

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO  
DIVISIÓN DE AGRONOMÍA  
DEPARTAMENTO FITOMEJORAMIENTO



Crecimiento y Desarrollo Morfológico de Plántula de Maíz que Combina  
Poliembrionía y Braquitismo

Por:

**LUIS MIGUEL SÁNCHEZ PADIERNA**

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

**INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN**

Saltillo, Coahuila, México.

Diciembre, 2014.

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

DEPARTAMENTO FITOMEJORAMIENTO

Crecimiento y Desarrollo Morfológico de Plántula de Maíz que Combina  
Poliembrionía y Braquitismo

Por:

**LUIS MIGUEL SÁNCHEZ PADIERNA**

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

**INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN**

Aprobada

Dr. José Espinoza Velázquez  
Asesor Principal

Dr. Alfonso López Benítez  
Coasesor

M.C. Roberto Espinoza Zapata  
Coasesor

Dr. Leobardo Bañuelos Herrera  
Coordinador de la División de Agronomía

Saltillo, Coahuila, México. Coordinación Agronomía

Diciembre, 2014.

## **DEDICATORIA**

A **DIOS** por la oportunidad de cumplir una de las más grandes metas en la vida al concluir mis estudios y forjarme como mejor persona.

### **A MIS PADRES**

**Sra. María De La Luz Padierna Sánchez**

**Sr. José Antonio Sánchez Morales**

A ustedes que a lo largo de mi vida me han guiado siempre por el buen camino, gracias a sus consejos y apoyo incondicional de nunca darme por vencido.

A MIS HERMANOS, **Jorge, Maricela, Ezequiel, Saúl, María Guadalupe, Juan Gilberto, Carlos Eduardo, Janet Del Sagrario Sánchez**, porque gracias a su apoyo todo esto es posible, en especial quiero agradecer a **Jorge, Ezequiel** y **Saúl** por su apoyo moral y económico que fueron pilares base durante mi formación profesional.

A MIS CUÑADOS, **Gabriela y José Luis**, por el apoyo moral y motivación brindada durante mi plan profesional.

A MIS SOBRINOS, **Ingrid Noemí, Luz Alondra, Denis, Gustavo Alexis, Guillermo, Perla Maricela, José Luis, Joselyn**, que espero y mis logros les sirvan de ejemplo y motivación para seguir preparándose.

A, **María Yaqueline Gómez Sánchez**, por su confianza, comprensión, su valioso tiempo de espera, los mejores momentos compartidos y las más bonitas experiencias vividas.

A MIS AMIGOS, **José Leobardo, Juan Antonio, Juan Salvador, José Ulises, Jorge Salazar, Jesús Alonso, Daniel**, por su amistad consejos durante mi preparación profesional, y en especial quiero agradecer a mi amigo **José Leobardo** ya que gracias a su motivación de querer superarse y salir adelante llegamos hasta donde ahora estamos.

A MIS COMPAÑEROS DE GENERACION, **Dulce Corazón, Irma Leticia, Verónica, María Jáuregui, Isela, Emir, Antonio Vela, Antonio Ramírez, Alonso C. Eduardo, Manuel, Jorge Cadenas, Arturo Ponciano, Teodoro, Adolfo, Jesús, Rodolfo, Andrés, Eduardo Alonso, Enrique, Gerardo, Omar, Elver, Riquelme, Ismael, Jaime, José Luis, Melissa, Sara, Juan Manuel.**

Son muchas las personas a quienes les gustaría dedicar este trabajo y aunque no las menciones de una y otra manera están en mis recuerdos.

## AGRADECIENTOS

En principio quiero agradecer a dios por la oportunidad de terminar esta etapa en mi vida, culminando con éxito el esfuerzo de todos estos años de estudio.

A mi “**Alma Terra Mater**” Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro por la oportunidad de estudiar en ella, dándome una identidad propia para la vida laboral.

Al **departamento de fitomejoramiento y sus profesores**, por darme los conocimientos necesarios, para culminar mis estudios y el presente trabajo de investigación.

Al **Dr. José Espinoza Velázquez**, por acompañarme a lo largo de mi carrera como tutor, la oportunidad de darme un tema de investigación y ser mi asesor, además de dedicar un poco de su tiempo en sus valiosas sugerencias en la realización de este trabajo.

**A mi comité de asesores** por sus distintivas correcciones, para presentar un buen trabajo.

A los colaboradores de los proyectos de IMM, **Don Rogelio, Jesús** por su apoyo en la realización de este trabajo.

**A las laboratoristas Úrsula y Beatriz,** por su apoyo des interesado para dicho trabajo experimental.

## INDICE DE CONTENIDO

INDICE DE CUADROS .....	iii
INDICE DE GRAFICO.....	iv
INDICE DE FIGURAS .....	v
APENDICE DE CUADROS.....	vi
RESUMEN .....	1
I.INTRODUCCIÓN .....	4
Objetivos .....	6
Hipótesis .....	6
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	7
Importancia del maíz.....	7
La producción de maíz a nivel mundial .....	8
Producción nacional del maíz .....	10
Clasificación del maíz moderno .....	12
Mejoramiento genético del maíz. ....	13
Poliembrionía .....	15
Poliembrionía (PE) en maíces bajo estudio .....	16
Calidad nutrimental del maíz poliembriónico.....	19
III. MATERIALES Y MÉTODOS .....	22
Descripción del Área de Estudio .....	22
Material Genético .....	22
Materiales de Medición e Identificación .....	23
Establecimiento de los Materiales en Invernadero.....	24
Diseño Experimental y Análisis Estadístico .....	26
Variables de Estudio .....	27
1. Características de interés general en el estudio .....	27
2. Características anatómicas de las plántulas. ....	28
IV. RESULTADOS Y DISCUSION .....	31

1. Variables de interés general (PG, PPE, PA) .....	31
2. Variables asociadas a la Poliembrionía.....	35
3. Variables métricas.....	37
GALERIA FOTOGRAFICA.....	39
V.CONCLUSIONES .....	73
VI. LITERATURA CITADA .....	76
APÉNDICES DE CUADROS.....	81



## INDICE DE CUADROS

Cuadro 2.1. Variedades y usos del maíz. ....	13
Cuadro 2.2. Frecuencias de Poliembrionica en maíz a través de los años observadas en poblaciones desarrolladas por el IMM-UAAAN.....	17
Cuadro 4.1. Proporciones de variables de interés general de los cuatro genotipos. ....	32
Cuadro 4.2. Pruebas de Ji cuadrada para la variable de interés general PPE en los diferentes tratamientos. ....	34
Cuadro 4.3. Variables asociadas con la Poliembrionía en genotipo .....	35
Cuadro.4.4 A. Valores promedio de las variables métricas a través de experimentos. ....	46
Cuadro.4.4 B..... Continuación del cuadro 4.4 A. Valores promedio de las variables métricas de experimentos.....	46
Cuadro. 4.5. Variables relación PSR/PST y PST/PSR. ....	57
Cuadro. 4.6. Comportamiento promedio de peso seco tallo entre genotipos....	59
Cuadro. 4.7. Comportamiento peso seco de raíz entre genotipos. ....	61
Cuadro 4.8. Nivel de significancia de acuerdo al análisis de varianza y expresados mediante la prueba de medias Tukey.....	63
Cuadro 4.9.A. Agrupamiento de medias Tukey .....	64
Cuadro 4.9.B. Agrupamiento de medias Tukey .....	68

## INDICE DE GRAFICO

Grafica 4.1. Valores promedio del (PSI), muestra aleatoria por experimento...	47
Grafica 4.2. Comportamiento ascendente del tallo (cm).....	48
Grafica. 4.3. Comportamiento ascendente de la radícula (cm).....	49
Grafica 4.4 Comportamiento del NRS a través de experimentos. ....	50
Grafica 4.5. Comportamiento ascendente del número de raíces de corona. ....	51
Grafica 4.6 Desarrollo y crecimiento en cuanto al número de hojas.....	52
Grafica 4.7. Comportamiento ascendente del Peso fresco de tallo (g).....	54
Grafica 4.8 Comportamiento ascendente del peso fresco raíz (g).....	54
Grafica 4.9 Comportamiento ascendente del peso seco tallo (g). ....	55
Grafica 4.10. Comportamiento ascendente del peso seco raíz (g).....	56
Grafica 4.11 comportamiento de la relación PSR/PST y PST/PSR. ....	58
Grafica. 4.12. Comportamiento peso seco de tallo entre genotipos. ....	60

## INDICE DE FIGURAS

Figura 2.1 porcentajes de producción de maíz a nivel mundial por país. ....	9
Figura 2.2 resumen nacional de producción de maíz en México, 2013. Grafica hecha con datos de SIAP 2013.....	11
Figura 3.1 Tipo de macetas utilizadas para siembra de genotipos a evaluar en los tratamientos de la quinta, sexta, séptima y octava fecha. ....	24
Figura 4.1. Planta poliembrionica .....	32
Figura 4.2. Plántula con presencia de radícula doble. ....	37
Figura 4.3. Estructuras de planta poliembrionica .....	38
Figura 4.4. Peso inicial de semilla para cada genotipo. ....	39
Figura 4.4.1. Tratamiento 5d expresión fenotípica.....	40
Figura 4.4.2. Tratamiento 10d expresión fenotípica .....	40
Figura 4.4.3. Tratamiento 15d expresión fenotípica .....	41
Figura 4.4.4. Tratamiento 20d expresión fenotípica .....	41
Figura 4.4.5. Tratamiento 25d expresión fenotípica .....	42
Figura 4.4.6. Tratamiento 30d expresión fenotípica .....	42
Figura 4.4.7. Tratamiento 35d expresión fenotípica.....	43
Figura 4.4.8. Tratamiento 40d expresión fenotípica .....	43
Figura 4.5 corte longitudinal de una planta indicando las partes reproductoras. ....	45
Figura 4.6. Corte transversal para la variable peso (fresco y seco).....	53

## APENDICE DE CUADROS

Cuadro A.2. Análisis de varianza en genotipos para tratamiento 10 días.....	81
Cuadro A.3. Análisis de varianza para variables métricas en tratamiento 15 días .....	81
Cuadro A.4. Análisis de varianza para variables métricas en tratamiento 20 días.....	82
Cuadro A.5. Análisis de varianza para variables métricas en tratamiento 25 días.....	82
Cuadro A.6. Análisis de varianza para variables métricas en tratamiento 30 días .....	83
Cuadro A.7. Análisis de varianza para variables métricas en tratamiento 35 días .....	83
Cuadro A.8. Análisis de varianza para variables métricas en tratamiento 40 días .....	84

## RESUMEN

El maíz es de gran importancia para la alimentación humana y animal además de uso industrial. La Poliembrionía (PE) es una característica singular en maíz y se refiere, en lo general en la producción de varios embriones por una semilla los cuales tienen la capacidad de germinar simultáneamente hasta llegar al desarrollo completo (Plantas adultas) el fenómeno es de gran importancia, ya que el grano poliembriónico presenta mayor calidad nutrimental pues el grano tiene mayor acumulación de aceites y proteínas, con esto la posibilidad de incrementar la producción de materia seca por semilla y por unidad de superficie, más el ahorro de semilla por superficie.

En el presente trabajo se pretende evaluar el desarrollo de las plántulas Poliembrionía, estudiada y desarrollada en el IMM-UAAAN, el trabajo consistió en evaluar durante cuarenta días, en lapsos de 5 días, el desarrollo de las estructuras morfológicas de las plántulas, como son sistema radical seminal, nodular y parte aérea.

El germoplasma utilizado incluye la población IMM-UAAAN-BAP, braquíptico (enano) de alta frecuencia Poliembriónica, como referencia en semillas de la Poliembrionía se utilizaron 288 semillas de materiales (PEm) que representa versiones de maíz común, grano blanco, generadas en IMM-UAAAN, se utilizaron como testigos los materiales híbridos comerciales DEKALB-MONSANTO

(DK2061), PIONEER (P3055W) y TUXPEÑO-HOC. Genotipos representativos del maíz común, No-PEm.

Las evaluaciones fueron analizadas bajo un diseño completamente al azar, con dos repeticiones, aplicando el análisis de varianza correspondiente y los casos donde los genotipos resultaron significativos dentro de los tratamientos se aplicó la prueba Tukey ( $\alpha = 0.05$ ). El método estadístico que se aplicó para probar el porcentaje de (PE) en la población fue la Ji cuadrada del tipo “bondad de ajuste” (goodness of fit).

El prototipo de planta plántula-juvenil es descrita por esta manera (NC, NR, RS, NRC, NH, LR, LT, PFR, PFT, PSR, PST). El tamaño de la parcela experimental fue de 20 semillas del genotipo D, y 12 semillas de los genotipos testigos, en los primeros cuatro experimentos. Para los tratamientos de 20d a 40d, fueron 16 semillas para D, y de 10 para los testigos. Donde se expresó que las variables encontradas sobresalientes (NRC, LT y LR), donde BAP desarrolla 19 raíces de corona a los 40 días, en el caso de longitud de radícula expreso superioridad a los testigos con un valor promedio de 79.9 (cm)

Con respecto al manejo de BAP permitió observar porcentajes de Poliembrionía que se encuentran entre 61% y 78% lo que se valida con lo encontrado en la literatura citada la cual indica que el porcentaje promedio general de Poliembrionía se encuentra entre 55% y 65%.

También en el experimento de 40 días se logra apreciar visualmente el desarrollo de estructuras reproductivas como es espiga en la parte del ápice de la planta y jilotes en los costados todo esto en etapa V6.

Respecto a la biomasa acumulada tallo y raíz se comporta en forma ascendente en la primera y segunda etapa, si bien es importante declarar que en la relación (PSR/PST) se obtienen cocientes que van de forma descendente en la primera etapa hasta llegar a 0.78, en el experimento de ahí el porcentaje se mantiene de 35 a 38, por ciento en la etapa dos.

Palabras clave: Zea mays L, poliembrionía, normalidad, sistema radical seminal, sistema radical nodular.

## I.INTRODUCCIÓN

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los granos alimenticios más antiguos que se conocen, y de suma importancia en la producción mundial de alimentos en la actualidad Paliwall et al. (2001). La especie pertenece a la familia de las poáceae (Gramíneas), tribu Maydeae, y es la única especie cultivada de este género.

En la actualidad se propone, y es generalmente aceptado, el hecho de que el teosinte es el antecesor silvestre y/o allegado al maíz y que ha participado directamente en su origen y la versión moderna del maíz. La hipótesis de Beadley de que el maíz es una forma domesticada de teosinte ha encontrado considerable apoyo (Iltis, 1983; Mangelsdorf, 1986; Galinat, 1988, 1995; Goodman, 1988; Doebley, 1990).

La diversidad disponible en maíz es utilizada en varios programas nacionales e internacionales de mejoramiento genético, donde se han desarrollado complejos de germoplasma de base amplia, combinaciones y poblaciones que han demostrado ser fuentes excelentes para el desarrollo de variedades y de variedades sintéticas superiores de polinización abierta y también líneas puras e híbridos (CIMMYT).

El mejoramiento genético especializado, que ocasionalmente incluye la selección de genes mutantes, de origen natural o artificialmente inducidos, es otra fuente importante utilizable en el desarrollo de nuevos materiales. Algunos ejemplos de aplicación de mutantes son, los maíces azucarados y cerosos, el *opaco-2*, fuente origen de alta calidad proteica (Vivek *et al.* 2008), *br-2* gen



braquíptico para enanismo, y la modalidad de semillas de maíz que germinan en dos o más plantas, denominado carácter poliembriónico (PEm), la mayoría de los cuales han tenido un amplio uso.

La PEm en las poblaciones de maíz, denominadas UA-IMM-BAP (braquíptica = enana de alta poliembriónía) y UA-IMM-NAP (porte normal, de alta poliembriónía), desarrolladas en el Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario E. Castro Gil” de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (IMM-UAAAN), dichos materiales presentan en la actualidad una frecuencia de 55 a 65% de PE, Espinoza *et al.* (2008). Asociado a la PEm se puede observar la presencia de radículas, coleóptilos y mesocotilos múltiples en frecuencias variables; datos publicados por Espinoza *et al.* (2012) señala que la frecuencia de radículas múltiples se da en valores de 12 a 16%.

Estas características favorables asociadas a la PE justifican el uso de este mutante en la integración de poblaciones de maíz especializadas en calidad nutrimental y producción de forraje, al acumular mayor contenido de materia seca por planta y disminuir el número de semillas por unidad de superficie. (Espinoza *et al.* 1998; 2008).

De acuerdo a lo anterior, en el presente trabajo se propone observar detalladamente los cambios morfológicos de maíces de una población de alta frecuencia poliembriónica (BAP) desde el proceso de germinación, estado de plántula y primeros estadios de planta juvenil.

## **Objetivos**

1. Caracterizar el desarrollo morfológico de plántulas de maíz del tipo poliembriónico y de maíz de porte normal.
2. Evaluar la acumulación de materia seca de plántula de maíz de diferentes genotipos en un periodo de 40 días.

## **Hipótesis**

1. El desarrollo de plántulas poliembriónicas pueden mostrar la misma capacidad que los maíces de naturaleza común en el desarrollo morfológico y en la acumulación de materia seca.

## II. REVISIÓN DE LITERATURA

### Importancia del maíz

El maíz es el cultivo agrícola más importante de México, tanto desde el punto de vista alimentario, industrial, político y social. Analizando al maíz en relación con los demás cereales que se producen en México (trigo, sorgo, cebada, arroz y avena, principalmente), en 2006 llega al máximo nivel, representado el 68.6% de la producción total de cereales, (SIAP .1996-2006).

En México se producen diversas variedades, sin embargo la más importante es la del maíz blanco, cuya participación en la producción total de maíz fue de 94% promedio alcanzado en 2004-2005 (SIAP). En tanto que la participación del maíz amarillo significó sólo el 6% en promedio durante el periodo de referencia.

La producción de grano no es la razón principal del cultivo del maíz, todas las partes de la planta -hojas, tallos, panojas y olotes- son utilizadas para diversos fines. El maíz es usado en más formas distintas que cualquier otro cereal; las formas principales en que se utiliza es como alimento humano, ya sea doméstico o industrial; alimento para animales y fermentado para varios productos industriales Paliwall *et al.* (2001).

Todos estos indicadores hacen que el maíz sea un cultivo que debe ser debidamente explotado, para obtener incrementos rentables en la producción.

## **La producción de maíz a nivel mundial**

El maíz es una gramínea de producción mundial, cuya adaptabilidad permite su cultivo en más de 113 países. Los tres principales productores por volumen de producción del grano son Estado Unidos, China y Brasil. Se destaca China por el mayor dinamismo en su cosecha, con una Tasa Media Anual de Crecimiento (TMAC) de 6.4%, entre el 2007 y el 2012. Por su parte, Estados Unidos presentó una TMAC de -3.7%, dejando de lado la afectación de la sequía severa del 2012, su tendencia decreciente es constante. El promedio de producción de los últimos tres años en EU es 9.0%, inferior a la producción del 2007, tomado del El economista (28-Nov-2014).

Con información del USDA, la producción mundial de maíz estimada para el ciclo 2014-2015 será de 990.32 millones TM, lo cual pudiera significar un incremento de 1.13 millones de toneladas o un 0.11%, con respecto a la producción del ciclo inmediato anterior. <http://www.produccionmundialmaiz.com/>Producción mundial de maíz (2014).

Datos generales sobre la producción mundial del año 2013 (Figura 2.1) señalan que los primeros siete países productores de maíz, por volumen, son EUA, China Popular, Brasil, Unión Europea, Ucrania y México. Nuestro país aporta el 2%, de la producción mundial cuando por su cultura ancestral debería estar en mejor postura en cuanto a la producción de este grano.

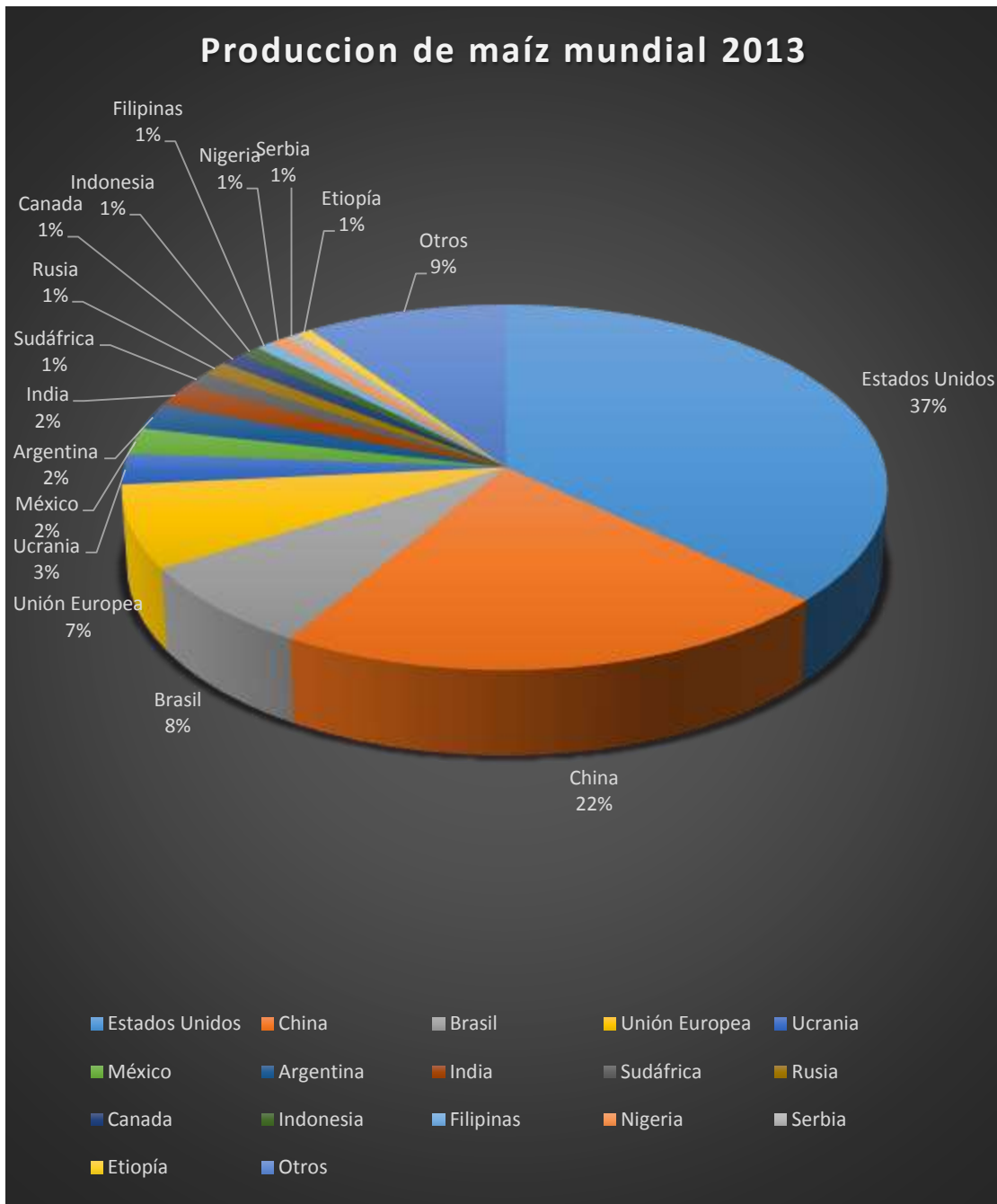


Figura 2.1 porcentajes de producción de maíz a nivel mundial por país.

