

PARÁMETROS GENÉTICOS DE MAÍZ POZOLERO: RAZA ‘ELOTES OCCIDENTALES’

Norma Santiago-López, J. Jesús García-Zavala, Ulises Santiago-López y Rubén Santillán-Castillo

RESUMEN

En México, el 90% de la producción de maíz (*Zea mays* L.) proviene de variedades nativas; en particular de los pueblos indígenas, donde la conservación y el mejoramiento son de gran relevancia para el país. El estudio tuvo como objetivo estimar los parámetros genéticos de dos poblaciones de maíz exótico raza ‘Elotos Occidentales’ cultivadas en Valles Altos de México. El germoplasma evaluado fueron 115 familias de hermanos completos (FHC) derivadas de dos poblaciones colectadas en Salvatierra, Guanajuato. La evaluación se realizó en dos ambientes del municipio de Texcoco, Estado de México, en un diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones. La parcela experimental consistió de 26 matas de dos plantas, cada 50cm en dos surcos de 6m separados a 0.8m. Las

variables registradas fueron altura de planta (AP) y de mazorca (AM); longitud (LM) y diámetro de mazorca (DM); número de hileras (NH), granos por hilera (GH) y rendimiento de grano (RG). Los resultados indican que la varianza aditiva fue, para rendimiento de grano (RG), de 1,11 en la Población EOM-1 y de 1,28 en la Población EOM-12, ambas magnitudes fueron superiores a las del resto de las variables en ambas poblaciones; la heredabilidad para el mismo carácter fueron similares en ambas poblaciones. El valor de la heredabilidad para rendimiento, así como los altos rendimientos obtenidos entre poblaciones y dentro de familias evaluadas, muestran que al aplicar algún método de selección se incrementaría la efectividad para mejorar las poblaciones.

Introducción

La variabilidad genética de una población con fines de mejoramiento genético, requiere como principal medida conocer su potencial por medio de la estimación de sus parámetros genéticos, con el fin de conocer el potencial adaptativo de las especies (Pourshoushtari y Ammerman, 2021). A nivel mundial el maíz ocupa el segundo lugar entre los cultivos de cereales más destacados, junto con el arroz y el trigo (Erenstein *et al.*, 2022). En México, el grano del maíz (*Zea mays* L.) es el alimento básico de las familias mexicanas, por lo que a nivel local es el cereal que más investigación y años

de mejoramiento genético se le han dedicado. Tales investigaciones han contribuido a la generación de nuevas variedades e híbridos de maíz de alto rendimiento; sin embargo, los maíces nativos desempeñan un papel clave en las estrategias de vida de los productores (Rodríguez Pérez *et al.*, 2016); por contener la variación genética importante para conservar y mejorar a la especie. Esta variación existente es muy importante, para identificar poblaciones con características físicas, químicas, genéticas y fenotípicas que cumplan con las preferencias culturales, políticas y sociales que demandan los agricultores, mejoradores y consumidores de diferentes regiones.

El mejoramiento genético poblacional requiere de conocer el potencial agronómico y los parámetros genéticos de las poblaciones; donde la varianza genética y sus componentes (varianza aditiva, de dominancia y epistática) son parámetros esenciales para hacer inferencias a cerca de los beneficios que pueden obtenerse cuando la población aún no se ha sometido a un proceso continuo de selección, sin embargo se desea conocer qué tan efectiva pudiera ser en producir cambios favorables en la población de interés (Rebolloza Hernández *et al.*, 2016). Los avances genéticos derivan tanto del control genético de las características de interés como de la variabilidad

genética existente en la población y regulan la mejora de un carácter bajo una presión de selección en particular (Castro Torres, 2021). En este sentido la varianza aditiva toma mayor importancia, ya que es la única proporción que se hereda directamente de los padres a su descendientes, así como la varianza determinante de las propiedades genéticas de la población y de la respuesta positiva a la selección (Silva Díaz *et al.* 2018); así mismo, la existencia de la varianza aditiva en la población constituye un indicativo de la facilidad de identificar a genotipos genéticamente superiores, los cuales proporcionarían ganancias significativas en razón de su selección.

PALABRAS CLAVE / Genética / Heredabilidad / Mejoramiento / Rendimiento / Varianza /

Recibido: 09/04/2024. Modificado: 07/06/2024. Aceptado: 10/06/2024.

Norma Santiago-López (Autora de correspondencia). Doctora en Recursos Genéticos y Productividad-Genética, Colegio de Postgraduados, México. Académica, Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, México. Dirección: Carretera México-Texcoco, km 36.5,

Montecillo, Texcoco, Estado de México, México. CP 56230. e-mail: nsantiago@colpos.mx; nsantiago.l@hotmail.com.

