

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO



Mejoramiento Poblacional y Estimación de Parámetros Genéticos en Una  
Población de Maíz Blanco

Por:

**LEONEL FERNÁNDEZ RODRÍGUEZ**

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

**INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN**

Saltillo, Coahuila, México.

Diciembre, 2025

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO

Mejoramiento Poblacional y Estimación de Parámetros Genéticos en Una  
Población de Maíz Blanco

Por:

**LEONEL FERNÁNDEZ RODRÍGUEZ**

TESIS

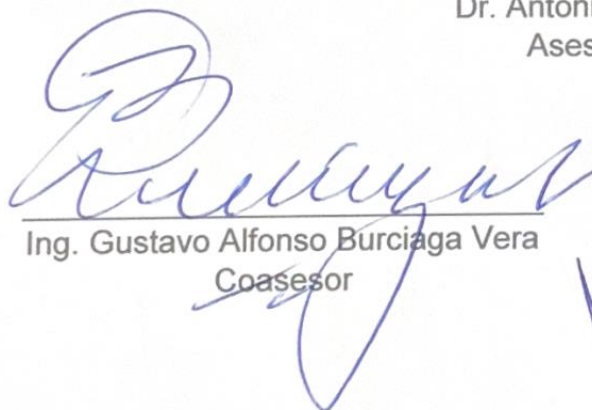
Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

**INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN**

Aprobada por Comité de Asesoría:



Dr. Antonio Flores Naveda  
Asesor Principal



Ing. Gustavo Alfonso Burciaga Vera  
Coasesor



Ing. Raúl Gándara Huitrón  
Coasesor



Dr. Alberto Sandoval Rangel  
Coordinador de la División de Agronomía



Saltillo, Coahuila, México.

Diciembre, 2025

### **Declaración de no plagio**

El autor quien es el responsable directo, jura bajo protesta de decir verdad que no se ocurrió en plagio o conducta académica incorrecta en los siguientes aspectos:

Reproducción de fragmentos o textos sin citar la fuente o autor original (corte y pega); reproducir un texto propio publicado anteriormente sin hacer referencia al documento original (auto plagio); comprar, robar o pedir prestados los datos o la tesis para presentarla como propia; omitir referencia bibliográficas o citar textualmente sin usar comillas; utilizar ideas o razonamientos de un autor sin citarlo; utilizar material digital como imágenes, videos, ilustraciones, gráficas, mapas o datos sin citar el autor original y/o fuente, así mismo tengo conocimiento de que cualquier uso distinto de estos materiales como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por las autoridades correspondientes.

Por lo anterior me responsabilizo de las consecuencias de cualquier tipo de plagio en caso de existir y declaro que este trabajo es original.

Pasante

A handwritten signature in blue ink, appearing to read 'LEONEL', is written over a horizontal line.

LEONEL FERNÁNDEZ RODRÍGUEZ

## AGRADECIMIENTOS

*A mis **Padres** que me brindaron siempre su apoyo, su amor incondicional y su cariño.*

*A los **Compañeros, Trabajadores de campo y Administrativos** del Instituto Mexicano del Maíz (IMM), Jaime, Robe, Don Max, Chema, Don Roger, por su apoyo, experiencias, anécdotas y buenos ratos.*

*Al MC **Eduardo Hdz. Alonso**, Ing **Raúl Gándara** y al Ing **Gustavo Burciaga** por sus enseñanzas y consejos que formaron parte de este trayecto.*

*A mis **Amigos** que siempre me brindaron su apoyo e hicieron de mi estancia universitaria una mejor experiencia; Emilio, Gael, Omar, Alfonso, Luis, Álvaro, Héctor, Aaron, Karen, Franceli, Nestor y Ricardo.*

*A la **Generación CXL** de Ingeniero Agrónomo en Producción por formar parte de mi vida estudiantil.*

*A todos mis **Maestros** que fueron parte esencial y me mostraron el espíritu y servicio y hacerme sentir orgulloso de mi ALMA TERRA MATER.*

## DEDICATORIA

*A mis padres **Juan Fernández** y **Flor Rodríguez** por dedicarme su esfuerzo cariño y comprensión ya que sin eso brindado, no habría podido lograrlo.*

*A mis hermanos **Juan** y **José** por su apoyo y buenos deseos.*

*A mis abuelos **Camilo Rodríguez**, **Francisca Ixtulco**, **Alberta Rodríguez** y a la memoria de mi abuelo **Félix Fernández**<sup>†</sup>*

*A **mis todos tíos** que siempre me aconsejaron para lograr ser una persona de bien.*

*A mi linda novia **Sher** por su amor y cariño que me ha expresado, además del apoyo que siempre me ofrece.*

## ÍNDICE DE CONTENIDO

Declaración de no plagio .....	¡Error! Marcador no definido.
AGRADECIMIENTOS .....	iv
DEDICATORIA .....	v
ÍNDICE DE CONTENIDO .....	vi
ÍNDICE DE CUADROS .....	viii
ÍNDICE DE FIGURAS .....	ix
RESUMEN .....	x
I. INTRODUCCIÓN .....	1
1.1. Objetivos .....	3
1.2. Hipótesis .....	3
II. REVISIÓN DE LITERATURA .....	4
2.1. Contexto Nacional del Maíz .....	4
2.1.1. Comercio Exterior .....	4
2.1.2. Origen-Destino Comercial .....	5
2.2. Panorama Agroalimentario .....	5
2.3. Maíces de Especialidad .....	6
2.4. Premejoramiento de Poblaciones .....	8
2.5. Variedades Sintéticas .....	9
2.6. Diseños Genéticos .....	10
III. MATERIALES Y MÉTODOS .....	14
3.1. Ubicación del Experimento .....	14
3.2. Material Genético .....	14
3.3. Instalación del Experimento .....	15
3.4. Manejo Agronómico .....	16
3.4.1. Fertilización .....	16
3.4.2. Riegos .....	16
3.4.3. Control de Malezas .....	16
3.4.4. Control de Plagas .....	17
3.5. Variables Agronómicas Evaluadas .....	17
3.5.1. Floración Masculina (FM) .....	17

3.5.2. Floración Femenina (FH) .....	17
3.5.3. Altura de Planta (AP) .....	17
3.5.4. Altura de Mazorca (AM) .....	18
3.5.5. Acame de Raíz (AR) .....	18
3.5.6. Acame de Tallo (AT) .....	18
3.5.7. Mala Cobertura (MC) .....	18
3.5.8. Plantas con <i>Fusarium</i> (PF) .....	18
3.5.9. Calificación de Planta (CP) .....	19
3.5.10. Calificación de Mazorca (CM) .....	19
3.5.11. Rendimiento (REND) .....	19
3.5.12. Humedad (H) .....	19
3.5.13. Peso Hectolítrico (PH) .....	19
3.6 Diseño Experimental Utilizado .....	20
3.6.1. Modelo Lineal del Análisis Genético .....	21
3.7. Estimación de Esperanzas de Cuadrados Medios para el Diseño Carolina del Norte I. ....	22
3.8. Estimación de Componentes de Varianza .....	22
3.9. Estimación de Heredabilidad .....	24
3.10. Uso del Gráfico Biplot mediante el Modelo AMMI .....	24
3.11. Índice de Selección .....	26
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....	29
4.1. Análisis de Varianza de la Población .....	29
4.2. Componentes y Varianzas Genéticas .....	32
4.3. Heredabilidad de Caracteres .....	34
4.4. Selección de Familias .....	34
V. CONCLUSIONES .....	40
VI. LITERATURA CITADA .....	41

## ÍNDICE DE CUADROS

<b>Cuadro</b>	<b>Descripción</b>	<b>Página</b>
<b>3.1.</b>	Localización geográfica y condiciones climáticas del ambiente de evaluación.....	14
<b>3.2.</b>	Esperanzas de cuadrados medios del diseño genético Carolina del Norte I.....	22
<b>4.1.</b>	Cuadrados medios del análisis de varianza de 13 variables agronómicas evaluadas durante la primavera-verano del 2023.....	31
<b>4.2.</b>	Componentes genéticos, varianzas genéticas y heredabilidad de la población.....	33
<b>4.3.</b>	Variables seleccionadas para el índice de selección con sus respectivas heredabilidades.....	36
<b>4.4.</b>	Selección de 20 estructuras familiares de hermanos completos superiores de la población en estudio a través del Índice de Selección.....	38



## ÍNDICE DE FIGURAS

<b>Figura</b>	<b>Descripción</b>	<b>Página</b>
<b>4.1.</b>	Gráfico Biplot y agrupamiento de variables.....	36

## RESUMEN

La importancia del método de selección recurrente o mejoramiento poblacional en un programa de mejora vegetal, se da por las estrategias de selección con las que se cuenta para identificar materiales con las características genéticas deseables y una estabilidad efectiva. El presente trabajo de investigación se compuso de una exploración genética de 13 variables agronómicas con el objetivo de estimar la proporción de sus parámetros genéticos que permitiera concebir un efectivo procedimiento de mejoramiento genético; además de la identificación de 20 familias con las características agronómicas superiores apoyándose del modelo AMMI y la herramienta Índices de Selección. La evaluación de 210 familias de hermanos completos que se obtuvieron del cruzamiento de 42 machos con diferente número de hembras. El experimento se realizó en el campo experimental Bajío de la UAAAN, ubicado en Buenavista, Saltillo, Coahuila en el ciclo P – V 2023; donde se evaluaron las 210 familias y diez testigos representativos de la población, utilizando el diseño bloques incompletos con arreglo *Alpha-lattice* con dos repeticiones. Se encontró que la varianza aditiva tuvo un valor considerable para las variables FM, FH, AP, AM, AR, AT, MC y PF; esto quiere decir que la población se puede someter en un programa de selección recurrente para explotar la variabilidad genética de forma adictiva. El gráfico Biplot ayudó a agrupar las variables estudiadas con base a la correlación que existe entre ellas con un agrupamiento de aspectos de sanidad, precocidad y rendimiento. Posteriormente, con los resultados del IS se seleccionaron las mejores familias que fueron 128, 10, 135, 166, 24, 88, 27, 19, 145, 28, 107, 71, 130, 26, 78, 190, 63, 144, 50 y 106 las cuales se encontraron debajo de un valor crítico de 9.589, lo que llevó a seleccionar  $\leq 10\%$  superior de la población.