## **Producción nacional del maíz**

En México se practica la agricultura de maíz de dos formas importantes, en términos generales pueden señalarse las siembras de temporal y de riego con altos insumos, del total de los productores de maíz aproximadamente 90% tienen parcelas menores a cinco hectáreas y más del 80% utiliza semilla propia adaptada a una enorme diversidad de situación agroclimática (SAGARPA, 2007). Cabe mencionar que la superficie cosechada en los últimos años presenta variaciones muy notables, principalmente por cuestiones climatológicas relativas a eventos de sequía y heladas aniquiladoras, la superficie cosechada en 2007 y 2008 es muy similar el orden de 7.2 millones de ha, en 2009 se presentó una caída de 6.2 millones de ha, un repunte en 2010 a 7,1 millones de ha, y en 2011 una caída, la más drástica del quinquenio analizado, a 6.0 millones de ha (con datos de FIRA 2012,) reportado por Velázquez (2012).

La producción nacional en 2012 fue de 22 millones 069 mil 254.42 toneladas, de maíz blanco en el gráfico 2.2 se observa que Sinaloa está en primer lugar, con 17% de la producción nacional en segundo lugar Jalisco con 15%, Michoacán de Ocampo tiene el tercer lugar con el 8%, el estado de México se ubica en el cuarto lugar con 7% y Chiapas se posiciona en el quinto lugar con una producción estimada del 6%. Estos estados producen el 53% de la producción nacional y el otro 47% lo producen los demás estados en conjunto. Información estimada de SAGARPA (2013).

En México es el principal cultivo, dada su importancia en la ingesta alimenticia diaria de la población. No obstante, de los más de 30 millones de toneladas que se consumen anualmente, sólo 21.5 millones son producidos nacionalmente. Es decir, somos deficitarios en cerca de 28.1% del consumo nacional aparente. El economista (Nov-2014).



Figura 2.2 resumen nacional de producción de maíz en México, 2013.

Grafica hecha con datos de SIAP 2013

## **Clasificación del maíz moderno**

Al inicio del siglo 20, muy poco se había investigado en relación a la diversidad de las variedades de maíz en el ámbito mundial, existe una separación clara de las variedades con base en aspectos morfológicos y genéticos, Sturtevant, (1880,1899). Citado por Velázquez Prado.

Entre otras cosas, la enorme diversidad de climas en los que se cultiva el maíz, los sistemas de producción, la selección humana e intercambio de semillas, la multitud de usos y el sistema de reproducción que depende de la fecundación cruzada, han creado la diversidad que se conoce en la actualidad, la cual ofrece un gran número de dificultades para la clasificación. Las aproximadas 60 razas catalogadas en México están distribuidas a lo largo del país Kato *et al.* , (2009).

Con respecto al tipo de endospermo, Kuleshov (1933) menciona que el maíz del centro de México tiene una variación excepcional que no se encuentra en ningún otro lugar del mundo clasificó al maíz con base al tipo de endospermo en los siguientes grupos: Maíz dentado, maíz cristalino, maíz dulce, maíz harinoso, maíz reventador o palomero, maíz ceroso y maíz tunicado. Sánchez G.J.J (2011).



Cuadro 2.1. Variedades y usos del maíz.

Nombre de la variedad	Usos
Maíz ceroso	Se utiliza en la elaboración de adhesivos y gomas
Maíz cristalino	Como alimento
Maíz dulce	Como alimento enlatado
Maíz dentado	Como alimento en la industria
Maíz palomero	Como alimento
Maíz semí-dentado	Como alimento para mejoramiento genético
Maíz truncado	Para mejoramiento genético del maíz general

Fuente: Centro de investigaciones para el mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT).

Por lo general, en México se hace mención principalmente de dos variedades de maíz, blanco y amarillo o forrajero. El maíz blanco se produce exclusivamente para el consumo humano, en virtud de su alto contenido nutricional, en tanto que el maíz amarillo se destina al procesamiento industrial y a la alimentación animal.

### **Mejoramiento genético del maíz.**

El mejoramiento genético de plantas es una de las hazañas más antiguas del hombre, que inició con la domesticación de las mismas bajo condiciones controladas y la selección de aquellas capaces de proporcionar una mejor fuente de alimentos esto marcó una de las fases más importantes en el progreso de la humanidad. Dicho mejoramiento fue fortuito y lento pero permaneció como un arte y no como una ciencia hasta principios del siglo XX, luego de que la

explicación de los procesos de la herencia apareciera. El objetivo del fitomejoramiento ha sido el de incrementar producción, resistencia a plagas y enfermedades, y la adaptación a ambientes específicos, regiones y usos, mediante la selección de variedades cultivadas localmente, cruzadas entre sí o con las de otras áreas, o también con plantas silvestres que tengan los genes deseados. Gutiérrez *et al.*, (2003).

Sin embargo para hacer mejoramiento debe de haber lo que es variabilidad genética ya que es el principal paso dentro del inicio del mejoramiento genético la cual permite la selección de variedades para diversos fines, sin variabilidad genética, no podrían actuar algunos de los mecanismos básicos del cambio evolutivo, (Understanding evolution). Tales como mayor rendimiento, contenido de proteínas o aceites, tolerancia a factores bióticos o abióticos, entre otros. Brunner, (1995), citado por Velázquez Prado.

Dentro de las herramientas de mejoramiento genético disponibles para incrementar la diversidad genética, se mencionan como más importantes, la hibridación, la recombinación y la mutación, natural o inducida, Atak *et al.*, (2004). Una parte de la diversidad genética se genera por mutaciones que pueden suceder en cualquier parte del ADN durante la replicación o alguna etapa del ciclo celular. Understanding evolution <http://evolution.berkeley.edu/evolibrary/article/> (2005).

## **Poliembrionía**

La Poliembrionía, presente en varios tipos de angiospermas y gimnospermas, tiene como consecuencia principal la producción de plúmulas múltiples y ha sido considerada una característica de valor agronómico (Webber, 1940; Ross y Wilson, 1969; Pesev *et al.*, 1976; Bouquet, 1980; Nunez y Ocoy, 2008).

El fenómeno reproductivo conocido como Poliembrionía (PE) está documentado ampliamente en varias especies vegetales a partir de Webber (1940) y observado experimentalmente, de manera inducida, usando radiación x sobre granos de polen por primera vez en maíz por Morgan; Rappleye (1951).

La Poliembrionía (PE) en maíz (*Zea mays* L.) ha sido reportada como un fenómeno de herencia simple y recesiva (Kermicle, 1969; Pilu, 2000; Evans, 2007), pero también como de herencia cuantitativa (Castro, 1979., Espinoza *et al.*, 1998).

El caso más estudiado de PE es el gen mutante *ig1* (indeterminate gamethophyte), de efectos pleiotrópicos, que puede generar Poliembrionía (6%), progenie monoploide (3 %) y casos de embriones en miniatura (>1 %) (Kermicle, 1969; 1971; Hallauer y Miranda, 1988; Evans, 2007).

Aplicaciones agronómicas de la PE en maíz, sin incluir la que pudiera causar el mutante *ig1*, ha sido informada en la formación de líneas endogámicas (Pesev *et al.*, 1976) y en la aplicación de selección recurrente para incrementar su frecuencia (Espinoza *et al.*, 1998).

## **Poliembrionía (PE) en maíces bajo estudio**

Las poblaciones de interés PE que se han desarrollado en el Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario E. Castro Gil” de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (IMM de la UAAAN) presentan un comportamiento único y diferente al que exhibe la PE por efecto del gen *ig* (gametofito indeterminado, Kermicle, 1969).

La condición gemelar o de Poliembrionía (PE) en semillas de maíz (*Zea mays*) es una característica natural que puede utilizarse como vía alterna en el diseño de estrategias genotécnicas, pues además del potencial de rendimiento de grano se puede seleccionar por su valor nutritivo, cantidad de aceite y calidad de proteína (Espinoza *et al.*, 1998).

La manifestación del carácter puede originarse por genes de efectos mayores (naturaleza monogénica) o poligenes (naturaleza cuantitativa). En el primer tipo destaca el denominado gen *ig*, el cual en condición homocigótica recesiva genera semillas con embrión monoploide en 3 % de los casos y poliembrionía en 6 % (Hallauer y Miranda, 1988), o por un gen simple de herencia recesiva, no identificado, como lo señala Pilu (2000). Sin embargo, Pesev *et al.* (1976), Rodríguez y Castro, (1978; Com. personal) y Castro (1979; Com. personal) consideran que la herencia del carácter PE es cuantitativa; este último autor señala una heredabilidad de 65 %, por lo que prácticamente cualquier método de selección funcionará de manera eficiente para modificar la frecuencia del carácter en la población de interés. En el Cuadro 2.2 se observa el incremento de la Poliembrionía a través de los años.

Cuadro 2.2. Frecuencias de Poliembrionica en maíz a través de los años observadas en poblaciones desarrolladas por el IMM-UAAAN.

Investigador	Año	Porcentaje	Procedimiento
Castro G., M.	1973	1.5	Frecuencia de plantas gemelas es progenie de tallos cuadrados.
Castro G., M.	1975	4	Promedio de progenie de cruza fraternales entre plantas normales tallo cuadrado, plantas gemelas y sus combinaciones.
Rodríguez y Castro	1978	11.4	Dos sintéticos integrados cada uno por las 10 familias de MH de mayor Poliembrionía.
Castro G.,M	1979	7.4	Sintético integrado por las 10 familias con menor Poliembrionía, polinizando N x N.
		19.6	Tercer ciclo de selección recurrente (fusión de los sintéticos aludidos en 1978, vía crusa doble criptica).
		33.3	Cuarto ciclo de selección a partir de las 13 mejores familias del ciclo anterior.
Rodríguez H.,S.A.	1981	44.4	Quinto ciclo de la selección recurrente entre familias de hermano carnales.
		47.3	Sexto ciclo.
Gómez G.,J.	1982	46.2	Séptimo ciclo. Segunda recombinación de familias seleccionadas del sexto ciclo.
	1983	46.6	Sexto ciclo. Programa de selección recurrente de la población "doble embrión".

Fuente (ESPINOZA, *et al* 1998).

Los resultados de selección en los maíces poliembriónico, denominados poblaciones UA-IMM-BAP y UA-IMM-NAP, generados en la Universidad Autónoma Agraria “Antonio Narro” (UAAAN) en el periodo 1994-2005, indican una acumulación de 15 y 20 % de la característica PE, respectivamente (Espinoza y Vega, 2000; Com. personal), que representan ganancias por ciclo entre 1 y 2 % lo que de algún modo apoya la naturaleza cuantitativa del carácter. En éste, como en otros casos similares (Livini *et al.*, 1992; Weyhrich *et al.*, 1998), la aplicación de métodos de selección recurrente en familias S1 y hermanos completos (HC) es apropiada para mejorar variedades, al incrementar la frecuencia de la Poliembriónía, mejorar la germinación y reducir la frecuencia de plantas anormales.

El potencial de utilización de esta PE ha motivado el replanteamiento de los mecanismos de herencia que la controlan, pues en un principio fue considerada como de herencia cuantitativa (Espinoza *et al.*, 1998) y con respuesta a la selección (Espinoza V J, datos propios no publicados), y ha sido imposible constituir una población totalmente poliembriónica aun después de 20 ciclos de selección recurrente. En las poblaciones bajo observación, algunas familias pueden exhibir frecuencias de hasta 80 %, pero la frecuencia promedio de población general es de 50 a 65 %; incluso, la aplicación de autofecundaciones sucesivas (S3) en varias líneas de las dos poblaciones exhiben una conducta variable en el monto de las frecuencias PE, con valores que oscilan de 45 a 85 % (datos propios no publicados).

El estado actual (a 2012) de la frecuencia del mutante PE en las poblaciones (NAP y BAP) generadas en el IMM-UAAAN se mantienen en porcentajes de 60 a 65 %, los cuales se consideran como proporciones altas. Por otra parte, las poblaciones de referencia (NBP y BBP) que están sometidas a selección reversa, han reducido sustancialmente la presencia de casos PE, llegando a niveles inferiores de 3% (Velázquez *et al* 2013). También se revisó la propuesta de tipo de herencia de la PE en estas poblaciones, llegándose a demostrar que esta PE está gobernada por un par de loci en interacción epistática recesiva duplicada, y con penetrancia incompleta (Rebolloza *et al*, 2011).

En otro nivel de inspección relacionado con este tipo de PE, se ha documentado que en las dos poblaciones PE, existe una proporción de casos donde las cariopsis que germinan en dos o más plántulas presentan de 10 a 14 % de casos con radículas múltiples, es decir dos o más radículas por grano germinado (Espinoza *et al.*, 2012).

### **Calidad nutricional del maíz poliembriónico**

Los granos de maíz común son fuente alimenticia para humanos y animales domésticos, y contienen en su mayor parte hidratos de carbono (74%), y en menor proporción, proteínas (9%), aceite comestible (3.4%) y uno por ciento de fibra (Paliwal *et al.*, 2001). Análisis bromatológicos de los maíces comunes que llenan actualmente el mercado mundial de granos indican que los niveles de proteína cruda están en la banda de 7.5 a 8.4 por ciento, con bajo contenido de

aminoácidos esenciales, especialmente de lisina y triptófano; el porcentaje de grasa está en el intervalo de 3.0 a 3.5; excepción hecha en los maíces altamente especializados, sea para calidad proteica o para alto contenido de aceite, cuyos valores son significativamente más altos que los anteriores (Dale,1997).

Desde la mejora genética del maíz, se han desarrollado variedades especializadas tanto para calidad proteica (ricos en lisina y triptófano) como para alto contenido de aceite (de 6 a 9% de grasa cruda), las cuales están en proceso de adopción por los agricultores y usuarios; en México, los maíces de alta calidad proteica (conocidos como QPM, por su denominación en lengua inglesa: quality protein maize) se han venido promoviendo durante los últimos seis años con éxito limitado todavía; los maíces de alto contenido en aceite (conocidos como HOC: high oil corn) no ingresan al mercado nacional de semillas por su origen transgénico, así como las variantes en el manejo especializado para su producción.

En el caso particular de los maíces PE generados por el IMM-UAAAN se han observado una serie de datos que señalan la influencia de este mutante en los contenidos de aceites y los aminoácidos lisina y triptófano. El planteamiento central es que si una alta proporción de cariopsis en esas poblaciones son de naturaleza PE, los granos contendrán dos o más embriones y por lo tanto, mayor contenido de aceite y proteína embrionaria, a más de los contenidos en el resto del grano.



A medida que se incrementa la frecuencia de PE, se aumentan los contenidos de grasa cruda (GC), pasando de 5 a 6 %, la proporción de GC en el maíz común utilizado como testigo fue de 4.5 a 5 % (Espinoza *et al.*, 2003). Una medida adicional fue la relativa a contenidos de los ácidos grasos oleico (OL) y linoleico (LN) en estos grupos de frecuencia PE diferente, concluyendo que al igual del cambio en GC, la proporción de OL y LN se incrementó en 35 a 40 % en los grupos de mayor PE (Valdéz,2005).

El grano de los híbridos de maíz generados en los últimos años contienen alrededor de 4% de aceite, de 8.3 a 11.3% proteína, de 69.1 a 86.0% almidón, lípidos varían entre 4.0 y 7.0% y cenizas entre 1.1 y 1.7%(Méndez *et al.*, 2005; Paliwal *et al.*, 2001).

### **III. MATERIALES Y MÉTODOS**

#### **Descripción del Área de Estudio**

El presente trabajo de investigación se realizó en el invernadero # 3 ubicado de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro en Buenavista, Saltillo, Coahuila. El invernadero está orientado de Sur a Norte, y tiene dimensiones de 9 ancho x 32 largo x 4 m de alto. Cuenta con una cubierta de polietileno, malla lateral antiáfidos, con cortinas plegables, panel húmedo y extractores para el sistema de enfriamiento, termómetro para identificar temperaturas máximas y mínimas. El riego al interior es manual, vía regadera. Las coordenadas del mismo son 25° 21´ 08.53´´ N y 101° 02´ 58.19´´ W con una altitud de 1788 msnm. (Google Earth 19 septiembre 2014).

#### **Material Genético**

El germoplasma utilizado incluye una muestra aleatoria de la población de maíz con dos características centrales, Braquítica (Enana) y Alta Frecuencia Poliembriónica, denominada como: UA-IMM-BAP, generada en el Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario E. Castro Gil” de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Los testigos fueron muestras de semillas de dos híbridos comerciales (de uso en México, como sigue: de Pioneer (P3055W) y de Dekalb-Monsanto (DK2061) y una muestra aleatoria de la población Tuxpeño-HOC.

## **Materiales de Medición e Identificación**

- ❖ Bascula analítica (marca OHAUS electrónica) 250 gramos.
- ❖ Cajas de germinación de material sintético polipropileno, de forma rectangular, con dimensiones de 65 x 32 x 7cm, 200 cavidades (10 x 20).
- ❖ Macetas de material (plástico) 1.8 litros (utilizados comercialmente como botes para envasar leche).
- ❖ Macetas de polietileno negro, capacidad 14 litros.
- ❖ Termómetro de máximas y mínimas.
- ❖ Regla metálica, graduada bajo el sistema métrico decimal, longitud máxima, 50 cm.
- ❖ Cuchillas para cortar del tipo “Cúter”
- ❖ Marcadores de tinta permanente, tipo “Plumones”
- ❖ Estufa de secado, THELCO, Precisión Scientific, del laboratorio de genética.

### Establecimiento de los Materiales en Invernadero



Figura 3.1 Tipo de macetas utilizadas para siembra de genotipos a evaluar en los tratamientos de la quinta, sexta, séptima y octava fecha.

- El sustrato utilizado para la siembra fue a base de suelo de bosque y peat moss, mezclados en una proporción de 60:40 v/v.
- Para el tratamiento Uno (1), que significa la toma de datos (evaluación) después de 5 días a la siembra, se utilizaron las cajas de germinación de 200 cavidades.
- Para los tratamientos: 10, 15, y 20 días, se utilizaron botes de leche reciclados de una capacidad de 1.8 litros, cortados de forma transversal, los cuales fueron perforados en dos puntos, en la base, con la finalidad de facilitar el drenaje de agua y evitar de esta forma algún problema de enfermedad por exceso de humedad.
- Para los tratamientos: 25, 30, 35 y 40 días se utilizaron las macetas de 14 L, a las que se les hicieron 4 agujeros en la parte inferior para el drenaje de agua y evitar de esta forma algún problema de enfermedad por exceso de humedad.

- El tamaño de muestra en cada uno de los primeros cuatro tratamientos fue de 20 semillas por cada una de las dos (2) repeticiones en el caso del genotipo BAP, pero de 16 semillas en el caso de cada una de las dos repeticiones en los tres testigos utilizados. Para los tratamientos 5, 6, 7 y 8, las muestras de semillas fueron 16 para BAP, y 12 para los testigos.
- Se tomó el peso unitario por semilla tanto para la población BAP (288 semillas) como para los tres (3) testigos (P3055W), (DK2061) y TUXPEÑO-HOC (176 semillas por testigo), con la finalidad de conocer la relación entre el peso de los genotipos bajo estudio.
- La forma en la que los tratamientos fueron sembrados, como sigue: utilizando 1 semilla por cavidad en charolas de germinación para la evaluación a los primeros 5 días, 1 semilla por bote para la evaluación a los 10, 15 y 20 días, 3 o 4 semillas por maceta para la evaluación a los 25, 30, 35 y 40 días.
- La siembra se llevó a cabo el día 14 abril de 2014 para la evaluación de los tratamientos correspondientes las evaluaciones a 5, 10, 15,20 días. Para la evaluación a los 25, 30, 35 y 40 días, la siembra se llevó a cabo el día 15 de abril de 2014.
- No hubo fertilización, ni control químico de malezas, solo control químico para insectos (gusano cogollero) en los experimentos correspondientes a 35 y 40 días.
- Se llevó a cabo registro de temperaturas diarias con un termómetro de máximas y mínimas.
- Riegos manuales con regadera cada tercer día.

