina y femenina (FM, FF) (d).** Periodo de tiempo expresado en días desde la siembra hasta que, el 50 % de las plantas han liberado polen (FM) y han mostrado estigmas emergidos (FF), respectivamente.

**Asincronía floral (ASI).** Fue estimado como la diferencia entre el número de días de floración femenina y el número de días de floración masculina.

**Cobertura de mazorca (COBMAZ) (%).** Medida que indica el grado en que las hojas cubren completamente la mazorca.

**Número de plantas (PTS).** Número total de plantas por unidad experimental previo a la cosecha; este dato fue empleado para calcular la cobertura de mazorca, la prolificidad y el rendimiento de grano.

**Número de mazorcas (MAZ).** Cantidad total de mazorcas cosechadas por unidad experimental; esta información se utilizó para determinar la prolificidad y mazorcas dañadas.

**Peso de campo (PC).** Corresponde al peso de las mazorcas de cada unidad experimental al momento de la cosecha, expresado en kilogramos. Esta información se utilizó para calcular el rendimiento.

**Prolificidad (PRO).** Se determinó mediante la relación entre la cantidad de mazorcas y la cantidad de plantas por unidad experimental.

**Humedad de grano (HUM).** Es el contenido de humedad en el grano al momento de la cosecha, expresado en porcentaje. Se realizó mediante el método de la estufa donde se obtuvo una muestra representativa de cada unidad experimental.

**Rendimiento de grano (REND).** Se obtuvo multiplicando el valor del peso seco (PS) por un factor de conversión (FC) que considera la superficie de la parcela experimental y la convierte a una hectárea. Posteriormente, este valor se multiplicó por el porcentaje de desgrane para calcular el rendimiento de grano.

El PS fue estimado multiplicando el peso de campo (PC) por el porcentaje de humedad de grano seco  $\left(1 - \frac{H}{100}\right)$ .

$$PS = PC \times \left(1 - \frac{H}{100}\right)$$

El factor de conversión se calculó de la siguiente manera:

$$FC = \left(\frac{100}{85} \times \frac{10000}{APU}\right) / 1000$$

Donde: Área de parcela útil (APU) se calculó como el producto de la distancia entre surcos por la longitud del surco; 100/85. coeficiente para obtener el rendimiento al 15 % de humedad; 1000. constante usada para calcular el rendimiento en t ha<sup>-1</sup>; 10000. superficie de una hectárea en m<sup>2</sup>.

### **Análisis de la información**

Se realizó un análisis de varianza para cada experimento de acuerdo con el modelo lineal del diseño experimental con el procedimiento GLM de SAS (SAS Institute, 2024).

El modelo lineal general utilizado se describe a continuación:

$$Y_{ijkl} = \mu + a_i + r_{j(i)} + b_{k(ij)} + g_l + gl_{li} + E_{ijkl}$$

Donde:  $Y_{ijkl}$  = Variable de respuesta observable;  $\mu$  = Media general;  $\alpha_i$  = Efecto del  $i$ -ésimo ambiente;  $r_{j(i)}$  = Efecto del  $j$ -ésimo bloque dentro del  $i$ -ésimo ambiente;  $b_k(ij)$  = Efecto del  $k$ -ésimo bloque incompleto dentro de la interacción del  $j$ -ésimo bloque y el  $i$ -ésimo ambiente;  $g_l$  = Efecto del  $l$ -ésimo genotipo;  $gl_i$  = Efecto del  $i$ -ésimo genotipo x el  $i$ -ésimo ambiente;  $E_{ijkl}$  = Error experimental.

### **Estimaciones de Aptitud Combinatoria**

La estimación de los efectos de Aptitud Combinatoria General (ACG) y Específica (ACE), se realizó en base a las fórmulas propuestas por Griffing (1956) usando el Software DIALLEL-SAS05 (Zhang *et al.*, 2005).

### **Estimación de heterosis**

Se estimó la heterosis (h) para la variable de rendimiento utilizando el comportamiento promedio de los progenitores, aplicando la siguiente fórmula.

$$h_{ij} = y_{ij} - 0.5 (y_i + y_j)$$

$h_{ij}$  = Heterosis;  $y_{ij}$  = La media de la progenie de la cruce entre los dos progenitores;  $y_i$  = Media de i-ésimo progenitor;  $y_j$  = Media del j-ésimo progenitor.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### Análisis de varianza

En el Cuadro 3 se presentan los cuadrados medios y la significancia del análisis de varianza para cada fuente de variación y las variables evaluadas en cuatro ambientes.

Para la fuente de variación ambientes se encontraron diferencias significativas ( $p \leq 0.01$  y  $0.05$ ) en cinco variables, mientras que APTA no presentó significancia, lo cual se explica debido a las condiciones ambientales contrastantes entre las dos localidades de evaluación. General Cepeda, Coahuila, representa un ambiente de área intermedia, caracterizado por menor altitud, temperaturas más elevadas y baja precipitación, mientras que El Mezquite, Galeana, Nuevo León, corresponde a un ambiente de valle alto, con mayor altitud, temperaturas más bajas y mayor disponibilidad de humedad.

Los genotipos (Gen) presentaron diferencias significativas ( $p \leq 0.01$ ) en todas las variables analizadas, lo que confirma la existencia de variación genética dentro de los genotipos evaluados. Estas diferencias se derivan debido al origen de procedencia de los progenitores (intermedias y valles altos) y a las combinaciones entre razas como Ratón, Olotillo, Celaya y Cónico Norteño. Estos resultados concuerdan con Bocianowski *et al.* (2024), quienes concluyeron que la variación genética entre los genotipos evaluados se atribuye al origen y la constitución de los híbridos, lo que permite identificar materiales con alto potencial productivo y buena estabilidad.

Los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) fueron significativos ( $p \leq 0.01$ ) para todas las variables, lo que indica que tanto los efectos aditivos (ACG) como los no aditivos (ACE) contribuyen significativamente a la expresión fenotípica; estos efectos se pueden asumir debido a las diferencias genéticas de las líneas progenitoras.

Cuadro 3. Cuadrados medios del análisis de varianza de 56 genotipos evaluados en primavera-verano en cuatro ambientes en 2024.

F.V.	g.l.	REND (t ha <sup>-1</sup> )	PRO	ASI (d)	FM (d)	COBMAZ (%)	APTA (cm)
Ambientes (Amb)	3	318.909 **	4.938 **	14.347 *	21699.912 **	7045.561 **	337.747
Bloques (Blk)/Amb	4	1.605	0.028	1.078	27.046 **	183.554	1354.080 **
Genotipos (Gen)	55	9.460 **	0.134 **	2.810 **	41.397 **	1467.991 **	2319.208 **
ACG	7	29.437 **	0.512 **	13.371 **	267.767 **	9584.170 **	11341.960 **
ACE	20	14.058 **	0.146 **	2.051 **	12.990 **	472.370 **	1897.320 **
REC	28	1.183	0.031	0.712	5.096 **	150.100	364.870 *
Gen x Amb	165	1.686 **	0.029 *	1.288 **	3.635 **	152.447 **	273.316 *
ACG x Amb	21	2.708 **	0.058 **	4.468 **	5.767 **	521.230 **	516.870 **
ACE x Amb	60	1.858 **	0.037 **	0.965	2.929	106.350	216.240
REC x Amb	84	1.309	0.017	0.724	3.608 *	93.180	253.200
Error	220	1.095	0.023	0.805	2.4196	102.146	212.130
C.V. %		14.569	12.158	246.658	2.130	48.185	6.374

\*, \*\*, Significativo al 0.05 y 0.01 niveles de probabilidad, respectivamente; F.V.= Fuente de variación; g.l.= Grados de libertad; REND= Rendimiento de grano; PRO= Prolificidad (mazorca por planta); ASI= Asincronía de floración; FM= Floración masculina; COBMAZ= Cobertura de mazorca; APTA= Altura de planta; ACG= Aptitud combinatoria general; ACE= Aptitud combinatoria específica; REC= Efectos recíprocos; C.V.= Coeficiente de variación.