**Palabras clave:** Parámetros genéticos, Diseño Carolina del Norte I, Índice de Selección, Heredabilidad, Selección Recurrente, Cuadro Biplot.

## **I. INTRODUCCIÓN**

A nivel nacional, el maíz es una de los principales cereales cultivados al sembrarse en una superficie de 6.7 millones de hectáreas con una producción de 25.3 millones de toneladas con un promedio de  $3.9 \text{ t ha}^{-1}$ , esto sólo en 2024. Por su parte, el consumo nacional de maíz en ese ciclo comercial tuvo un decremento en comparación al año 2023 teniendo un 42.1 y 43.3 millones de toneladas respectivamente siendo un 54.6% de maíz blanco y el porcentaje restante de maíz amarillo, observando que, la balanza comercial de maíz en México aún sigue siendo deficitario realizando una importación de casi 19 millones de toneladas, cubriendo el 94% de maíz amarillo abastecido (SIAP, 2024).

Hoy en día, la población mundial crece a un ritmo acelerado, como consecuencia, se tiene una mayor demanda de alimentos. La Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, a través de cinco décadas se ha dedicado a utilizar semillas provenientes de maíces mejorados, con el objetivo de acrecentar caracteres agronómicos que son importantes, como la sanidad, precocidad, calidad del grano, así como, el rendimiento.

El propósito de un programa de mejoramiento genético de maíz es canalizar las técnicas y metodologías necesarias para poder adquirir una ganancia genética que se expresa en las características fenotípicas y genotípicas en cada ciclo de selección. El rendimiento de grano por unidad de superficie es el carácter clave de interés, debido a que, indirectamente ayuda a los productores al obtener mayor productividad; sin embargo, esto es un gran reto que necesita cubrir la seguridad alimentaria del país.

El método de Selección Recurrente o Mejoramiento Poblacional, es una de las principales maneras de realizar mejoramiento genético vegetal, ya que consiste en someter una población a un proceso para poder incrementar su capacidad genética, de tal manera que, en cada ciclo de selección se incrementen alelos que favorezcan a la población en cuestión.

Como apoyo para el método de selección recurrente se utilizan varios diseños genéticos (diseño de apareamiento); en este caso, el Diseño Carolina del Norte I, que tiene la cualidad de utilizar individuos macho y cruzarlos de manera dirigida con distintas hembras con la finalidad de hacer una exploración genética y así estimar sus componentes de varianza como heredabilidad y otros parámetros. La selección de los genotipos superiores permite incrementar los alelos que favorecen y descartar los que son de carga genética indeseable (Beulah *et al.*, 2018).

La Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN) a través del Instituto Mexicano del Maíz (IMM), ha mantenido un programa de mejoramiento que se destaca por desarrollar a base de investigación, híbridos y variedades mejoradas que enaltecen el germoplasma base para continuar procesos de mejora continua de materiales de maíz que favorecen el ámbito agronómico; el objetivo de esta investigación es determinar los componentes de varianza y heredabilidad de una población de maíz denominada Tuxpeño, usando para ello el diseño genético Carolina del Norte I, esta población tiene la particularidad de adaptabilidad a diferentes ambientes, además que, posee características sobresalientes para los productores.

### **1.1. Objetivos**

- Estimar componentes de varianza y heredabilidad en 13 variables agronómicas en la población de maíz denominada Tuxpeño.
- Identificar 20 familias de hermanos completos superiores en rendimiento, sanidad, porte, calidad y precocidad, auxiliando de un Índice de Selección (IS) para continuar un ciclo de recombinación.

### **1.2. Hipótesis**

- El diseño genético Carolina del Norte I nos permitirá estimar los componentes de varianza y heredabilidad de una manera confiable, y así, determinar la estrategia de mejoramiento a utilizar en la población de maíz denominada Tuxpeño.
- Se encontrarán al menos veinte familias superiores que resalten por buenos atributos agronómicos, para continuar con la siguiente generación de recombinación, esto, con la finalidad de obtener una mayor ganancia genética de la población en estudio.

## **II. REVISIÓN DE LITERATURA**

### **2.1. Contexto Nacional del Maíz**

Este cultivo presenta una amplia gama de colores, siendo el blanco y el amarillo los más comunes en México, destinados al consumo humano y la industria, respectivamente. De acuerdo con SIAP, (2024), en 2023, se registró una producción de 27 millones 550 mil toneladas, 3.8% más en relación con 2022, con una tasa media anual de crecimiento de 1.9% en el más reciente decenio.

Este último año, la producción nacional del grano ha fluctuado entre 26 y 27 millones de toneladas anuales, lo que representa aproximadamente 2.3% de la producción mundial. De las más de 203 millones de hectáreas que se siembran en el mundo, la agricultura estadounidense posee 15.8%, en donde produce 348.8 millones de toneladas (SIAP, 2024). Esto es una gran diferencia en comparación de lo que México siembra y produce.

#### **2.1.1. Comercio Exterior**

En 2023, en México las importaciones alcanzaron su cifra más alta en la última década rompiendo la barrera de los 19 millones de toneladas. En comparación con el promedio de los últimos diez años, el volumen importado aumentó 21.2% y el valor 59.0 por ciento (SIAP, 2024).

### **2.1.2. Origen-Destino Comercial**

Estados Unidos encabezó el suministro al mercado nacional con 17 millones 335 mil toneladas, lo que representó un aumento de 10.7% respecto al año anterior. Brasil también fue un participante destacado con un millón 835 mil toneladas, mostrando un incremento de 22.2% en el mismo comparativo. Las compras efectuadas a Sudáfrica, Argentina y Canadá no superaron las 300 mil toneladas (SIAP, 2024).

### **2.2. Panorama Agroalimentario**

Durante el año agrícola 2023, de acuerdo con datos de SIAP-SADER (2024), se sembraron 6.94 millones de hectáreas de maíz en México, es decir una superficie 0.5% mayor que el año agrícola previo. De esta superficie, se registró siniestro total en 504,911 hectáreas, lo que representó el 7.3% de la superficie sembrada y en la cual no se obtuvo cosecha alguna. De esta manera el área cosechada de maíz fue de 6.44 millones de hectáreas, 5.5% menor que en el año agrícola previo. El 81.0% se cultivó en el ciclo Primavera-Verano (P-V) y 19.0% en el ciclo Otoño-Invierno (O-I). Por régimen de humedad, 75.9% de la superficie cosechada se cultivó en temporal y 24.1% con riego.

En 2023, la producción de maíz nacional estuvo conformada por 88.0% de maíz blanco, 11.6% de maíz amarillo y el restante 0.4% de otros tipos de grano (pozolero y de color). Con respecto a la producción por ciclo agrícola, el 67.5% de la cosecha de maíz se obtuvo en el ciclo Primavera Verano (18.5 mdt) y 32.5% en el ciclo Otoño-Invierno (8.9 mdt). En el primero, el 65.1% de la producción se obtuvo en temporal y el 34.9% en riego, mientras que en el segundo el 11.4% de la producción correspondió a temporal y el 88.6% a riego (SADER, 2024).

Según las expectativas de SIAP-SADER para el año agrícola 2024, se prevé una producción nacional de maíz de 25.1 millones de toneladas, lo que significaría un

decremento de 8.9% con respecto al volumen obtenido en el año agrícola 2023 y su nivel mínimo en nueve años. Por tipo de grano, se proyecta obtener una cosecha de maíz blanco de 21.90 mdt, es decir, un volumen 10.1% menor a tasa anual, mientras que se espera una producción de maíz amarillo de 3.24 mdt, mayor en 0.7% con respecto a 2023. A pesar de que se tiene optimismo sobre el retorno de mejores condiciones climatológicas de lluvia y humedad, después de un año 2023 de sequía excepcional, lo que incentivaría a los productores a incrementar la superficie sembrada en el ciclo Primavera-verano. Con el retorno de la precipitación cercana a niveles promedio se esperaría una menor siniestralidad, sobre todo en la producción de temporal. (SADER, 2024).

En México se cosecha maíz durante todo el año, pero es posible diferenciar las temporadas de producción de ambos ciclos agrícolas. En lo correspondiente al año agrícola 2023, entre mayo y junio de 2023 se cosechó el 68.4% de la producción del ciclo O-I, y entre noviembre de 2023 y enero de 2024 se cosechó el 83.6% de la producción nacional del ciclo P-V (SADER, 2024).

### **2.3. Maíces de Especialidad**

Desde los inicios en el proceso de domesticación del maíz, a partir de sus ancestros silvestres hace varios miles de años, el potencial productivo siempre ha sido el objetivo central de los programas de mejoramiento genético vegetal. Además, ahora hay muchas variantes de maíz desarrollados para fines específicos, los llamados “maíces de especialidad”; como el maíz para ensilaje, el maíz ceroso, el maíz con alto contenido de amilosa, el maíz con alto contenido de aceite, el maíz con proteínas de alta calidad, el maíz dulce y el maíz palomero (Liu *et al.*, 2020).

Por un lado, las y los productores de maíces nativos confrontan diversas desventajas para sostener su producción en contextos de elevada demanda de maíces para la industria, que para satisfacer la necesidad y asegurar su provisión,



justifican cuantiosas importaciones de granos commodities, cuyos bajos precios se deben a los procesos tecnificados productivistas (granos híbridos y transgénicos dependientes de agroquímicos, mecanización) que, además de reducir los costos, controlan las cadenas agroindustriales. Por otro lado, los fenómenos enfatizados con el cambio climático, degradación y reducción de suelos para la agricultura, baja productividad, crecimiento de la población urbana, la migración y el reordenamiento territorial, entre otros, colocan a las y los campesinos en situación de vulnerabilidad y subsistencia (Esquivel *et al.*, 2023).