## Diseño Experimental y Análisis Estadístico

El establecimiento experimental de los genotipos se llevó a cabo un diseño Completamente aleatorizado, 2 repeticiones. Los datos se analizaron a través de Análisis de Varianza correspondiente al diseño para determinar entre genotipos para las diferentes variables de estudio. Se aplicó una prueba de medias (TUKEY  $\alpha = 0.05$ ). Concluido el ANOVA se aplicó un análisis de regresión para interpretar con más claridad el efecto de cada una de las variables. Modelo estadístico correspondiente al diseño completamente al azar (Steel y Torrie, 1999).

$$Y_{ij} = \mu + T_i + E_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$  = variable observada en la  $j$ -ésima repetición del  $i$ -ésimo tratamiento;  $\mu$  = efecto de la media general;  $T_i$  = efecto del  $i$ -ésimo tratamiento; y  $E_{ij}$  =  $ij$ -ésimo error experimental.

Los Análisis de Varianza y pruebas de Medias se realizaron utilizando el paquete estadístico SAS, Versión 9.1.

## Variables de Estudio

### 1. Características de interés general en el estudio

- **Porcentaje de Germinación (PG)** = Número de semillas que hayan producido plántula, aún aquellos casos con apariencia de anormales, expresada en porcentaje.
- **Porcentaje de Plántulas Poliembriónicas (PPE)** = La proporción de casos con 2 o más plúmulas de conformación normal aparente, referida al total de granos germinados, expresado en porcentaje. Esta variable sólo aplica en el caso del genotipo BAP, ya que los testigos producen solamente plántulas individuales.
- **Porcentaje de Plántulas Anormales (PA)** = Proporción de casos que presentan deficiencias en el desarrollo de sus estructuras esenciales, defectos que limitan crecimiento y desarrollo de la(s) plúmula(s).

La medición de PPE en el caso de BAP se comparó con el supuesto de que esta población puede expresar de 55 a 65 % de frecuencia de Poliembrionía (PEm). La prueba para esta hipótesis preestablecida se llevó a cabo a través de una prueba de Ji Cuadrada, de bondad de ajuste.

## 2. Características anatómicas de las plántulas.

Para el análisis de estructuras anatómicas el proceso de extracción fue de manera cuidadosa con el fin de mantener la integridad física, tanto del sistema radical seminal, como de la plúmula, limpiando el exceso de suelo en recipientes con agua para una mejor claridad y medición de las variables que se enlistan a continuación:

**Número de Hojas Completas (NH)** = Es la cantidad de hojas completamente desarrolladas que presenta la plántula. El dato incluye solamente laminas foliares cuya base tiene después de la vaina, el tejido especializado que une las partes anatómicas vaina-lámina foliar, denominada “collar”.

**Número de Coleóptilo (NC)** = Cantidad de estructuras coleoptilares, que son el tejido especializado que envuelve a la primera hoja y auxilia la emergencia de la plántula sobre el suelo; en casos de PE, esta estructura puede aparecer en número variable, de una a más, asociado de algún modo al número de plántulas emergidas por semilla.

**Número de Mesocotilo (NM)** = Estructura tubular, de color blanco y semejante a un tallo, que se ubica inmediatamente a continuación del coleóptilo y el escutelo, una vez que éste rompe la cubierta seminal.

**Número de Radícula(s) (NR)** = cantidad de radículas múltiples por semilla germinada, sólo en el caso de plántulas del genotipo BAP. Las semillas de los genotipos testigos, como todo caso de maíz común, sólo presentan una radícula al germinar.



**Número de Raíces Nodulares (RN)** = es la suma de apéndices raíz que aparecen después de que se establece el sistema radical seminal (radícula más raíces laterales) en la(s) plántula(s); a la raíces nodulares también se conocen como (raíces de corona) porque emergen del cuello o nudo vital (corona) que delimita la unión tallo-raíces, en la parte distal del mesocotilo.

**Número de Raíces Seminales (NRS)** = es la cantidad de apéndices raíz que emergen inmediatamente después de la radícula, a partir del escutelo. Estos dos tipos de raíz forman el sistema radical seminal (semilla).

**Número de Raíces de Corona (NRC)** = estas raíces se forman a partir de la corona ubicada en el segundo sub-nudo de la base de la plúmula, el cual, de acuerdo a la profundidad de siembra, puede encontrarse a una distancia de 1,0 a 2,5 cm bajo el nivel del suelo. Estas raíces son las raíces emergidas de los nudos del tallo, y representan el sistema radical principal de la planta de maíz.

**Longitudes de Radícula (LR)** = Medida de la extensión de este órgano desde el escutelo hasta la punta, registrada en centímetros.

**Longitud de Tallo (LT)** = Medida en centímetros de la parte aérea (verde) desde el cuello de la plántula (región nodular) hasta el cogollo, sin tomar en cuenta la punta de las hojas en desarrollo que se aprecian en el ápice de crecimiento.

**Peso Fresco del Tallo (PFT)** = Medida en gramos (más decigramos) de la estructura aérea fotosintética que se desprende al separar de la(s) plántula(s) las estructuras raíz.

**Peso Fresco del sistema Raíz (PFR)** = Medida en gramos (más decigramos) de las tres estructuras raíz (radícula, raíces seminales y de corona) las cuales se desprenden del resto de la(s) plántula(s).

**Peso seco del Tallo (PST)** = Medida en gramos (más decigramos) de la estructura aérea fotosintética que se desprende al separar de la(s) plántula(s) las estructuras raíz, y son sometidas a una estufa de secado.

**Peso Seco Raíz (PSR)** = medida en gramos (más decigramos) de las tres estructuras raíz (radícula, raíces laterales y de corona) las cuales se desprenden del resto de la(s) plántula(s) y son sometidas a una estufa de secado.

Una vez extraídas las plántulas y tomadas las variables antes mencionadas se colocaron las plantas en hojas de periódico humedecidas para evitar pérdidas de humedad mientras se tomaba la variable Peso Fresco (raíz y/o tallo). Para la variable Peso seco (raíz y/o tallo) fue necesario llevar las muestras a un proceso de secado, el cual consistió en someter las plantas en una estufa de secado durante 72 horas a 58° C.

## IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La presente investigación se basa en la descripción del comportamiento de las variables de interés general, relacionadas a la poliembrionía en maíz (PEm), las variables métricas cuantitativas, en las cuales se aborda la medición, cuantificación y caracterización de estructuras anatómicas de las plantas.

### 1. Variables de interés general (PG, PPE, PA)

Los resultados de esta investigación se basan a las diferencias entre cuatro genotipos de maíz, denominados como (D) población “IMM-UA-BAP”, testigos T1, T2, T3, los cuales son prototipos de maíz común, no-poliembriónicos, (Monsanto-Dekalb, (Dk2061), Pioneer, P3055W, y una muestra aleatoria de la población Tuxpeño-HOC, T3, alto contenido de aceite en grano. Este apartado expresa resultados de las variables porciento de germinación (PG), porciento de anormalidad (PA) y porciento de Poliembrionía (PPEm), fenómeno que se caracteriza por la capacidad que tienen las semillas para germinar en dos o más plantas (Figura 4.1), aumentado la capacidad de producción en materia seca, granos con mayor contenido de aceite y proteína, en su caso disminuye el número de semillas por unidad de superficie agrícola. (Espinosa et al 1998; 2008).



Figura 4.1. Planta poliembrionica

Los genotipos antes mencionados mostraron los siguientes porcentajes en cuanto a (PG), (PPE) y (PA), durante los 8 tratamientos, (cuadro 4.1).

Cuadro 4.1. Proporciones de variables de interés general de los cuatro genotipos.

Genotipo Variable	D			T1			T2			T3		
	PG	PPE	PA	PG	PPE	PA	PG	PPE	PA	PG	PPE	PA
<b>Tratamiento</b>												
<b>5d</b>	90	sd	nd	95	nd	nd	87	nd	nd	70	nd	nd
<b>10d</b>	90	75	29	95	0	5	62	0	30	91	0	18
<b>15d</b>	88	77	11	83	0	20	63	0	22	96	0	5
<b>20d</b>	88	72	11	96	0	0	54	0	7	96	0	4
<b>25d</b>	94	78	7	90	0	0	65	0	8	85	0	6
<b>30d</b>	88	61	4	100	0	0	85	0	0	85	0	0
<b>35d</b>	97	64	0	100	0	0	85	0	0	85	0	0
<b>40d</b>	88	72	3	100	0	0	65	0	0	85	0	0

PG = porcentaje de germinación, PA= porcentaje de anomalía, PPEm= porcentaje de Poliembrionía. Sd= sin dato, nd= no distinguible. D= población BAP, T1, T2 y T3 testigos.

Los materiales genéticos observados en esta sección fueron identificados tal como se enlistan en el cuadro anterior, donde los genotipos D, T1 y T3 indicaron los porcentajes de germinación (PG) superiores al 85%, valor porcentual comercial garantizado de las semillas envasadas. Los resultados indican que la población BAP tiene un promedio de germinación del 90% lo cual se considera meramente aceptable dentro de lo establecido comercialmente. Puede apreciarse que el genotipo T2 presentó un porcentaje de germinación muy por abajo de la media esperada durante los 8 tratamientos, desconociendo los diferentes factores que pudieran provocar el mal desarrollo germinativo. Pero puede suponerse que la semilla sea rezagada o que el genotipo sea sensible a bajas temperaturas, ya que tres días al inicio del experimento las temperaturas reportadas fueron menores a 10°C. A partir de este punto el T2 fue descartado y no tomado en cuenta para discutir debido al problema de baja germinación de este genotipo.

El porcentaje de Poliembrionía (PPE) sólo se observó en el genotipo BAP con una frecuencia de 61-78% ya que, como se esperaba, los testigos no presentan el fenómeno dada su naturaleza libre de mutante (PEm). En este sentido, si se sigue el patrón de herencia propuesto por Espinoza et al. (2008). Quienes mencionan que la población BAP, al igual que otra población de alta frecuencia de Poliembrionía, denominada NAP (no abordada en esta tesis), presenta un porcentaje de 55 a 65 % en la manifestación de (PEm), donde el fenómeno es expresado en proporciones de dieciseisavos, en este contexto, la Ho: a establecer para corroborar el porcentaje de Poliembrionía es 6/16 plantas individuales: 10/16 de plantas tipo (PEm).

Las plántulas anormales (PA) al realizar la comparación en cada uno de los genotipos señalados anteriormente (cuadro 4.1) oscila entre 9.3% para la población de interés BAP, 3.1% para el T1 y 4.7% Para T3. Lo cual el (PA) se consideró bajo en cuanto a los testigos al compararse con la población poliembriónica BAP. Las deformaciones más frecuentes mostradas en los diferentes genotipos fueron la falta de vigor para los testigos y plántulas raquílicas o deformaciones con apariencia “arrepollada”, condición asociada a casos de plántulas múltiples por semilla germinada. Estos resultados son también acordes a lo señalado por (Velásquez et al 2013).

El método estadístico utilizado que prueba la segregación de la (PEm) en los diversos genotipos fue de ji cuadrada del tipo bondad de ajuste (goodness of fit) con excepción para los genotipos testigo, que no requieren prueba alguna ya que son maíces normales totalmente ajenos del fenómeno de (PEm) Cuadro 4.2.

Cuadro 4.2. Pruebas de Ji cuadrada para la variable de interés general PPE en los diferentes tratamientos.

Experimento	N	Normal	PEm	X <sup>2</sup> ,Calculada
10d	32	12	20	0
15d	35	10	25	0.96
20d	35	13	22	0.96
25d	30	11	19	0.96
30d	27	10	17	0
35d	31	11	20	0.03
40d	27	10	17	3.18

Hipótesis de 6:10 con un gl en todos los experimentos. Dado que  $n \leq 50$  se aplicó la corrección de Yates. Experimento= tratamientos, N=muestra de datos, normal=plantas anormales, PEm=plantas poliembriónica, x<sup>2</sup>= valor de ji<sup>2</sup>. El valor crítico ( $p < 0.05$ ) de x<sup>2</sup> para un grado de libertad = 3.84.

De acuerdo a lo esperado en este análisis de ji cuadrada para cada experimento con una Ho de 6:10, donde se tomaron muestras aleatorias del remanente de semillas de la población BAP, de la cual se esperan aproximadamente de 55-65% de casos dobles, y en base a los resultados que se obtuvieron, resultó en que no se rechazó la hipótesis para dichos experimentos. Debe aclararse que el rechazo del Ho: no se debe a la carencia del monto (PEm) esperado, sino por el contrario, el valor observado fue más alto. Es obvio que la prueba de  $\chi^2$  sólo se aplicó a las progenies de NAP en todos los experimentos, ya la naturaleza normal de los testigos con respecto a este fenómeno, presentaron cero (PEm) (Cuadro 4.2).

## 2. Variables asociadas a la Poliembrionía.

Los caracteres morfológicos asociados al fenómeno de la Poliembrionía presentados en esta sección son: radícula, coleóptilo y mesocotilo, los cuales pueden presentarse en manifestación duplicada. En términos generales, la frecuencia de la poliembrionía en la población BAP, a través de experimentos fue 71%, en concordancia con el criterio fijado en la Ho: (cuadro 4.3.).

Cuadro 4.3. Variables asociadas con la Poliembrionía en genotipo

Tratamiento	5d	10d	15d	20d	25d	30d	35d	40d	Promedio
<b>Variable</b>									(%)
<b>PPE %</b>	sd	75	77	72	78	61	64	72	71
<b>NR %</b>	10	15	7	15	18	12	6	6	11
<b>NC %</b>	sd	40	15	70	87	87	44	0	49
<b>NM %</b>	sd	35	45	60	56	71	25	62	50

PEm%= porcentaje de Poliembrionía, NR%= Numero de Radículas, NC%= Numero de Coleóptilo, NM%= Numero de Mesocotilo, sd= sin dato.

Las proporciones para cada una de las variables en cada tratamiento para PPE en cada uno de los casos los resultados varían desde 61 - 78 % lo cual sigue el patrón de herencia 55% a 65% propuesta por (Espinoza et al., 2008; Rebolloza *et al.*, 2011).

Con respecto a la frecuencia de radículas múltiples (RM) en el experimento se observaron porcentajes entre 6% y 18% del total de las muestra de plantas germinadas que presentaron estructuras de doble radícula, valores semejantes a los señalados por Espinoza et al. (2012), pero que difieren con lo registrado por Meraz., (2014), quien estima para esta variable valores inferiores a 1 %. La característica de (RM) pudiera ser benéfica al establecimiento de plántulas, ya que puede propiciar una mayor absorción y búsqueda de nutrientes.

Otra variable relacionada con el fenómeno de PEm es la presencia de doble mesocotilo parte anatómica que también se relaciona con la mayor necesidad del flujo de los nutrientes del sistema radical a la parte aérea, al presentar la planta una doble estructura aérea (tallo) puede generar un doble coleóptilo de mayor grosor que permite una más fácil emergencia a los primordios apicales. Cabe mencionar que a diferencia del maíz No-PE de acuerdo a su genética solo generara un solo coleóptilo y mesocotilo por plántula. En general, las frecuencias de mesocotilos y coleóptilos múltiples en este experimento fueron ligeramente superiores a 45 %.





Figura 4.2. Plántula con presencia de radícula doble.

Esta imagen ilustra el desarrollo de dos radículas principales de una planta poliembryónica lo cual se observa como están perfectamente diferenciadas desde la punta del grano llamado funículo, cabe mencionar que en algunas ocasiones la presencia de radículas múltiples se observan plegadas entre sí es decir no diferenciadas.

### 3. Variables métricas

En esta sección experimental se analizan y concluyen las diferentes variables métricas cuantitativas, las cuales muestran comportamiento ascendente con relación al tiempo que se manejan como tratamientos. El genotipo de interés BAP donde el crecimiento y desarrollo anatómico es evaluado y comparado con los testigos, los resultados indican que BAP es al menos igual o superior en relación a algunas variables, destacando que para las variables LT, LR y NH en

la población de interés se tomaron promedios para hacer la comparación con un maíz de porte normal.

Las estructuras numéricas en comparación entre genotipos son: radícula y las raíces seminales, así como el inicio de las raíces de corona, las cuales constituirán el sistema radical definitivo de la planta Ritchie et al., (1982) número de hojas verdaderas. Las variables que refieren a medidas de longitud y peso (Radícula y parte aérea considerada tallo) muestran la idea principal de este trabajo, que es observar el crecimiento y desarrollo de la población de interés BAP en comparación con Testigos No-PE.



Figura 4.3. Estructuras de planta poliembrionica

Como se ilustra en la imagen anterior la planta muestra el desarrollo de dos plántulas normales, que cuentan con un coleóptilo individual para cada una de las plúmulas y un mesocotilo aparentemente unido o compartido entre sí. Se muestran los indicios de las raíces de corona.

La siguiente galería fotográfica muestra el desarrollo en cada uno de los tratamientos en relación al genotipo de interés BAP y los testigos.

### GALERIA FOTOGRAFICA



Figura 4.4. Peso inicial de semilla para cada genotipo.