De manera similar, Arellano-Vázquez *et al.* (2023) sostienen que la contribución conjunta de ambos efectos permite comprender mejor la variación observada entre híbridos y orientar de manera más precisa las estrategias de selección y aprovechamiento de progenitores en programas de mejoramiento.

Para todas las variables, en la interacción genotipos  $\times$  ambientes (Gen  $\times$  Amb) se encontraron diferencias significativas ( $p \leq 0.01$  y  $0.05$ ) indicando el comportamiento relativo diferencial de los genotipos en los ambientes de evaluación. Espinosa *et al.* (2019) señalan que las poblaciones nativas de maíz del sureste de Coahuila presentan una respuesta diferencial de acuerdo con el ambiente, es decir, existe una interacción significativa genotipo  $\times$  ambiente (G $\times$ A) que condiciona el comportamiento productivo y fenotípico de los genotipos.

Se observó significancia ( $p \leq 0.01$ ) en la interacción ACG  $\times$  Amb para todas las variables evaluadas lo cual indica que los efectos aditivos asociados a los progenitores son influenciados por las condiciones ambientales. En contraste, la interacción ACE  $\times$  Amb fue significativa ( $p \leq 0.01$ ) solo para REND y PRO, lo que muestra que ciertos genotipos solo expresan su potencial bajo condiciones particulares.

Los efectos recíprocos (REC) mostraron significancia únicamente en las variables de FM ( $p \leq 0.01$ ) y APTA ( $p \leq 0.05$ ), mientras que para REND, PRO, ASI y COBMAZ no se detectaron diferencias significativas. Esto indica que el efecto de la dirección del cruzamiento influye en la expresión fenotípica de los genotipos para la mayoría de las características evaluadas, aunque puede ser relevante en la determinación de la floración masculina y la altura de planta. La interacción de REC  $\times$  Amb mostró diferencias significativas únicamente para FM ( $p \leq 0.05$ ), sugiriendo que la expresión de estos efectos recíprocos puede depender de las condiciones ambientales, pero su contribución general al desempeño de los híbridos es limitada en comparación con los efectos de ACG y ACE.

## Comportamiento promedio

Los valores medios se obtuvieron de las combinaciones de las diferentes cruzas evaluadas en cuanto a las variables estudiadas, donde se identificaron los 28 genotipos con mayor rendimiento (Cuadro 4).

Cuadro 4. Medias de rendimiento de grano y caracteres estudiados de 28 genotipos superiores en la evaluación agronómica en 2024.

GEN	REND (t ha <sup>-1</sup> )	PRO	ASI (d)	FM (d)	COBMAZ (%)	APTA (cm)
1x6	9.08 **	1.39 **	0.88 **	70.75	8.06	234.50 **
7x1	8.78 **	1.45 **	0.25	69.25	7.79	218.63
8x2	8.73 **	1.44 **	0.38	73.63 **	10.03	248.25 **
4x2	8.67 **	1.32 **	0.13	77.50 **	42.81 **	249.13 **
2x8	8.64 **	1.32 **	-0.63	73.75 **	12.15	242.13 **
6x2	8.49 **	1.32 **	0.25	72.88	23.60 *	248.75 **
1x8	8.44 **	1.43 **	0.50 *	70.50	4.69	218.50
6x4	8.28 **	1.18	1.00 **	75.25 **	34.75 **	228.88
2x4	8.07 **	1.35 **	0.50 *	77.63 **	49.31 **	242.75 **
6x1	8.00 **	1.39 **	-0.25	70.25	8.27	220.63
3x6	7.99 **	1.26	0.00	71.75	13.68	239.38 **
4x8	7.94 **	1.29 **	0.00	73.25	16.86	219.50
4x6	7.93 **	1.21	1.00 **	74.00 **	28.68 **	229.75
1x5	7.91 **	1.25	0.38	72.38	19.14	228.50
6x3	7.91 **	1.34 **	0.00	72.25	23.62 *	231.00
7x2	7.87 **	1.44 **	-0.25	72.50	13.38	246.63 **
8x4	7.87 **	1.17	0.63 **	72.88	19.00	222.13
2x6	7.79 **	1.41 **	0.38	72.50	18.89	239.63 **
8x3	7.77 **	1.36 **	-0.50	72.75	10.36	247.88 **
4x1	7.75 **	1.14	0.38	75.00 **	36.68 **	239.25 **
1x4	7.67 **	1.10	0.38	76.63 **	34.27 **	241.25 **
2x7	7.60 **	1.35 **	0.88 **	74.00 **	14.11	238.63 **
8x1	7.59 **	1.31 **	0.13	69.25	11.81	218.38
5x1	7.58 **	1.29 **	0.38	72.75	24.87 **	224.38
1x7	7.45 **	1.20	0.25	69.50	9.35	215.13
5x6	7.39 *	1.36 **	0.00	72.50	28.93 **	230.75
3x2	7.38 *	1.14	1.38 **	77.13 **	27.53 **	248.38 **
7x3	7.38 *	1.26	0.63 **	72.25	13.15	240.25 **
<b>Media</b>	7.18	1.25	0.36	73.01	20.97	228.50
<b>E.E.</b>	0.15	0.02	0.08	0.30	1.81	2.28
<b>Máximo</b>	9.08	1.45	2.00	77.63	63.21	256.88
<b>Mínimo</b>	3.30	0.96	-0.88	68.75	3.00	164.50

\* y \*\*: =Valores superiores a la media más uno y dos veces el error estándar ( $\mu+E.E.$ ;  $\mu+2E.E.$ ); REND= Rendimiento de grano; PRO= Prolificidad (mazorcas por planta); ASI= Asincronía de floración; FM= Floración masculina; COBMAZ= Cobertura de mazorca; APTA= Altura de planta E.E.= Error estándar.

Con base en el rendimiento de grano (REND) promedio y bajo los criterios de selección ( $\mu+E.E$ ,  $\mu+2E.E$ ) se identificó a los 28 genotipos superiores, donde se observa una variación, cuyos valores oscilaron entre 3.30 y 9.08 t ha<sup>-1</sup>. Entre ellos, los genotipos (1×6, 7×1 y 8×2) registraron los mayores rendimientos corresponden a cruzas entre líneas de diferente adaptación zonas intermedias (líneas de la 1 a la 4) y valles altos (líneas 5 a 8). Este resultado sugiere que la combinación de germoplasma proveniente de diferentes orígenes genéticos potencia la expresión de caracteres agronómicos asociados con él rendimiento.

Los genotipos superiores evaluados mostraron incrementos de rendimiento de grano que, en promedio, superaron la media general (7.18 t ha<sup>-1</sup>) entre 22 y 26 %, considerando los valores de los genotipos de mayor desempeño como 1×6 (9.08 t ha<sup>-1</sup>), 7×1 (8.78 t ha<sup>-1</sup>) y 8×2 (8.73 t ha<sup>-1</sup>). Estos resultados son consistentes con lo reportado por Troyer (2006), quien encontró que los híbridos provenientes de progenitores genéticamente distantes presentaron incrementos en rendimiento superiores al 25 % en comparación con híbridos de progenitores más relacionados

En cuanto a prolificidad (PRO), se observó una variación entre los genotipos, con valores que oscilaron desde 0.96 hasta 1.45 mazorcas por planta, sobresalieron los cruzamientos 7×1, 8×2, 7×2 y 1×8, cuyos valores superaron la media (1.25). Este comportamiento se debe a la contribución de ciertos progenitores, particularmente las líneas derivadas de la variedad “Jaguan” (líneas 5, 6, 7 y 8), reconocidas por su carácter prolífico y que, en consecuencia, favorecen un mayor número de mazorcas por planta en las cruzas. De acuerdo con lo reportado por Tafolla-Rodríguez *et al.* (2021), encontraron una correlación positiva entre prolificidad y rendimiento ( $r = 0.58$ ), con valores medios de 1.14 mazorcas por planta en líneas prolíficas frente a 0.85 en líneas no prolíficas, con incrementos de hasta 22 % en rendimiento de grano asociados al aumento del número de mazorcas. lo que confirma que los genotipos con mayor número de mazorcas por planta contribuyen directamente al incremento del rendimiento, particularmente

en ambientes de temporal donde la eficiencia en el uso de recursos resulta determinante para la expresión del potencial productivo.