Jesús García-Zavala. Doctor en Recursos Genéticos y Productividad-Genética, Colegio de Postgraduados, México. Académico, Colegio de

Postgraduados, Campus Montecillo, México. e-mail: zavala@colpos.mx.

Ulises Santiago-López. Doctor en Recursos Genéticos y Productividad-Genética, Colegio de Postgraduados, México. Investigador del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales,

Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Campo Experimental Villa de Etla, Oaxaca, México. e-mail: Santiago.lopez@inifap.gob.mx.

Rubén Santillán Castillo. Estudiante de Doctorado, Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, México. e-mail: santillan.ruben@colpos.mx.

GENETIC PARAMETERS OF POZOLERO MAIZE: 'ELOTES OCCIDENTALES' RACE

Norma Santiago-López, J. Jesús García-Zavala, Ulises Santiago-López and Rubén Santillán-Castillo

SUMMARY

*In Mexico, 90% of corn (*Zea mays* L.) production comes from native varieties; particularly indigenous peoples, where conservation and improvement are of great relevance for the country. The objective of this study was to estimate the genetic parameters of two populations of exotic corn race 'Elotes Occidentales' cultivated in the High Valleys of Mexico. The germplasm evaluated were 115 full sibling families (FHC) derived from the two populations collected in Salvatierra, Guanajuato. The evaluation was carried out in two sites in the municipality of Texcoco, State of Mexico, and in a randomized complete block experimental design with three repetitions. The experimental plot consisted of 26 clumps of two plant, every 50cm in*

two 6m rows spaced 0.8m apart. The variables recorded were plant height (AP) and ear height (AM); cob length (LM) and diameter (DM); number of rows (NH), grains per row (GH) and grain yield (RG). The results indicate that the additive variance was for grain yield (GR) of 1.11 in Population EOM-1 and 1.28 in Population EOM-12, both magnitudes were higher than those of the rest of the variables in both populations; heritability for the same trait were similar in both populations. The value of heritability for performance, as well as the high yields obtained between populations and within families evaluated, show that applying some selection method would increase the effectiveness to improve the populations.

PARÂMETROS GENÉTICOS DO MILHO POZOLERO: RAÇA 'ELOTES OCCIDENTALES'

Norma Santiago-López, J. Jesús García-Zavala, Ulises Santiago-López e Rubén Santillán-Castillo

RESUMO

*No México, 90% da produção de milho (*Zea mays* L.) provém de variedades nativas, especialmente de povos indígenas, cuja conservação e melhoramento são de grande importância para o país. O objetivo do estudo foi estimar os parâmetros genéticos de duas populações de milho exótico da raça "Elotes Occidentales" cultivadas em Valles Altos do México. O germoplasma avaliado foi composto por 115 famílias de irmãos completos (FHC) derivadas de duas populações coletadas em Salvatierra, Guanajuato. A avaliação foi realizada em dois ambientes no município de Texcoco, Estado do México, em um projeto experimental de blocos completos aleatórios com três repetições. A parcela experimental consistiu em 26 touceiras de duas plantas, a cada 50 cm em dois sulcos de 6 m separados por 0,8 m. As variáveis registradas foram altura da planta (altura da planta) e altura (altura da planta). As variáveis registradas foram altura da planta (AP) e altura*

da espiga (AM); comprimento da espiga (LM) e diâmetro da espiga (DM); número de fileiras (NH), grãos por fileira (GH) e rendimento de grãos (GR). Os resultados indicam que a variância aditiva para o rendimento de grãos (GR) foi de 1,11 na população EOM-1 e de 1,28 na população EOM-12, ambas as magnitudes foram maiores do que o restante das variáveis em ambas as populações; a herdabilidade para a mesma característica foi semelhante em ambas as populações. O valor da herdabilidade para a produtividade, bem como as altas produtividades obtidas entre as populações e dentro das famílias avaliadas, foram muito semelhantes em ambas as populações. O valor da herdabilidade para a produtividade, bem como as altas produtividades obtidas entre as populações e dentro das famílias avaliadas, mostram que a aplicação de algum método de seleção aumentaria a eficácia no aprimoramento das populações.

La varianza fenotípica es otro parámetro de importancia, ya que expresa una medida de la variabilidad existente de una población y está compuesta por las varianzas genéticas, ambiental y de la interacción genotipo-ambiente, esta última interpretada como la medida en que los valores fenotípicos relativos de los genotipos cambian cuando se pasan de un ambiente a otro. En el contexto de la selección, la varianza genotípica toma relevancia, ya que indica el potencial cambio de un carácter de un ciclo

a otro; donde la varianza aditiva es importante, por ser la causa fundamental del parecido entre parientes y, por lo tanto, la determinante de las propiedades genéticas favorables de la población a mejorar (Mode y Robinson 1959; Falconer, 1984).