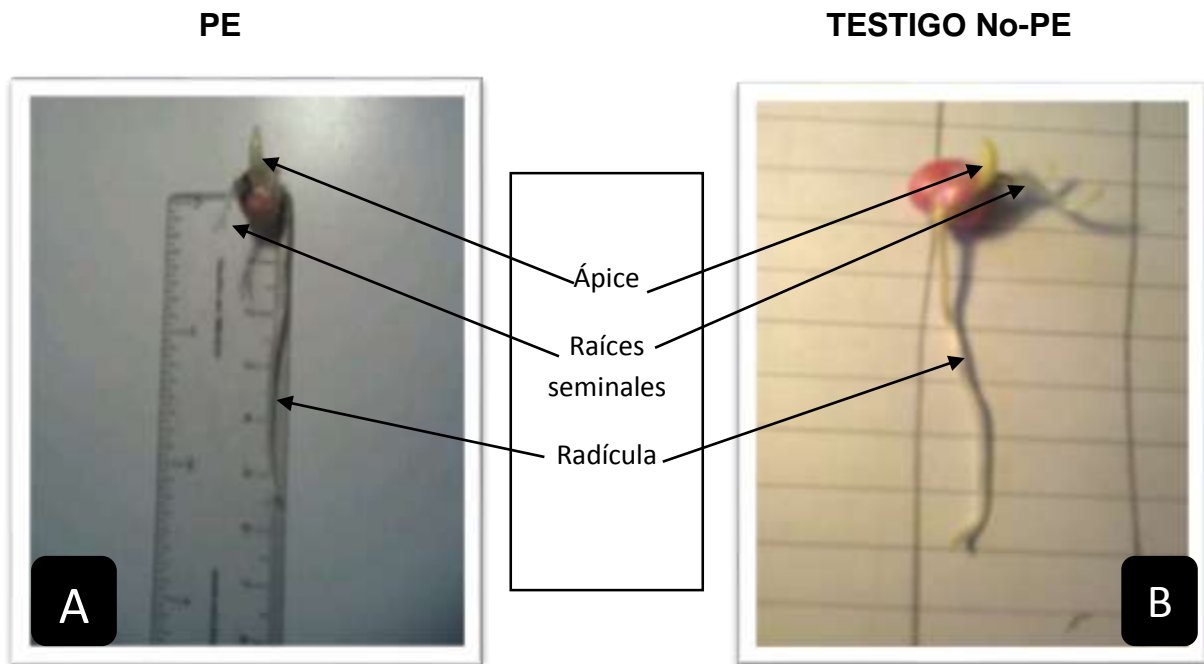


Figura 4.4.1. Tratamiento 5d expresión fenotípica

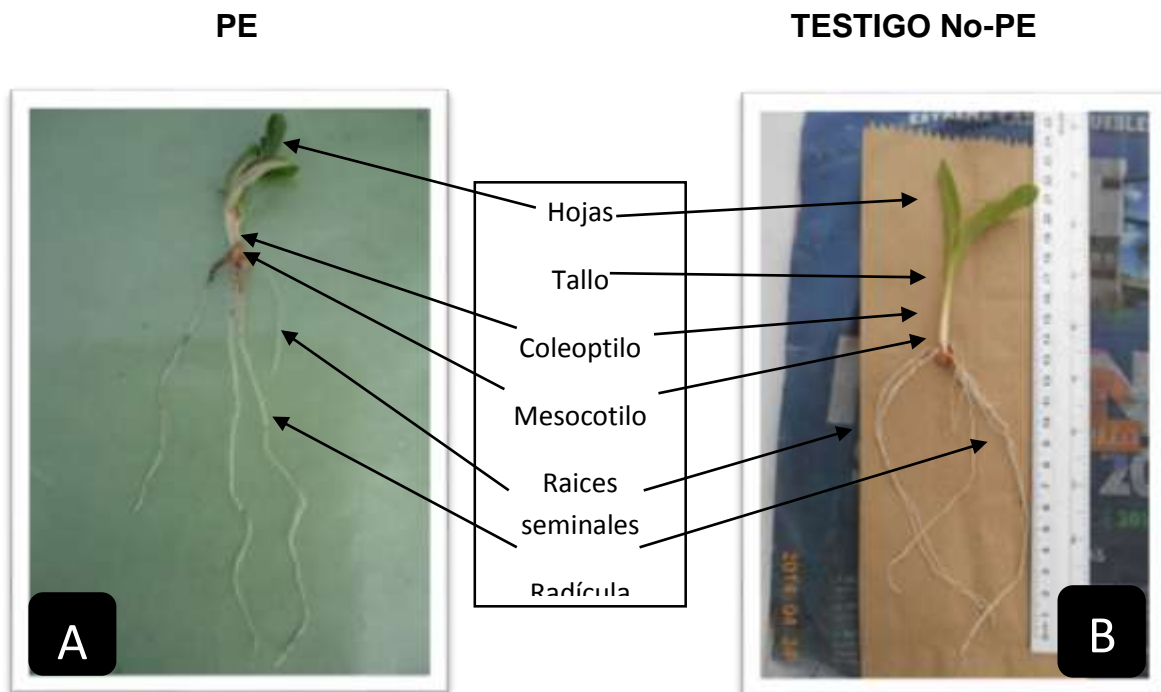


Figura 4.4.2. Tratamiento 10d expresión fenotípica

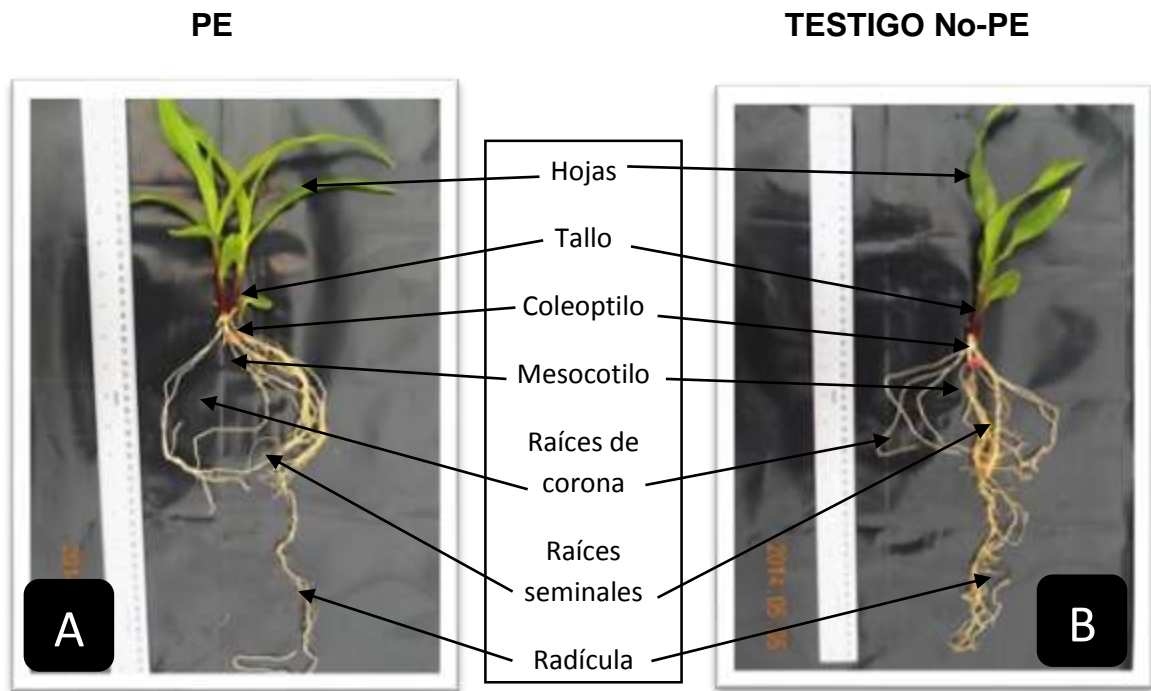


Figura 4.4.3. Tratamiento 15d expresión fenotípica

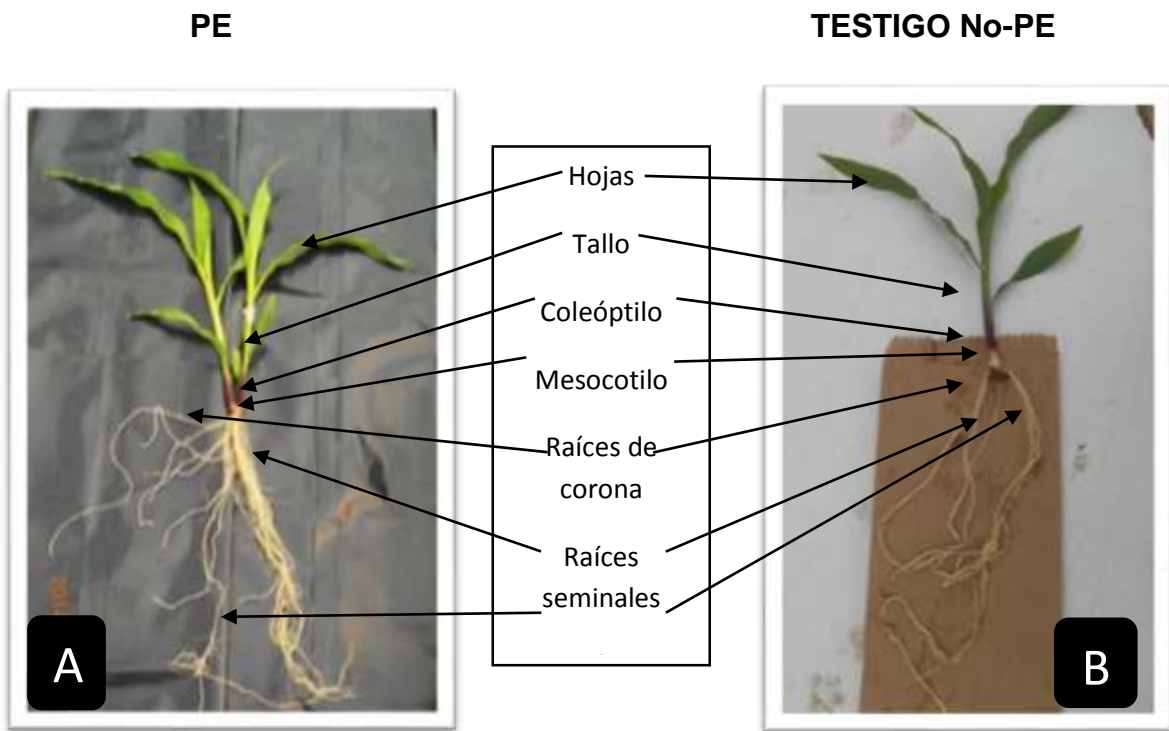


Figura 4.4.4. Tratamiento 20d expresión fenotípica

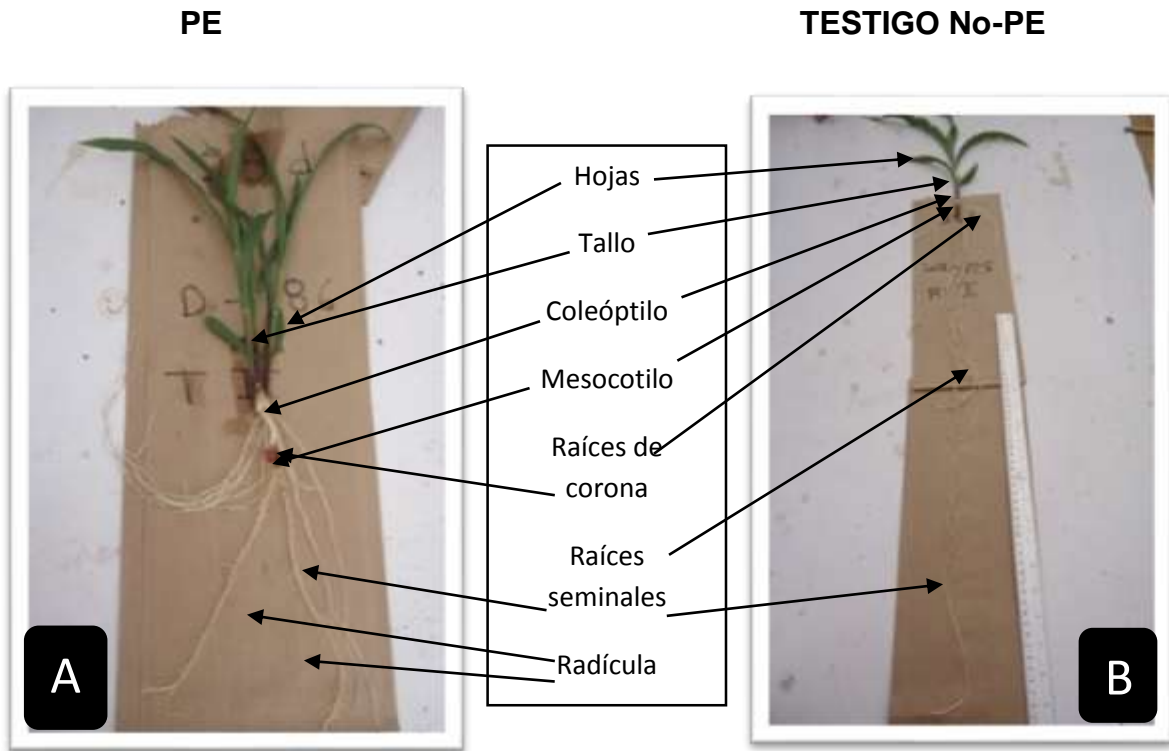


Figura 4.4.5. Tratamiento 25d expresión fenotípica

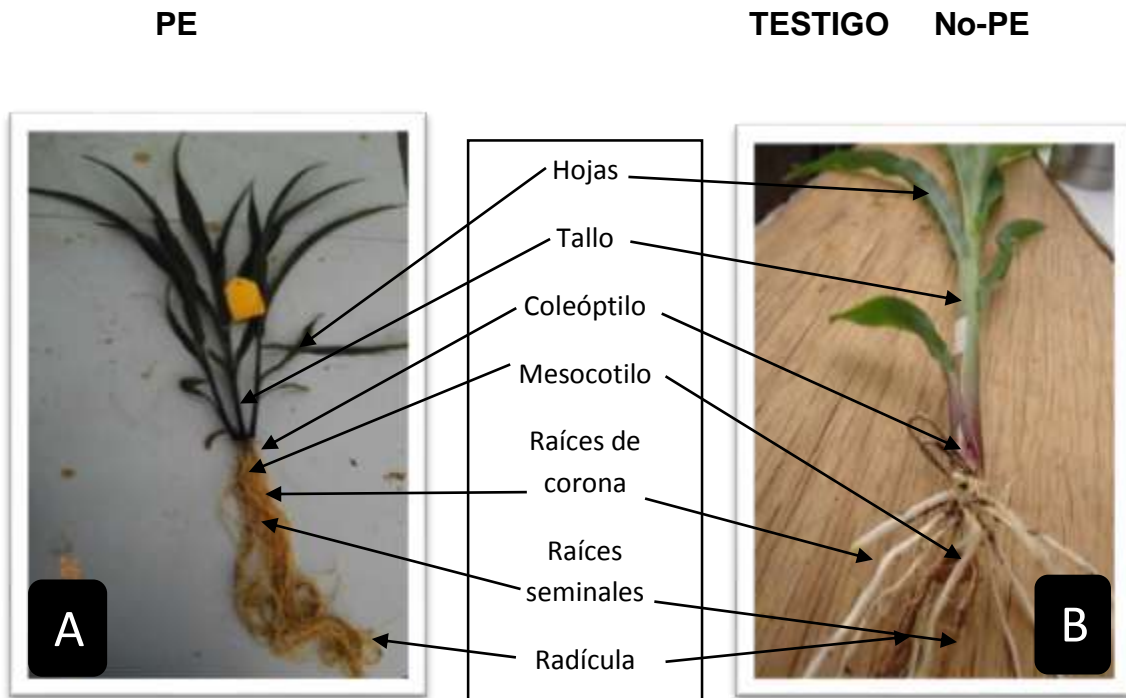


Figura 4.4.6. Tratamiento 30d expresión fenotípica

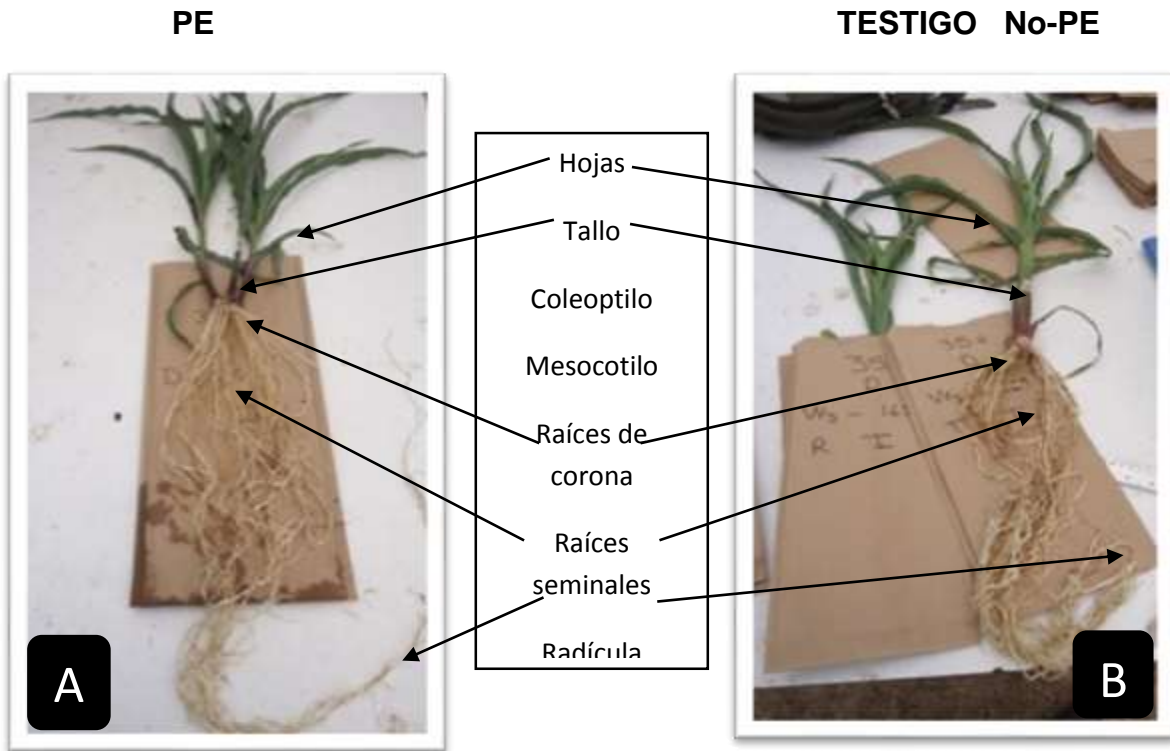


Figura 4.4.7. Tratamiento 35d expresión fenotípica

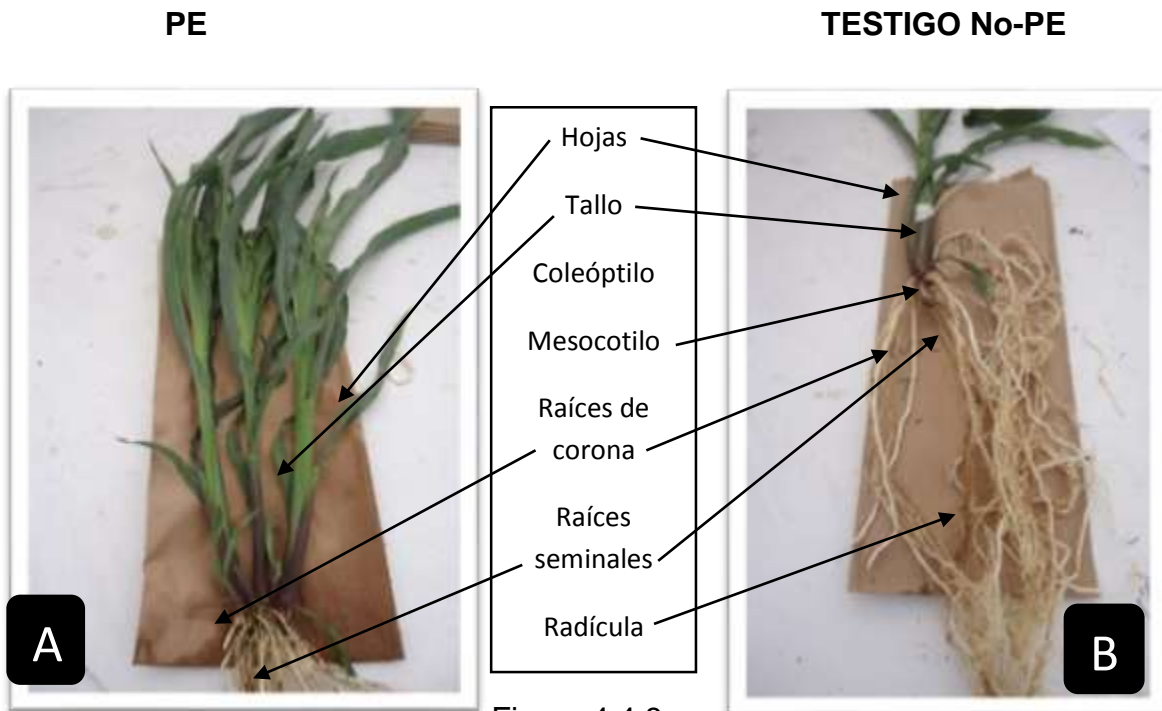


Figura 4.4.8. Tratamiento 40d expresión fenotípica

La galería fotográfica anterior muestra el desarrollo morfológico ascendente para cada una de las fechas de evaluación tomadas como tratamientos, el crecimiento fue marcando pauta en cada uno de los experimentos con la aparición de la radícula, ápice e incidencia de algunas raíces seminales para el tratamiento 5d, para 10d se observaron las primeras hojas verdaderas, mayor desarrollo en radículas y aumento de raíces seminales, en 15d se observaron las primeras raíces de corona así como el incremento de partes vegetativas (hojas, raíces seminales) y desarrollo longitudinal en tallo y sistema radical. Para los experimentos 20d y 25d, el crecimiento fenotípico fue superior a las primeras fechas debido a que desarrollo foliar juega un papel muy importante para el proceso de fotosíntesis. En 30d, 35d y 40d las raíces de corona sustituyen a las raíces seminales ya que cuentan con un mayor grado de desarrollo.

En el experimento 40d, donde se inicia la etapa juvenil y se manifiesta la diferenciación sexual se realizó un análisis interno para la identificación estructuras masculinas y femeninas, al igual que el crecimiento y/o elongación de nudos y entre nudos, Figura 4.5.



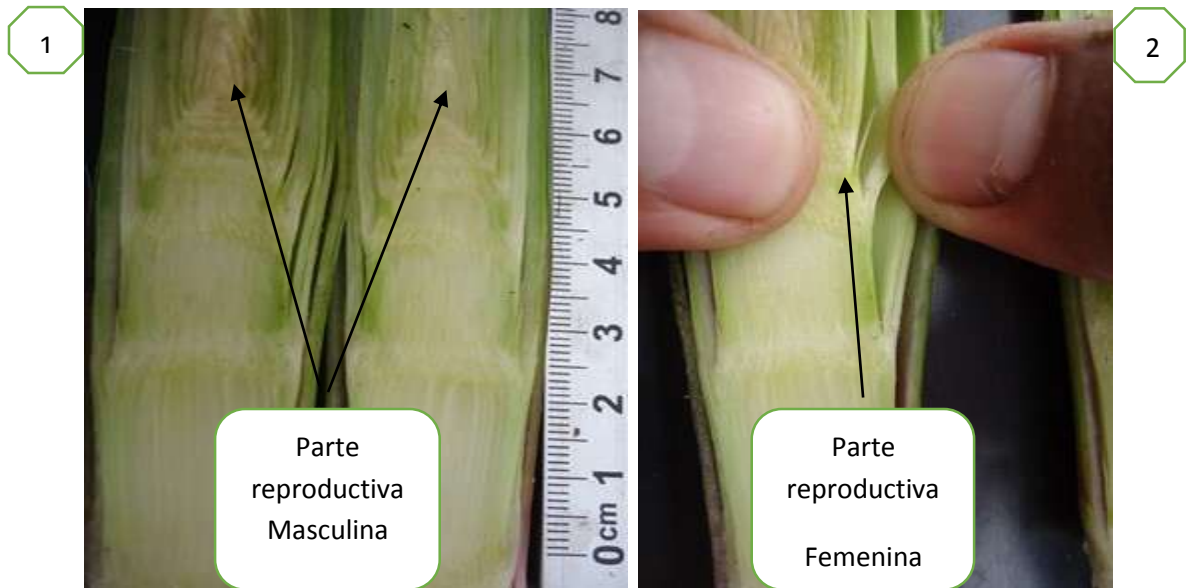


Figura 4.5 corte longitudinal de una planta indicando las partes reproductoras.

En la figura 1 del extremo izquierdo se observa la elongación del tallo hasta dicha fecha 40d, cabe mencionar que dicho desarrollo en la fecha 35d no estaba muy diferenciado, en la parte superior se observó la parte masculina (espiga) de la planta. La figura 2 del extremo derecho muestra la parte femenina (jilotes) de la plántula ubicada en los entrenudos de la planta. Observables a partir de la etapa V6 según Ritchie (1992).

En el (cuadro 4.4.A.)(Cuadro 4.4.B) se ilustran los comportamientos en base a los promedios de las variables métricas cuantitativas en los diferentes genotipos para cada tratamiento.

Cuadro.4.4 A. Valores promedio de las variables métricas a través de experimentos.

<b>Variables</b>	<b>PIS</b>	<b>LT</b>	<b>LR</b>	<b>NRS</b>	<b>NRC</b>	<b>NH</b>
<b>Tratamiento</b>						
<b>5d</b>	0.35 ± 0.01	sd	2 ± 1	sd	sd	sd
<b>10d</b>	0.33 ± 0.02	5 ± 0.32	19 ± 1	3.6 ± 0.2	0.44 ± 0.1	0.66 ± 0.1
<b>15d</b>	0.33 ± 0.02	9 ± 0.8	32 ± 0.81	3.4 ± 0.3	4.0 ± 0.5	1.8 ± 0.14
<b>20d</b>	0.33 ± 0.01	13 ± 0.7	44 ± 1	4.2 ± 0.8	6.1 ± 0.5	2.2 ± 0.13
<b>25d</b>	0.34 ± 0.03	19 ± 1	61 ± 7	3.5 ± 0.003	9.0 ± 0.6	3.3 ± 0.20
<b>30d</b>	0.34 ± 0.02	22 ± 1	68 ± 1	3.4 ± 0.3	10.7 ± 0.5	4.0 ± 0.14
<b>35d</b>	0.32 ± 0.03	26 ± 1	77 ± 1	3.5 ± 0.4	13.7 ± 1.0	4.6 ± 0.21
<b>40d</b>	0.34 ± 0.02	34 ± 0.6	81 ± 1	3.7 ± 0.01	16.8 ± 0.4	6.0 ± 0.11

PIS= Peso Inicial Semilla, LT= Longitud de Tallo, LR= Longitud de Radícula, NRS= Numero de Raíces Seminales, NRC= Numero de Raíces De Corona, NHJS= Numero de Hojas, sd= sin dato.

