

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
DIVISIÓN DE AGRONOMÍA
PROGRAMA DOCENTE DE LA CARRERA DE INGENIERO
AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN



Componentes Genéticos y Selección Familiar en Una Población de Maíz Azul

Por:

ALFONSO MEDRANO CHAIDEZ

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Saltillo, Coahuila, México

Febrero, 2026

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

PROGRAMA DOCENTE DE LA CARRERA DE INGENIERO
AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Componentes Genéticos y Selección Familiar en Una Población de Maíz Azul

Por:

ALFONSO MEDRANO CHAIDEZ

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

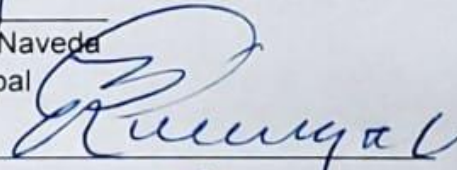
Aprobada por el Comité de Asesoría:



Ing. Raúl Gándara Huitrón
Coasesor



Dr. Antonio Flores Naveda
Asesor Principal



Ing. Gustavo Alfonso Burciaga Vera
Coasesor



Dr. Alberto Sandoval Rangel
Coordinador de la División de Agronomía



Saltillo, Coahuila, México

Febrero, 2026

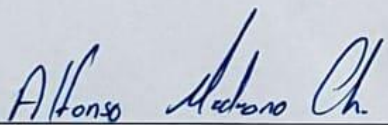
DECLARACIÓN DE NO PLAGIO

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

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

Por lo anterior, nos responsabilizamos de las consecuencias de cualquier tipo de plagio en caso de existir y declaramos que este trabajo es original.

Pasante


Alfonso Medrano Chaidez

Asesor Principal


Dr. Antonio Flores Naveda

AGRADECIMIENTOS

A Dios por guiarme por el buen camino y protegerme durante toda mi vida, permitiéndome cumplir esta meta.

A mi padre y madre Alfonso Medrano Corral y Leticia Chaidez Pérez por apoyarme totalmente y creer totalmente en mí.

A la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro por ser mi ALMA TERRA MATER y permitirme formarme profesionalmente en sus aulas.

Al MC. Eduardo Hernández Alonso por su amistad, enseñanzas, consejos y guiarme durante todo este proyecto.

Al Dr. Antonio Flores Naveda por apoyarme en este trabajo.

Al Ing. Raúl Gándara Huitrón por su amistad y apoyo durante mi formación estudiantil.

A mis amigos de la universidad Luis, Lou, Leonel, Ricardo, Néstor, Omar, Sandra, Bibiana, Aaron, Álvaro, Gabriel y Ángel por los buenos anécdotas y experiencias.

A mis Maestros por compartirme sus conocimientos y ser parte de mi formación profesional.

DEDICATORIA

En memoria de mis abuelos y abuelas: Jesús Medrano García[†], Manuel Chaidez Sepúlveda[†], Guadalupe Corral Herrera[†] y Francisca Pérez Soria[†].

A mis padres Alfonso Medrano Corral y Leticia Chaidez Pérez por su amor y llevarme por el buen camino.

A mis hermanos Jesús y Brenda por su apoyo y buenos deseos.

A mis tíos Lehi Madero y Maricruz Medrano por todo el apoyo brindado.

A mis familiares por sus bendiciones y apoyo.

ÍNDICE DE CONTENIDO

DECLARACIÓN DE NO PLAGIO.....	iii
AGRADECIMIENTOS.....	iv
DEDICATORIA	v
ÍNDICE DE CONTENIDO.....	vi
ÍNDICE DE CUADROS	ix
ÍNDICE DE FIGURAS.....	x
RESUMEN	xi
I. INTRODUCCIÓN.....	1
1.1. Objetivos	3
1.2. Hipótesis.....	3
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	4
2.1. Contexto Nacional del Maíz	4
2.2. Maíces de Especialidad.....	5
2.3. Análisis de Varianza	7
2.4. Componentes Genéticos.....	9
2.5. Heredabilidades	10
2.6. Variedades Autóctonas o Mejoradas de la Tierra	12
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	14
3.1. Ubicación del Experimento.....	14
3.2. Material Genético.....	14
3.2.1. Cruzas.....	15
3.3. Siembra.....	15
3.4. Aclareo.....	15