Finalmente, la heredabilidad, como una propiedad específica de cada carácter y población, sirve para predecir la respuesta a la selección (Nyquist y Baker, 1991), pues expresa la proporción de la varianza fenotípica total que es atribuible

a los efectos medios de los genes, y dan como resultado el grado de parecido entre parientes (Falconer, 1984). Con base en las ideas indicadas líneas arriba, el objetivo en este trabajo fue estimar la varianza genética aditiva y la heredabilidad de dos poblaciones de maíz raza Elotes Occidentales para identificar fuentes de germoplasma prominentes en los programas de mejoramiento genético, dirigidos en particular a estudios de alta calidad de poblaciones de maíz raza Elotes Occidentales.

Materiales y Métodos

La evaluación de las Familias de Hermanos completos (FHC) se llevó a cabo bajo condiciones de temporal, en los campos agrícolas experimentales del Colegio de Postgraduados campus Montecillos y del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), ubicados ambos en el municipio de Texcoco, Estado de México, cuyo clima es templado, con temperatura media anual de

15°C y precipitación pluvial anual de 645mm, a una altitud de 2240m. El material genético que se utilizó fueron dos poblaciones de maíz raza Elotes Occidentales colectadas en Salvatierra, Guanajuato.

Para la formación de las familias de hermanos completos (FHC) de las poblaciones (Elotes occidentales de México, EOM) EOM-1 y EOM-12 se sembró en parcelas de 10 surcos con 10 metros de longitud. Posteriormente, las parcelas se dividieron en dos sub parcelas de 5 surcos y después se etiquetaron 100 plantas, previo a la floración masculina y femenina. Las FHC se formaron en una polinización cruzada planta a planta dentro de cada población. Las mazorcas cosechadas en cada población conformaron las familias de HC (85 familias en Población EOM-1 y 30 familias en población EOM-12). Posteriormente, de cada una de las mazorcas cosechadas por planta, se obtuvo la semilla, la cual se usó para el establecimiento de las evaluaciones de las familias de HC de cada población.

La evaluación de las familias de HC se realizó por separado para cada población, en dos ambientes experimentales del Campo Agrícola del CP en el Campus Montecillo; las siembras se efectuaron en el ciclo primera - verano, con un intervalo de 20 días de siembra entre las localidades; bajo un diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones. La siembra fue manual, en donde se depositaron dos semillas por mata cada 0,50m en parcelas de dos surcos con separaciones de 0,80 m de ancho y 6m de longitud.

Las variables de estudio fueron: altura de planta (AP) y altura de mazorca (AM), donde se midieron 26 plantas de cada parcela, desde la base del tallo al nudo de inserción de la espiga y de la base del tallo al nudo de inserción de la mazorca superior, respectivamente. Posteriormente en cinco mazorcas seleccionadas al azar de cada familia se determinó la longitud de mazorca (LON), diámetro de mazorca (DM),

número de hileras (NH) y número de granos por hilera (GH). Se estimó el rendimiento (kg/parcela) con el peso de las mazorcas de cada unidad experimental y se ajustó a 12% de humedad, de acuerdo con la metodología de Mejía y Molina Galán (1999).

El análisis de varianza combinado de familias (FAM), ambientes (AMB) y repeticiones en cada ambiente (REP/AMB) para los datos promedio por unidad experimental se realizó bajo el siguiente modelo (Maldonado *et al.*, 2002; Molina Galán, 1992).

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + (R/A)_{ji} + F_k + (AF)_{ik} + E_{ijk}$$

donde: μ = media; A_i = efecto del i -ésimo ambiente; $(R/A)_{ji}$ = efecto de la j -ésima repetición dentro del i -ésimo ambiente; F_k = efecto de la k -ésima familia; $(AF)_{ik}$ = efecto de la interacción entre el i -ésimo ambiente con la k -ésima familia; E_{ijk} = error correspondiente a la observación de la familia k en la repetición j del ambiente i .