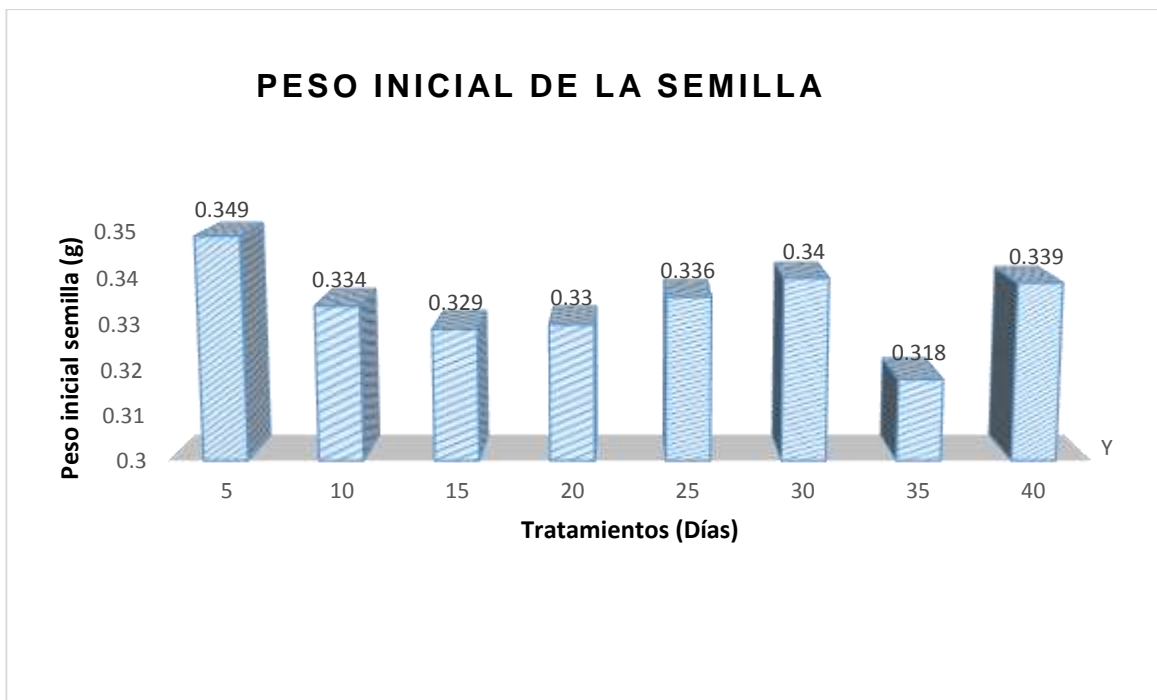
Cuadro.4.4 B..... Continuación del cuadro 4.4 A. Valores promedio de las variables métricas de experimentos.

<b>Variables</b>	<b>PFT</b>	<b>PFR</b>	<b>PST</b>	<b>PSR</b>	<b>PST \ PFT</b>	<b>PSR \ PFR</b>
<b>Tratamiento</b>						
<b>5d</b>	sd	0.60 ± 0.03	sd	0.31 ± 0.09	sd	sd
<b>10d</b>	0.60 ± 0.08	1.2 ± 0.05	0.05 ± 0.007	0.22 ± 0.02	0.08	0.18
<b>15d</b>	1.7 ± 0.3	2 ± 0.3	0.22 ± 0.02	0.22 ± 0.01	0.13	0.11
<b>20d</b>	3.5 ± 0.1	3.9 ± 0.3	0.41 ± 0.03	0.32 ± 0.02	0.12	0.08
<b>25d</b>	9.6 ± 1.2	6.4 ± 0.6	1 ± 0.1	0.5 ± 0.04	0.10	0.08
<b>30d</b>	18 ± 2.8	11.2 ± 1.9	2.1 ± 0.41	0.8 ± 0.09	0.12	0.007
<b>35d</b>	37.6 ± 1.6	24.2 ± 0.6	6.8 ± 0.9	1.8 ± 0.03	0.18	0.07
<b>40d</b>	75 ± 2.2	36.8 ± 2.9	7.7 ± 0.7	2.7 ± 0.2	0.10	0.07

PFT=Peso Fresco Tallo, PFR= Peso Fresco Raíz, PST= Peso Seco Tallo, PSR= Peso Seco Raíz. PSR/PFR=Acumulación de materia seca raíz. PST/PFT=Acumulación de materia seca tallo.

El análisis de las diferentes variables expresan el comportamiento respecto al tiempo, esto es que por cada día que pasa se tiene un desarrollo porcentual en cada una de las estructuras anatómico-morfológicas de los genotipos bajo estudio.

Los resultados ilustran que las medias generales para peso inicial de semilla (PIS) oscilan entre 0.35 a 0.32 (g) en todas las muestras tomadas para los 8 tratamientos Gráfico 4.1, y Figura 4.1, mientras que el número de raíces seminales (NRS) estuvo oscilando entre 3 y 4 raíces.

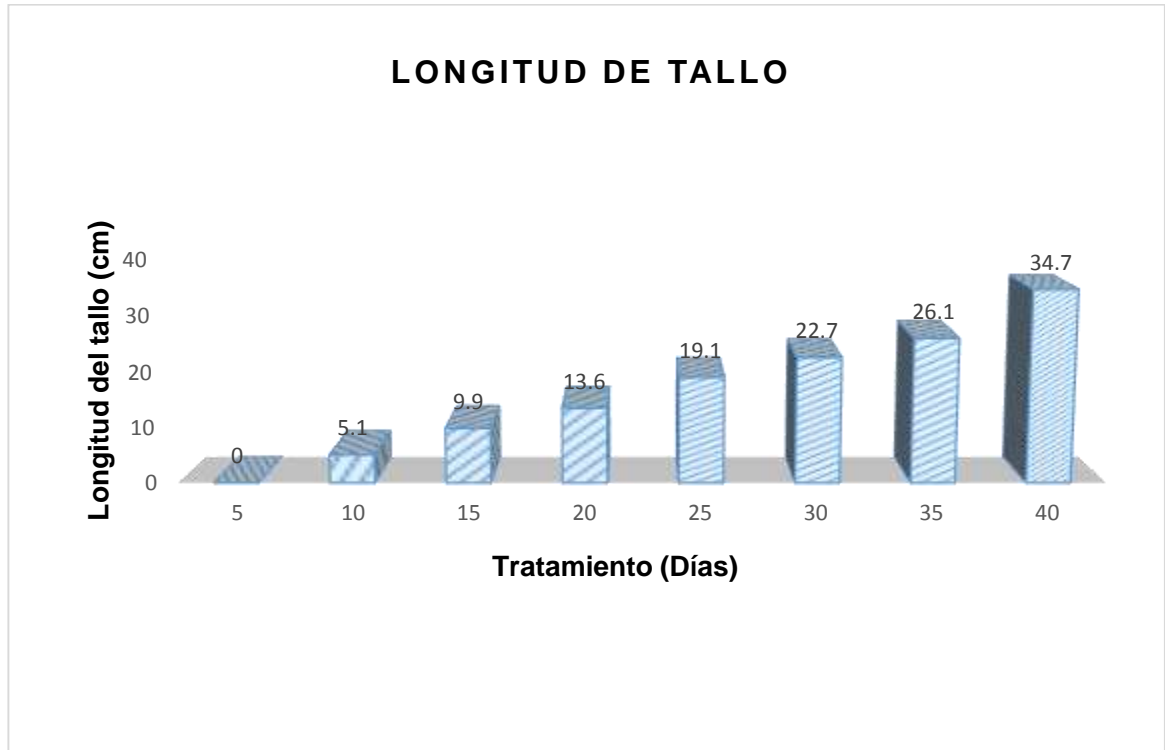


Gráfica 4.1. Valores promedio del (PSI), muestra aleatoria por experimento.

Se observan que en lo general la totalidad de las semillas provenientes de los 4 genotipos mostraron el mismo peso inicial con lo que se afirma que las semillas tiene prácticamente el mismo reservorio nutricional, el Gráfico 4.1 indicó un tamaño estándar o estable, lo que se observa que para iniciar el desarrollo de las

plantas y sus estructuras anatómicas, las semillas tiene la misma capacidad y/o reserva nutricional.

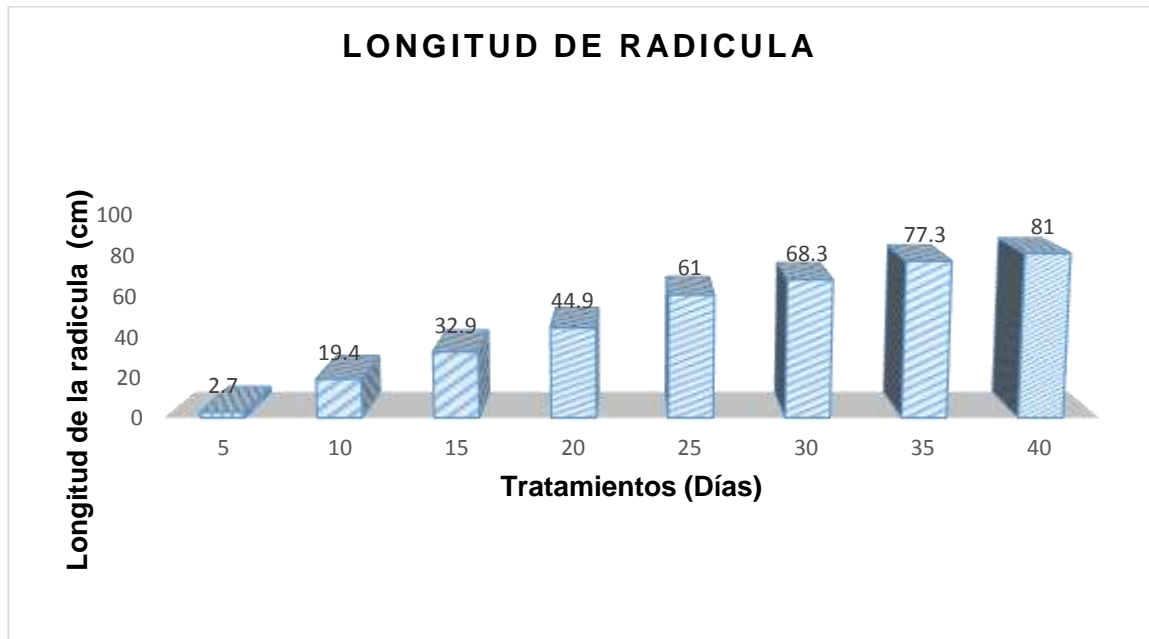
El experimento muestra un comportamiento estable al crecimiento durante los 40 días de evaluación Grafico 4.2.



Grafica 4.2. Comportamiento ascendente del tallo (cm).

La variable Longitud de Tallo (LT), se registró en centímetros, del primer nudo superficial visible (cuello o nudo vital de la planta) hasta la parte superior del cogollo Figuras 4.4.6 A y B 30d, de acuerdo a cada uno de los genotipos. A medida que progresan los días experimentales, los resultados de los valores indicaron un orden ascendente reflejando claramente el efecto de crecimiento Grafica 4.2.

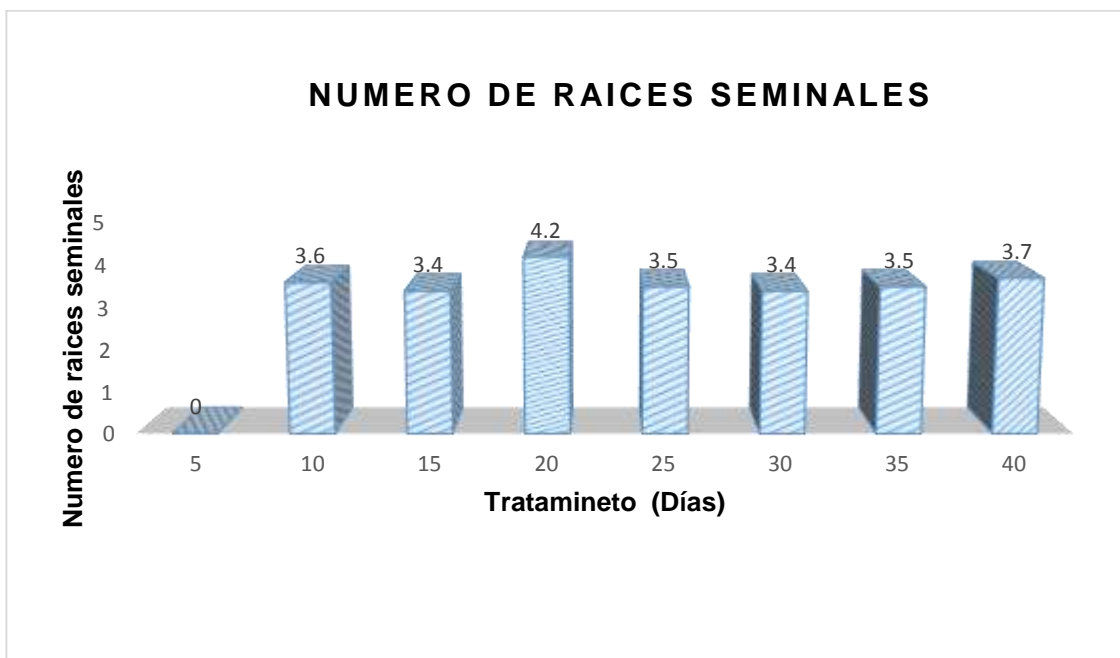
En el caso Longitud de Radícula (LR) la medida se tomó del cuello y hasta la punta distal de la radícula para cada genotipo. El desarrollo fue en incremento ascendente que oscila desde los 2 cm a 81 cm como lo muestra la gráfica 4.3.



Grafica. 4.3. Comportamiento ascendente de la radícula (cm).

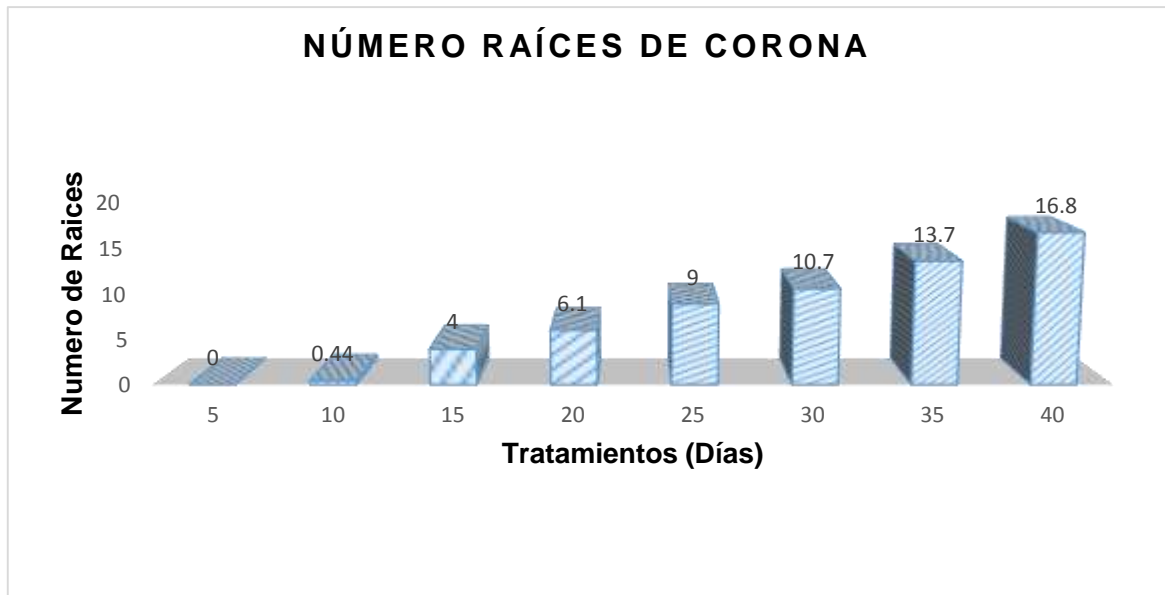
Esta variable, al igual que las variables de número, también expresa un punto de desarrollo al normal ascendente, lo cual se aprecia al pasar del tratamiento 20d al 25d, un incremento que probablemente se debe al efecto de la fisiología de la planta, una vez agotada la reserva del grano inicia uso amplio de la fotosíntesis como principal proveedor de energía (fotosintatos), útiles para el buen desarrollo de las plantas juveniles, Figuras en apartado 4 expresión fenotípica de plántulas PE y No-PE, expresado a través de los ocho tratamientos.

El número raíces seminales (NRS), junto con una raíz primaria o radícula, son las que proporcionan los primeros suministros de agua y sales solubles al proceso de germinación y las primeras etapas de la plántula Hochholdinger et al., (2004), los resultados presentados Cuadro 4.4 A y Grafica 4.4, determinan un aumento después de que emerge la radícula, los dos tipos de raíz se desarrollan, manifestando raíces laterales, crecimiento secundario, terciario, etc. y pelos radiculares, el cual virtualmente se detiene completamente su crecimiento en la etapa de tres hojas de la plántula indicó Paliwall, et al., (2001), los resultados indican que las RS son sustituidas por las raíces de corona (RC) a partir de tratamiento 20d donde detienen su crecimiento.



Grafica 4.4 Comportamiento del NRS a través de experimentos.

La variable como lo es (NRC) muestra un desarrollo ascendente de acuerdo a cada tratamiento Gráfica 4.5.

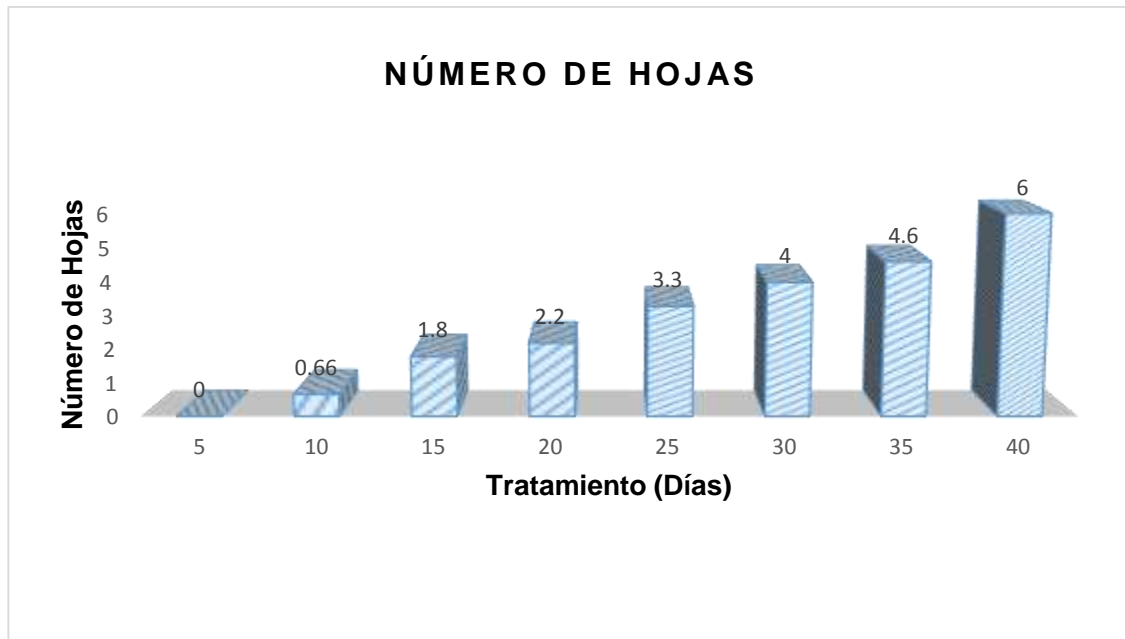


Gráfica 4.5. Comportamiento ascendente del número de raíces de corona.

El sistema de raíces nodulares o de corona se inicia en la etapa VE, donde el primer conjunto de raíces aparece del nudo coleoptilar, y procede a alongarse durante V1. A partir de aquí, estas raíces crecen en número y desarrollo a lo largo de las etapas V1 a R3. Después es un poco limitado el incremento de raíces nodulares, estas pueden progresar y/o aparecer en el tallo fuera del suelo entre los nudos 7 y 10, Ritchie et al., (1982).

Los resultados expresados en los experimentos para la variable número de hojas (NH) indican un incremento mayor entre los tratamientos (25d, 30d, 35d y 40d) es en esta etapa donde se expresa un funcionamiento de la maquinaria responsable de generar fotosíntesis y sus fotosintátos, ya que se observa un mayor número de hojas como se mencionó antes Grafico 4.6, de acuerdo a lo

expresado por (Steven W Ritchie., 1982), que indica que las hojas son contables a partir de que expresan el collar que es un nudo donde separa la hoja del tallo.



Grafica 4.6 Desarrollo y crecimiento en cuanto al número de hojas.