3.5. Manejo Agronómico	15
3.5.1. Fertilización.....	16
3.5.2. Riego.....	16
3.5.3. Control de Malezas	16
3.5.4. Control de Plagas	16
3.6. Variables Evaluadas	16
3.6.1. Floración Macho (FM).....	17
3.6.2. Floración Hembra (FM).....	17
3.6.3. Altura de Planta (AP)	17
3.6.4. Altura de Mazorca (AM).....	17
3.6.5. Acame de Raíz (AR).....	17
3.6.6. Acame de Tallo (AT)	18
3.6.7. Mala Cobertura (MC).....	18
3.6.8. Plantas con <i>Fusarium</i> (PF).....	18
3.6.9. Calificación de Planta (CP)	18
3.6.10. Calificación de Mazorca (CM)	19
3.6.11. Humedad (Hum)	19
3.6.12. Peso Hectolítrico (PHL).....	19
3.6.13. Rendimiento (REND)	19
3.7. Diseño Experimental Utilizado	20
3.8. Esperanzas de Cuadrados Medios Estimados para el Diseño Carolina del Norte I.....	21
3.9. Estimación de Componentes de Varianza	22
3.10. Heredabilidad	23
3.11. Gráfico Biplot Mediante el Modelo AMMI.....	23

3.12. Índice de Selección.....	25
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	27
4.1. Análisis de Varianza	27
4.2. Componentes Genéticos.....	30
4.3. Heredabilidad de Caracteres	31
4.4. Selección de Familias.....	32
CONCLUSIONES	38
LITERATURA CITADA.....	39

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro	Descripción	Página
3.1.	Esperanzas de cuadrados medios del diseño I de Carolina del Norte.....	21
4.1.	Cuadrados medios del análisis de varianza de trece variables agronómicas de la población azul, evaluadas durante la primavera-verano de 2023.....	28
4.2.	Componentes genéticos, varianzas genéticas y heredabilidad de la población azul, de trece variables agronómicas evaluadas durante la primavera-verano de 2023.....	31
4.3.	Variables agronómicas y su respectiva heredabilidad, seleccionadas para construir el índice de selección para la población en estudio.....	34
4.4.	Selección de 20 familias superiores de hermanos completos de la población azul a través del índice de selección.....	36

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura	Descripción	Pagina
4.1.	Gráfico Biplot y agrupamiento natural de trece variables agronómicas, evaluadas durante la primavera-verano de 2023.....	33

RESUMEN

El objetivo de la presente investigación fue estimar los efectos genéticos de una población de maíz azul en 13 variables agronómicas e identificar 20 estructuras de hermanos completos superiores para recombinarlos, siguiendo la metodología de selección recurrente. Se evaluaron 250 estructuras familiares de hermanos completos y 5 testigos representativos de la población, el diseño de apareamiento de Carolina del Norte I, permitió formar las familias antes mencionadas mediante el cruzamiento de 51 plantas macho que actuaron como donadoras de polen con distinto número de hembras generando las 250 familias. La evaluación se estableció en el bajío de la UAAAN en el ciclo P-V del 2023. El diseño experimental utilizado fue un diseño de bloques al azar con un arreglo α - lattice, con dos repeticiones. La unidad experimental fue de tres metros de longitud, 75 cm entre surcos y 12.5 cm entre plantas. Los resultados obtenidos demostraron que la fuente de variación de los machos tuvo diferencias significativas y altamente significativas en el 84% de las variables evaluadas, lo que explica las diferencias fenotípicas y genéticas entre las plantas macho, atribuidas a la variabilidad genética presente en la misma población. Los valores de los análisis genéticos obtenidos para la varianza aditiva (σ^2_A) fueron superiores en comparación a los de la varianza de dominancia (σ^2_D) en 12 de las 13 variables evaluadas, la estimación de heredabilidad (h^2) fue alta (≥ 0.5) en siete variables, media (0.2-0.5) en cinco y baja (≤ 0.2) en una. Estos valores indican que la metodología de selección recurrente de hermanos completos es la adecuada para mejorar la población. El gráfico Biplot identificó tres grupos de variables que mantenían correlación, de las que se seleccionaron una de cada grupo para realizar el análisis de índices de selección con el cual se identificó las 20 estructuras familiares superiores con un índice menor a 12.49 que fueron: (202, 53, 188, 7, 174, 166, 26, 15, 152, 190, 160, 32, 199, 157, 248, 113, 8, 151, 19, 35) lo que corresponde a una presión de selección menor al 10 por ciento.

Palabras clave: Maíz azul, rendimiento, heredabilidad, selección recurrente.