Parámetros Genéticos Estimados

Los parámetros genéticos estimados fueron:

a) Varianza genética:

$$\sigma^2_g = (M4 - M3) / ra$$

donde: M4 y M3 son los cuadrados medios (CM) de los factores de variación de familias y de la interacción (A x F); r es el número de repeticiones y a el número de ambientes, respectivamente.

b) Varianza fenotípica:

$$(\sigma^2_f) = ((\sigma^2/ra) + (\sigma^2_g/a) + (r \sigma^2_g))$$

donde: σ^2_f es la varianza del error del ANOVA o CME; σ^2_g/a es la varianza de la interacción familia por ambientes; σ^2_g es la varianza genotípica.

c) Varianza de interacción:

$$\sigma^2_{ga} = (M3 - M2) / r$$

donde: M3 y M2= son los CM de los factores de variación de la interacción, A x L y del CM del error, respectivamente; r = es el número de repeticiones.

d) Heredabilidad:

$$h^2 = \sigma^2_A / \sigma^2_P$$

donde: σ^2_A = varianza aditiva; σ^2_P = varianza fenotípica.

Todas las variables se sometieron a un análisis de varianza combinado mediante el procedimiento GLM. La comparación de medias se realizó con la prueba de Tukey ($p \leq 0,05$) para cada una de las variables. Para el análisis se usó el programa estadístico SAS® versión 9,4 (SAS Institute Inc., 2019).

Resultados y Discusión

El análisis de varianza combinado de la población EOM-1 (Tabla I) detectó diferencias significativas ($p \leq 0,01$) entre ambientes (AMB) para número de hileras (NH), granos por hilera (GH), longitud de planta (LP), altura de mazorca (AM) y rendimiento de grano (REN). Para familias de hermanos completos (FHC) se detectaron diferencias altamente significativas en todas las variables de estudio. En contraste, en la interacción familias por ambientes (FHC x AMB) se observaron diferencias en granos por hilera (GH) y rendimiento de grano (REN).

El análisis de varianza combinado para la Población EOM-12 (Tabla II) muestra diferencias significativas ($p \leq 0,01$) entre ambientes (AMB) y entre familias (FHC) para longitud de la mazorca (LM), número de hileras (NH), granos por hilera (GH) y rendimiento de grano (REN). La interacción (FHC x AMB) fue significativa para longitud de mazorca (LM), número de hileras (NH) y rendimiento de grano (REN). La existencia de estas diferencias significativas para las variables anteriores, indica que las familias tuvieron un comportamiento diferente a

través de los ambientes de evaluación.

Los estimados de componentes de varianza para las poblaciones (Tabla I y II) fueron positivos en la mayoría de los caracteres que presentaron diferencias estadísticas en el ANOVA; sin embargo, los estimados de la varianza para las variables LP y AM fueron valores altos y negativos (-12,87 y -8,43) en la Población EOM-1. En contraste, la LP presentó un valor menor negativo en la población EOM-12 en comparación a la población EOM-1, en donde la AM presentó una varianza genética de 9,12. Estos valores eran de esperarse, ya que dichos parámetros no presentaron diferencias significativas entre ambientes y tampoco entre familias en el ANOVA. Al respecto, Molina Galán (1992) menciona que las estimaciones de varianzas son de importancia cuando se comparan entre poblaciones, pues el valor obtenido en una sola población puede ocasionar interpretaciones erróneas, por lo que no es del todo preciso y confiable, principalmente, cuando se desean hacer comparaciones del mismo carácter. Por su parte, Silva y Hallauer (1975) mencionan que la varianza no puede ser menor que cero, por lo que los estimados negativos deben asumirse con el valor cero. Respecto a los parámetros genéticos de las FHC de la Población EOM-1 y EOM-12, se observa que la varianza fenotípica, en todos los caracteres evaluados, mostraron una mayor magnitud con relación a la estimación de la varianza genética.

Los valores encontrados en los componentes de varianza y fenotípica son de esperarse, debido a que los materiales de donde se derivaron las familias ya habían tenido un proceso de selección en Valles Altos, por lo que, en estudios genéticos, se espera que la magnitud de varianza fenotípica sea mayor a las de la varianza genética. Silva-Díaz *et al.* (2018) encontraron un comportamiento similar de los parámetros mencionados en su estudio de

TABLA I
ANÁLISIS DE VARIANZA COMBINADO Y PARÁMETROS GENÉTICOS ESTIMADOS PARA 85 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS DERIVADAS DE LA POBLACIÓN EOM-1 DE MAÍZ RAZA ELOTES OCCIDENTALES