Recalcando con lo mencionado por Esquivel *et al.*, (2023), los maíces nativos con características específicas físico-químicas son utilizados para elaborar algún producto de arraigo cultural, son llamados de especialidad y comienzan a llamar la atención para usos industriales, aumentando los riesgos de cambiar su lógica de producción campesina. Entre los que destacan los maíces pozoleros altamente demandados en fiestas nacionales (Cacahuacintle y Anchos) y los reventadores que se venden como palomitas en diferentes recintos recreativos y ceremoniales indígenas como es el Palomero Toluqueño. Recientemente, también los maíces pigmentados han sido catalogados como cultivos de especialidad por sus cualidades de interés para el sector industrial (alimentario, farmacéutico, cosmético, textil), el alimentario-artesanal y de turismo-gastronómico. Su mayor atracción se encuentra en sus colores: azul, negro, rojo, morado, pinto y rosado, y en sus propiedades fisicoquímicas y bioactivas-nutrimientales (antioxidantes “antocianinas”).

La potencialidad comercial de estos maíces existe por la emergencia de los mercados que los demandan, generando con ello, relaciones de coexistencia con los mercados tradicionales. Sin embargo, el mercado tradicional ha existido desde la época precolombina. Ahí, los maíces y sus productos alimenticios son elaborados artesanalmente por mujeres de comunidades locales, y muchos de ellos vendidos en las calles de las ciudades (tlacoyos, tostadas, tamales), siendo su principal

característica su enclave en cadenas cortas de productor a consumidor, y rara vez existen intermediarios no familiares. El mercado de especialidad se caracteriza porque los productos elaborados con estos maíces traspasan fronteras y se valoran más las características únicas de los maíces nativos y muchas veces se busca un desarrollo más allá de lo local (Esquivel *et al.*, 2023).

## **2.4. Premejoramiento de Poblaciones**

El mejoramiento de cultivos vegetales inició con la domesticación, se comenzó con ancestros silvestres; la intención fue generar fenotipos adecuados para el uso del hombre. A la fecha, se han detectado decenas de genes relacionados con el premejoramiento que contribuyen a nuestra comprensión de la base genética de la domesticación de cultivos en general (Xiao *et al.*, 2021).

La preservación y selección de genotipos es una de las acciones que iniciaron a conocer la diversidad presente de todo cultivo y la caracterización de estos genotipos es primordial para la creación y sostenimiento de bancos de germoplasma. Además, la conservación y selección de recursos genéticos aportan fuentes importantes para garantizar la seguridad alimentaria de las futuras generaciones (Aguilera *et al.*, 2023).

Por otro lado, Aguilera *et al.*, (2023) sugieren que la identificación del germoplasma de las semillas nos da información veraz sobre la diversidad genética de cada genotipo, conociendo así posibles progenitores viables que pueden ser utilizados en la formación de poblaciones de fundación en el mejoramiento genético y que, a su vez, estos pueden servir como poblaciones para el mejoramiento aplicado.

La variabilidad genética presente en las colecciones de trabajo y bancos de germoplasma es de gran importancia, porque el logro de cualquier programa de

mejoramiento genético de cultivos se basa en la presencia de variabilidad para las características que se desean mejorar. Sin embargo, el premejoramiento es primordial para evaluar y caracterizar los recursos genéticos disponibles, ya que es a través de la expresión fenotípica que infiere la presencia y dimensión de la diversidad (Wagner *et al.*, 2021).

Las investigaciones de la premejora genética de cultivos se dan utilizando procedimientos multivariados que se basa en medidas de disimilitud, calculadas al principio de un grupo de características, ya sean morfológicas, agronómicas, moleculares o compuestas (Wagner *et al.*, 2021).

El aprovechamiento de la variabilidad del genoma se inicia a partir de un fuerte proceso de premejoramiento, en el que la conservación, caracterización e identificación de genes prominentes para programas de investigación de mejora genética representan los componentes principales, lo que aprueba la tipificación de caracteres de interés que confieren la adaptación a condiciones bióticas y abióticas desfavorables (Burbano *et al.*, 2022).

## **2.5. Variedades Sintéticas**

El mal aprovechamiento de tecnologías mejoradas, principalmente por parte de los pequeños agricultores, la escasez de variedades de alto potencial y las condiciones bióticas y abióticas adversas son los principales factores que contribuyen al bajo rendimiento (Elmyhun *et al.*, 2020).

Una variedad sintética o variedad mejorada, brinda ventajas adicionales sobre una variedad mejorada común, con excelente rendimiento de grano y similitud en floración y fenotipo (León, 2020).

Las variedades sintéticas de maíz, se han presentado como una opción al uso de híbridos para evitar el alto costo de la semilla de éstos, lo que puede ser a veces hasta un 15 % de la inversión total para la producción y los agricultores de bajos recursos muchas veces no tienen el presupuesto a este tipo de germoplasma. Por lo que, el desarrollo de variedades sintéticas para alto rendimiento de grano y que además son tolerantes al déficit hídrico, son una alternativa para incrementar la producción de maíz en zonas de temporal (Acevedo, 2021).

La estimación de los parámetros genéticos de una variedad puede hacerse mediante el uso de alguno de los métodos de Griffing, los cuales son de gran ayuda para los fitomejoradores al utilizar progenitores endogámicos o variedades de polinización cruzada que muestran amplia diversidad genética. Sin embargo, el método I estudia a los progenitores utilizando las cruzas directas y las cruzas recíprocas (López *et al.*, 2021).

En el mejoramiento genético vegetal en el cultivo de maíz para el trópico se generan subproductos tales como variedades de polinización libre, variedades sintéticas e híbridos, esto destinado más que nada a los productores de esa región. En el desarrollo de híbridos es importante establecer progenitores con buena aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE), buen rendimiento per se, tolerancia a estrés biótico y abiótico, facilidad y rentabilidad en la producción comercial de semilla (Sierra *et al.*, 2023).

## **2.6. Diseños Genéticos**

Se ha dado a disposición una extensa gama de herramientas y tecnologías genómicas para su aplicación en el mejoramiento de genético de cultivos. Paralelo a los avances en las tecnologías en ingeniería genética, se implementaron nuevos diseños basados en poblaciones sintéticas multiparentales para la determinación de rasgos que benefician tanto en el mapeo de relaciones como en el análisis de

ligamiento, con mayor variabilidad genética, estructura controlada, mayor precisión para la detección de locus de rasgos cuantitativos (QTL) y exactitud de mapeo mejorada (Varshney *et al.*, 2021).

De acuerdo con Varshney *et al.*, (2021), el genoma en cada cultivo desempeña un papel fundamental en el mejoramiento vegetal, la mejora de la resiliencia ambiental y la productividad. Con las innovaciones técnicas en genómica aplicada en conjunto con la disponibilidad de datos que ayudan a tener una gran escala, nos brindan por medio de datos la capacidad de identificar la variación genética que subyace al crecimiento potencial de los cultivos y la mejora de la eficiencia en el mejoramiento genético.

Sin embargo, Varshney *et al.*, (2021), mencionan que los estudios de mejoramiento convencional han adquirido avances muy importantes en el desarrollo de variedades de cultivos que sean tolerantes a las condiciones de sequía. No obstante, este proceso, que requiere dedicación, suele tardar muchos años en avanzar desde las primeras etapas de análisis de fenotipos y genotipos hasta los cruces iniciales para generar variedades comerciales. El mejoramiento convencional puede dejar desapercibido la varianza genética de los rasgos adaptativos que subyacen al potencial de rendimiento, con el riesgo de seleccionar (indirectamente) los alelos que son favorables en todos los medios evaluados.

Los fitomejoradores diseñan programas de mejoramiento para tener en cuenta los efectos de las interacciones  $G \times E$  en los procesos involucrados en la identificación y selección de nuevos genotipos prometedores para una Población Objetivo de Ambientes (TPE). Los agrónomos diseñan y evalúan habilidades de manejo para la misma TPE. Estas habilidades de manejo están destinadas para cumplir ciertos elementos con los genotipos creados por los fitomejoradores. Los agricultores empiezan a trabajar con los genotipos mejorados y las estrategias de manejo dadas

por los agrónomos para lograr la productividad potencial de los cultivos. (Cooper *et al.*, 2021).

Para obtener resultados potenciales de una estrategia de premejoramiento genético de cultivos que se base en combinaciones de tecnologías G-M, Cooper *et al.*, (2021) sugiere que debe haber contribuciones repetibles de las interacciones G  $\times$  M que tienen relación con combinaciones tecnológicas G-M específicas que logren mejorar de manera predecible el rendimiento en los ambientes agrícolas de destino. Sin embargo, más allá de la predicción, tiene que haber mecanismos para la identificación y selección de las combinaciones G-M que agraden a los mejoradores y agrónomos durante el desarrollo en el mejoramiento de cultivos.

Para poder lograr tener resultados en cuestión de rendimiento en un programa de mejoramiento vegetal ampliamente usado, es la hibridación, con ello los híbridos han favorecido al aumento de la producción. La estructura genética que contiene en éstos, es la utilización de tres líneas para desarrollar híbridos trilineales, también se han usado híbridos dobles y de cruza simple (Rodríguez *et al.*, 2023).

Los estudios de Rodríguez *et al.*, (2023), resaltan que existen cruzamientos de endogamia avanzada que por su composición ayudan a pronosticar la expresión favorable del vigor híbrido. Así mismo, un diseño genético es un sistema de apareamiento entre individuos de una o más poblaciones que genera información del tipo de acción génica que controla el carácter de interés y ofrece una población mejorada que puede usarse como principio para la selección y desarrollo de variedades potenciales.

Sin embargo, estos mismos estudios de Rodríguez *et al.*, (2023), refieren que la estimación de los parámetros genéticos de una variedad puede hacerse mediante

el uso de alguno de los métodos de Carolina del Norte, los cuales son de utilidad para los fitomejoradores al emplear progenitores endogámicos o variedades de polinización libre que muestran amplia diversidad genética. En lo particular, el método IV analiza a las cruzas directas que permiten estimar la aptitud combinatoria general (ACG) y la aptitud combinatoria específica (ACE), que aportan elementos para establecer las relaciones genéticas entre los progenitores y su progenie, siendo útiles en la identificación de híbridos y cruzamientos promisorios (Rodríguez *et al.*, 2023).