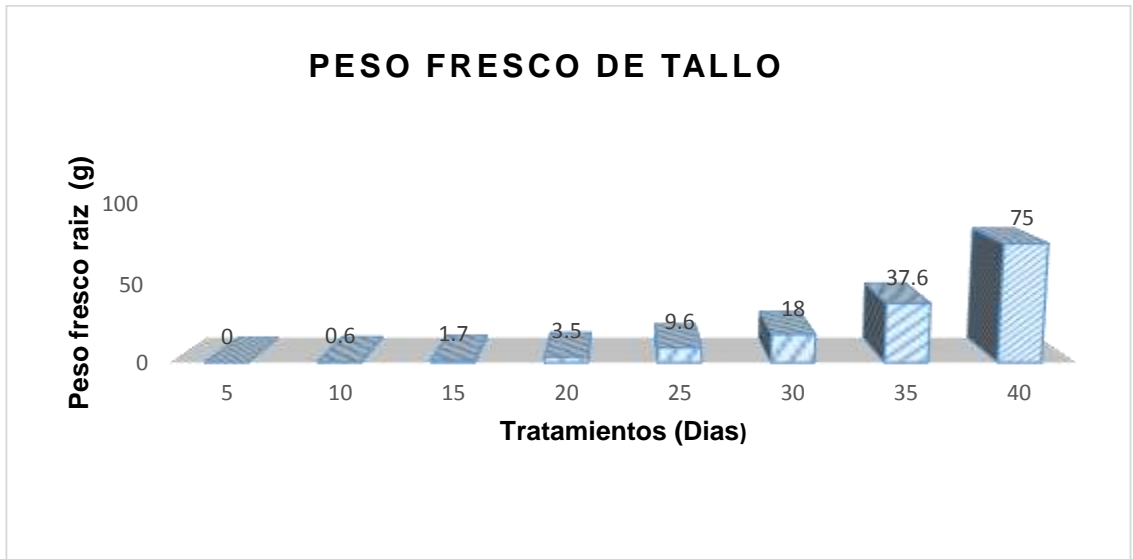
Las variables de peso se tomaron por orden separado primero peso fresco de tallo (PFT), y peso fresco de la parte del sistema radical (PFR) figura 4.4, de la misma manera por separado se obtuvieron los pesos secos de tallo y raíz, para conocer la cantidad de materia seca y agua en cada una de las etapas de evaluación.





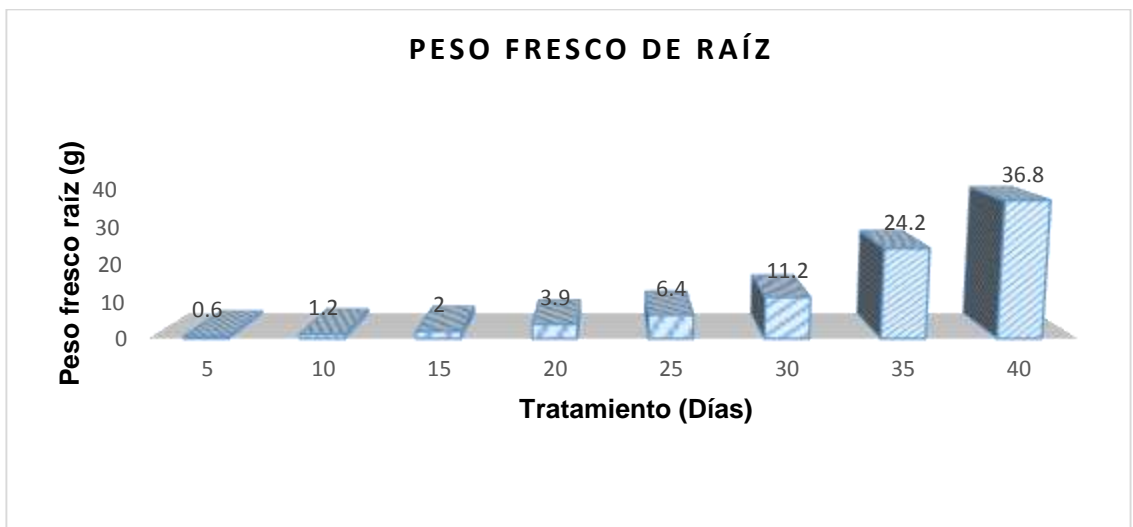
Figura 4.6. Corte transversal para la variable peso (fresco y seco).

Las variables relativas al peso, se toman por orden separado, peso fresco tallo (PFT) y peso fresco raíz (PFR). De la misma manera, por separado se obtuvieron los pesos secos tallo y raíz. El comportamiento de las variables de peso fresco mostraron un desarrollo en orden ascendente respecto a los tratamientos. Algo similar se observó en las variables de peso seco en raíz y tallo. Destacando en los resultados que durante los primeros 4 tratamientos el PFR fue superior al PFT Grafica 4.7 y Grafica 4.8, lo que indican que durante las primeras fechas la plántula se basa al desarrollo radicular buscando ampliar y posicionarse en la mayor parte del medio disponible para aprovechar al máximo todos los recursos necesarios para el crecimiento de la parte aérea, mostrando mayor contenido de agua acumulada en PFR en etapas tempranas, a diferencia de la parte aérea que mostro plantas con tallos delgados y poco desarrollo foliar en los primeros tratamientos.



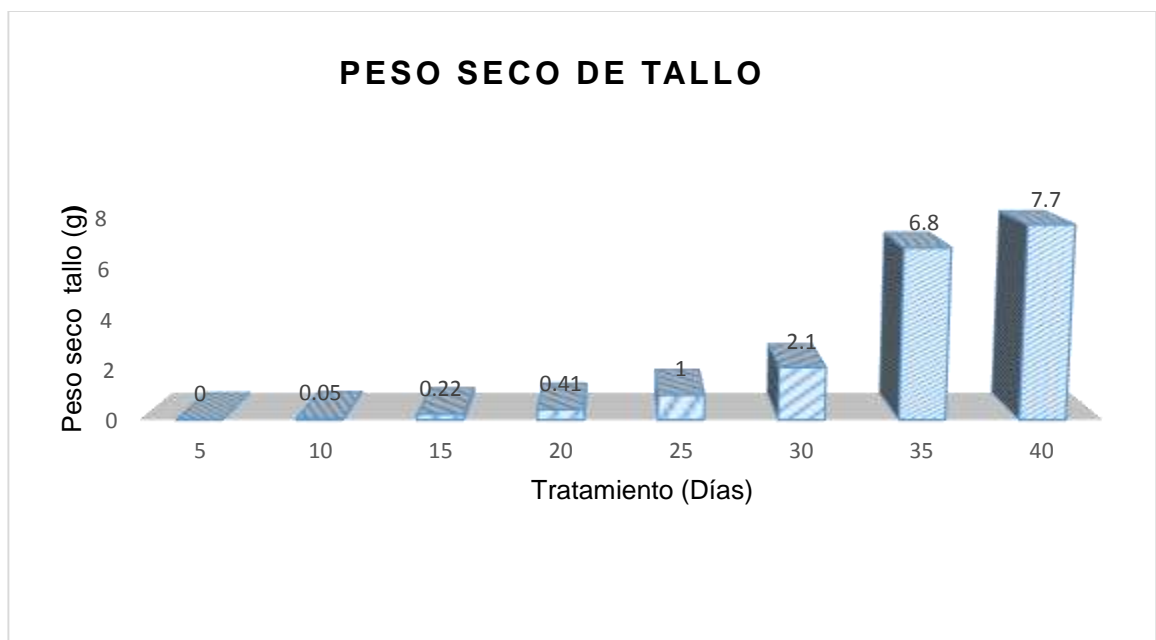
Grafica 4.7. Comportamiento ascendente del Peso fresco de tallo (g).

El comportamiento de las variables después del experimento 25d el PFT es superior al PFR, Gráfico 4.7 y 4.8, demostrando que una vez establecido el sistema radical la plántula tiene una mejor absorción de agua y nutrientes para un buen funcionamiento fotosintético y así tener un desarrollo foliar.



Grafica 4.8 Comportamiento ascendente del peso fresco raíz (g).

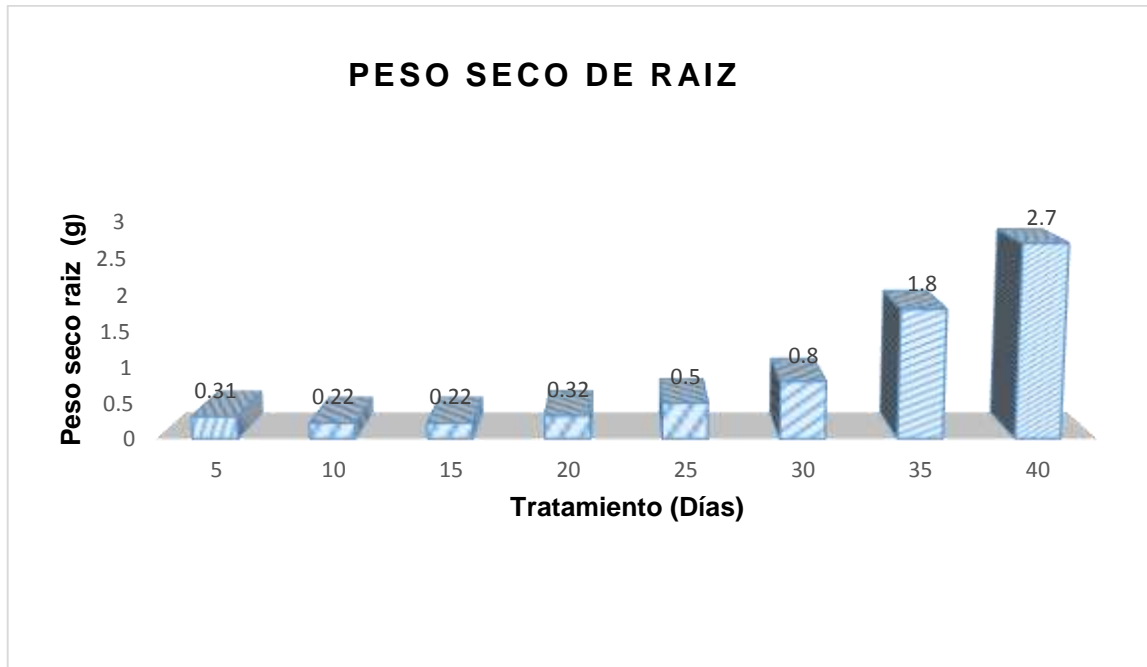
Los valores promedio generales para (PSR y PST) aparecen en los Gráficos 4.9 y 4.10. Las plantas, como la generalidad de los seres vivos, contienen una proporción mayoritaria de agua en su composición corporal, y esta es mayor en las plantas herbáceas que en las plantas perennes, las plantas herbáceas cuentan con una proporción mayor de agua en estado juvenil que en estado adulto o estado de fructificación.



Grafica 4.9 Comportamiento ascendente del peso seco tallo (g).

Los valores en el tratamiento 20d el contenido de materia seca del tallo supero el peso seco raíz ya que al momento de someter al área de secado la raíz la deshidratación fue muy notoria ya que perdía alrededor de 80% de su peso total, mencionando que ya para los tratamientos 15d en adelante se mostraron resultados donde el PST es superior al PSR ya que hay mayor desarrollo en la parte aérea.

Los datos expresados en peso seco de raíz Gráfico 4.10 indicaron que la acumulación de materia seca es en forma ascendente a través de los 8 tratamientos, aunque fue el tratamiento 30d, el efecto mayor desarrollo, y por tanto da inicio a una mayor acumulación de materia seca.



Grafica 4.10. Comportamiento ascendente del peso seco raíz (g).

Las variables de peso seco mostraron la acumulación de materia seca; en general, se puede observar que en las primeras tres fechas experimentales el tallo mostró menor materia seca que la raíz por lo que se concluye que el tallo en los primeros 15 días tiene menos materia seca y más reserva de agua, mientras que la raíz demuestra lo contrario. Pero a partir de los 20d las plántulas revierten la condición, y la parte aérea logra superar en peso al sistema radical, lo que condiciona y expresa que una planta maíz, entre más se aleja del estado

juvenil, tiene mayor acumulación de materia seca. Feil et al., (1990) reportan valores promedios de 90 a 105 mg, en peso seco de raíz y de 120 a 155 mg en tallo para plántulas de 28 días de edad de maíz, crecidas sin fertilizantes. El incremento en biomasa puede ser observado en las Figuras en apartado 4, expresión fenotípica de plántulas PE y No-PE, expresado a través de los ocho tratamientos.

Los resultados sobre la relación entre la parte aérea y sistema radical en acumulación de materia seca Cuadro 4.5 y Grafico 4.11.

Cuadro. 4.5. Variables relación PSR/PST y PST/PSR.

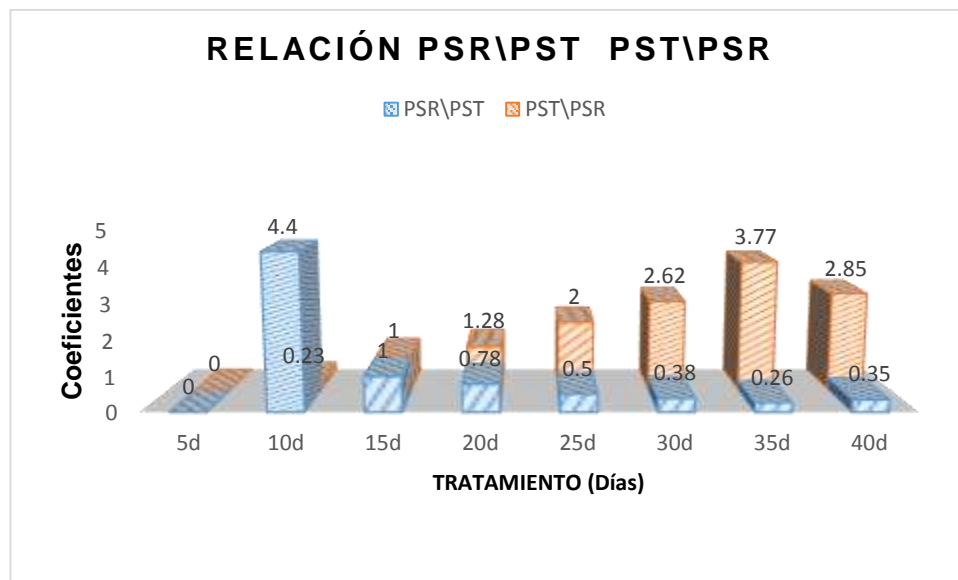
<b>Variable Tratamiento</b>	<b>PSR/PST</b>	<b>PST/PSR</b>
<b>5d</b>	sd	sd
<b>10d</b>	4.4	0.23
<b>15d</b>	1.0	1.0
<b>20d</b>	0.78	1.3
<b>25d</b>	0.50	2.0
<b>30d</b>	0.38	2.6
<b>35d</b>	0.26	3.8
<b>40d</b>	0.35	2.8

5d, 10d, 15d, 20d, 25d, 30d, 35d, 40d,= fechas de evaluación. PSR/PST= Acumulación de materia seca en base raíz. PST/PSR= Acumulación de materia seca en base al tallo. sd=sin dato.

Los resultados que se obtuvieron durante cada uno de los tratamientos en la relación (PSR/PST) demostraron como el porcentaje de materia seca después del primer tratamiento, actúa de forma descendente hasta los 20d, de ahí el porcentaje se mantiene de 50 a 38 por ciento. Por otra parte, en (PST/PSR) se observa que el proceso es ascendente y a partir de 20d el cociente toma valores de 2.0 hasta 3.8, en acumulación de materia seca, los resultados indicaron que

en las dos variables, a partir de 20d, los valores crecen en sus tasas de cambio, lo cual pudiera significar que en plantas juveniles de maíz, en el periodo de 21 a 40 días de edad, se privilegia el crecimiento acelerado de la parte aérea, en contraposición con la acumulación de materia seca en el sistema raíz.

El valor encontrado en este trabajo de tesis para PSR/PST en 15d, cociente de 1, valor reportado por Meraz, (2014) quien reporta valores mayores a 1 en sus poblaciones evaluadas para planta adulta, esto puede radicar en que los valores podrían depender del material genético manipulado. Para una mejor comprensión del comportamiento de los cocientes obtenidos en el Cuadro 4.5, se recomienda Gráfico 4.11, donde puede visualizarse el cambio en sentido opuesto de cada grupo de cocientes (PSR/PST y PST/PSR).



Grafica 4.11 comportamiento de la relación PSR/PST y PST/PSR.

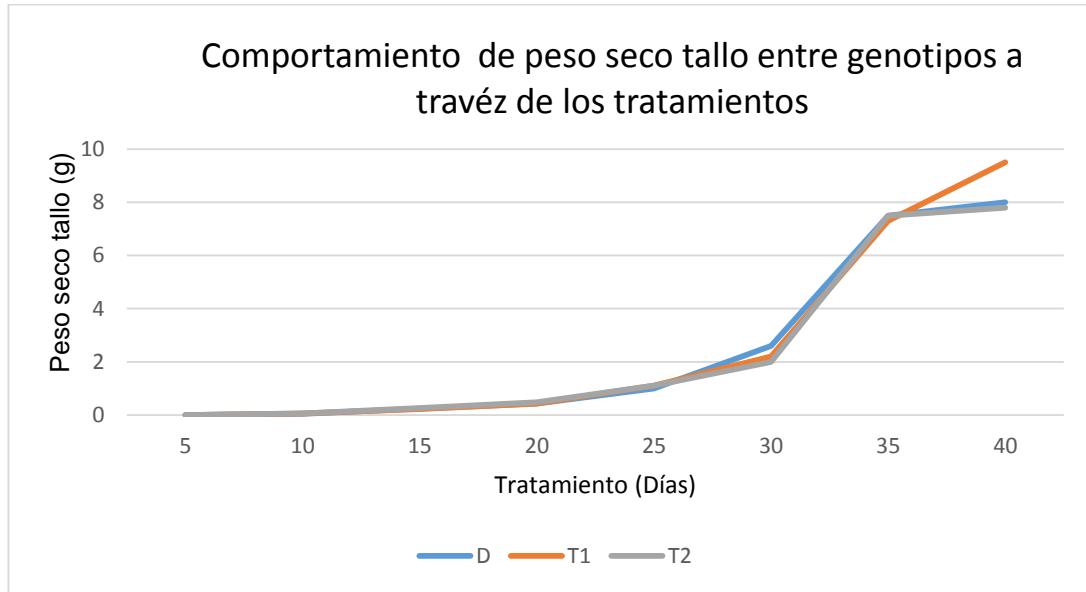
La materia seca acumulada se analizó entre genotipos tomando en cuenta los promedios arrojados para cada material genético utilizado, los datos se ilustran en el cuadro 4.6.

Cuadro. 4.6. Comportamiento promedio de peso seco tallo entre genotipos.

<b>Genotipos</b>	D	T1	T2
<b>Tratamientos</b>			
<b>5d</b>	0	0	0
<b>10d</b>	0.053	0.064	0.057
<b>15d</b>	0.240	0.230	0.260
<b>20d</b>	0.430	0.430	0.480
<b>25d</b>	1.0	1.1	1.1
<b>30d</b>	2.6	2.2	2.0
<b>35d</b>	7.5	7.3	7.5
<b>40d</b>	8.0	9.5	7.8

5d, 10d, 15d 20d, 25d, 30d, 35d, 40d,= fechas de evaluación, D= población BAP, T1=testigo número uno, T2= testigo número dos,

Los resultados que se enlistan en el Cuadro 4.6 los valores promedios de cada uno de los genotipos durante cada fecha de evaluación, para observar la acumulación de materia seca. En tratamiento 5d, no existe valor ya que en esa fecha el desarrollo de la planta es muy corto y no es posible separarlo del sistema radical. Por ello para una mejor comprensión del desarrollo juvenil de la planta se recomienda ver Figuras 4.4 Expresión fenotípica de plántulas PE y No-PE, Figuras A y B, Experimento 5d. En el Gráfico 4.12, se observa la acumulación de materia seca a través de los ocho tratamientos.



Grafica. 4.12. Comportamiento peso seco de tallo entre genotipos.

Como se puede observar los tres genotipos analizados tienen un inicio similar en desarrollo, pero como se ha señalado en otras secciones, los genotipos tienen diferencias a partir del tratamiento 20d, y para la variable (PST) no es la excepción. Los resultados del el Gráfico 4.12, ilustran muy bien que sin duda T1 tiene la capacidad de acumular un poco más de materia seca que el T2 y D, en el tratamiento 40d, la población BAP tiene un comportamiento igualitario a T2, sin embargo, los resultados permiten señalar que en fecha 25d a 35d, “D” supera a T1 y T2, lo que pudiera significar que en esa edad las plántulas BAP, incorpora mayor energía al desarrollo aéreo.

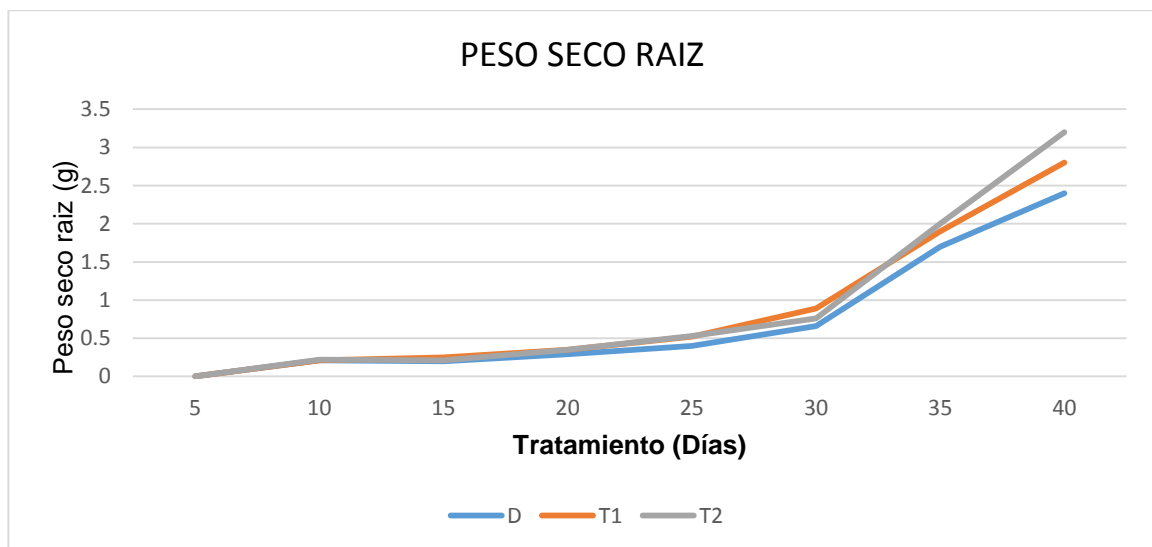


Cuadro. 4.7. Comportamiento peso seco de raíz entre genotipos.