FV	GL	LM (cm)	DM (cm)	NH	GH	LP (cm)	AM (cm)	REN (t·ha ⁻¹)
AMB	1	11,63	0,14	5,51**	195,8**	1,50**	0,60**	34,6**
FHC	84	5,91**	0,42**	1,80**	18,4**	0,10**	0,10**	12,40**
REP(AMB)	4	2,37	0,31	0,50	16,3	0,10**	0,10	2,38
FHC *AMB	84	2,78	0,14	0,37	10,3*	0,02	0,02	5,77**
ERROR	336	2,20	0,18	0,41	7,2	0,02	0,01	1,40
MEDIA		17,83	4,29	8,74	31,65	290,69	168,10	6,80
CV		0,31	9,84	7,35	8,5	6	11,51	17,44
$\sigma^2 e$		2,20	0,18	0,41	7,22	490,41	374,54	1,40
$\sigma^2 ga$		0,20	-0,01	-0,01	1,04	-20,67	-33,16	1,46
$\sigma^2 g$		0,52	0,05	0,24	1,34	-12,87	-8,43	1,11
$\sigma^2 p$		2,91	0,21	0,64	9,61	456,87	332,95	3,96
h^2		0,18	0,22	0,37	0,14	-0,03	-0,03	0,28

FV: fuentes de variación; GL: grados de libertad; AMB: ambientes; FHC: familia de hermanos completos; REP(AMB): repetición dentro de ambientes; FHC*AMB: familias x ambientes; CV: coeficiente de variación; $\sigma^2 e$: varianza del error; $\sigma^2 ga$: varianza de interacción; $\sigma^2 g$: varianza genética; $\sigma^2 p$: varianza fenotípica; h^2 : heredabilidad; LM: longitud de la mazorca, DM: diámetro de la mazorca, NH: número de hileras; GH: granos por hilera; LP: longitud de la planta; AM: altura a la mazorca; REN: rendimiento de grano.

TABLA II
ANÁLISIS DE VARIANZA COMBINADO Y PARÁMETROS GENÉTICOS ESTIMADOS PARA 30 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS DE LA POBLACIÓN EOM-12 DE MAÍZ RAZA ELOTES OCCIDENTALES

FV	GL	LM (cm)	DM (cm)	NH	GH	LP (cm)	AM (cm)	REN (t·ha ⁻¹)
AMB	1	65,40**	0,04	1,80**	46,01*	1,50	0,60	80,27**
FHC	29	6,12**	0,26**	1,22**	32,67**	0,10	0,10	15,11**
REP(AMB)	4	1,34	0,02	0,26	6,14	0,10	0,10	0,29
FHC *AMB	29	3,93*	0,09	0,44**	13,81	0,02	0,02	7,45**
ERROR	116	2,60	0,09	0,23	9,64	0,2	0,01	1,33
MEDIA		19,03	4,31	8,36	32,12	289,97	167,84	6,78
CV		8,47	6,94	5,70	9,67	8,00	11,91	17,00
$\sigma^2 e$		2,60	0,09	0,23	9,64	583,15	399,52	1,33
$\sigma^2 ga$		0,44	0,00	0,07	1,39	-75,63	-62,05	2,04
$\sigma^2 g$		0,36	0,03	0,13	3,14	-1,62	9,12	1,28
$\sigma^2 p$		3,41	0,12	0,43	14,17	505,90	346,60	4,64
h^2		0,11	0,25	0,30	0,22	0,040	0,03	0,27

FV: fuentes de variación; GL: grados de libertad; AMB: ambientes; FHC: familia de hermanos completos; REP(AMB): repetición dentro de ambientes; FHC*AMB: familias x ambientes; CV: coeficiente de variación; $\sigma^2 e$: varianza del error; $\sigma^2 ga$: varianza de interacción; $\sigma^2 g$: varianza genética; $\sigma^2 p$: varianza fenotípica; h^2 : heredabilidad; LM: longitud de la mazorca, DM: diámetro de la mazorca, NH: número de hileras; GH: granos por hilera; LP: longitud de la planta; AM: altura a la mazorca; REN: rendimiento de grano.

poblaciones segregantes de maíz tropical.

Con respecto a la varianza de interacción ($\sigma^2 ga$), medida como el efecto de la interacción estadística de la herencia y el ambiente, presentó valores de 2,04 para REN en la Población 2 y 1,40 en la

Población EOM-1, siendo mayor en ambos casos que la varianza genética. Estos resultados son adecuados a la investigación, tomando en cuenta que la varianza genética es una proporción de la varianza fenotípica, medida como el efecto de los genes.

Tal efecto representa distintos tipos de acción de los alelos en la herencia, que en combinación con otros genes y elementos ambientales determinan efectos específicos en una población, lo que se refleja en la diferencia entre los efectos aditivos, los de

dominancia y los epistáticos (Bellon *et al.*, 2011).