De acuerdo con Jasso (2023), un diseño genético dialélico completo es impráctico cuando el número de cruzas a evaluar es grande, por lo que es necesario buscar alternativas para muestrear adecuadamente un subconjunto de ellas que sean viables para su evaluación en tiempo y espacio. En este sentido, la evaluación de las progenies de una craza dialélica en varios años y localidades usando un diseño y un análisis genético-estadístico apropiado podría ser compleja, pero esencial, para determinar su estructura genética, ambiental y de interacción genotipo-ambiente, así como su contribución en la estimación de los efectos y varianzas de aptitud combinatoria, heterosis, heredabilidad, respuesta a la selección y predicción de híbridos sobresalientes.

Desde un punto de vista genético-estadístico, el uso de los diseños dialélicos y la elección de un modelo de efectos fijos o aleatorios tiene fuertes implicaciones en la interpretación de resultados; la suposición de la distribución independiente de los genes en los progenitores, así como la ausencia de epistasis y ligamiento entre genes, es a veces incorrecta. Asimismo, la epistasis afecta la estimación de las varianzas de ACG y ACE (Jasso, 2023).

### III. MATERIALES Y MÉTODOS

#### 3.1. Ubicación del Experimento

El desarrollo del presente proyecto de investigación se llevó a cabo en los campos experimentales dentro de las instalaciones de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, específicamente en el campo con nombre “Bajío” del Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario Enrique Castro Gil” con coordenadas: 25°23'36.24" N, 101°0'1.8" W.

**Cuadro 3.1.** Localización geográfica y condiciones climáticas del ambiente de evaluación.

Año	Localidad	Coordenadas geográficas		
		Latitud (Norte)	Longitud (oeste)	Altitud (m s. n. m.)
2023	Bajío UAAAN	25°23'36.24"	101°0'1.8"	1730
Descripción climática:				
Temperatura media anual		19.8 °C		
Precipitación media anual		350 a 400 mm		
Tipo de clima		BW hw (x'') (e)		

Fuente: Campos Experimentales UAAAN 2011.

#### 3.2. Material Genético

El material genético que se utilizó constituyó de 210 estructuras familiares de hermanos completos formadas a partir de una población Tuxpeño, además de contar con diez genotipos utilizados como testigo.



En el ciclo agrícola P-V 2022 se hicieron los cruzamientos que dieron origen a las 210 estructuras familiares, las cuales fueron estudiadas en el experimento. Estas familias se formaron a partir del cruzamiento de 52 individuos utilizados como macho, así dando origen a 210 familias de hermanos completos las cuales fueron el material genético que se estableció para la ejecución de esta investigación.

Los 52 machos utilizados con sus respectivas hembras fueron tomados de una población con el nombre TUXPEÑO. Dicha población pertenece al programa de mejoramiento genético del Instituto Mexicano del Maíz con nombre “Dr. Mario Enrique Castro Gil” de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro.

Para el ciclo P -V del 2023 se establecieron las mencionadas estructuras familiares, y esto permite hacer la estimación y estudiar teóricamente los efectos y varianzas genéticas que se presenten, con el objetivo de obtener estimaciones de parámetros genéticos como heredabilidad. El experimento se realizó en ensayos uniformes para evaluar rendimiento de las familias dando la fase de evaluación en el ciclo de selección recurrente.

### **3.3. Instalación del Experimento**

La siembra del dicho experimento fue en la segunda semana de mayo de 2023, de manera manual, la cual fue depositando dos semillas por golpe y así lograr obtener una densidad de población adecuada y al emerger las semillas, en las primeras etapas del cultivo se hizo un aclareo para brindar la densidad de siembra requerida que constó de ocho plantas por metro lineal.

Las parcelas o surcos fueron de la unidad experimental, por lo que a cada estructura familiar y lo correspondientes diez testigos se le asignó uno con las siguientes

medidas: longitud de 3 metros y separación entre parcelas de 0.75 metros. Teniendo una densidad de siembra. De 106, 400 plantas/ha aproximadamente.

### **3.4. Manejo Agronómico**

La conducción agronómica del experimento se efectuó de manera uniforme para todas las familias evaluadas y para los diez testigos incluidos. Las labores culturales contemplaron prácticas como fertilización, riego, control de malezas y manejo de plagas, todas implementadas conforme a las necesidades del cultivo y a las condiciones propias del sitio de evaluación.

#### **3.4.1. Fertilización**

La fertilización se realizó de forma manual, aplicando a cada parcela una dosis total de 200-100-100 kg ha<sup>-1</sup> de NPK. Al establecer la siembra, se suministró la mitad del nitrógeno junto con la totalidad del fósforo y el potasio. Posteriormente, en la fase vegetativa V5, se incorporó la cantidad restante de nitrógeno.

#### **3.4.2. Riegos**

El suministro de agua se efectuó mediante sistema de cintilla, ajustando la frecuencia de riego según el nivel de humedad presente en el suelo, con el fin de mantener condiciones óptimas para el desarrollo del cultivo.

#### **3.4.3. Control de Malezas**

Para el manejo de malezas, se aplicó un herbicida preemergente de nombre comercial Calibre 90 (Atrazina) a razón de 2 kg ha<sup>-1</sup> diluidos en 200 L de agua, el mismo día de la siembra. Asimismo, se empleó un herbicida postemergente Convey® (Topramezone 29.73% SC) en una dosis de 100 mL ha<sup>-1</sup>, también diluido en 200 L de agua, aplicado a los 15 días después de la emergencia.

#### **3.4.4. Control de Plagas**

El control de plagas se realizó mediante la aplicación del insecticida Proclaim® (Benzonato de Emamectina), dirigido al manejo de larvas de lepidópteros. La aplicación se efectuó en función del nivel de incidencia detectado en las plantas.

### **3.5. Variables Agronómicas Evaluadas**

Las variables agronómicas consideradas corresponden a los atributos de mayor relevancia para la selección de los materiales evaluados. A continuación, se describen cada una de ellas:

#### **3.5.1. Floración Masculina (FM)**

Corresponde al número de días transcurridos desde la siembra hasta la emergencia visible de la inflorescencia masculina (espiga). El registro se efectuó de manera visual, tomando como referencia el momento en que más del 50 % de las plantas en la parcela presentaron espigas expuestas.

#### **3.5.2. Floración Femenina (FH)**

Indica el número de días desde la siembra hasta la aparición de los estigmas. De igual forma, la evaluación se realizó visualmente y se registró cuando más del 50 % de las plantas de la parcela mostraron la emisión de estigmas.

#### **3.5.3. Altura de Planta (AP)**

Se refiere a la distancia, medida en metros, desde la base del tallo hasta la inserción de la hoja bandera. Esta medición se realizó en seis plantas representativas por parcela al llegar al estado de floración, momento en que la planta concluye su crecimiento vertical.

#### **3.5.4. Altura de Mazorca (AM)**

Es la distancia, en metros, desde la base del tallo hasta la posición de la mazorca principal. La medición se efectuó en las mismas seis plantas empleadas para estimar la altura de planta.

#### **3.5.5. Acame de Raíz (AR)**

Número de plantas que presentaron un ángulo de inclinación igual o superior a 30° respecto a la vertical. Este valor se expresó como porcentaje del total de plantas presentes en cada parcela.

#### **3.5.6. Acame de Tallo (AT)**

Porcentaje de plantas que mostraron quiebre del tallo por debajo de la mazorca principal. El cálculo se realizó con base en el número total de plantas afectadas en cada parcela.

#### **3.5.7. Mala Cobertura (MC)**

Proporción de mazorcas con envoltura deficiente del totomoxtle. El valor se expresó en porcentaje tomando como base el total de mazorcas evaluadas por parcela.

#### **3.5.8. Plantas con *Fusarium* (PF)**

Número de plantas que presentaron síntomas característicos de infección por *Fusarium*, como muerte prematura, doblamiento o senescencia atípica. El valor se reportó como porcentaje en función del total de plantas por parcela.

### **3.5.9. Calificación de Planta (CP)**

Evaluación cualitativa del porte, vigor, sanidad, precocidad y potencial de rendimiento de las plantas en cada parcela. La escala empleada fue de 1 a 10, donde 1 representa una planta de calidad muy baja y 10 una planta sobresaliente.

### **3.5.10. Calificación de Mazorca (CM)**

Valor otorgado al conjunto de mazorcas de cada parcela, considerando atributos de calidad como conformación, sanidad y llenado. La escala utilizada fue de 1 (muy deficiente) a 10 (excelente).

### **3.5.11. Rendimiento (REND)**

Se obtuvo a partir de una muestra representativa de 250 g de grano tomada de las mazorcas cosechadas en cada parcela. En esta muestra se determinó el contenido de humedad empleando un medidor Dickey John. El porcentaje de materia seca se calculó por diferencia respecto al 100 %. El peso seco se estimó multiplicando dicho porcentaje por el peso de campo.

### **3.5.12. Humedad (H)**

La humedad de los granos es crucial, ya que afecta directamente su comportamiento. Los granos son higroscópicos, intercambiando humedad con el ambiente. Esta variable se calculó con ayuda de un medidor portátil de humedad y peso hectolítrico en granos de la marca DICKEY-jhon CORPORATION modelo "MINI GAC Plus".

### **3.5.13. Peso Hectolítrico (PH)**

El peso hectolítrico del maíz es el peso de una masa de granos que ocupa un volumen de 100 litros. Este peso varía dependiendo de la humedad del grano; a

mayor humedad, menor peso hectolítrico. Esta variable se calculó con ayuda de un medidor portátil de humedad y peso hectolítrico en granos de la marca DICKEY-jhon CORPORATION modelo "MINI GAC Plus".

Finalmente, el rendimiento por parcela se expresó en ton/ha mediante la conversión del peso seco usando el factor correspondiente.

$$FC = \frac{10,000m^2}{APU \times 0.845 \times 1000}$$

Donde:

APU = Área de parcela útil, determinado por la distancia entre surcos por la distancia de estos y por el número de plantas por parcela.

0.845 = Constante para obtener el rendimiento 15.5 por ciento de humedad.

1000 = Coeficiente para obtener el rendimiento en t ha<sup>-1</sup>.

10,000 m<sup>2</sup> = Equivalencia a una hectárea.