Por otro lado, genotipos mostraron variación entre -0.88 y 2.00 días en asincronía de floración (ASI), con una media de 0.36 días, reflejando diferencias en la sincronización de floración entre los genotipos. Los genotipos 3×6, 4×8 y 6×3 mostraron valores de 0, indicando una floración completamente sincronizada, lo que favorece la polinización eficiente y un llenado uniforme de grano. En contraste, genotipos como 3×2 y 2×8 mostraron mayor variación (-0.63 y 1.38 días, respectivamente) esta diferencia puede explicarse por la divergencia en el fotoperiodo y la temperatura óptima para la inducción floral entre los progenitores de distintas adaptaciones

La asincronía de floración (ASI) es un factor crítico que influye en la eficiencia de la polinización y, por ende, en el rendimiento del maíz por lo que la interacción entre el fotoperiodo y la temperatura en distintas zonas geográficas puede modificar la sincronización de la floración, lo que podría contribuir a una mayor eficiencia en la polinización y, por ende, en el rendimiento del grano (Xu *et al.*, 2023).

En general, los genotipos 1×6, 4×2, 2×8, 8×2 y 2×4 mostraron un comportamiento sobresaliente y equilibrado en todas las variables evaluadas, ya que alcanzaron rendimientos superiores a 8 t ha<sup>-1</sup>, tal es el caso del genotipo 1×6 con 9.08 t ha<sup>-1</sup> y 8×2 con 8.73 t ha<sup>-1</sup>, además de presentar valores de prolificidad, entre 1.32 y 1.45 mazorcas por planta. Asimismo, mostraron una asincronía de floración, entre -0.63 y 0.88 días, y alturas de planta desde 242.13 hasta 248.25 cm. Esto se debe a que la combinación de líneas de zonas intermedias (1-4) y valles altos (5-8) en estas cruzas permitió integrar caracteres complementarios: las líneas intermedias aportando estabilidad en la sincronización floral, mientras que las líneas de valles altos contribuyeron al aumento del número de mazorcas y cobertura de mazorca, generando genotipos con un rendimiento agronómico destacado y equilibrado.

Según Tesfaye *et al.* (2019), las combinaciones de líneas parentales de diferentes orígenes geográficos, como zonas altas y zonas bajas o intermedias, permiten que los híbridos resultantes integren características complementarias. Estas combinaciones pueden mejorar rendimiento de grano, prolificidad, cobertura de mazorca y vigor vegetativo, debido a la complementariedad genética entre las líneas, donde las líneas adaptadas a zonas intermedias aportan estabilidad y uniformidad en el desarrollo, mientras que las líneas de valles altos contribuyen a una mayor prolificidad y cobertura de mazorca, potenciando el rendimiento final.

### **Interacción genotipo por ambiente**

En la Figura 1 se analiza la interacción entre genotipos y ambientes para identificar las cruzas con adaptación específica a las condiciones de los sitios evaluados. Esta Figura ilustra la distribución de los genotipos en función de las dos fechas de siembra en cada localidad (GC1, GC2, MEZ1 y MEZ2).

Los genotipos analizados mostraron diferencias significativas ( $p \leq 0.01$ ) (Cuadro 3) entre ambientes de evaluación, atribuibles principalmente a la variación en altitud, temperatura y precipitación. Este comportamiento era previsible dada la diversidad en el origen de las líneas parentales y las combinaciones genéticas involucradas. La Figura 1 corresponde a la dispersión del modelo de efectos genéticos (G) y la interacción GxA (GE) (GGEbiplot) con base en un análisis de componentes principales se analiza el comportamiento de las cruzas. Esta técnica facilita una visualización gráfica que permite comparar tanto el comportamiento promedio como la estabilidad de los genotipos en los diferentes ambientes de evaluación (Yan *et al.*, 2000; Yan y Kang, 2003). En este estudio, los dos componentes (CP1 y CP2) explicaron el 85.2 % de la variabilidad total relacionada con el rendimiento del grano, considerando la influencia de los genotipos y su interacción con el ambiente.