Con respecto a la heredabilidad, en ambas poblaciones evaluadas, el DM, NH y REN presentaron valores de 0,11 a 0,28, en comparación con la LP y AM que presentaron valores menores de 0,03 y

negativos de -0,03, considerados como cero. Al respecto, Hallauer y Miranda (2010) mencionan que la heredabilidad del rendimiento de grano en maíz comparada con la heredabilidad de las demás características debe ser menor. En este caso no ocurrió así en el experimento, ya que el rendimiento para las dos poblaciones presentó un valor promedio de 0,28, debido a que en los cálculos se utilizó la varianza genética en lugar de la varianza aditiva. Beyene *et al.* (2016) reportaron estimados de heredabilidad de 0,3 a 0,8 para rendimiento en poblaciones de maíz, al emplear la varianza genética en sus estimados.

Estos valores obtenidos pueden atribuirse a la variabilidad genética de las poblaciones evaluadas, así como al número de familias y ambientes de evaluación, lo que redujo la participación de la varianza de la interacción familias por ambientes y del error experimental en el estimado de la varianza fenotípica. En este sentido,

si los individuos tienen diferentes genotipos, pero el ambiente tiene poco o nulo efecto sobre el carácter, la varianza del error será cero, y por consecuencia la heredabilidad será, en teoría, uno (Bello *et al.*, 2012; Hallauer *et al.*, 2010). Asimismo, los coeficientes de variación de las dos poblaciones oscilaron de 0 a 17,4%, lo que indica confiabilidad en los resultados obtenidos.

Con la finalidad de identificar las mejores familias FHC de las poblaciones evaluadas, se presentan los valores medios de 15 FHC seleccionadas con base en el rendimiento como principal criterio de selección, de las cuales 10 FHC corresponden a las de mejor rendimiento y las últimas cinco son las de menor rendimiento para la población EOM-1 y EOM-12 (Tabla III y IV, respectivamente). En el grupo de líneas seleccionadas se observó que para el rendimiento de grano existieron dos familias superiores al promedio, con un REN de 9,81t·ha⁻¹ y sólo la familia 9

superó en rendimiento al resto de las FHC con un REN de 10,11t·ha⁻¹. En las variables de longitud de mazorca (LM), número de hileras (NH) y granos por hilera (GH), como un segundo criterio de selección, se encontró diferencias mínimas significativas de hasta 2 unidades en promedio entre las familias de mayor y menor rendimiento.

En la Tabla IV se presentan los valores medios de 15 FHC derivadas de la Población EOM-12, representadas por 10 FHC de mayor y cinco de menor rendimiento con respecto a los valores medios de rendimiento como principal criterio de selección. El rendimiento promedio entre las 10 líneas selectas mostró un valor de 9,22t·ha⁻¹, una diferencia de 5t·ha⁻¹ en relación con las cinco familias de rendimiento promedio más bajo (3,9t·ha⁻¹). En el grupo de líneas seleccionadas se observó que, para el rendimiento de grano, la familia número 15 fue el único superior al promedio, con un

rendimiento de 9,68t·ha⁻¹. Las variables LP y AM no presentaron diferencias entre y dentro de familias selectas por rendimiento. En las variables de LM, NH y GH, como un segundo criterio de selección, se encontró diferencias significativas de hasta 5 unidades en GH y LM para las familias de mayor rendimiento, con valores de 36 y 20,59 cm respectivamente. Estas diferencias en LM y DM pudieron haber influenciado el alto rendimiento de las familias, pues en su mayoría las familias de mayor rendimiento presentaron valores mayores para el resto de las variables componentes del rendimiento.

En las dos poblaciones evaluadas, el rendimiento promedio fue de 8,92t·ha⁻¹, siendo superior la Población EOM-1 en seis familias con rendimientos superiores a las 9t·ha⁻¹. Esto no ocurrió con las familias selectas de menor rendimiento, donde la mayoría de las poblaciones presentaron un rendimiento de 3,8t·ha⁻¹, que es menor a la media de las dos

TABLA III
RENDIMIENTO MEDIO Y VARIABLES AGRONÓMICAS DE FHC DERIVADAS DE LA POBLACIÓN EOM-1 DE MAÍZ
RAZA ELOTES OCCIDENTALES SELECCIONADAS CON BASE EN EL RENDIMIENTO DE GRANO