### 3.6 Diseño Experimental Utilizado

La evaluación de las 210 estructuras familiares junto con los diez testigos se realizó empleando un diseño de bloques completos al azar con estructura de Alpha-lattice, con el propósito de garantizar una adecuada aleatorización del experimento y mejorar la homogeneidad del error. El ensayo se estableció en una única localidad, por lo que se utilizó un modelo lineal individual para el análisis estadístico.

La unidad experimental consistió en un surco de 3 m de longitud, con 0.75 m de separación entre hileras, asignándose un surco específico para cada estructura familiar. Cada parcela estuvo conformada por 24 plantas, correspondiendo al ciclo P–V 2023.

El objetivo de llevar estas estructuras familiares a campo fue obtener datos confiables bajo ensayos uniformes de rendimiento, permitiendo caracterizar su comportamiento agronómico. La información recabada constituyó la base para su posterior análisis bajo el diseño genético Carolina del Norte I, con el fin de estimar los componentes de variación genética y su potencial dentro del programa de mejoramiento genético.

Modelo lineal del diseño experimental:

$$Y_{jkl} = \mu + R_i + B_{k(i)} + T_j + E_{ijk}$$

Donde:

$Y_{ijk}$  = Es el valor observado de los tratamientos (j), en la repetición (i), dentro del bloque (k).

$\mu$  = es la media general.

$R_i$  = es el efecto de la i-ésima repetición.

$B_{k(i)}$  = Es el efecto del k-ésimo bloque dentro del i-ésima repetición.

$T_j$  = Es el efecto del i-ésimo tratamiento.

$E_{ijk}$  = Es el efecto del error aleatorio no controlado.

### 3.6.1. Modelo Lineal del Análisis Genético

Se realizó un análisis individual, ya que la evaluación se llevó a cabo en una sola localidad.

$$G_{ijkl} = \mu + R_i + B_{j(i)} + M_k + H_{l(k)} + E_{ijkl}$$

Donde:

$G_{ijkl}$  = Es el valor observado de los Machos (k), de hembras dentro de machos ( $H_{l(k)}$ ), en la repetición (i), dentro del bloque (j).

$\mu$  = es la media general.

$R_i$  = es el efecto de la i-ésima repetición.

$B_{j(i)}$  = es el efecto del j-ésimo bloque dentro de la i-ésima repetición.

$M_k$  = es el efecto del k-ésimo macho.

$H_{l(k)}$  = es el efecto de la l-ésima hembra dentro del k-ésimo macho.

$E_{ijkl}$  = es el efecto del error aleatorio no controlado.

### 3.7. Estimación de Esperanzas de Cuadrados Medios para el Diseño Carolina del Norte I.

**Cuadro 3.2.** Esperanzas de cuadrados medios del diseño genético Carolina del Norte I.

F.V.	G.L.	C.M.	E.C.M.
R	r-1		
M	m-1	$M_3$	$\sigma_e^2 + r \sigma_{h/m}^2 + rh \sigma_m^2$
H(M)	m-(h-1)	$M_2$	$\sigma_e^2 + r \sigma_{h/m}^2$
Error	(mh-1) (r-1)	$M_1$	$\sigma_e^2$
Total	rmh-1		

F.V = Fuentes de Variación; G.L = Grados de libertad; CM= Cuadrados medios; ECM= Esperanza de cuadrados medios; (R)= Repetición; (M)= Macho; H(M)= hembras dentro de machos.

### 3.8. Estimación de Componentes de Varianza

La estimación de los componentes de varianza se llevó a cabo utilizando el software estadístico SAS (Statistical Analysis System) versión 9.0, mediante el procedimiento VARCOMP. Para cada variable agronómica evaluada, se especificó en el modelo la inclusión de los efectos de repeticiones, bloques dentro de repeticiones, efectos de



machos y el efecto de hembras anidadas dentro de machos. La ejecución del procedimiento generó un análisis de varianza junto con las estimaciones de las varianzas correspondientes: varianza de machos ( $\sigma^2_m$ ), varianza de hembras dentro de machos ( $\sigma^2_{h(m)}$ ) y varianza del error ( $\sigma^2_e$ ).

A partir de los cuadrados medios derivados del análisis de varianza, se calcularon los componentes genéticos de interés, específicamente la varianza aditiva ( $\sigma^2_A$ ) y la varianza de dominancia ( $\sigma^2_D$ ). Estas estimaciones se obtuvieron empleando las relaciones teóricas propias del diseño genético utilizado, apoyándose en los valores generados por el procedimiento VARCOMP del programa SAS.

Los componentes de varianza del diseño se estiman con base en los cuadrados medios de la siguiente forma:

$$\sigma^2_{m=}(M_3-M_2)/hr$$

$$\sigma^2_{h(m)}=(M_2-M_1)/r$$

$$\sigma^2_e=M_1$$

Los componentes de varianza del diseño ignorando que existe epistasis se pueden estimar demostrando que son equivalentes de tal manera:

$$\sigma^2_m = CovMH = 1/4 \sigma^2_A$$

$$\sigma^2_{h(m)} = CovHC - CovMH = 1/4 \sigma^2_A + 1/4 \sigma^2_D$$

$$\sigma^2_e = \sigma^2_p - CovHC = 1/2 \sigma^2_A + 1/4 \sigma^2_D + 1/4 \sigma^2_e$$

Los componentes de varianza se pueden estimar de la siguiente forma:

$$\sigma^2_A = 4\sigma^2_m$$

$$\sigma^2_D = 4(\sigma^2_{h(m)} - \sigma^2_m)$$

### 3.9. Estimación de Heredabilidad

Con ayuda de los componentes de varianza ya estimados, se realizó un cálculo en donde se obtuvo los valores de heredabilidad, en donde se le da un sentido estricto ( $h^2$ ) atribuyéndole a que es la proporción de la varianza fenotípica que da por consecuencia a la varianza genética aditiva, y así para cada una de las variables agronómicas estudiadas con el apoyo del software estadístico SAS (Statistical Analysis System, 9.0) utilizando el comando para calcular los parámetros genéticos y VARCOMP en conjunto.

$$h^2 = \frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_F}$$

Varianza Aditiva,  $\sigma^2_A = 4 \sigma^2_M$ .

Varianza de Dominancia,  $\sigma^2_D = 4 (\sigma^2_{H(M)} - \sigma^2_M)$ .

Varianza Fenotípica,  $\sigma^2_f = \sigma^2_m + \sigma^2_{h(m)} + \sigma^2_e$

### 3.10. Uso del Gráfico Biplot mediante el Modelo AMMI

Teniendo los datos analizados, el siguiente paso fue identificar y seleccionar las estructuras familiares que contaban con un mejor valor promedio, que esta fue la tarea principal para este trabajo de investigación.

Para poder lograr lo que se mencionó anteriormente se trabajó bajo las mismas unidades, ya que algunos caracteres fueron tomados de manera distinta, en unidades como: Kg, días, cm, %, etc. Esto al presentarse se prosiguió en realizar una estandarización de los datos utilizando la formula a continuación:

$$Z = \frac{Y_i - \bar{Y}}{\sigma}$$

Donde:

$Z$  = Valor estandarizado.

$Y_i$  = Valor observado.

$\bar{Y}$  = Promedio de  $Y_i$ ;

$\sigma$  = Desviación estándar de la variable en cuestión.

Después de la estandarización de los datos de las 13 variables agronómicas, se acomodó la información de tal manera que las variables estuvieran en la primera columna, en la segunda el número de la estructura familiar y en la última el valor restante ya estandarizado. Con ayuda del comando AMMi Biplot en el programa SAS se corrieron los datos bajo ese modelo para así tener una mejor percepción, observando el agrupamiento natural mediante el gráfico Biplot que fue obtenido donde las variables estudiadas se agruparon automáticamente.

El modelo AMMI (Modelo Aditivo de Efectos Principales e Interacciones Multiplicativas) se presenta de la siguiente manera:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^P \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$  = Comportamiento del  $i$ -ésimo genotipo en la  $j$ -ésima variable.

$\mu$  = media general.

$g_i$  = efecto del i-ésimo genotipo.

$e_j$  = efecto de la j-ésima variable.

$P$  = Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo AMMI que van desde que

$k=1$ .

$\lambda_k$  = Raíz cuadrada del vector característico del k-ésimo eje del ACP.

$\alpha_{ij}$  = Calificación del ACP para el k-ésimo eje del i-ésimo genotipo.

$Y_{ik}$  = Calificación del ACP para el k-ésimo eje de la j-ésima variable.

$\varepsilon_{ij}$  = Error aleatorio de i-ésimo genotipo en la j-ésima variable.

### 3.11. Índice de Selección

Al terminar de hacer la identificación y visualización de las variables ya distribuidas en los grupos, se prosiguió a utilizar la herramienta índice de selección que nos permitió hacer la selección de las mejores familias, primeramente de las once variables agronómicas evaluadas se identificaron tres que representaran todo el conjunto de variables, teniendo en cuenta características que se desearon mejorar en la población; sanidad, precocidad y rendimiento, para lograr identificar las variables se trabajó bajo los criterios que nos permite conocer que variables son las que representaran todo el conjunto; consiste en darle más peso o importancia asignando un valor económico, que la variable tenga buena correlación con el resto y alta heredabilidad.

Las variables seleccionadas fueron; floración hembra (FH), plantas con *Fusarium* (PF), rendimiento (REND), con la finalidad de mejorar características de precocidad, sanidad y rendimiento respectivamente.

Los índices de selección se hicieron con base en la metodología propuesta por Barreto *et al*, 1991, donde la ecuación empleada para calcular el índice fue:

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

Donde:

IS = Índice de selección.

$Y_j...n$  = Variable en unidades Z.

$M_j...n$  = meta de selección.

$I_j...n$  = Intensidad de selección.

Para hacer un uso eficiente de la herramienta índice de selección se asignaron metas a cada una de las variables. Las metas que se asignan toman valores de -3 a +3, con valor negativo la selección fue para aquellos genotipos que se encontraban por debajo de la media de la población para la variable en evaluación, por el contrario, valores positivos fueron aquellos genotipos que se encontraron por arriba de la media de la población y para seleccionar genotipos que se encontraron cercanos al promedio se utilizaron metas con valor de cero.