Genotipos Tratamientos	D	T1	T2
5d	0	0	0
10d	0.21	0.21	0.22
15d	0.20	0.25	0.21
20d	0.29	0.35	0.35
25d	0.40	0.52	0.53
30d	0.66	0.89	0.76
35d	1.7	1.9	2.0
40d	2.4	2.8	3.2

5d, 10d, 15d 20d, 25d, 30d, 35d, 40d,= fechas de evaluación, D= población BAP, T1=testigo número uno, T2= testigo número dos.

El comportamiento de los genotipos en la parte radicular se observa en el Gráfico 4.13, donde los resultados indicaron un comportamiento similar a peso seco de tallo. El (PSR) para los tres genotipos D, T1, y T2 la acumulación de peso tuvo un crecimiento similar hasta el tratamiento 20d, pero T1 y T2 despegan de manera sobresaliente, en el tratamiento 35d. Es notable que la población BAP en el tratamiento 25d es inferior a los testigos, lo cual no logra superarse durante el resto de la experimentación 40d, Grafico 4.13.



Grafica. 4.13. Comportamiento peso seco de raíz entre genotipos.

En el Cuadro 4.8, se presentan el señalamiento de significancia estadística para cada tratamiento en las variables de respuestas, las diferencias significativas se señalan con uno o dos asteriscos (sea  $p \leq 0.05$ ,  $p \leq 0.01$ ). En cada señalamiento con asterisco se expresan que al menos uno de los genotipos muestra mayor desarrollo o, en caso contrario, menor desarrollo como se observa en algunas variables, existen más diferencias entre tratamientos que en otras, esto quiere decir que al menos uno de los genotipos puede ser más efectivo en el desarrollo de las estructuras anatómicas y/o crecimiento. Como puede apreciarse Cuadro 4.8, en lo general hubo pocas diferencias estadísticas entre genotipos a través de los experimentos y variables de respuestas consideradas en este estudio, es interesante observar que del conjunto de variables, tres de las mismas presentaron sensibilidad a influencia de genotipos y estados de desarrollo, a los cuales se les aplicó pruebas de rango múltiple (Tukey,  $\alpha \leq 0.05$ ), que analizó e identificó en concreto qué genotipos expresan valores sobresalientes a los demás en las diferentes variables y a través de los tratamientos.

Cuadro 4.8. Nivel de significancia de acuerdo al análisis de varianza y expresados mediante la prueba de medias Tukey.

TRAT	5d	10d	15d	20d	25d	30d	35d	40d
<b>VAR</b>								
<b>PIS</b>	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
<b>PG</b>	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
<b>LR</b>	ns	ns	**	ns	ns	*	**	**
<b>PF TOT</b>	ns							
<b>PS</b>	ns							
<b>TOT</b>								
<b>NRS</b>	nd	**	ns	ns	ns	*	ns	ns
<b>NRC</b>	nd	**	ns	**	ns	ns	**	**
<b>NH</b>	nd	ns	ns	ns	ns	ns	ns	*
<b>LT</b>	nd	**	ns	*	ns	**	*	**
<b>PFR</b>	nd	**	ns	ns	*	ns	**	*
<b>PFT</b>	nd	ns	ns	ns	ns	ns	ns	**
<b>PSR</b>	nd	ns	ns	ns	ns	ns	**	**
<b>PST</b>	nd	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns

5d, 10d, 15d, 20d, 25d, 30d, 35d, 40d= fechas de evaluación (tratamientos). PIS, PG, LR, NRS, NRC, NH, LMES, LT, PFR, PFT, PSR, PST= variables evaluadas, (\*) significativo, (\*\*) altamente significativo, NS= No significativo, nd= no distinguible.

Los Cuadros 4.9 A y 4.9 B, concentra los resultados de las diferentes variables que en los 8 tratamientos mostraron significancia estadística entre genotipos de acuerdo al ANOVA aplicado, tomando en cuenta para una comparación más crítica se aplicó una prueba de rango múltiple (Tukey,  $\alpha < 0.05$ ) para expresar así los genotipos sobresalientes y marcar así la diferencia entre los resultados.

Cuadro 4.9.A. Agrupamiento de medias Tukey

	TRAT	5d	10d	15d	20d	25d	30d	35d	40d
<b>VAR</b>	<b>GEN</b>								
<b>PIS</b>	<b>D</b>	0.345 b	0.320	0.335	0.325	0.315	0.310	0.305	0.320
	<b>T1</b>	0.365 ab	0.365	0.360	0.345	0.360	0.380	0.345	0.390
	<b>T2</b>	0.375 a	0.355	0.315	0.335	0.365	0.345	0.330	0.330
<b>PG</b>	<b>D</b>	90	90	88	88	94	88	97	88
	<b>T1</b>	92	96	83	96	90	100	100	100
	<b>T2</b>	87	91	96	96	85	85	85	85
<b>LT</b>	<b>D</b>	sd	4.0 b	9.0	11.8 b	15.8	19.1 b	22.9 b	30.4 b
	<b>T1</b>	sd	6.7 a	9.8	14.2 ab	20.7	25.5 a	28.5 a	39.6 a
	<b>T2</b>	sd	6.2 a	10.7	14.7 a	20.3	22.4 ab	27.8 a	37.2 a
<b>LR</b>	<b>D</b>	sd	19.9	33.2 ab	42.9	51.0	65.1 b	77.1 b	79.9 ab
	<b>T1</b>	sd	21.4	30.2 b	42.2	57.2	76.7 ab	66.8 b	76.9 b
	<b>T2</b>	sd	20.0	35.2 a	44.2	69.8	70.1 a	87.0 a	83.9 a
<b>NRS</b>	<b>D</b>	sd	2.8 b	3.1	3.3	3.1	2.9 b	3.1	4.0
	<b>T1</b>	sd	4.2 a	3.5	5.0	3.8	3.6 ab	3.8	3.8
	<b>T2</b>	sd	4.1 a	3.9	5.4	4.0	4.1 a	4.0	3.8
<b>NRC</b>	<b>D</b>	sd	0.3 b	4.6	6.7 ab	9.9	12.5	17.2 a	19.6 a
	<b>T1</b>	sd	0.8 a	3.9	5.4 b	9.3	10.8	12.6 b	16.7 b
	<b>T2</b>	sd	0.6 ab	4.6	7.4 a	9.2	10.8	14.4 ab	17.5 b

5d, 10d, 15d, 20d, 25d, 30d, 35d, 40d= fechas de evaluación (tratamientos). GEN= Genotipos, T1, T2= Testigos, D= población de interés BAP, PIS= Peso Inicial Semilla, PG= Porcentaje de Germinación, LT= Longitud de Tallo, LR= Longitud de Radícula, NRS= Numero de Raíces Seminales, NRC= Numero de Raíces de Corona, sd= sin dato.

En el caso de las variables que no muestran diferencia significativa entre genotipos en las medias antes mencionadas aparecen sin letra acompañante (Cuadro.4.9.A.)(Cuadro.4.9B). Destacando que como el T2 fue discriminado desde un inicio por su mal desarrollo, en este apartado se llegó a la conclusión de representar el T3 con las siglas T2 para una mejor congruencia entre los datos presentados.

En función a los resultados de las pruebas de medias Tukey aplicada al genotipo de interés D y a los dos testigos considerados T1 Y T2, se muestran las diferencias entre ellas en base a las variables de acuerdo a los tratamientos. Las variables donde se mostraron diferencias estadísticas entre los genotipos con mayor relevancia siendo declaradas las más sensibles a posibles diferencias son LR, RC y LT, Cuadro 4.9 A.

En el caso de la variable PIS se observa que en lo general, los tres genotipos presentaron un peso promedio de grano, en monto similar, la cual puede tomarse como medida indirecta de la reserva nutrimental para sufragar el proceso de germinación y emergencia de la plántula. La única diferencia significativa para genotipos detectada en la variable PSI, fue en el experimento 5d, y puede tomarse como caso de efecto de muestreo, ya que el peso general para los genotipos, determina en una muestra de 450 semillas para cada uno, pesadas de manera individual, fue como se sigue; BAP o D =  $315 \pm 50$  mg, T1 =  $362 \pm 50$  mg, Y T2 =  $349 \pm 70$  mg lo cual permite concluir que si las semillas comparten la misma reserva nutrimental la población BAP puede hacer un mejor uso de estas reservas ya que tiene la capacidad de generar más de un tallo por semilla.

La variable longitud de tallo (LT) es una de las variables que mostraron sensibilidad a las etapas de crecimiento y a la diferencia entre genotipos. Es pertinente señalar que la medida analizada de LT en los genotipos, es de hecho el promedio de dos o tres tallos, en el 70 % de los casos, para el genotipo BAP o D. En términos estrictos, estas plantas han desarrollado al menos el doble del valor que se consigna en los promedios derivados de las pruebas de Tukey. La

razón de tomar el promedio de 2 o 3 tallos en D, fue para hacerlos comparables con los testigos, que sólo producen tallos individuales. De acuerdo con estos argumentos y los datos observados, LT no responde a las etapas de crecimiento en relación con los testigos hasta el experimento 35 y 40d, lo cual se atribuye al gen br-2 o braquítico (Enano) de alta Frecuencia Poliembriónica, que causa enanismo en la planta, lo cual no se muestra en la población NAP donde dicha población si alcanza el desarrollo normal en relación a los testigo, (Comentario personal Vela 2014).

La variable LR se observa con un desarrollo de acenso a través de tratamientos, y con las medidas de crecimiento en cada cinco días, empezando desde 5d hasta 40d, se estima que la radícula crece 2.0 cm por día. Los ANOVA permiten detectar diferencias significativas ( $p \leq 0.01$ ) en los experimentos 15d, 30d, 35d y 40d y en el resto de ellos, estadísticamente igual a los testigos. En el tratamiento 40d donde D es estadísticamente igual al T3.

En el caso de las variables NRS y NRC, y observando detenidamente el cuadro 4.8, puede decirse que las diferencias entre genotipos en NRS es solo en dos casos en los experimentos 10d y 30d, donde D es inferior a los dos testigos, pero puede considerarse un resultado marginal, ya que en los otros seis experimentos fue estadísticamente igual a los testigos. El NRC es una de las tres variables sensibles a los efectos de las etapas de desarrollo (10d, 20d, 35d y 40d) y ha diferencias en el comportamiento de genotipos. En la etapa temprana "D" fue estadísticamente inferior a los testigos, probablemente porque las

plántulas D aun dependen de la reserva nutrimental y está obligada a utilizarla de manera eficiente para el desarrollo de estructuras anatómicas dobles. Las diferencias ( $p \leq 0.01$ ) en el experimento 35d, y 40d la situación se revierte a BAP (D), supera a los testigos y a pesar de ser el genotipo inferior en 10d, al superior en 35d y 40d. La explicación más razonable es que las plántulas hermanas dobles, germinadas de una semilla, presentan un mayor perímetro en el cuello vital, donde se concentran los nudos basales de las plántulas, y de donde emergen las raíces de corona, mientras que los testigos, maíz común, sólo presentan un tallo, y por lo mismo, un perímetro menor, y menos número de raíces nodulares y de corona.

Para el caso de la variable NH la única diferencia significativa para genotipos detectada, para el experimento 40d, mostrado en el análisis de varianza y la consecuente prueba de Tukey dada por el ANOVA. Cuadro 4.9 B.

Cuadro 4.9.B. Agrupamiento de medias Tukey

	TRAT	5d	10d	15d	20d	25d	30d	35d	40d
<b>VAR</b>	<b>GEN</b>								
<b>NH</b>	<b>D</b>	sd	0.62	1.6	2.1	3.3	4.3	2.4	6.1 ab
	<b>T1</b>	sd	0.95	1.7	2.2	3.3	3.8	1.6	5.7 b
	<b>T2</b>	sd	0.77	2.0	2.4	3.4	4.0	1.8	6.2 a
<b>PFT</b>	<b>D</b>	sd	0.67	2.0	3.7	9.8	18.7	39.1	77.8 b
	<b>T1</b>	sd	0.77	1.6	3.6	10.7	20.5	37.9	89.9 a
	<b>T2</b>	sd	0.67	2.1	4.1	11.2	18.1	42.5	78.2 b
<b>PFR</b>	<b>D</b>	sd	1.1 b	2.0	3.5	5.2 b	9.7	22.2 b	30.9 b
	<b>T1</b>	sd	1.4 a	1.8	4.0	7.1 ab	12.2	22.8 b	43.2 a
	<b>T2</b>	sd	1.3 ab	2.4	4.3	7.9 a	11.1	27.3 a	39.3 ab
<b>PST</b>	<b>D</b>	sd	0.053	0.24	0.43	1.0	2.6	7.5	8.0
	<b>T1</b>	sd	0.064	0.23	0.43	1.1	2.2	7.3	9.5
	<b>T2</b>	sd	0.057	0.26	0.48	1.1	2.0	7.5	7.8
<b>PSR</b>	<b>D</b>	sd	0.21	0.20	0.29	0.4	0.66	1.7 c	2.4 b
	<b>T1</b>	sd	0.21	0.25	0.35	0.52	0.89	1.9 b	2.8 ab
	<b>T2</b>	sd	0.22	0.21	0.35	0.53	0.76	2.0 a	3.2 a

5d, 10d, 15d, 20d, 25d, 30d, 35d, 40d= fechas de evaluación (tratamientos). GEN= Genotipos, T1, T2= Testigos, D= población de interés BAP, NHJS= Numero de Hojas, Peso Seco Tallo, PFR= Peso Fresco Raíz, PST= Peso Seco Tallo, PSR= Peso Seco Tallo, sd= sin dato.

Las variables relativas a peso de las dos partes constitutivas principales de las plántulas de maíz (raíz y parte aérea o tallo) presentaron en común un crecimiento continuo en el periodo experimental de 40 días, observados en ocho experimentos sucesivos de cinco días cada uno. Sin embargo, las diferencias mayores estriban en la velocidad de crecimiento de cada parte y el peso final que se alcanzó en el periodo experimental.

El impacto de las diferencias entre genotipos fue de importancia menor; al respecto, el Cuadro 4.9 B muestra que las cuatro variables de peso (en fresco = PFR, PFT, en seco = PSR, y PST) presentaron casos esporádicos de diferencias estadísticas entre genotipos; de hecho, PFT es **ns** en los ocho experimentos, y



las otras tres (PFR, PSR, y PST) presentaron sólo algunos casos de significancia estadística ( $p \leq 0.01$ ), la primera en el experimento de 40d (T1, el genotipo superior) y la segunda en 10d, 25d, 35d y 40d (T1, T2, T1, T2, el genotipo inferior), y la tercera en el experimento de 35d y 40d (T2, el genotipo superior).

Con base en la información de los Gráficos 4.7, 4.8, 4.9, y 4.10, puede plantearse que las cuatro variables relativas a peso tienen, en lo general, dos etapas de crecimiento, la primera se comprende en los experimentos 5d, al 20d (Etapa Uno), y la segunda (Etapa Dos), en los otros cuatro experimentos (del 25d al 40d). Etapa Uno se caracteriza por una tasa de crecimiento diario promedio bajo, varias veces inferior al que se suscita en la Etapa Dos.

El inicio del proceso germinación-emergencia en maíz se caracteriza por un desarrollo rápido del sistema radical seminal (radícula y raíces seminales), para luego continuar con la aparición del coleóptilo sobre la superficie de siembra, quien propicia la aparición-extensión de la lámina foliar de la primera hoja, acompañada del meristemo apical (cogollo). Con ello se inicia el desarrollo de la parte aérea (tallos-hojas). Los datos globales de los experimentos comprendidos en Etapa Uno, permiten señalar que la variable (PFR) acumula un peso promedio general de 3.9 g a los 20d, por lo tanto, la ganancia de peso diario promedio es de 195 mg. De manera análoga, en esta Etapa Uno, la ganancia de peso diario promedio en (PFT) es de 175 mg, la de (PSR) es de 16 mg, y la (PST) es de 20.5 mg. Como puede apreciarse, las tasas de crecimiento en Etapa Uno son bajas, y se presentan de magnitud semejante, sean valores para peso en fresco, y peso en seco.

En Cuadro 4.7, se consignan los valores promedio para (PSR) por genotipo, señalando a (D) con peso de 290 mg a los 20d, comparable a lo señalado por Domínguez (2013) quien consigna valores entre 133 y 227mg en plántulas de 17 días de edad. En un contexto semejante, Feil *et al.* (1990) Señalan peso seco de raíz para plántulas en etapa V2 (categoría por Ritchie *et al.*, 1992) con valores de 90 a 105 mg, la edad de estas plántulas es comparable a los del experimento 10d de este trabajo de tesis, cuyos valores promedio para (PSR) fueron del orden de 221 mg para el genotipo (C) y 221 mg para el testigo T1 y 222 mg para el testigo T3, notablemente superiores a los consignados por Feil *et al.* (1990).

El (PST) a los 15d y 20d, en este trabajo pueden ser comparables a los de Feil *et al.* (1990) y Domínguez (2013). Los valores en 15d fueron de 240 mg en genotipo (D), 230 mg en T1 y 260 mg en T2, mientras que Feil *et al.* (1990) señalan promedios de 120 a 155 mg, inferiores a los determinados en este trabajo. Por otra parte, Domínguez (2013) consigna valores (PST) de 133 a 227 mg, mientras que los valores en 20d fueron de 430 mg en genotipo (D), de 430 en T1 Y 480 gr en T2, también superiores a los primeros. Las diferencias notables pudieran deberse a la naturaleza de genotipos en cada experimento, y al manejo al que fueron sometidos durante el desarrollo experimental, es común que en estudios de este tipo, el sustrato donde se hacen germinar las semillas sea limitado, utilizando cajas de germinación o macetas, que regularmente son reducidas.

Las tasas de ganancia de peso diario, en Etapa Dos, son notablemente superiores. Para PFR, y PFT, el promedio de ganancia diario fue de 1.6 g y 3.6 g respectivamente, los cuales son de 8 a 20 veces más altas que los alcanzados en Etapa Uno. La alta velocidad de crecimiento documentada en Etapa Dos se debe al crecimiento y desarrollo de las diversas estructuras de las plántulas y planta joven, como son el número creciente de hojas, desarrollo de nudos y entrenudos del tallo, crecimiento de raíces secundarias en radícula y raíces seminales, las cuales ya no crecen en número pero sí en ramificaciones, se deben también a la aparición progresiva de las raíces nodulares o de corona, las cuales son conforman el sistema radical definitivo de la planta.

La ganancia de peso en PFR, PFT, PSR y PST aludidas en esta sección, pueden tomarse en cuenta para señalar dos aspectos relevantes en la valoración de los genotipos bajo estudio. La proporción de sólidos/agua en **raíz** de plántulas Etapa Uno (de 5d a 20d) y planta joven Etapa Dos (de 21d a 40d) fue de 8.2 % y 7.3 % respectivamente. La proporción sólidos/agua en **tallo** planta joven Etapa Dos fue de 11.7 % y 10.3 % respectivamente. Como es del conocimiento general, las plantas herbáceas, y en etapa juvenil, la materia seca es igual o inferior a 10 %, condición que se observa en este trabajo sobre plántulas-plantas jóvenes de maíz. Puede notarse que los porcentajes de materia seca en los primeros 20 días de edad, es mayor con 8 % en raíz, a diferencia de la Etapa Dos. En cuanto al porcentaje de tallo fue un caso similar con 11.7 % mayor en los primeros 20 días, y menor en la Etapa Dos con 10 %.

Es frecuente que los investigadores en temas de desarrollo de plantas-raíz mencionen que la otra mitad de la planta es la raíz. Si el enunciado fuera de valor general, se esperaría que la acumulación de materia seca fuera de monto semejante. De hecho, se ha planteado que en plantas adultas de maíz, la relación ideal entre materia seca raíz/tallo se representa por un cociente igual o cercano a 1.0 (Meraz, 2014). En este trabajo de tesis la proporción PSR/PST en los ocho experimentos (de 5d a 40d) fue en extremo variable, como corresponde al desarrollo inicial y luego acelerado de las plántulas de maíz. De acuerdo a los datos disponibles, los datos de esta relación PSR/PST aparecen en el Cuadro 4.5.

De esta información se desprende que las tres primeras fechas, los cocientes son superiores a 1.0, mientras que los restantes de 20d hasta 40d son menores a 1.0, de hecho el cociente se repite en valores de 0.35. Esto pudiera explicarse por el hecho de que el proceso germinación-emergencia del maíz requiere del desarrollo amplio del sistema radical seminal (SRS) y el origen de las primeras raíces de corona, por lo que presenta un peso mayor. Una vez establecido el (SRS), se acelera la aparición de las estructuras de la parte aérea-tallo, y se logra el desbalance en peso, ya que el tallo acumula más materia sólida que la raíz, de ahí que el cociente PSR/PST sea de un tercio. Todo esto, en etapas de plántula y planta joven.