I. INTRODUCCIÓN

En las regiones del Subtropico mexicano, los rendimientos de maíz son bajos debido a las condiciones adversas del ambiente, las variedades mejoradas han demostrado tener una mejor adaptación a estos factores, por lo que se ha convertido en una opción de gran viabilidad económica para los productores de bajos recursos; debido a que tiene un costo menor que los híbridos producidos por el sector privado.

El maíz es el cultivo con mayor superficie establecida en nuestro país, durante el año 2024 con una superficie de 6.6 millones de hectáreas, logrando una producción total de 24 millones de toneladas. De la cual, no se logra abastecer el consumo teniendo una importación de aproximadamente 25.8 millones de toneladas en su mayoría de maíz amarillo, ya que la producción nacional no alcanza a cubrir el 20% de la demanda. En maíz azul, se alcanzó una producción de 11,820 toneladas, siendo el estado de Chihuahua y Puebla los principales productores (SIAP, 2024).

Realizar mejoramiento genético en este cereal, es una de las maneras en las cuales la producción puede aumentar, logrando hacer eficientes los recursos; como agua, suelo, entre otros. Esta práctica ayudaría a satisfacer la demanda generada por el mismo aumento de la población.

Según Agama *et al.*, (2011) indicaron que, en México existe una gran variabilidad genética entre maíces de color azul, debido a la existencia de una gran cantidad de variedades de distintas razas, adaptadas a nichos específicos que presentan características superiores en cuanto a sabor, dulzura y otras cualidades nutricionales en comparación con el maíz blanco y amarillo.

Las poblaciones mejoradas son utilizadas para programas de mejoramiento aplicado ya que tienen cualidades previamente seleccionadas mediante la identificación de individuos superiores dentro de la población, la polinización controlada entre las mejores plantas permite aumentar la cantidad de alelos favorables de la población original, por lo que al ser recombinar los individuos se obtiene una variedad con atributos superiores (Nájera, 2010).

El método de selección recurrente puede resultar eficiente para mejorar una población apoyado en un diseño de apareamiento, que permita estimar las varianzas aditivas, de dominancia, fenotípicas y genéticas de tal manera que los individuos serán seleccionados en base a cualidades genéticas deseables y que puedan ser heredables. Para esta investigación se utilizó el diseño Carolina del Norte que está compuesto por el cruzamiento de machos hacia distintas hembras (Beulah *et al.*, 2018).

La Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro se ha dedicado a la mejora de poblaciones nativas adaptadas a las condiciones del noreste del país; a través del Instituto Mexicano del Maíz, el cual ha desarrollado un programa de mejoramiento con la finalidad de generar nuevas variedades que puedan emplearse en un programa de endogamia para la formación de híbridos o directamente utilizadas por los mismos productores para la producción de grano.

1.1. Objetivos

- Estimar los componentes genéticos de 13 variables evaluadas de una población de maíz azul.
- Identificar las mejores 20 familias de hermanos completos con características agronómicas superiores mediante la herramienta de índices de selección.

1.2. Hipótesis

- Los componentes de varianza y de heredabilidad permitirán identificar cual metodología de mejoramiento es la adecuada para obtener mejor respuesta a la selección.
- El uso de dos o más variables será más eficiente en la constitución de los índices de selección y con esto se obtendrá una mejor respuesta a la selección.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. Contexto Nacional del Maíz

El maíz, es el cultivo más sembrado en México, se destacan cifras mayores a los 6 millones de hectáreas sembradas, durante el 2024 la producción total fue de 24 millones de toneladas con un rendimiento promedio de 3.70 t ha^{-1} ; del total, 5.4 millones de hectáreas se sembraron bajo condiciones de temporal, cuyo rendimiento promedio fue 2.64 t ha^{-1} , mientras que, bajo condiciones de riego se sembraron 1.1 millones de hectáreas obteniendo un promedio de rendimiento de 8.73 t ha^{-1} . Es importante señalar que, del total producido el 90% es maíz blanco y el 10% restante se divide entre el maíz amarillo y maíces de especialidad (granos pigmentados). De este último y en particular del maíz azul, se sembraron 9,300 ha con un rendimiento total de 11,800 toneladas, el rendimiento promedio fue de aproximadamente 1.40 t ha^{-1} . Esto señala que, la producción de maíz azul solo representa 0.0005% de la producción nacional de maíz (SIAP, 2024).