En el índice de selección la intensidad de selección es el grado de importancia que se le asignan a cada una de las variables para ser utilizadas en la selección y toman valores de 1 a 10. Este valor debe ser diferente para cada una de las variables, según el criterio del investigador. El valor de intensidad más pequeño (1) es

asignado a la variable que fue de menor interés y el valor más alto (10) representa la variable de mayor importancia.

Los valores obtenidos del índice fueron usados como variable de respuesta en un análisis de varianza, también se utilizó la prueba de medias Tukey ( $p < 0.05$ ), los individuos seleccionados fueron los que tuvieron el índice más bajo, dado que son las distancias más cercanas a la meta deseada y que según Barreto *et al.*, (1991) son los individuos superiores respecto a los genotipos buscados.

#### **IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

En este Capítulo, se muestra los resultados del análisis de varianza, la estimación de componentes de varianza genética, así como la heredabilidad de caracteres que fueron tomados en cuenta como criterio de selección de familias de hermanos completos a través de índices de selección.

Los datos recabados provienen de un diseño genético de Carolina del Norte I, con el propósito de encontrar los componentes de varianza y heredabilidad correspondientes de esta población.

##### **4.1. Análisis de Varianza de la Población**

En el Cuadro 4.1, se muestra los cuadrados medios (CM) del análisis de varianza y sus referentes significancias para cada una de las fuentes de variación en 13 variables agronómicas evaluadas.

La fuente de variaciones Rep, se detectaron diferencias altamente significativas ( $P \leq 0.01$ ) para las variables FH, AP, AM, AR, CP, CM, REND y PH; sin embargo, para las variables FM, MC, PF, HUM tuvieron solo diferencias significativas ( $P \leq 0.05$ ), dando conclusión que el diseño fue eficaz tal como dice Hernández (2017), cuando dichas variables se comportaron de manera diferente en cada repetición dentro de cada uno de los ambientes de evaluación y así permite observar las diferencias que hubo entre las repeticiones y así minimizar el efecto del error experimental.

En contraste, para la variable AR, no se encontró significancia estadística, lo que sugiere que dicha característica se mantuvo estable entre repeticiones, posiblemente por ser menos sensible a variaciones micro ambientales. Este resultado también contribuye a la validez del experimento, ya que evidencia que las diferencias detectadas en otras variables no se deben a un patrón aleatorio, sino a verdaderos efectos del ambiente y del manejo entre repeticiones.

En la fuente de variación que correspondió a Bloques dentro de Repeticiones [Bloq(Rep)], se detectaron diferencias altamente significativas ( $P \leq 0.01$ ) para las variables FM, FH y REND y diferencias significativas ( $P \leq 0.05$ ) para AP y GM. Esto quiere decir que hubo menor variabilidad en el entorno y mayor precisión en los datos recabados tal como señalo Gómez y Gómez (1984), en un experimento agrícola, el uso de bloques dentro de repeticiones es una estrategia que permite controlar la variabilidad del entorno y mejorar la precisión en la comparación de tratamientos. El resto de las variables no presentaron significancia.

En la fuente de variación Machos (M) se observó que para la mayoría de las variables presentaron diferencias altamente significativas ( $P \leq 0.01$ ); a excepción de AT, HUM y PH, que no mostraron significancia. Este comportamiento indica que existieron diferencias genéticas y fenotípicas marcadas entre los materiales evaluados, lo que sugiere una amplia variabilidad dentro de la población analizada. En cuestión de las diferencias significativas observadas se refleja la expresión diferencial de los genotipos frente a un mismo ambiente, atribuible a su composición genética y adaptabilidad, lo que concuerda con los resultados reportados por López *et al.*, (2021) quienes señalaron que la diversidad genética entre líneas progenitoras o poblaciones promueve una mayor variabilidad fenotípica en los caracteres agronómicos de interés.



**Cuadro 4.1.** Cuadrados medios del análisis de varianza de 13 variables agronómicas evaluadas durante la primavera-verano del 2023.

F.V.	G.L.	FM (d)	FH (d)	AP (m)	AM (m)	AR (%)	AT (%)	MC (%)	PF (%)	CP (1-9)	CM (1-9)	REND t ha <sup>-1</sup>	HUM (%)	PH (kg/hl)
<b>Rep</b>	1	8.93*	27.97**	6159.27**	3396.84**	668.63**	9.04	254.64*	678.31*	25.26**	52.22**	60.54**	22.58*	90.08**
<b>Bloq(Rep)</b>	20	3.88**	4.98**	226.87*	118.95	55.53	31.75	55.03	78.88	2.23	1.76*	9.44**	5.26	10.01
<b>M</b>	51	13.93**	17.27**	613.88**	388.57**	141.12**	39.35	306.64**	374.1**	2.63**	2.34**	16.29**	4.3	9.75
<b>H(M)</b>	158	2.93**	3.73**	150.85	123.93*	64.94**	27.03	129.25**	116.91**	1.58	1.38**	5.01	4.33	10.60*
<b>Error</b>	189	1.39	2.16	119.77	94.98	40.75	27.97	60.27	69.79	1.53	0.91	4.41	3.48	7.81
<b>Total</b>	419													
<b>C.V.</b>		1.71	2.1	5.6	9.16	49.44	43.65	36.91	30.24	28.83	20.08	14.27	8.5	4.1
<b>Media</b>		68.73	69.79	195.36	106	12.91	12.11	21.03	27.62	4.29	4.75	14.72	23.07	68.1
<b>Máximo</b>		73.5	73.5	230.5	138.5	49.58	25.17	50.415	61.325	7	7	19.935	28.05	75.6
<b>Mínimo</b>		63.5	64.5	157.5	80	7.42	7.55	7.4	7.82	2.5	2.5	8.435	20.05	62.95

\*, \*\* = Significancia al 0.05, al 0.01 de probabilidad respectivamente; F.V. = Fuentes de variación; Rep = Repeticiones; Bloq(Rep) = Bloques dentro de repeticiones; M = Machos; H(M) = Hembras dentro de machos; G.L = Grados de libertad; FM = Floración Macho; FH = Floración Hembra; APTA = Altura de Planta; AMZCA = Altura de mazorca; AR = Acame de raíz; AT = Acame de tallo; MC = Mala cobertura; FUS = Plantas con fusarium; CPTA = Calificación de planta; CMZCA = Calificación de mazorca; REND = Rendimiento; HUM = Porcentaje de humedad; PH = Peso hectolitro.

En la fuente de variación que correspondió a Hembra dentro de Macho [H(M)], ocho de las 13 variables presentaron diferencias altamente significativas al ( $P \leq 0.01$ ) y significativas al ( $P \leq 0.05$ ) las cuales correspondieron a FM, FH, AR, MC, PF, CM y AM, PH respectivamente. De acuerdo con Vela (2018), esto da a entender que dentro de la variabilidad que se presenta se puede realizar una selección de familias dentro de la población.

En cuanto a los Coeficientes de Variación CV, estos se presentaron bajos para las variables FM, FH, AP, AM, REND, HUM y PH, sin embargo, para AR, AT, MC, PF, CP y CM mostraron un mayor CV, lo que refleja una mayor variabilidad en los datos obtenidos.

#### **4.2. Componentes y Varianzas Genéticas**

En el Cuadro 4.2, se muestran resultados correspondientes a los componentes genéticos, varianzas genéticas, heredabilidad, error estándar de la población para 13 variables agronómicas.

En la varianza aditiva ( $\sigma^2_A$ ), tuvo un valor considerable para la mayoría de las variables; FM, FH, AP, AM, AR, AT, MC y PF. Esto implica que dichas variables cuentan con un favorable valor reproductivo para el ciclo de selección atribuyendo a la acumulación de alelos propicios. De acuerdo con Rodríguez *et al.*, (2019) es un indicador de que estas variables mostrarán una respuesta alta al manejarse por selección recurrente. Si el objetivo es la formación de variedades sintéticas la recombinación debe de realizarse bajo el esquema de la selección recurrente, esto con la intención de complementar caracteres favorables dentro de la población e incrementar alelos que contribuyan en cada ciclo de selección.

**Cuadro 4.2.** Componentes genéticos, varianzas genéticas y heredabilidad de la población.

ESTIMADOR	FM (d)	FH (d)	AP (m)	AM (m)	AR (%)	AT (%)	MC (%)	PF (%)	CP (1-9)	CM (1-9)	REND t ha <sup>-1</sup>	HUM (%)	PH (kg/hl)
$\sigma^2_M$	1.48	1.78	62.33	34.88	11.08	1.87	23.87	37.47	0.13	0.13	1.47	0.03	0.01
$\sigma^2_{(H)/M}$	0.81	0.83	16.44	15.31	12.79	-0.50	36.47	24.91	0.03	0.25	0.32	0.26	1.48
$\sigma^2_A$	5.91	7.12	249.33	139.53	44.30	7.47	95.46	149.89	0.54	0.52	5.90	0.10	0.05
$\sigma^2_D$	0.00	0.00	0.00	0.00	6.87	0.00	50.42	0.00	0.00	0.47	0.00	0.94	5.87
$\sigma^2_G$	5.91	7.12	249.33	139.53	51.17	7.47	145.88	149.89	0.54	0.99	5.90	1.04	5.92
$\sigma^2_F$	6.60	8.20	309.22	187.02	71.55	28.92	176.02	184.78	1.30	1.45	8.11	2.96	9.82
$h^2$	0.89	0.87	0.81	0.75	0.62	0.26	0.54	0.81	0.41	0.36	0.73	0.03	0.01

$\sigma^2_M$  = Varianza de machos;  $\sigma^2_{(H)/M}$  = Varianza de hembras dentro de machos;  $\sigma^2_A$  = Varianza aditiva;  $\sigma^2_D$  = Varianza de dominancia;  $\sigma^2_G$  = Varianza genotípica;  $\sigma^2_F$  = Varianza fenotípica;  $h^2$  = Heredabilidad; FM = Floración Macho; FH = Floración Hembra; APTA = Altura de Planta; AMZCA = Altura de mazorca; AR = Acame de raíz; AT = Acame de tallo; MC = Mala cobertura; FUS = Plantas con fusarium; CPTA = Calificación de planta; CMZCA = Calificación de mazorca; REND = Rendimiento; HUM = Porcentaje de humedad; PH = Peso hectolitro

En cuanto a HUM y PH, mostraron un valor mayor en la varianza de dominancia ( $\sigma^2_D$ ) a diferencia de la varianza aditiva. A este aumento se le atribuye que la selección indujo diversidad genética entre las familias, posiblemente debido a la presencia de variación per se de la población (Carrera y Cervantes, 2007).