## V.CONCLUSIONES

De acuerdo a los objetivos y la metodología aplicada en este trabajo de investigación, se puede concluir lo siguiente:

La caracterización fenotípicamente de la población BAP y los testigos comerciales, de naturaleza No-PE, se observó que el peso inicial de la semilla en los diferentes genotipos no presentó diferencias significativas, lo cual indica que en el proceso de germinación los genotipos parten del mismo monto de reservas nutricionales. Concluyendo que la población BAP, aun contando con reservas nutricionales similares con los testigos No-PE, tiene la capacidad de desarrollar dos o más plantas, desde la germinación hasta llegar a los 40 días.

Las variables más relevantes en este trabajo, donde se encontraron diferencias significativas entre genotipos, fueron: número de raíces de corona, longitud de tallo, peso fresco raíz. Digno de comentar es el caso de NRC, la cual se presentó con números inferiores en los genotipos BAP, durante la primera etapa (20 días), pero al final de la segunda etapa (40 días), el número de raíces de corona crece de manera significativa superando a los testigos, avalado estadísticamente. La condición de dos o más tallos favorece la aparición de raíces de corona.

La comparación entre BAP y los testigos en cuanto al desarrollo de la plantas a lo largo de los experimentos, permitió detectar desde las primeras fechas de evaluación que la población D mostró un desarrollo más lento, presentando plantas con tallos más delgados, hojas más reducidas, esto debido mayormente

a la condición braquítica de estos genotipos y en menor medida, la competencia entre dos plantas creciendo en la misma maceta.

La conformación prototipo de las plantas juveniles al final de los 40 días experimentales, teniendo como modelo a las plantas BAP, puede describirse como sigue: número de raíces seminales 3.5, número de raíces de corona 16.8, número de hojas 6, longitud de radícula 81 cm, longitud de tallo 34.7 cm, peso fresco raíz 36.8 g, peso fresco tallo 75 g, peso seco raíz 2.7 g, peso seco tallo 7.7 g.

El desarrollo de plántula-planta juvenil de los genotipos BAP, a lo largo de los experimentos, permitió corroborar que la frecuencia de poliembrionía fue el esperado de acuerdo a los valores generales para la población, que se sitúa entre 55-65 % y la condición braquítica (enanismo) en todos los especímenes estudiados. En este trabajo, la frecuencia general promedio de Poliembrionía, fue de 70% ligeramente superior a lo esperado.

La biomasa raíz, generada al lapso que comprende esta investigación, sitúa una ganancia en peso diario de 16 mg, durante los primeros 20 días de crecimiento, con una media general de 2.7 gramos en la fecha de evaluación 40d. La ganancia de biomasa en tallo, muestra un peso promedio diario de 20 mg en la primera etapa, con una media general de 7.7 gramos en la fecha de evaluación final 40d en planta juvenil. La relación PSR/PST indicó que en los primeros experimentos el cociente fue superior a 1, y en etapas posteriores, el cociente fue inferior a 1, señalando que el PSR representa 1/3 de PST.

Como conclusión la poliembrionía como tal el proceso germinativo parte del mismo monto nutrimental a los testigos, que está encaminada en BAP, a generar dos o más plantas por semilla, en comparación con los testigos No-PE que solo desarrollo un solo embrión por unidad. El desarrollo de estructuras y ganancia en peso de acumulación de materia seca, se muestra en dos etapas, la primera etapa muestra un crecimiento con mayor lentitud en la parte aérea en BAP, pero en la segunda etapa se muestra un poco más competitivo el desarrollo de acuerdo con los testigos, no logra establecer igualdad en LT, al experimento 40d, planta-juvenil, pero si tal vez en etapas más avanzadas.

## VI. LITERATURA CITADA

- Atak Ç., S. Alikamanoğlu, L. Açık And Y. Canbolat.** 2004. Induced of plastid mutations in soybean plant (*Glycine max* L. Merrill) with gamma radiation and determination with RAPD. *Mutation Research* 556: 35-44.
- Bouquet, A., 1980.** “Effect of some genetic and environmental factor son spontaneous polyembryony in grapes (*Vitisvinifera* L.)”. *Vitus*, **19**(2): 134-150.
- CIMMYT.** Centro internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. [www.cimmyt.or.es/investigacion-sobre.variedades-maiz](http://www.cimmyt.or.es/investigacion-sobre.variedades-maiz).
- Dale, N. 1997.** Ingredient analysis table: 1997 edition. Feedstuffs Reference Issue. Vol.69. Num. 30. p. 24-31.
- Doebley, J., Stec, A., Wendel, J. & Edwards, M.** 1990. Genetic and morphological analysis of a maize-teosinte F2 population: implications for the origin of maize. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 87: 9888-9892.
- Domínguez. T. A,** 2013, Parámetros genéticos y características de producción en genotipos de maíz que segregan Poliembrionía, Ingeniero Agrónomo en producción por la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista Coahuila, Mex.
- El Economista** Producción de Maíz en México y en el Mundo <http://eleconomista.com.mx/columnas/agro-negocios/2013/02/11/produccion-maiz-mexico-mundo> 30 de Noviembre del 2014.
- Espinoza J, M C Vega, E Navarro, G A Burciaga (1998)** Poliembrionía en maíces de porte normal enano. *Agronomía. Mesoamericana.* 9:83–88.
- Espinoza. J., L.E. Valdés., H. De León.** 2003. Calidad nutricional del grano en Poblaciones de maíz poliembriónico. Libro Científico Anual, Agricultura, Ganadería y Ciencia Forestal en la UAAAN. pp. 288-294.



- Espinoza. J., J. Valdés., M.J. Alcalá., 2012.** Morfología y Anatomía de Radículas Múltiples en Plántulas de Maíz Derivadas de Cariopsis con Poliembrionía. *Polibotanica*. ISSN 1405-2768. pp. 207-221.
- Evans M M S (2007)** The indeterminate gametophyte 1 gene of maize encodes a lob domain protein required for embryo sac and leaf development. *The Plant Cell* 19:46-62.
- Feil B., R Thiraporn., G Geisler., P Stamp. 1990.** Root traits of maize seedlings indicators of nitrogen efficiency *Plant and Soil*. 123. 155-159.
- Galinat, W.C.** 1988. The origin of corn. *In* G.F. Sprague & J.W. Dudley, eds. *Corn and corn improvement*, p. 1-31. Madison, WI, USA, American Society of Agronomy.
- Goodman, M.M.** 1988. The history and evolution of maize. *CRC Crit. Rev. Plant Sci.*, 7: 197-220.
- Gutiérrez A. M. F Santacruz R. J. L. Cabrera P. B. Rodríguez G.** Mejoramiento genético vegetal in vitro. 2003 art.
- Hallauer A R, F O Miranda (1988)** Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press. USA. 468 p.
- Hochholdinger, F.,** 2004. Genetics of root formation in maize (*Zea mays* L.) "Reveals Root-Type specific developmental programs". *Ann. Bot.*, **93**: 359-368.
- Ilitis, H.H.** 1983. From teosinte to maize: the catastrophic sexual transmutation. *Science*, 222: 886-894.
- Importancia del Maíz en el Sector Agropecuario Nacional, SIAP (1996-2006)**  
[www.siap.sagarpa.gob.mx](http://www.siap.sagarpa.gob.mx).
- Kato T., Mapes C., Mera M., Serratos J. y Bye, R.** 2009. Origen y diversificación del maíz: una revisión analítica. Universidad Nacional Autónoma de México, Comisión para el Conocimiento y uso de la Biodiversidad. Mexico, D.F.
- Kermicle J L (1969)** Androgenesis conditioned by a mutation in maize. *Science* 166:1422-1424.

- Kermicle J L (1971)** Pleiotropic effects on seed development of the indeterminate gametophyte gene in maize. *Am. J. Bot.* 58:1–7.
- Kuleshov, N.N.** 1933. World`s diversity of phenotypes of maize. *J. Am. Soc. Agron.* 25: 588-700.
- Livini C P, A Brandolini, C Lorenzoni, M Motto (1992)** Evaluation of three cycles of recurrent selection for yield in a opaque-2 variety of maize. *Maydica* 37:89-93.
- Longley, A.E.** 1941. Chromosome morphology in maize and its relatives. *Bot. Rev.*, 7: 263-289.
- Mangelsdorf, P.C.** 1986. The origin of corn. *Sci. Am.*, 255(2): 72-78.
- Márquez F. S. L Sahagún C, E Barrera G.** Nuevo método de mejoramiento genético para resistencia a sequía en maíz. 30/03/2009, pg.9 Art.
- Méndez. G., J. Solorza., M. Velázquez., N. Gómez., O. Paredes., y L.A. Bello.2005.** Composición química y caracterización calorimétrica de híbridos y Variedades de maíz cultivadas en México. pp 267-274.
- Meraz F. Ma.L.** 2014. Valoración agronómica morfológica y bioquímica de líneas de maíz con el carácter tallos gemelos.
- MORGAN, D.T.JR.; RAPPLEYE, R.D. 1951.** Polyembryony in maize and Lily, following X-irradiation of the pollen. *J. Hered.* 42:91-93.
- Nunez, T.C. y E.T. Ocoy, 2008.** “Polyembryony in makapuno (*Cocos nucifera* L.) hybrids”. *Phillipine Jour. Crop Sci.*, 122-123.
- Organización de las naciones unidas para la agricultura, FAO (2003).**  
<http://www.fao.org/docrep/003/x7650s/x7650s08.htm>.
- Paliwal, L.P., G. Granados, J.P. Marathée. 2001.** El Maíz en los Trópicos: mejoramiento y producción. FAO. Roma, Italia.
- Paliwal, L.R., 2001.** El maíz en los trópicos: Mejoramiento y Producción. ISSN. 1014-3041.

**Paliwal, L.R.** 2003. El maíz en los trópicos Mejoramiento y Producción. FAO.

**Pesev N, R Petrovic, Lj Zececiv, M Milosevic (1976)** Study of possibility in raising maize inbred lines with two embryos. *Theor. Appl. Genet.* 47:197–201.

**Pilu R (2000)** The twin trait maize. *Maize Gen. Coop. Newsl.* 74:51.

**Producción Mundial de Maíz.com** <http://www.produccionmundialmaiz.com/> 28 de Noviembre del 2014.

**Rebolloza H.H., J. Espinoza., D. Sámano., V. M. Zamora.,** 2011. Herencia de la Poliembrionía en dos Poblaciones Experimentales de Maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana, Sociedad Mexicana de Fitogenética, A.C. Chapingo, México* pp. 28-33.

**Ritchie S. W. J.J Hanway y Garren. O Benson,** 1992. How a corn plant develops. Special report No. 48. Iowa State University and Technology Cooperative Extension Service. Ames. Iowa. pp. 3-7

**Ross, W.M. y J.A. Wilson,** 1969. "Polyembryony in sorghum". *Crop Sci.*, 9:842-843

**Sánchez G. J.J.** 2011. Diversidad del maíz y el Teocintle. Informe preparado para el proyecto "Recopilación, generación, actualización y análisis de información acerca de la diversidad genética de maíces y sus parientes silvestre en México.

**Secretaría de Agricultura Ganadería Desarrollo Rural Pesca y Alimentación, SAGARPA, Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera, SIAP.** <http://www.siap.gob.mx/cierre-de-la-produccion-agricola-por-estado/> 30 de Diciembre 2014.

**Secretaría de Agricultura Ganadería Desarrollo Rural Pesca y Alimentación, SAGARPA, Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera, SIAP.** Situación actual y perspectivas del maíz en México PDF, 1996-2010.

**Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera, SIAP.**  
<http://www.siap.gob.mx/cierre-de-la-produccion-agricola-por-estado/> 30 de  
Noviembre 2014.

### **Understanding evolution**

[http://evolution.berkeley.edu/evolibrary/article/0\\_0\\_0/evo\\_17\\_sp\\_2005](http://evolution.berkeley.edu/evolibrary/article/0_0_0/evo_17_sp_2005).

**Valdez Lara, E Lizbeth. 2005.** Ganancia en calidad nutrimental del grano como respuesta asociada a la selección para poliembrionía en maíz. Tesis de maestría en ciencias en Fitomejoramiento por la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. pp 92.

**Vivek, B.S., Krivanek, N. Palacios-Rojas, S. Twumasi-Afriyie y A.O. Diallo. 2008.** Mejoramiento de maíz con calidad proteica (QPM): Protocolos para variedades QPM. Mexico, D.F.:CIMMYT.66 p.

**Velázquez P. D.F** 2013, Poliembrionía y Enanismo en Genotipos Segregantes DE cruzamientos entre una Población de Maíz Poliembriónico y Líneas Endogámicas. Ingeniero Agrónomo en producción por la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista Coahuila, Mex.

**Webber, J.M. 1940.** Polyembryony. Bot. Rev. 6(11):575-598.

**Weyhrich R A, K R Lamkey, A R Hallauer (1998)** Effective population size and response to S1- progeny selection in the BS11 maize population. Crop Sci. 38:1149-1158.

## APÉNDICES DE CUADROS

Cuadro A.2. Análisis de varianza en genotipos para tratamiento 10 días.

<b>FV/V</b>	<b>RS</b>	<b>RC</b>	<b>HJS</b>	<b>LM</b>	<b>LR</b>	<b>LT</b>	<b>PFR</b>	<b>PFT</b>	<b>PSR</b>	<b>PST</b>	<b>PIS</b>
<b>GLG</b>	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
<b>GLEE</b>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
<b>CMG</b>	0.95	0.27	0.16	0.20	8.85	4.89	0.13	0.08	0.00005	0.0003	0.002
<b>CMEE</b>	0.05	0.01	0.01	0.04	3.49	0.10	0.003	0.01	0.0004	0.00005	0.0003
<b>FCAL</b>	21.1	30.17	16.73	4.63	2.53	49.30	45.14	13.85	0.13	6.33	6.16
<b>FT</b>	**	**	**			**	**	**		*	
<b>R2</b>	0.94	0.96	0.93	0.78	0.66	0.97	0.97	0.91	0.09	0.83	0.82
<b>CV</b>	5.90	21.82	14.88	12.11	9.61	6.18	4.63	12.82	8.80	13.46	5.50
<b>MEDIA G</b>	3.60	0.44	0.66	1.71	19.44	5.10	1.18	0.60	0.22	0.052	0.33

Cuadro A.3. Análisis de varianza para variables métricas en tratamiento 15 días

<b>FV/V</b>	<b>RS</b>	<b>RC</b>	<b>HJS</b>	<b>LM</b>	<b>LR</b>	<b>LT</b>	<b>PFR</b>	<b>PFT</b>	<b>PSR</b>	<b>PST</b>	<b>PIS</b>
<b>GLG</b>	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
<b>GLEE</b>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
<b>CMG</b>	0.95	0.27	0.16	0.17	8.29	0.10	0.25	0.37	0.001	0.03	0.001
<b>CMEE</b>	0.05	0.01	0.01	0.14	0.66	0.63	0.09	0.07	0.0002	0.004	0.0004
<b>FCAL</b>	21.01	30.17	16.73	1.20	12.56	1.58	2.82	5.20	4.76	8.74	3.04
<b>FT</b>	**	**	**		*					*	
<b>R2</b>	0.94	0.96	0.93	0.47	0.90	0.54	0.68	0.80	0.78	0.87	0.70
<b>CV</b>	5.90	21.82	14.88	20.94	2.47	8.01	15.21	15.78	6.15	11.58	5.99
<b>MEDIA G</b>	3.60	0.44	0.66	1.81	32.88	9.92	1.95	1.70	0.22	0.52	0.33

Cuadro A.4. Análisis de varianza para variables métricas en tratamiento 20 días.

<b>FV/V</b>	<b>RS</b>	<b>RC</b>	<b>HJS</b>	<b>LM</b>	<b>LR</b>	<b>LT</b>	<b>PFR</b>	<b>PFT</b>	<b>PSR</b>	<b>PST</b>	<b>PIS</b>
<b>GLG</b>	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
<b>GLEE</b>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
<b>CMG</b>	0.29	1.10	0.06	0.18	30.37	3.25	0.31	0.54	0.002	3.25	0.0003
<b>CMEE</b>	0.07	0.23	0.02	0.01	0.95	0.47	0.07	0.03	0.0004	0.47	0.0001
<b>FCAL</b>	4.26	4.76	2.92	16.87	32.09	6.94	4.23	18.54	5.02	6.94	6.67
<b>FT</b>				**	**			**			
<b>R2</b>	0.76	0.78	0.69	0.93	0.96	0.84	0.76	0.93	0.79	0.84	0.83
<b>CV</b>	7.71	11.91	8.23	6.53	2.16	5.03	7.03	5.13	6.00	5.03	2.14
<b>MEDIA G</b>	3.40	4.03	1.75	1.60	44.99	13.61	3.82	3.32	0.32	13.61	0.33

Cuadro A.5. Análisis de varianza para variables métricas en tratamiento 25 días.

<b>FV/V</b>	<b>SR</b>	<b>RC</b>	<b>HJS</b>	<b>LM</b>	<b>LR</b>	<b>LT</b>	<b>PFR</b>	<b>PFT</b>	<b>PSR</b>	<b>PST</b>	<b>PSI</b>
<b>GLG</b>	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
<b>GLEE</b>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
<b>CMG</b>	0.44	2.62	0.01	0.20	144.36	10.37	3.32	7.28	0.01	0.07	0.002
<b>CMEE</b>	0.12	0.37	0.03	0.04	50.97	1.38	0.32	1.44	0.002	0.01	0.001
<b>FCAL</b>	3.72	7.06	0.25	5.05	2.83	7.50	10.28	5.07	5.32	7.04	2.39
<b>FT</b>		*				*	*			*	
<b>R2</b>	0.74	0.84	0.16	0.79	0.68	0.85	0.89	0.79	0.80	0.84	0.64
<b>CV</b>	9.81	6.83	4.89	10.31	11.70	6.14	8.84	12.42	9.66	9.93	8.35
<b>MEDIA G</b>	3.50	8.90	3.33	1.92	61.03	19.14	6.43	9.64	0.46	0.97	0.34

Cuadro A.6. Análisis de varianza para variables métricas en tratamiento 30 días

<b>FV/V</b>	<b>RS</b>	<b>RC</b>	<b>HJS</b>	<b>LM</b>	<b>LR</b>	<b>LT</b>	<b>PFR</b>	<b>PFT</b>	<b>PSR</b>	<b>PST</b>	<b>PIS</b>
<b>GLG</b>	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
<b>GLEE</b>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
<b>CMG</b>	0.61	5.07	0.10	0.07	12.40	10.37	3.32	7.28	0.01	0.07	0.34
<b>CMEE</b>	0.07	0.26	0.02	0.01	1.49	1.38	0.32	1.44	0.002	0.01	0.18
<b>FCAL</b>	8.33	19.51	5.25	14.43	8.33	7.50	10.28	5.07	5.32	7.04	1.94
<b>FT</b>	*	**		**	*	*	*			*	
<b>R2</b>	0.86	0.94	0.80	0.92	0.86	0.85	0.89	0.79	0.80	0.84	0.59
<b>CV</b>	7.95	4.78	3.46	3.92	1.79	6.14	8.84	12.42	9.66	9.93	19.90
<b>MEDIA G</b>	3.40	10.66	4.01	1.81	68.34	19.14	6.43	9.64	0.46	0.97	2.10

Cuadro A.7. Análisis de varianza para variables métricas en tratamiento 35 días

<b>FV/V</b>	<b>RS</b>	<b>RC</b>	<b>HJS</b>	<b>LM</b>	<b>LR</b>	<b>LT</b>	<b>PFR</b>	<b>PFT</b>	<b>PSR</b>	<b>PST</b>	<b>PIS</b>
<b>GLG</b>	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
<b>GLEE</b>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
<b>CMG</b>	0.41	16.22	0.20	0.26	177.58	12.92	10.31	49.16	0.03	3.52	0.001
<b>CMEE</b>	0.16	1.06	0.04	0.09	2.11	1.20	0.33	2.41	0.00001	0.79	0.0004
<b>FCAL</b>	2.52	15.27	4.64	2.72	84.15	10.74	31.35	20.37	2401.00	4.48	2.86
<b>FT</b>		**			**	*	**	**	**		
<b>R2</b>	0.65	0.92	0.78	0.67	0.98	0.89	0.96	0.94	1.00	0.77	0.68
<b>CV</b>	11.56	7.54	4.52	16.23	1.88	4.20	2.37	4.13	0.19	13.07	6.49
<b>MEDIA G</b>	3.48	13.67	4.61	1.89	77.25	26.11	24.15	37.58	1.85	6.78	0.32

Cuadro A.8. Análisis de varianza para variables métricas en tratamiento 40 días

<b>FV/V</b>	<b>RS</b>	<b>RC</b>	<b>HJS</b>	<b>LM</b>	<b>LR</b>	<b>LT</b>	<b>PFR</b>	<b>PFT</b>	<b>PSR</b>	<b>PST</b>	<b>PIS</b>
<b>GLG</b>	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
<b>GLEE</b>	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
<b>CMG</b>	0.10	12.57	0.09	0.13	20.71	34.03	59.99	458.95	0.37	5.61	0.003
<b>CMEE</b>	0.01	0.13	0.01	0.02	1.12	0.30	8.52	4.64	0.02	0.53	0.001
<b>FCAL</b>	9.26	100.50	8.57	7.10	18.41	111.76	7.04	98.84	15.26	10.51	4.48
<b>FT</b>	*	**	*	*	**	**	*	**	**	*	
<b>R2</b>	0.87	0.99	0.87	0.84	0.93	0.99	0.84	0.99	0.92	0.89	0.77
<b>CV</b>	2.78	2.10	1.76	7.61	1.31	1.59	7.93	2.88	5.82	9.51	7.09
<b>MEDIA G</b>	3.74	16.82	5.97	1.79	80.99	34.73	36.83	74.94	2.67	7.69	0.34