Preciado-Ortiz y Vázquez-Carrillo (2022) indicaron que, para lograr esta producción se utilizan esquemas distintos, por ejemplo: con enfoque en la alta producción; asistido por semillas híbridas “genéticamente mejoradas”, riego altamente tecnificado (Agricultura 4.0) y uso de insumos sin restricción. Totalmente opuesto al otro sistema de producción (sistema de producción tradicional), en donde no se tiene un sistema de riego y el cultivo se mantiene a expensas de la precipitación pluvial (temporal) y las semillas utilizadas para este tipo de producción en su mayoría son nativas que reciben una mínima aplicación de agroinsumos.

2.2. Maíces de Especialidad

Preciado-Ortiz y Vázquez-Carrillo (2022) señalan que la gran diversidad genética de maíz en México, permiten otorgar un enfoque al mejoramiento genético; con la integración de la ciencia y tecnología de alimentos para generar maíces que tengan un aporte de bio-fortificados para otorgar valor agregado y permitan la obtención de bio-activos y alimentos para consumo, logrando un mayor aprovechamiento a través de los distintos procesos como la nixtamalización, fermentación, cocimiento, tostado, entre otros. A su vez, con la utilización de métodos tecnológicos en los programas de mejoramiento permitan obtener maíces con las características requeridas por la industria para la extracción de diversos derivados de maíz como almidones, edulcorantes, fármacos, alcoholes, biopolímeros y combustibles; otro aspecto que se puede mejorar es la digestibilidad de los granos de maíz para que tenga un mayor aprovechamiento para la alimentación pecuaria logrando una mayor eficiencia en su producción.

Estos mismos autores, Preciado-Ortiz y Vázquez-Carrillo, (2022) mencionaron que el grado de antocianinas y compuestos fenólicos son los determinantes de la coloración (azul o rojo) del grano de maíz. Además, presentan un impacto positivo en la salud humana, ya que participan en la actividad antioxidante, que actúa contrarrestando el daño por oxidación de las membranas y del ADN, lo que repercute en cáncer y problemas del corazón; además, participan deteniendo el envejecimiento celular.

México cuenta con una gran diversidad de razas de maíz entre las cuales se encuentran los maíces pigmentados de distintos colores, los blancos, rojos, amarillos, azules y negros, por mencionar algunos; cuentan con una gran diversidad en cuanto a aportes nutrimentales, compuestos fitoquímicos y fisicoquímicos generando un impacto tanto en el desarrollo de la planta como en el consumidor (Anaya *et al.*, 2024).

El grano de maíz azul generalmente es harinoso, con endospermo suave presenta una gran diversidad en la tonalidad del color del grano, ocasionada por el grado de acumulación de antocianinas en la capa de la célula conocida como aleurona llegando a tonalidades que parecieran negras; otras características que presenta diversidad son: tamaño y dureza de grano, densidad y composición química. Estas cualidades son ocasionadas por su composición genética, o factores relacionados al ambiente (Menchaca, 2022).

Nutricionalmente el maíz azul, presenta algunas ventajas destacando la superioridad del 20% en el aporte proteico, además de contener almidón en menor proporción y un índice glucémico menor comparado con el del maíz blanco; esto representa el gran potencial para la generación de productos que sean superiores en base a contenidos nutrimentales (Menchaca, 2022).

La composición física del grano de maíz está conformada por cuatro estructuras: el pericarpio, endospermo, embrión y el pedicelo. El pericarpio es la capa externa del grano que se encuentra constituida por una fibra dura que contiene hemicelulosa, celulosa, proteína y azúcares representando el 5-6% del peso seco del grano. El endospermo es el partícipe del 80-85% del peso seco, siendo conformado por alrededor del 75% de almidón, el 10% de proteína y 2% de carbohidratos en forma de azúcares principalmente. El embrión representa el 10% del peso seco del grano, su constitución principalmente son lípidos los cuales en su mayoría son triglicéridos, compuestos por ácidos grasos, polisacáridos, por último, el pedicelo que está compuesto de la misma manera que el pericarpio a base de celulosa, hemicelulosa y carbohidratos (Menchaca, 2022).

Los estudios científicos revelan que el consumo de maíz azul tiene impacto positivo en la salud humana debido a que los aportes de fitoquímicos pueden disminuir las enfermedades crónicas, debido a que las propiedades nutraceuticas participan

como antioxidantes por el contenido de antocianinas y ácidos fenólicos, estos compuestos generan efectos antidiabéticos y antiobesidad, actúan como neuroprotectores, y disminuyen la propagación de células cancerígenas, crean una protección al sistema cardiovascular, en pacientes con diabetes tipo dos tiene impacto en el desarrollo de nefropatías (Menchaca, 2022).