FHC	LM (cm)	DM (cm)	NH	GH	LP (cm)	AM (cm)	REN (t·ha ⁻¹)
9	18,28 abcde	4,53 abc	10 ab	33 abcd	301,67 a	185,00 a	10,11 a
44	18,03 abcde	4,50 abcd	10 ab	30 abcd	281,17 a	157,33 a	9,81 ab
4	18,15 abcde	4,55 abc	9 bcde	33 abcd	284,50 a	168,67 a	9,81 ab
3	18,22 abcde	4,53 abc	8 cde	32 abcd	275,67 a	170,83 a	9,47 abc
43	18,08 abcde	4,38 abcde	10 abc	31 abcd	291,83 a	166,83 a	9,41 abc
27	16,80 abcde	4,45 abcde	10 bcde	33 abcd	291,83 a	175,00 a	9,13 abcd
81	18,08 abcde	4,13 bcde	9 bcde	31 abcd	294,67 a	173,33 a	8,99 abcde
10	18,87 abcd	4,65 abc	11 a	32 abcd	286,17 a	165,50 a	8,92 abcdef
2	18,22 abcde	4,43 abcde	9 bcde	33 abcd	308,67 a	184,17 a	8,80 abcdefg
15	19,12 abcd	4,20 bcde	8 cde	34 abc	290,50 a	163,83 a	8,59 abcdefgh
66	17,77 abcde	4,20 bcde	8 cde	28 bcd	278,67 a	175,83 a	4,55 rstpq
42	16,85 abcde	4,20 bcde	8 de	30 abcd	295,67 a	177,50 a	4,48 rstq
40	16,83 abcde	3,47 de	8 e	31 abcd	277,67 a	162,33 a	3,75 rst
80	15,75 cde	4,82 ab	9 bcde	30 abcd	302,50 a	189,50 a	3,46 st
62	16,62 bcde	3,42 e	9 bcde	29 bcd	291,00 a	161,33 a	3,16 t

Medias con letra igual en las columnas son estadísticamente iguales (Tukey, $p \leq 0,05$). LM: longitud de la mazorca, DM: diámetro de la mazorca, NH: número de hileras; GH: granos por hilera; LP: longitud de la planta; AM: altura a la mazorca; REN: rendimiento de grano.

TABLA IV
 RENDIMIENTO MEDIO Y VARIABLES AGRONÓMICAS DE FHC DERIVADAS DE LA POBLACIÓN EOM-12 DE MAÍZ
 RAZA ELOTES OCCIDENTALES SELECCIONADAS CON BASE EN EL RENDIMIENTO DE GRANO

FHC	LM (cm)	DM (cm)	NH	GH	LP (cm)	AM (cm)	REN (t·ha ⁻¹)							
15	20,20	a	4,62	ab	9	abc	35	abc	289,67	a	172,83	a	9,68	a
23	19,02	ab	4,37	abc	8	bcd	33	abcd	295,67	a	169,17	a	9,39	ab
1	18,27	ab	4,33	abc	9	bcd	31	abcd	277,67	a	165,83	a	9,36	abc
14	19,65	ab	4,60	abc	9	bcd	35	abcd	299,17	a	172,00	a	8,92	abcd
22	18,53	ab	4,65	ab	9	ab	33	abcd	292,17	a	168,67	a	8,56	abcde
26	18,87	ab	4,57	abc	9	abc	35	abc	294,67	a	166,50	a	8,49	abcdef
2	20,50	a	4,68	a	9	abc	34	abcd	297,50	a	156,33	a	8,41	abcdef
4	19,52	ab	4,33	abc	8	bcd	36	a	288,67	a	160,83	a	7,91	abcdefg
18	18,55	ab	4,28	abc	8	bcd	33	abcd	299,50	a	160,00	a	7,84	abcdefg
13	20,42	a	4,15	abc	8	bcd	35	abc	296,00	a	163,83	a	7,70	abcdefgh
5	18,10	ab	4,22	abc	8	cd	31	abcd	284,50	a	174,67	a	5,17	hijkl
17	17,62	ab	4,12	abc	8	d	29	bcd	296,50	a	175,83	a	4,80	ijkl
11	17,67	ab	4,22	abc	9	abcd	29	bcd	282,00	a	164,83	a	4,38	jkl
6	16,25	b	3,95	c	8	cd	28	d	290,50	a	159,83	a	4,28	kl
12	18,48	ab	4,20	abc	8	cd	29	abcd	294,00	a	167,67	a	3,77	l

Medias con letra igual en las columnas son estadísticamente iguales (Tukey, $p \leq 0,05$). LM: longitud de la mazorca, DM: diámetro de la mazorca, NH: número de hileras; GH: granos por hilera; LP: longitud de la planta; AM: altura a la mazorca; REN: rendimiento de grano.

poblaciones. Sin embargo, la Población de EOM-12 presentó rendimientos superiores a la media de 4,18t·ha⁻¹ para las familias de menor rendimiento, de la cual se destaca la familia 17 con un rendimiento de 4,80t·ha⁻¹. En el resto de las variables los valores promedio no presentaron diferencias significativas entre las poblaciones evaluadas.