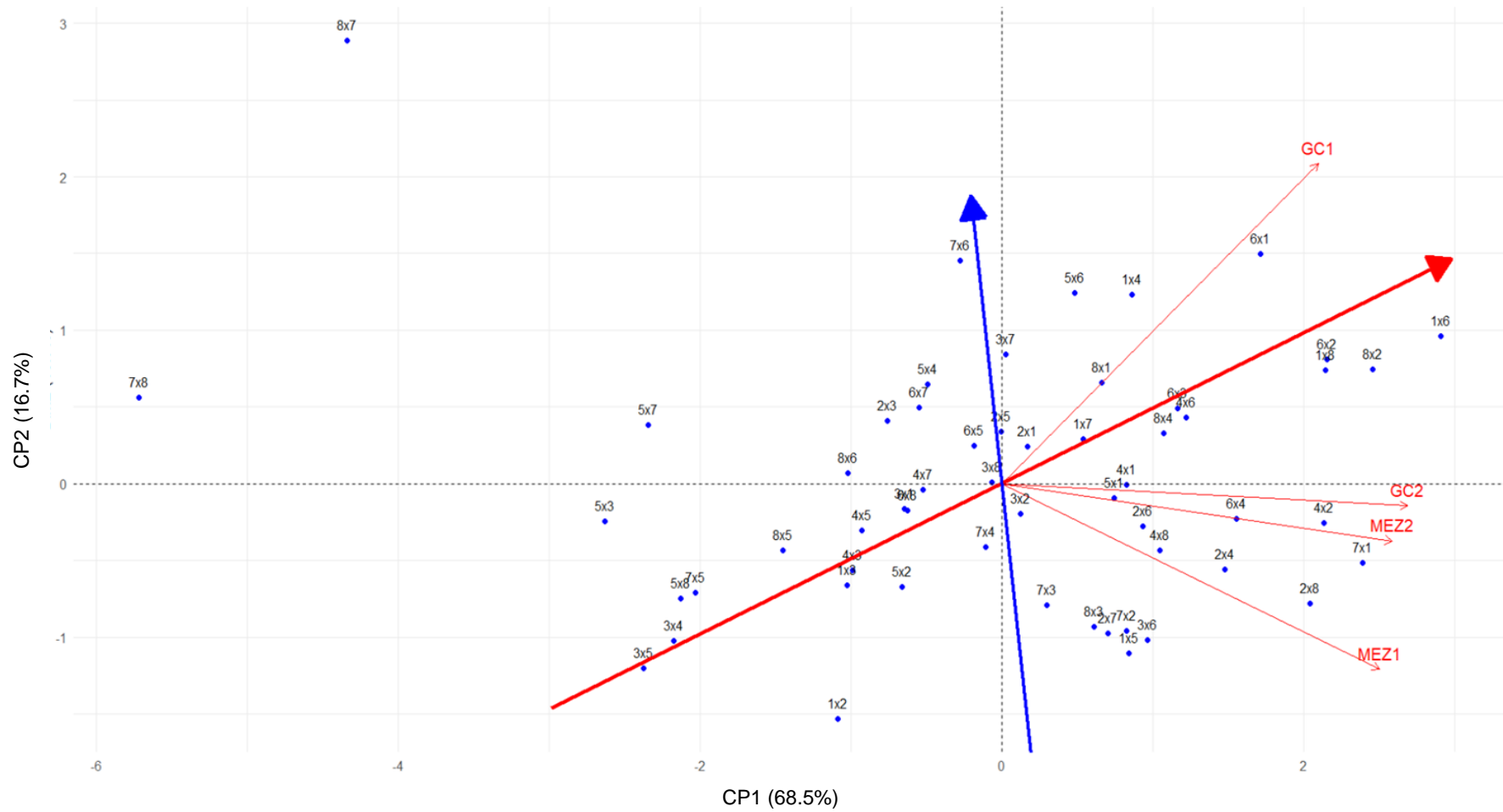


Figura 1. Interacción genotipo x ambiente para rendimiento de grano de 56 cruzas de maíz evaluadas en cuatro ambientes (GC1, GC2, MEZ1 y MEZ2) en 2024. Los números que acompañan a las cruza corresponden a las líneas parentales, donde las líneas 1–4 provienen de áreas intermedias y las líneas 5–8 de valles altos.

Según Yan y Kang (2003), cuando los ambientes se utilizan como referencia para evaluar los genotipos, el eje horizontal refleja el rendimiento promedio, mientras que el eje vertical indica la respuesta específica de cada genotipo en los ambientes de evaluación.

El ángulo entre los vectores que representan los ambientes, tomando como referencia el origen, determina el grado de relación existente entre ellos por lo que un ángulo menor a  $30^\circ$  sugiere una correlación fuerte, mientras que un ángulo cercano a  $90^\circ$  indica independencia entre los ambientes (Yan, 2014). De acuerdo con la proyección y ángulos el ambiente GC1 muestra independencia con respecto a GC2, MEZ1 y MEZ2 los cuales tienen direcciones más similares, lo que sugiere un comportamiento más relacionado entre estos tres ambientes.

En la Figura 1, la estabilidad de los genotipos se identifica con base en su proximidad al eje horizontal (CP1), que representa el rendimiento promedio (ACG). Genotipos ubicados cerca de este eje presentan baja interacción con el ambiente, por lo tanto, son considerados estables (Yan, y Tinker, 2006). En este análisis, genotipos como 1x6, 8x2, 6x2 y 1x8 se posicionan próximos al eje horizontal y hacia la derecha, indicando estabilidad y rendimientos superiores promedio.

Este estudio subraya la importancia de considerar la interacción genotipo  $\times$  ambiente (Gen  $\times$  Amb) en programas de mejoramiento genético, con el fin de identificar genotipos capaces de adaptarse a condiciones específicas, como los valles altos donde el aumento de temperatura puede afectar el rendimiento de grano.

Al relacionar los resultados del Cuadro 4 con la Figura 1, se observa que las cruzas 1x6, 8x2, 6x2 y 1x8 son las más sobresalientes, ya que además de registrar rendimientos superiores a  $8.4 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$  (Cuadro 4), se ubican cercanas al eje horizontal en la Figura, lo que refleja alta estabilidad y baja interacción genotipo  $\times$  ambiente. Por otro lado, los genotipos que se encuentran cerca a algún vector de ambientes indican que tienen un buen comportamiento en un ambiente en particular (GC1 y GC2), como son los genotipos 6x1 y 4x2. Los

vectores de MEZ1 y MEZ2 muestran una dirección similar, por lo que los genotipos presentan un comportamiento similar en ambos ambientes como los son los genotipos 7x1 y 2x8 con rendimientos de 8.78 t·ha<sup>-1</sup> y 8.64 t·ha<sup>-1</sup>.

Esta consistencia se explica porque al combinar líneas de áreas intermedias con líneas adaptadas a valles altos, se integran atributos complementarios: las primeras aportan vigor y adaptación a temperaturas más elevadas, mientras que las segundas contribuyen con tolerancia al frío y estabilidad en altitudes altas. En este sentido, Giauffret *et al.* (2000) demostraron que los híbridos de origen subtropical o de áreas intermedias mantienen mayor estabilidad en ambientes contrastantes, mientras que los de valles altos aportan mayor estabilidad y tolerancia a la altitud. De forma similar, Thayil *et al.* (2020) destacan que considerar la interacción genotipo x ambiente en cruza provenientes de regiones contrastantes permite identificar genotipos más resilientes bajo condiciones de calor en valles altos.

### Efectos de aptitud combinatoria general (ACG)

Además del comportamiento promedio de cada genotipo en las diferentes variables evaluadas, se estimaron los efectos de Aptitud Combinatoria General (ACG) de ocho líneas de maíz evaluadas en cuatro ambientes en 2024 (Cuadro 5).

Cuadro 5. Efectos de aptitud combinatoria general (ACG) para las variables evaluadas cuatro ambientes en 2024.

Líneas	REND (t ha <sup>-1</sup> )	PRO	ASI (d)	FM (d)	COBMAZ (%)	APTA (cm)
1	0.589 **	0.021	-0.185	-0.831	-6.687 **	2.391
2	0.593 **	0.028	-0.039	1.805	6.415 **	18.557 **
3	-0.347	-0.091 **	-0.143	0.826	-1.023	6.380 **
4	0.269	-0.111 **	0.148	2.732 *	16.845 **	3.318 *
5	-0.686 **	-0.012	-0.164	0.107	9.655 **	-1.339
6	0.525 **	0.114 **	-0.612 **	-1.341	-4.641 **	-0.318
7	-0.650 **	0.003	0.513 **	-1.341	-9.293 **	-15.745 **
8	-0.293	0.049 *	0.482 **	-1.956	-11.271 **	-13.245 **

\*, \*\*, Significativo al 0.05 y 0.01 niveles de probabilidad, respectivamente; REND= Rendimiento de grano; PRO= Prolificidad (mazorcas por planta); ASI= Asincronía de floración; FM= Floración

masculina; COBMAZ= Cobertura de mazorca; APTA= Altura de planta; Líneas 1–4 provienen de áreas intermedias y las líneas 5–8 de valles altos.

Las líneas 1, 2 y 6 mostraron efectos significativos y positivos ( $p \leq 0.01$ ) de aptitud combinatoria general (ACG) para (REND), indicando su capacidad para transmitir genes favorables a su descendencia en cruzamientos. Díaz-Juárez *et al.* (2023) señalan que valores altos de ACG, indican una alta frecuencia de alelos favorables que mejoran el rendimiento, mientras que valores negativos, sugieren una menor contribución favorable del progenitor, resaltando la importancia de la ACG en la selección de parentales para cruza exitosas.

En cuanto a la prolificidad, la línea 6, proveniente de valles altos, presentó un valor significativo ( $p \leq 0.01$ ) con un efecto positivo (0.114), lo que indica que aporta genes aditivos favorables para incrementar el número de mazorcas por planta, característica asociada a un mayor rendimiento de grano. En contraste, las líneas 3 y 4, originarias de áreas intermedias, mostraron efectos significativos ( $p \leq 0.01$ ) con valores negativo de -0.091 y -0.111, respectivamente, lo que sugiere una contribución desfavorable de estas líneas a la prolificidad. En cuanto a la asincronía de floración (ASI), la línea 6 presentó un efecto negativo de -0.612, altamente significativo ( $p \leq 0.01$ ), lo cual es deseable desde el punto de vista agronómico, ya que refleja una mejor sincronía entre la floración masculina y femenina, favoreciendo la fecundación y el llenado de grano. En contraste, las líneas 7 y 8, con valores de 0.513 y 0.482 respectivamente, ambas provenientes de valles altos, mostraron efectos positivos significativos ( $p \leq 0.01$ ), lo que indica una mayor separación entre las floraciones y una posible reducción en la eficiencia de polinización en las cruza que las incluyen.