### 4.3. Heredabilidad de Caracteres

De acuerdo al parámetro de heredabilidad ( $h^2$ ) referente al diseño genético, las variables FM, FH, AP, AM, AR, MC, PF, REND mostraron un valor mayor a 0.5, que indica que más del 50% de la variación fenotípica es a causa de diferencias genéticas aditivas entre las familias evaluadas. El porcentaje mencionado se considera intermedio, por ello es próspero para programas de mejoramiento genético, que mediante el proceso de selección se hará de manera eficiente teniendo avances considerables. De acuerdo con Hernández y De León (2021), sugieren implementar esquemas de mejoramiento de hermanos completos, debido a que este diseño permite capturar tanto efectos aditivos, como no aditivos (dominancia y epistasis). Esto contribuye a mantener y aprovechar la variabilidad genética que se tiene, y así seguir aumentando la probabilidad de obtener familias con un desempeño superior en las siguientes generaciones.

Para el resto de las variables AT, CM, HUM, PH; se observó baja heredabilidad ( $h^2 < 0.5$ ). Esto determina que la respuesta de estas variables no depende de grupo de genes, sino que esta moderada por varios componentes genéticos que tienen efectos relativamente pequeños sobre la expresión del carácter. Según Rodríguez *et al*, (2019) los caracteres que presentan baja heredabilidad, comúnmente intervienen múltiples factores hereditarios como la aditividad, la dominancia, y la sobre dominancia, que cuando se combinan no siempre se expresan de manera estable entre ambientes, lo que sugirieron estrategias que aumenten el número de repeticiones, además de mayor número de localidades para evaluar diferentes ambientes y en algunos casos hacer selección indirecta con caracteres con mayor heredabilidad y así aumentar la confiabilidad de la selección.

### 4.4. Selección de Familias

Del mismo modo que en el capítulo de Materiales y métodos, la selección de las estructuras familiares con un mayor potencial fue con base en los vales arrojados

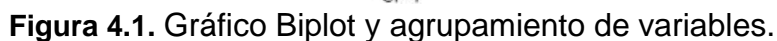
por un método propuesto por Barreto *et al.*, (1991), que se conforma por el Índice de selección que da una alternativa que permite realizar la selección más acertada y eficiente. Al elaborarse, se utilizaron tres variables agronómicas de 13 que se evaluaron, las cuales impactaran en aspectos dentro de la población para mejorar su precocidad, sanidad y rendimiento.

El índice de selección se constituyó desde la selección de las principales variables agronómicas que expresaran de una mejor manera los caracteres poblacionales que se busca perfeccionar. Con esta selección se estableció un diseño visual del gráfico Biplot que fue el producto del Análisis Estadístico AMMI.

Este modelo estadístico agrupó de manera espontánea las variables, así creando un total de tres grupos. De cada uno de los grupos, se eligió una variable, basando la decisión en aquella que mostrara la mayor dispersión en el cuadrante o cuadrantes con la evaluación directa por la longitud de su vector. Además de esta medida, se consideró heredabilidad ( $h^2$ ), un parámetro genético muy significativo dentro de la población.

El primer conjunto está asociado al cuadrante 1 y 4 en el cual las variables PF, PH, AT, CP, AR, y MC se agrupan con relación a la sanidad; de tal forma que la variable plantas con *fusarium* (PF) se seleccionó para mejorar el aspecto antes ya mencionado.

El segundo grupo se conforma por el cuadrante 2 se correlacionaron las variables que favorecen al potencial de rendimiento de la población, lo que señala que la recolección de datos demostró una relación positiva con los indicadores de REND, CM, AP y AM; de forma que, se tomó la variable REND a causa de poseer una mayor heredabilidad ( $h^2$ ), lo que repercute directamente en el rendimiento.



Para el último grupo en el cuadrante 3, las variables FH, FM y HUM tuvieron una asociación referente a la precocidad del cual FH se escogió como variable representativa debido a su alta  $h^2$ .

Variable	$h^2$	Objetivos
PF	0.81	Poder hacer una mejoría dentro de la población en los aspectos de precocidad, sanidad, performance y por supuesto, rendimiento.
REND	0.73	
FH	0.87	

36

Las estructuras familiares que se posicionan mucho más cerca del vector de una variable específica quieren decir que tienden a tener un valor superior para ese rasgo. Un claro ejemplo se puede observar que la F209 presenta una relación al vector PH; sin embargo, la variable acame de raíz (AR) muestra una contribución mínima; esto se debe a que los valores obtenidos se consideran sin significancia ya que se encuentran muy cercanos a cero.

El proceso de selección de las estructuras familiares dentro de la población se compuso utilizando el software SAS (Statistical Analysis System 9.0) mediante una herramienta estadística integrada en el programa llamada SI (Selection Index). Esta fase permitió identificar 20 estructuras familiares superiores, mediante la metodología establecida por Barreto *et al.*, (1991). En el Cuadro 4.4 se observan las 20 estructuras familiares más sobresalientes, el cual obtuvieron los resultados más pequeños del índice de selección debido a que reunieron la mayoría de los caracteres necesarios para la selección.

El Cuadro 4.4 dejar ver los valores medios de 13 variables agronómicas para el proceso de selección de las 20 familias, las cuales mostraron una mayor respuesta respecto al índice de selección. Se puede observar que existe una gran variabilidad en los datos, y aún más en las variables AR, AT, MC y PF.

El rendimiento estableció una de las variables de mayor importancia dentro del estudio, y los resultados permitieron identificar progenies con desempeño notablemente superior. Los valores oscilaron entre 13.94 ton ha<sup>-1</sup> y 18.68 ton ha<sup>-1</sup>, correspondientes a las familias 106 y 128, respectivamente. Esta amplitud en la respuesta productiva data la existencia de una ventaja de variabilidad genética aprovechable, y los valores superiores se sitúan por encima de la media reportada a nivel nacional, lo que representa el potencial productivo de estas familias dentro del programa de mejoramiento.

**Cuadro 4.4.** Selección de 20 estructuras familiares de hermanos completos superiores de la población en estudio a través del Índice de Selección.

<b>FAM</b>	<b>IS</b>	<b>FM</b>	<b>FH</b>	<b>AP</b>	<b>AM</b>	<b>AR</b>	<b>AT</b>	<b>MC</b>	<b>PF</b>	<b>CP</b>	<b>CM</b>	<b>REND</b>	<b>HUM</b>	<b>PH</b>
<b>128</b>	8.155	68	69	210	121	14	0	26	8	5	5	18.68	22.5	66.4
<b>10</b>	9.285	71	71	204	117	5	1	30	12	5	7	18.62	22.6	71.8
<b>135</b>	8.873	68	69	195	99	1	0	6	21	4	6	18.30	22.2	68.3
<b>166</b>	9.543	70	70	199	109	5	6	6	15	5	6	18.20	20.1	71.2
<b>24</b>	6.953	68	68	197	107	4	5	26	17	5	5	18.14	21.2	68.7
<b>88</b>	8.785	68	69	214	114	8	4	5	9	6	6	17.75	22.0	69.7
<b>27</b>	8.545	68	68	206	114	2	1	20	11	5	6	17.56	20.0	66.8
<b>19</b>	8.78	66	67	196	96	14	0	16	9	3	5	16.64	22.0	69.5
<b>145</b>	9.19	66	66	191	95	1	1	1	26	6	6	16.55	22.3	63.2
<b>28</b>	7.878	66	67	190	106	0	5	36	27	3	5	16.38	22.4	69.0
<b>107</b>	8.339	66	67	183	99	19	1	39	6	5	5	15.97	22.4	67.5
<b>71</b>	8.777	66	67	196	96	8	2	11	9	6	4	15.96	22.0	72.4
<b>130</b>	9.091	67	68	177	91	0	0	26	3	3	5	15.48	25.3	65.7
<b>26</b>	7.218	65	66	182	105	0	0	11	21	4	6	15.35	21.6	71.0
<b>78</b>	7.961	67	67	181	100	1	0	17	13	5	5	15.26	22.0	68.3
<b>190</b>	9.34	67	68	177	92	1	6	13	17	4	6	15.16	22.2	70.8
<b>63</b>	9.403	69	70	204	98	0	0	3	15	4	5	15.03	23.0	65.7
<b>144</b>	9.589	67	68	199	103	12	9	4	10	5	6	14.80	23.4	69.3
<b>50</b>	8.501	66	67	192	101	0	0	5	21	6	5	14.71	21.6	68.4
<b>106</b>	9.249	67	68	191	107	1	6	13	17	4	5	13.94	24.1	66.5

FAM = Familias; IS = Valor del Índice de selección; FM = Floración Macho; FH = Floración Hembra; APTA = Altura de Planta; AMZCA = Altura de mazorca; AR = Acame de raíz; AT = Acame de tallo; MC = Mala cobertura; FUS = Plantas con fusarium; CPTA = Calificación de planta; CMZCA = Calificación de mazorca; REND = Rendimiento; HUM = Porcentaje de humedad; PH = Peso hectolitro.



La selección final de las 20 familias se llevó a cabo mediante un análisis de agrupamiento multivariado, integrando variables asociadas a rendimiento, sanidad y precocidad. El propósito de esta selección fue ampliar la deriva genética que causa la pérdida de variabilidad, lo que significa que al seleccionar  $\leq 10$  % del total de familias esta deriva es más fuerte a comparación de seleccionar un mayor número de familias tal como dice Díaz *et al.*, (2021) que sugiere usar 30 familias en caso de pretender llevar a cabo cinco, o más ciclos de selección.