Conclusiones

Las magnitudes de los estimados de los componentes de la varianza genética para la mayoría de las variables evaluadas fueron próximas a 0, lo que indica que las frecuencias de los genes favorables para la expresión del carácter son cercanas en valor a la unidad. En cuanto a los estimadores de varianzas, la población EOM-1 presentó menor interacción en los ambientes de evaluación, ya que la varianza genética presentó una mínima diferencia a la de interacción; lo que ayudó a reducir la varianza ambiental. Esta variación

existente es muy importante, ya que identifica a las poblaciones con características físicas, químicas y fenotípicas que cumplen con las preferencias culturales, políticas y sociales que demandan los agricultores, mejoradores y consumidores en diferentes regiones.

Los valores de heredabilidad del rendimiento implican la posibilidad de hacer una efectiva selección para el mejoramiento genético en las poblaciones, pero no así para la LP y AM, ya que presentaron valores de 0; esto muestra la existencia de una mayor varianza ambiental en estas variables en comparación a la genética.

La diferencia relativa en el rendimiento entre poblaciones y dentro de familias fue mucho mayor en la Población 1, con rendimiento promedio de 9t·ha⁻¹, siendo la familia número 9 la mejor.

REFERENCIAS

Bello, O, Ige SA, Azeez MA, Afolabi MS, Abdulmalik SY, Mahamood J (2012) Heritability

and genetic advance for grain yield and its component characters in maize (*Zea mays* L.). *International Journal of Plant Research* 2: 138-145.

Bellon MR, Hodson D, Hellin J (2011) Assessing the vulnerability of traditional maize seed systems in Mexico to climate change. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 108: 13432-13437.

Beyene Y, Semagn K, Mugo S, Prasanna BM, Tarekegne A, Gakunga J, Sehabiague P, Meisel B, Oikeh SO, Olsen M, Crossa, J (2016) Performance and grain yield stability of maize populations developed using marker-assisted recurrent selection and pedigree selection procedures. *Euphytica* 208: 285-297.

Castro-Torres LJ, Blanco-Fuentes RD, Espitia-Camacho MM, Cardona-Ayala C, Aramendiz-Tatis T (2021) Parámetros genéticos de características biométricas del fruto y semilla en *Caesalpinia ebano* (Fabaceae). *Acta Biológica Colombiana* 26: 327-334.

Erenstein O, Jaleta M, Sonder K, Mottaleb K, Prasanna B (2022) Global maize production, consumption and trade: trends and R&D implications. *Food Secur.*

14: 1295-1319. <https://doi.org/10.1007/s12571-022-01288-7>

Falconer DS (1984) *Introducción a la Genética Cuantitativa*. Trad. F. Márquez S. CECSA, México. 140 pp.

Maldonado MM, Lomeli AP, Castellanos JS, Pérez JER, Aguilar RM (2002) Varianza aditiva, heredabilidad y correlaciones en la variedad M1-Fitotecnia de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot). *Revista Fitotecnia Mexicana* 25: 231-237.

Mejía-Contreras A, Molina-Galán JD (1999) Comparación de procedimientos para la conversión a rendimiento por hectárea en la evaluación de variedades tropicales de maíz. *Agrociencia* 33: 159-163.

Mode CJ, Robinson HF (1959) Pleiotropism and the genetic variance and covariance. *Biometrics* 15: 518-537.

Molina Galán JD (1992) *Introducción a la genética de poblaciones y cuantitativa: Algunas implicaciones en genotecnia*. AGT Editor, México. 349 pp.

Nyquist WE, Baker RJ (1991) Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. *Critical*

- Reviews in Plant Sciences* 10: 235-322.
- Pourshoushtari RD, Ammerman LK (2021) Genetic variability and connectivity of the Mexican long-nosed bat between two distant roosts. *Journal of Mammalogy* 102: 204-219.
- Rebolloza Hernández H, Castillo Gutiérrez A, Carapia Ruíz VE, Andrade Rodríguez M, Villegas Torres OG, Núñez Valdés ME, Perdomo Roldán F (2016) Estimación de parámetros genéticos y selección de líneas S1 en una población segregante de maíz tropical. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 7: 1893-1904.
- Rodríguez-Pérez G, Zavala-García F, Treviño-Ramírez JE, Ojeda-Zacarias C, Mendoza-Elos M, Cervantes-Ortiz, F, Torres-Flores JL (2019) Estimación de componentes genéticos en líneas endogámicas de maíz (*Zea mays* L.). *Agrociencia* 53: 245-258.
- Silva-Díaz R, García-Mendoza P, Faleiro-Silva D, de Souza CL (2018) Determinación de componentes de la varianza y parámetros genéticos en una población segregante de maíz tropical. *Bioagro* 30: 67-77.
- Silva JC, Hallauer AR (1975) Estimation of epistatic variance in Iowa Stiff Stalk Synthetic maize. *Journal of Heredity* 66: 290-296.