Respecto a la floración masculina (FM), la línea 4 presentó un efecto positivo de 2.732, significativo ( $p \leq 0.05$ ), lo que sugiere una tendencia hacia una floración más tardía. En cambio, la línea 8 tuvo un efecto negativo de -1.956, asociado con una floración más temprana.

En cuanto a la cobertura de mazorca, donde los efectos negativos de ACG resultan favorables al indicar menor proporción de mazorcas con mala cobertura,

las líneas 7 (-9.293) y 8 (-11.271), ambas provenientes de valles altos, destacaron con los valores negativos y significativos ( $p \leq 0.01$ ), lo que evidencia su contribución positiva a una mejor cobertura de mazorca. De igual manera, las líneas 1 (-6.687) de áreas intermedias y 6 (-4.641) de valles altos también mostraron efectos negativos significativos ( $p \leq 0.01$ ), aunque de menor magnitud. En contraste, las líneas 4 (16.845, intermedia) y 5 (9.655, valles altos) presentaron efectos significativos ( $p \leq 0.01$ ), con los mayores valores positivos, seguidas por la línea 2 (6.415, intermedia), lo que indica una mayor tendencia a transmitir genes responsables de la producción de mazorcas con cobertura deficiente. Estos resultados sugieren que las líneas con valores negativos, particularmente la 7 y la 8, representan fuentes genéticas valiosas para incrementar la cobertura de la mazorca y, por ende, la calidad del grano.

Los genotipos 2 y 6 destacan como progenitores con alto potencial en programas de cruzamiento, debido a sus efectos favorables sobre caracteres agronómicos clave, principalmente rendimiento de grano, prolificidad, asincronía de floración, cobertura de mazorca y altura de planta. El genotipo 2, proveniente de áreas intermedias, mostró un efecto positivo en rendimiento (0.593) y en altura de planta (18.557), lo que indica la presencia de genes asociados a una mayor producción y porte; sin embargo, su efecto positivo en cobertura de mazorca (6.415) indica menor protección del grano. Por otro lado, el genotipo 6, proveniente de valles altos, combinó un rendimiento elevado (0.525) y mayor prolificidad (0.114), con efectos negativos en ASI (-0.612) y en cobertura de mazorca (-4.641), lo que favorece la sincronía floral y una mejor protección de la mazorca. En conjunto estos resultados evidencian que ambos genotipos aportan variación genética aditiva de importancia, aunque con ventajas distintas según el carácter considerado.

### **Efectos de aptitud combinatoria específica (ACE)**

El análisis de aptitud combinatoria específica (ACE) en 28 genotipos proveniente de las cruzas directas evaluadas en 2024 se presentan en el Cuadro 6.

Cuadro 6. Efectos de ACE de 28 cruzas directas para los caracteres en estudio en la evaluación 2024.

Genotipo	REND (t ha <sup>-1</sup> )	PRO	ASI (d)	FM (d)	COBMAZ (%)	APTA (cm)
<b>1x2</b>	-1.389 **	-0.095	0.798 **	0.894	-5.175	0.432
<b>1x3</b>	-0.705	0.009	0.089	0.061	-4.546	-2.891
<b>1x4</b>	-0.332	-0.036	0.298	0.905	4.337	6.046
<b>1x5</b>	0.661	0.013	-0.140	0.280	-1.937	-3.110
<b>1x6</b>	0.240	0.007	-0.317	-0.335	-1.484	-3.006
<b>1x7</b>	0.991 *	0.054	-0.504 *	-1.460	3.572	1.734
<b>1x8</b>	0.534	0.049	-0.223	-0.345	5.232	0.796
<b>2x3</b>	-0.437	-0.098	-0.057	1.176	4.895	-8.371 *
<b>2x4</b>	0.325	0.168 **	-0.536 *	0.019	1.825	-4.433
<b>2x5</b>	-0.152	-0.113 *	-0.411	-1.918	9.344 **	-7.777 *
<b>2x6</b>	-0.160	-0.030	0.412	-0.783	-1.504	-2.548
<b>2x7</b>	0.609	0.114 *	0.037	-0.220	-4.354	11.317 **
<b>2x8</b>	1.204 **	0.055	-0.244	0.832	-5.031	11.379 **
<b>3x4</b>	-0.914 *	-0.083	0.131	-0.501	-0.543	-9.756 **
<b>3x5</b>	-0.513	-0.014	0.131	0.811	-7.361 **	-7.850 *
<b>3x6</b>	0.590	0.029	0.141	-0.491	3.339	0.629
<b>3x7</b>	1.058 *	0.066	-0.359	0.071	-1.382	12.057 **
<b>3x8</b>	0.920 *	0.091	-0.077	-1.126	5.598 *	16.182 **
<b>4x5</b>	-0.082	0.017	0.027	0.280	7.898 **	2.150
<b>4x6</b>	0.125	-0.054	0.100	0.228	-1.461	-2.183
<b>4x7</b>	0.132	-0.055	0.100	-0.210	-3.434	5.932
<b>4x8</b>	0.745	0.043	-0.119	-0.720	-8.623 **	2.244
<b>5x6</b>	0.209	0.028	-0.088	0.728	-1.408	8.473 *
<b>5x7</b>	0.000	0.017	0.225	0.040	-2.871	4.463
<b>5x8</b>	-0.124	0.052	0.256	-0.220	-3.665	3.650
<b>6x7</b>	-0.258	0.057	-0.077	0.426	2.249	-1.308
<b>6x8</b>	-0.747	-0.037	-0.171	0.228	0.269	-0.058
<b>7x8</b>	-2.533 **	-0.252 *	0.579 **	1.353	6.219 *	-34.193

\*, \*\*, Significativo al 0.05 y 0.01 niveles de probabilidad, respectivamente; REND= Rendimiento de grano; PRO= Prolificidad (mazorcas por planta); ASI= Asincronía de floración; FM= Floración masculina; COBMAZ= Cobertura de mazorca; APTA= Altura de planta.

Para el rendimiento de grano (REND), las cruzas con efectos positivos y significativos ( $p \leq 0.01$ ) fueron 2x8 (1.204 t ha<sup>-1</sup>), mientras que otras como 3x7 (1.058 t ha<sup>-1</sup>), 3x8 (0.920 t ha<sup>-1</sup>) y 1x7 (0.991 t ha<sup>-1</sup>) mostraron efectos significativos ( $p \leq 0.05$ ). Estas combinaciones incluyen interacciones entre

progenitores de diferentes adaptaciones, principalmente entre líneas de zonas intermedias (1-4) y líneas de valles altos (5-8). En contraste, la cruza 7×8 (-2.533 t ha<sup>-1</sup>) mostró un efecto negativo significativo ( $p \leq 0.01$ ), lo que sugiere interacciones poco favorables entre alelos recesivo, dado que ambas líneas provienen de la misma población (Jaguan, S<sub>3</sub>)

En cuanto a prolificidad, la cruza 2×4 (0.168) mostró un efecto positivo significativo ( $p \leq 0.01$ ), y otras como 2×7 (0.114) y 3×8 (0.091) también presentaron una tendencia favorable, lo que sugiere una mayor producción de mazorcas en ciertas combinaciones. En asincronía de floración, la mayoría de los efectos significativos fueron negativos, lo cual es deseable, ya que indica una mejor sincronía floral. Cervantes-Ortiz *et al.* (2018) en su estudio obtuvo genotipos (cruzas) que resultaron ser precoces, la cual puede ser una característica favorable para ambientes que se dificulta el desarrollo de cultivos por falta de lluvias, heladas tempranas o bien el hecho de tener más ciclos agrícolas por año. En particular, la cruza 7×8 ya había mostrado bajos valores en todos los ambientes evaluados, reforzando su desempeño desfavorable en varios aspectos. Esto concuerda con lo reportado por Gutiérrez-del Río *et al.* (2002), quienes observaron que la consanguinidad en progenitores con baja diversidad genética redujo el rendimiento significativamente.