## **V. CONCLUSIONES**

Los resultados obtenidos en el presente trabajo de investigación fueron derivados de la obtención de estimaciones de varianza y heredabilidad, que es una forma funcional para explorar y caracterizar genéticamente de forma profunda la población en estudio; sin embargo, hay que destacar que la evaluación realizada en campo hizo que se permitiera seleccionar genotipos superiores de manera asistida con el apoyo de las herramientas del modelo AMMI e índices de selección, que se agruparon de acuerdo a las características de interés y así seleccionando lo mejor.

La alta heredabilidad nos dice que los caracteres ligados a las variables agronómicas (FM, FH, AP, AM, AR, MC, PF, REND) que mostraron este efecto, tienen la capacidad de transferirse de una manera más fácil, cuando se adquiere este tipo de heredabilidad que costa de un valor de  $> 0.5$  quiere decir que es próspero para programas de mejoramiento genético. Entonces se sugiere implementar esquemas de mejoramiento de hermanos completos ya que contribuirá a mantener y aprovechar la variabilidad genética que se tiene.

De acuerdo al IS, se encontraron 20 familias (128, 10, 135, 166, 24, 88, 27, 19, 145, 28, 107, 71, 130, 26, 78, 190, 63, 144, 50 y 106) con un valor superior en cuanto a las características de sanidad, precocidad y rendimiento llegando a superar sus antecesores del ciclo de selección recurrente anterior

## VI. LITERATURA CITADA

**Acevedo, C. M. A.** (2021). Divergencia morfo-genética entre líneas endogámicas de maíz y formación de variedades sintéticas tolerantes a sequía. Tesis doctoral. UAEM. Disponible en: <http://riaa.uaem.mx/handle/20.500.12055/1384>

**Aguilera, J. G., Ribeiro, E. B., Nascimento, A. C., Silva, M. V., Carvalho, R. d., Cocco, A. S., Barreto, A. F., Martins, G. S., Barcelos, R. P., Rodrigues, J. A., Steiner, F. and Bardivieso, D. M.** (2023). Qualitative and quantitative descriptors for quantifying the genetic diversity of bean seeds. Trends in Agricultural and Environmental Sciences, (e230001):1-9. Disponible en: <https://editorapantanal.com.br/journal/index.php/taes/article/view/2/1>

**Barreto, H. J. Bolaños, A.J. Córdova, S. H.** (1991). Programa de índices de selección, Guía para la operación de software. CIMMYT. México, D.F. 27 p.

**Beulah, G., Marker, S., & Rajasekhar, D.** (2018). Assessment of quantitative genetic variability and character association in maize (*Zea mays* L.). *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*. 7(1), 2813–2816.

**Burbano, E. E., Pastrana, V. I. J., Mejía, S. J. R. and Vallejo, C. F. A.** (2022). Selection criteria for tomato lines with defined growth habit. Trends Hortic. 5(1): 1-9. Disponible en: <https://systems.enpress-publisher.com/index.php/TH/issue/view/269>

**Carrera, V. J. A. y Cervantes, S. T.** (2007). Comportamiento de cruas de maíz obtenidas por irradiación y selección. *Revista Fitotecnista Mexicana*. 30 (2). 173 – 180.

- Cooper, M., Voss, F. K. P., Messina, C. D., Tang, T., Hammer, G. L.** (2021). Tackling G x E x M interactions to close on-farm yield-gaps: creating novel pathways for crop improvement by predicting contributions of genetics and management to crop productivity. *Theoretical and applied genetics*. 134(6). 1625-1644. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00122-021-03812-3>
- Díaz, R. G., De León, G. C., Nieto, A. D. y Mendoza, C. M. C.** (2021). Gains in recurrent selection cycles for grain yield and resistance to head smut in maize. *Mexican Journal of Phytopathology*. 39(1): 61-74.
- Elmyhun, M., Liyew, C., Shita, A., & Andualem, M.** (2020). Combining ability performance and heterotic grouping of maize (*Zea mays*) inbred lines in testcross formation in Western Amhara, North West Ethiopia. *Cogent Food & Agriculture*, 6(1). Disponible en: <https://doi.org/10.1080/23311932.2020.1727625>
- Esquivel, A. G., Vizcarra, I., Moctezuma, S. y Massieu, Y. C.** (2023). Valorización campesina de maíces pigmentados frente a la demanda mercados especializados en Ocoyoacac, México. *Encrucijadas. Revista Crítica de Ciencias Sociales*, 23(1), a2305. Gómez, K. A., & Gómez, A. A. (1984). *Statistical procedures for agricultural research* (2ª ed.). John Wiley & Sons.
- Hernández A. E.** (2017). Formación de una población de maíz enano adaptada al bajío mexicano, a partir de líneas con favorables efectos de aptitud combinatoria y buen desempeño agronómico. Tesis de maestría. UAAAN.
- Hernández, A. E. y De León, C. H.** (2021) Comportamiento genético para componentes de rendimiento en una población de maíz enano. *Revista mexicana de Ciencias Agrarias*. 26. IMM-UAAAN. Coahuila.
- Jasso, B. G.** (2023). Diseño y análisis de un experimento de cruas dialélicas parciales en maíz de la raza cacahuacintle. Tesis doctoral. Maestría y doctorado en ciencias agropecuarias y recursos naturales. UAEMx. Disponible en:

[http://ri.uaemex.mx/bitstream/handle/20.500.11799/140296/DCARN\\_TESIS%20G\\_J\\_B\\_2023%20sin%20doc.pdf?sequence=1&isAllowed=y](http://ri.uaemex.mx/bitstream/handle/20.500.11799/140296/DCARN_TESIS%20G_J_B_2023%20sin%20doc.pdf?sequence=1&isAllowed=y)

**León, G. A. C.** (2020)., Variedad sintética de maíz (*Zea mays*) blanco, resistente a carbón de la espiga (*Sporisorium reilianum* f. sp. *zeae*) para el altiplano de México. *Revista mexicana de fitopatología*, 38(1), 170-175. Epub Disponible en: <https://doi.org/10.18781/r.mex.fit.1910-2>

**Liu, J., Fernie, A. R., and Yan, J.** (2020). The past, present, and future of maize improvement: domestication, genomics, and functional genomic routes toward crop enhancement. *Plant Communications*.1(100010):1-19. Disponible en: <https://www.cell.com/action/showPdf?pii=S2590-3462%2819%2930010-0>

**López, L. C., Tadeo, R. M., García, Z. J. J., Espinosa, C. A. y Mejía, C J. A.** (2021). Aptitud combinatoria general y específica de híbridos varietales de maíz amarillo de baja endogamia. *Revista mexicana de ciencias agrícolas*, 12(4), 699-711. Disponible en: <https://doi.org/10.29312/remexca.v12i4.2786>

**Rodríguez, P. G., García, R. A., Cervantes, O. F., and Enríquez, E. A.** (2023). Componentes genéticos bajo el diseño Carolina del norte II en maíz (*Zea mays* L.) en el sur de sonora, México. *Chilean journal of agricultural & animal sciences*, 39(1), 1-11. Disponible en: <https://dx.doi.org/10.29393/chjaa39-1cgge40001>

**Rodríguez, P. G., Zavala, G. F., Treviño, R. J. E., Ojeda, Z. C., Mendoza, E. M., Cervantes, O. F., Gómez, V. A. J., Andrio, E. E. and Torres, F. J. I.** (2019). Estimación de componentes genéticos en líneas endogámicas de maíz (*Zea mays* L.). *Agrociencia*. INIFAP. México.

**Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural (SADER).** (2024). Panorama Agroalimentario 2023. Disponible en: <https://www.gob.mx/agricultura/dgsiap/articulos/panorama-agroalimentario-2023-la-edicion-estadistica-mas-importante-del-sector-agroalimentario?idiom=es>.

**Servicio de información agroalimentaria y pesquera – SIAP.** (2024). Panorama Agroalimentario 2018-2024. Secretaria de agricultura y desarrollo rural. 96-97. Citado al 29 de enero de 2025. Disponible en: <https://www.gob.mx/siap/acciones-y-programas/panorama-agroalimentario-258035>

**Sierra, M. M., Rodríguez, M. F. A., Espinosa, C. A., Tadeo, R. M., Andrés, M. P., and Gómez, M. N.** (2023). Adaptabilidad de cruas varietales de maíz en Veracruz y Tabasco. *Revista mexicana de ciencias agrícolas*, 14(3), 327-337. Disponible en: <https://doi.org/10.29312/remexca.v14i3.2829>

**Varshney, R. K., Barmukh, R., Roorkiwal M., Qi, Y., Kholova, J., Tuberosa, R., Reynolds, M. P., Tardieu, F. and Siddique, M. K. H.** (2021). Breeding custom-designed crops for improved drought adaptation. *Advanced Genetics*. 2(3). Disponible en: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1002/ggn2.202100017>

**Varshney, R. K., Bohra, A., Yu, J., Graner, A., Zhang, Q and Sorrells, M. E.** (2021). Designing Future Crops: Genomics-Assisted Breeding Comes of Age. *Trends in Plant Science*, 26, 6. 631 – 649. Disponible en: [https://www.cell.com/trends/plant-science/fulltext/S1360-1385\(21\)00069-8](https://www.cell.com/trends/plant-science/fulltext/S1360-1385(21)00069-8)

**Vela, C. J. A.** (2018). Estimación de componentes genéticos y selección de familias en tres poblaciones de maíz. Tesis de licenciatura. UAAAN.

**Wagner, Z. B., Aparecido, B. M. C., Pareira D. V., Filipin, A. R., Lima, C. C., Grillo, N. L. and Sobreira, H. E. S.** (2021). Genetic diversity among cassava genotypes (*Manihot esculenta* crantz) collected in the south-central mesoregion of the state of Mato Grosso-Brazil. *Bioscience Journal*. 37, e37048. Disponible en: <https://doi.org/10.14393/BJ-v37n0a2021-54068>

**Xiao, Y., Jiang, S., Cheng Q., Wang, X., Yan, J., Zhang, R., Qiao, F., Ma, C., Luo, J., Li, W., Liu, H., Yang, W., Song, W., Meng, Y., Warburton, M., Zhao, J., Wang, X. and Yan, J.** (2021). The genetic mechanism of heterosis utilization in maize improvement. *Genome Biology*. 22(148):1-29. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1186/s13059-021-02370->