### **Heterosis**

Los valores de heterosis se estimaron solamente para las cruzas directas resultantes del cruce dialélico entre las ocho líneas que se utilizaron de manera combinada para los caracteres en estudio (Cuadro 7).

En todos los casos, los valores de heterosis para el rendimiento de grano (REND) fueron positivos ( $p \leq 0.01$ ), lo cual se debe a la influencia de los efectos de dominancia esto indica que la mayoría de las cruzas superaron el promedio de los progenitores donde cruzas como 1×6 (6.77), 1×8 (6.40), y 2×8 (5.74) destacaron con valores altos de heterosis en REND y PRO, a la vez que presentaron valores negativos (-1.83, -1.00 y -0.91, respectivamente) en ASI.

Cuadro 7. Estimación de heterosis en combinaciones de cruzas directas entre ocho líneas de maíz evaluadas en 2024.

Gen	Rendimiento				Prolificidad				Asincronía			
	i	j	F <sub>1</sub>	h	i	j	F <sub>1</sub>	h	i	j	F <sub>1</sub>	h
1x2	2.15	3.87	6.67	3.56 **	0.95	1.49	1.19	-0.05	0.92	0.50	0.88	0.17
1x3	2.15	2.27	6.64	4.34 **	0.95	0.84	1.12	0.22 **	0.92	0.58	0.25	-0.50
1x4	2.15	3.28	7.67	4.86 **	0.95	1.02	1.10	0.10	0.92	0.17	0.38	-0.16
1x5	2.15	1.53	7.91	5.98 **	0.95	0.97	1.25	0.28 **	0.92	1.92	0.13	-1.29 **
1x6	2.15	2.27	9.08	6.77 **	0.95	1.39	1.39	0.20 **	0.92	1.50	-0.63	-1.83 **
1x7	2.15	1.70	7.45	5.43 **	0.95	0.98	1.20	0.22 **	0.92	2.17	0.25	-1.29 **
1x8	2.15	1.73	8.44	6.40 **	0.95	1.30	1.43	0.29 **	0.92	2.08	0.50	-1.00 **
2x3	3.87	2.27	6.60	3.44 **	1.49	0.84	1.04	-0.14 *	0.50	0.58	0.50	-0.04
2x4	3.87	3.28	8.07	4.40 **	1.49	1.02	1.35	0.08	0.50	0.17	-0.25	-0.58
2x5	3.87	1.53	7.16	4.36 **	1.49	0.97	1.15	-0.10	0.50	1.92	0.00	-1.21 **
2x6	3.87	2.27	7.79	4.62 **	1.49	1.39	1.41	-0.05	0.50	1.50	0.00	-1.00 **
2x7	3.87	1.70	7.60	4.72 **	1.49	0.98	1.35	0.10	0.50	2.17	1.00	-0.33
2x8	3.87	1.73	8.64	5.74 **	1.49	1.30	1.32	-0.09	0.50	2.08	0.38	-0.91 *
3x4	2.27	3.28	5.87	3.01 **	0.84	1.02	0.96	0.02	0.58	0.17	0.63	0.25
3x5	2.27	1.53	5.72	3.73 **	0.84	0.97	1.19	0.27 **	0.58	1.92	0.38	-0.87 *
3x6	2.27	2.27	7.99	5.63 **	0.84	1.39	1.26	0.14	0.58	1.50	-0.50	-1.54 **
3x7	2.27	1.70	7.11	5.03 **	0.84	0.98	1.20	0.28 **	0.58	2.17	0.38	-1.00 **
3x8	2.27	1.73	7.15	5.06 **	0.84	1.30	1.24	0.16 *	0.58	2.08	0.38	-0.96 *
4x5	3.28	1.53	6.58	4.09 **	1.02	0.97	1.14	0.13	0.17	1.92	0.25	-0.79 *
4x6	3.28	2.27	7.93	5.06 **	1.02	1.39	1.21	-0.01	0.17	1.50	0.00	-0.83 *
4x7	3.28	1.70	6.78	4.20 **	1.02	0.98	1.10	0.09	0.17	2.17	1.38	0.21
4x8	3.28	1.73	7.94	5.34 **	1.02	1.30	1.29	0.11	0.17	2.08	0.63	-0.50
5x6	1.53	2.27	7.39	5.40 **	0.97	1.39	1.36	0.16 *	1.92	1.50	-0.50	-2.21 **
5x7	1.53	1.70	5.67	3.96 **	0.97	0.98	1.23	0.24 **	1.92	2.17	1.38	-0.66
5x8	1.53	1.73	5.84	4.12 **	0.97	1.30	1.27	0.12	1.92	2.08	0.75	-1.25 **
6x7	2.27	1.70	6.81	4.73 **	1.39	0.98	1.43	0.24 **	1.50	2.17	0.38	-1.46 **
6x8	2.27	1.73	6.80	4.70 **	1.39	1.30	1.41	0.05	1.50	2.08	-0.38	-2.16 **
7x8	1.70	1.73	3.30	1.49 **	0.98	1.30	1.05	-0.10	2.17	2.08	1.88	-0.25

\*, \*\*, Significativo al 0.05 y 0.01 niveles de probabilidad, respectivamente; i= Progenitor femenino; j= Progenitor masculino; F<sub>1</sub>= Progenie en primera generación; h= Heterosis.

Velasco-García *et al.* (2019) encontró heterosis significativa ( $p \leq 0.01$ ) en cruzas interraciales entre poblaciones tropicales y subtropicales adaptadas a valles altos para rendimiento de grano con incrementos de hasta un 22 % en las cruzas entre líneas de diferentes orígenes.

Con respecto al número de mazorcas por planta o prolificidad (PRO), se encontró un incremento en la  $F_1$  de hasta 0.29 (1×8) en las cruzas donde intervienen línea adaptadas a valles altos (5-8). Este patrón es repetible en la mayoría de las cruzas debido a que las líneas derivadas de la variedad “Jaguan” (5 a la 8) son consideradas prolíficas. Estos hallazgos subrayan la importancia de seleccionar adecuadamente los progenitores en programas de mejoramiento genético de maíz para optimizar la heterosis en rendimiento y prolificidad (Escorcia-Gutiérrez *et al.*, 2010).

## CONCLUSIONES

Las líneas adaptadas a zonas intermedias (1 a 4), especialmente las líneas 1, 2 y 4, al cruzarse con líneas de valles altos (5 a 8), generaron genotipos superiores en rendimiento y en las demás variables evaluadas, por lo que el aprovechamiento de la variabilidad genética entre líneas adaptadas a diferentes ambientes es una estrategia efectiva para desarrollar genotipos más resilientes al cambio climático en valles altos.

Los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) de la línea 6 mostraron combinaciones favorables en los caracteres de interés para agricultura de temporal, específicamente en rendimiento de grano (REND), prolificidad (PRO), asincronía de floración (ASI) y cobertura de mazorca (COBMAZ). La combinación de líneas de zonas intermedias (1–4) con líneas de valles altos, como en las cruzas 1×6, 1×8, 2×8, 3×6 y 4×8, produjo una heterosis en REND con valores de 9.08 t ha<sup>-1</sup> (1×6), 8.64 t ha<sup>-1</sup> (2×8), 8.44 t ha<sup>-1</sup> (1×8), 7.99 t ha<sup>-1</sup> (3×6) y 7.94 t ha<sup>-1</sup> (4×8), con heterosis relativa de 5.34 a 6.77 %. y efectos positivos de ACE en cobertura de mazorca y asincronía de floración.

El estudio demuestra que las líneas adaptadas a áreas intermedias tienen buena capacidad combinatoria específica y general cuando se cruzan con germoplasmas de valles altos lo cual sugiere un potencial en el mejoramiento genético para un rango amplio de ambientes específicamente del sureste de Coahuila.

## REFERENCIAS

- Abbass, K., M. Z. Qasim, H. Song, M. Murshed, H. Mahmood, and I. Younis (2022) A review of the global climate change impacts, adaptation, and sustainable mitigation measures. *Environmental Science and Pollution Research*, 29(28): 42539-42559. <https://doi.org/10.1007/s11356-021-18449-y>
- Arellano-Vázquez J. L., G. F. Gutiérrez-Hernández, L. F. Ceja-Torres, E. Flores Gómez, E. García-Ramírez, F. R. Quiroz-Figueroa and P. Vázquez Lozano (2023) Combining ability and reciprocal effects for the yield of elite blue corn lines from the central highlands of Mexico. *Plants*, 12:3861, <https://doi.org/10.3390/plants12223861>
- Baum, M. E., M. A. Licht, I. Huber, and S. V. Archontoulis (2020) Impacts of climate change on the optimum planting date of different maize cultivars in the central US Corn Belt. *European Journal of Agronomy*, 119(1): 1-11. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2020.126101>
- Beyene, Y., K. Semagn, S. Mugo, A. Tarekegne, R. Babu, B. Meisel, P. Sehabiague, D. Makumbi, C. Magorokosho, and S. Oikeh (2015) Genetic gains in grain yield through genomic selection in eight bi-parental maize populations under drought stress. *Crop Science*, 55(1): 154-163. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.07.0460>
- Bocianowski, J., K. Nowosad, and D. Rejek (2024) Genotype-environment interaction for grain yield in maize (*Zea mays* L.) using the additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) model. *Journal of Applied Genetics*, 1-12, <https://doi.org/10.1007/s13353-024-00479-1>
- Del Carmen-Bravo, S. G., A. Gil-Muñoz, P. A. López, D. Reyes-López, y I. Ocampo-Fletes (2022) Variedades compuestas, una opción de aprovechamiento de la diversidad de las poblaciones nativas de maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 45(1): 3-12. <https://doi.org/10.35196/rfm.2022.1.3>
- Cairns, J. E., K. Sonder, P.H. Zaidi, N. Verhulst, G. Mahuku, R. Babu, S.K. Nair, B. Das, B. Govaerts, M.T. Vinayan, Z. Rashid, J.J. Noor, P. Devi, F. San

- Vicente, B.M. Prasanna (2012) Maize production in a changing climate: impacts, adaptation, and mitigation strategies. *Advances in Agronomy*, 114: 1-58. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-394275-3.00006-7>
- Cervantes-Ortiz, F., J. Hernández-Esparza, J. G. García-Rodríguez, J. A. Rangel-Lucio, E. Andrio-Enríquez, M. Mendoza-Elos, G. Rodríguez-Pérez, y D. Rodríguez-Mercado (2018) Aptitud combinatoria general y específica de caracteres agronómicos en líneas de maíz (*Zea mays* L.) de baja endogamia. *Chilean Journal of Agricultural Animal Sciences* 34(1): 33-42.
- Comisión Nacional del Agua (CONAGUA). Monitor de sequía en México. 31 de mayo de 2025 Servicio Meteorológico Nacional. <https://smn.conagua.gob.mx/es/climatologia/monitor-de-sequia/monitor-de-sequia-en-mexico>
- Crossa, J., S. Beyene, M. Malosetti, A. Tarekegne, and D. Makumbi (2017) Genomic prediction in plant breeding: Methods, models, and perspectives. *Trends in Plant Science*, 22(11): 1-16. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2017.08.011>
- Crossa, J., S. Taba, and E.J. Wellhausen (1990) Heterotic patterns among Mexican races of maize. *Crop Science*, 30(6): 1182–1190.
- Darrah, L. L., M. D. McMullen, and M. S. Zuber (2019) Breeding, genetics, and seed corn production. In G. P. Munkvold and D. G. White (Eds.), *Corn* (pp. 19–41). AACC International Press.
- Díaz-Juárez, R. de la C., F. Castillo-González, A. Santacruz-Varela, N. O. Gómez-Montiel, J. J. García-Zavala, y A. Muñoz-Orozco (2023) Aptitud combinatoria de variedades y heterosis de cruza intervarietales divergentes de maíz de grano amarillo. *Ecosistemas y recursos agropecuarios*, 10(3).
- Elmyhun M., C. Liyew, A. Shita and M. Andualem (2020) Combining ability performance and heterotic grouping of maize (*Zea mays*) inbred lines in testcross formation in Western Amhara, Northwest Ethiopia. *Cogent Food & Agriculture*, 6(1): 1727625. <https://doi.org/10.1080/23311932.2020.1727625>

- Escorcia-Gutiérrez, N., J. D. Molina-Galán, F. Castillo-González, y J. A. Mejía-Contreras (2010) Rendimiento, heterosis y depresión endogámica de cruza simples de maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 33(3): 271-279.
- Espinosa T. L. C., F. Rincón S., N. A. Ruíz T., J. M. Martínez R. y A. Benavides M. (2019) Respuesta ambiental de poblaciones nativas de maíz del sureste de Coahuila, México. *Nova Scientia* 11:108-125, <https://doi.org/10.21640/ns.v11i23.1931>
- Esquivel, E. G., G. F. Castillo, C. J. M. Hernández, V. A. Santacruz, G. García de los Santos, G. J. A. Acosta, y H. A. Ramírez (2009) Aptitud combinatoria y heterosis en etapas tempranas del desarrollo del maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 32(4): 311-318.
- Falconer, D. S., and T. F. C. Mackay (1996) *Introduction to quantitative genetics*. Pearson, Prentice Hall. Vol. 4. 463 p.
- Gardner, C. O., S. A. Eberhart (1966) Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. *Biometrics*, 22(3): 439–452. <https://doi.org/10.2307/2528181>
- Giauffret, C., J. Lothrop, D. Dorvillez, B. Gouesnard, and M. Derieux (2000) Genotype x environment interactions in maize hybrids from temperate or highland tropical origin. *Crop Science*, 40(4): 1004–1010. <https://doi.org/10.2135/cropsci2000.4041004x>
- Griffing, B. (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, 9(4): 463–493. <https://doi.org/10.1071/bi9560463>
- Gutiérrez-del Río, E., A. Palomo-Gil, E. de la Cruz-Lázaro, y A. Espinoza-Banda (2002) Aptitud combinatoria y heterosis para rendimiento de líneas de maíz en la Comarca Lagunera, México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 25(3), 271-271.
- Hallauer, A. R., and J. B. Miranda Filho (1981) *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames, IA: Iowa State University Press.
- Hallauer, A. R., M. J. Carena, and J. B. Miranda Filho (2010). Heterosis. In A. R. Hallauer, M. J. Carena, & J. B. Miranda Filho (Eds.), *Quantitative genetics*

- in maize breeding* (3rd ed., pp. 477–529). Springer. (Handbook of Plant Breeding, Vol. 6).
- Hellin, J., M. R. Bellon and S. J. Hearne (2014) Maize Landraces and Adaptation to Climate Change in Mexico. *Journal of Crop Improvement*, 28(4): 484-501. <https://doi.org/10.1080/15427528.2014.921800>
- Juárez-Lorenzo, F., F. Rincón-Sánchez, N. A. Ruiz-Torres, A. Benavides-Mendoza, y F. J. Sánchez-Ramírez (2025) Selección familiar dentro de seis variedades nativas de maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 48(1): 3-13. <https://doi.org/10.35196/rfm.2025.1.3>
- Martínez-Zambrano, G., J. D. Molina-Galán, F. Castillo-González, y A. Muñoz-Orozco (1999) Cambios morfológicos y tolerancia a sequía en maíz mediante selección masal para rendimiento en condiciones de sequía. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 22(2): 187.
- Melchinger, A. E., H. H. Geiger, and F. W. Schnell (1986) Epistasis in maize (*Zea mays* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 72(2): 231–239. <https://doi.org/10.1007/BF00266997>
- Murray-Tortarolo, G.N., y V. J. Jaramillo (2018) El reto del maíz en México frente al cambio climático. *Revista Digital Universitaria*, 19(1): 1-22.
- Ortega, P. R., J. J. Sánchez G., F. Castillo G., J. M. Hernández C. (1991) Estado actual de los estudios sobre maíces nativos de México. In: *Avances en el Estudio de los Recursos Fitogenéticos de México*. R. Ortega P., G. Palomino H., F. Castillo G., V. A. González H., M. Livera M. (eds). Sociedad Mexicana de Fitogenética, A. C. Chapingo, Méx. Pp: 161-185.
- Ortez, O. A., A. J. Lindsey, P. R. Thomison, J. A. Coulter, M. P. Singh, D. R. Carrijo, D. J. Quinn, M. A. Licht, and L. Bastos (2023) Corn response to long-term seasonal weather stressors: A review. *Crop Science*, 63(6): 3210–3235. <https://doi.org/10.1002/csc2.21101>
- Ramya P., G. P. Singh, N. Jain, P. K. Singh, M. K. Pandey, K. Sharma, and K. V. Prabhu (2016) Effect of recurrent selection on drought tolerance and related morpho-physiological traits in bread wheat. *Plos One*, 11(6): e0156869, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0156869>

- Reif, J. C., M. L. Warburton, X. C. Xia, D. A. Hoisington, J. Crossa, S. Taba, and A. E. Melchinger (2006) Grouping of accessions of Mexican races of maize revisited with SSR markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 113(2): 177-185.
- Rincón, S. F., F. Castillo G. y N. A. Ruiz T. (2010) Diversidad y Distribución de los maíces nativos en Coahuila, México. SOMEFI. Chapingo, Méx. 116 p.
- Rincón, S. F., N. A. Ruiz T., R. Cuellar F., y H. Sandoval H. (2014) Conservación y selección participativa en poblaciones nativas de maíz en el sureste de Coahuila: *In: Resultados Ejecutivos Ejercicio Fiscal 2011*. A. A. Martínez (ed.). Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas. Pp: 55-58.
- Rincón, S. F., y N. A. Ruiz T. (2015) Maíces nativos en el estado de Coahuila, México. *Revista Claridades Agropecuarias*. Edición Especial: 40-44. SAGARPA-ASERCA. Disponible en línea <http://www.infoaserca.gob.mx/claridades/especial-201509.asp>
- Rizzo, G., J. P. Monzon, F. A. Tenorio, R. Howard, K. G. Cassman, and P. Grassini (2022) Climate and agronomy, not genetics, underpin recent maize yield gains in favorable environments. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 119(4): e2113629119. <https://doi.org/10.1073/pnas.2113629119>
- Rodríguez-Pérez, G., F. Zavala-García, J. E. Treviño-Ramírez, C. Ojeda-Zacarías, M. Mendoza-Elos, F. Cervantes-Ortiz, y J. L. Torres-Flores (2019) Estimación de componentes genéticos en líneas endogámicas de maíz (*Zea mays* L.). *Agrociencia*, 53(2): 245-258.
- Santiago-López, N., J. J. García-Zavala, A. Espinoza-Banda, U. Santiago-López, G. Esquivel-Esquivel, y J. D. Molina-Galán (2020) Adaptación de maíz Tuxpeño a valles altos de México mediante selección masal. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 43(3): 259-265.
- Santos, R. M., and R. Bakhshoodeh (2021) Climate change global warming climate emergency versus general climate research: comparative

- bibliometric trends of publications. *Heliyon*, 7(11): 1-11. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e08219>
- SAS Institute Inc. (2024). SAS® 9.0 software [Software]. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Shull, G. H. (1908) The composition of a field of maize. *Journal of Heredity*, 4(1): 296–301. <https://doi.org/10.1093/jhered/4.1.296>
- SIAP. (2024 a) Anuario Estadístico de la Producción Agrícola. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. Disponible en línea: <https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/>. (Consulta septiembre 2025).
- SIAP. (2024 b) Panorama Agroalimentario 2024. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. Disponible en línea: <https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/>. (Consulta septiembre 2025).
- Sprague, G. F., and L. A. Tatum (1942) General vs. specific combining ability in single crosses of corn. *Journal of the American Society of Agronomy*, 34(10): 923–932. <https://doi.org/10.2134/agronj1942.00021962003400100008x>
- Tafolla-Rodríguez, M. Á., F. Rincón-Sánchez, N. A. Ruíz-Torres, F. J. Sánchez-Ramírez, J. M. Martínez-Reyna, y A. Benavides-Mendoza (2021) Efectos genéticos y ambientales de la prolificidad en relación con el rendimiento de grano en maíz. *Agrociencia*, 55(6): 507-521. <https://doi.org/10.47163/agrociencia.v55i6.2556>
- Tesfaye S, H. Zeleke, and D. Abakemal (2019) Estimation of combining ability and heterosis of highland maize (*Zea mays* L.) inbred lines for grain yield and yield related traits. *International Journal of Agriculture and Biosciences*, 8(3): 127-135.
- Thayil, V. M., P. Soni, and R. Singh (2020) Genotype by environment interaction effects under heat stress in maize hybrids. *Agronomy*, 10(12): 1998. <https://doi.org/10.3390/agronomy10121998>
- Troyer, A. F. (2006) Adaptedness and heterosis in corn and mule hybrids. *Crop Science*, 46(2): 528-543. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.08-0281>

- USDA. (2024). Grain and Feed Update: Mexico City, Mexico (Informe No. MX2024-0044). Disponible en línea: [https://apps.fas.usda.gov/newgainapi/api/Report/DownloadReportByFileName?fileName=Grain+and+Feed+Update\\_Mexico+City\\_Mexico\\_MX2024-0044.pdf](https://apps.fas.usda.gov/newgainapi/api/Report/DownloadReportByFileName?fileName=Grain+and+Feed+Update_Mexico+City_Mexico_MX2024-0044.pdf)
- Velasco-García, Á. M., J. J. García-Zavala, J. Sahagún-Castellanos, R. Lobato-Ortiz, C. Sánchez-Abarca, and I. M. Marín-Montes (2019) Rendimiento, componentes de rendimiento y heterosis de germoplasma de maíz adaptado a valles altos. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 42(4): 367-374.
- Xu, H., B. Ming, K. Wang, J. Xue, P. Hou, S. Li, and R. Xie (2023) The effects of photoperiod and temperature-related factors on maize leaf number and leaf positional distribution in the field. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1006245. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1006245>
- Yan W. (2014). *Crop variety trials: data management and analysis*. John Wiley & Sons, Ltd. The Atrium, Southern Gate, Chichester, West Sussex, PO19 8SQ UK. 351 p
- Yan W. and M. S. Kang (2003) *GGE Biplot analysis. A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. CRC Press LLC, New York, USA. 268 p.
- Yan W., A. Hunt., Q. Sheng, and Z. Szlavnic (2000) Cultivar Evaluation and Mega Environment Investigation Based on the GGE Biplot. *Crop Science*, 40, 597-605. doi:10.2135/cropsci2000.403597
- Yan, W., and N. A. Tinker (2006) Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*, 86(3): 623–645. <https://doi.org/10.4141/P05-169>
- Zhang, Y., M. S. Kang, and K. R. Lamkey (2005) Diallel-SAS05: A comprehensive program for Griffing's and Gardner–Eberhart analyses. *Agronomy Journal*, 97(4): 1097–1106.