2.3. Análisis de Varianza

Un análisis de varianza combinado (ANOVA) puede estimar el efecto de la IGA y predecir los efectos contribuidos por los genotipos y ambientes. El ANOVA individualmente no puede discriminar entre genotipos con adaptación específica o con una alta adaptación a los ambientes ya que explica la IGA. Para predecir dichos efectos puede utilizarse el modelo AMMI, siendo uno de los modelos más detallados en cuanto a sus principios estadísticos y su metodología de análisis para la estimación de los efectos antes mencionados (García-Mendoza *et al.*, 2021).

Los métodos empleados para explicar la interacción-genotipo ambiente son muy variados se asocian por enfoques paramétricos y no paramétricos, sustentados en diferentes estrategias. Los componentes de varianza y regresión forman parte de una metodología paramétrica univariante. Un análisis combinado permite identificar genotipos adaptados y estables utilizados comúnmente en programas de mejoramiento cuando se tienen ensayos repetidos en distintos ambientes (Acevedo *et al.*, 2022).

El modelo de Lin y Binns tiene gran relevancia en los ensayos que sufrieron modificación a la estructura experimental y carecen de estabilidad entre experimentos, generando una homogeneidad que permite al modelo AMMI ser más eficiente, su funcionalidad está en presentar gráficamente de manera multivariada los efectos de genotipos e interacción genotipo-ambiente, funciona a través de un

modelo de regresión de sitio (SREG) presentado por el diagrama biplot, que está constituido por los 2 principales componentes obtenidos de la descomposición entre los valores singulares de los datos centrados en el ambiente (Acevedo *et al.*, 2022).

El diagrama Biplot simplifica la identificación de genotipos para caracteres de adaptabilidad y estabilidad además de permitir identificar los distintos ambientes en los que los genotipos se ven influenciados tanto de manera positiva como negativa, aspectos que permiten agrupar genotipos y ambientes (Acevedo *et al.*, 2022).

Fierros *et al.*, (2016) mencionaron que, el modelo AMMI biplots, representa de manera gráfica los efectos genéticos y de interacción genotipo x ambiente, en base a estos estudios los materiales seleccionados deben de tener un mayor nivel productivo por su valor genético y su alta estabilidad.

El modelo AMMI puede analizar una gran cantidad de genotipos en distintos ambientes, apoyado por un análisis de varianza (ANOVA) que permite estudiar los efectos aditivos y lineales de los genotipos y ambientes, mientras que para estimar la interacción genotipo por ambiente se realiza mediante un análisis de componentes principales, debido a que son considerados como efectos multiplicativos. Mediante su representación en forma de gráficos los genotipos son plasmados por puntos, mientras que los entornos son representados por vectores, los cuales a mayor longitud muestran el nivel de interacción que tienen los genotipos a través de los ambientes (Fierros *et al.*, 2016).

2.4. Componentes Genéticos

La variación genética juega un rol importante en la conservación de una especie, permitiendo a su vez mejorarla, en la cual permite identificar cualidades tanto genéticas, químicas, fenotípicas y físicas que logren satisfacer las demandas que implican los consumidores y agricultores de distintas regiones (Santiago-López *et al.*, 2024).

Estos mismos autores, Santiago-López *et al.*, (2024) mencionaron que, para desarrollar un programa de mejoramiento poblacional es necesario estimar los parámetros genéticos de la población y conocer su potencial agronómico. La varianza genética y sus constituyentes como la varianza aditiva, la varianza de dominancia y la varianza epistática podrían predecir las cualidades que la población aportaría cuando esta misma, no se ha sometido a una selección continua.

Castro-Torres, (2021) indicó que, la ganancia genética puede variar dependiendo del método empleado para el control genético de los atributos de interés, también dependerá de la variabilidad genética presente en la población, además de la presión de selección a la cual sea sometido el carácter de interés. Bajo este contexto, Santiago-López *et al.*, (2024) mencionaron que, la varianza aditiva tiene un impacto mayor, siendo la única que se transmite de los progenitores a su descendencia directamente.

Los caracteres controlados por muchos genes se ven más influenciados por el ambiente por lo que no deben analizarse de bajo la misma metodología que se emplea en el estudio de caracteres principales, estos caracteres se expresan en parámetros estadísticos que engloba los factores genéticos y ambientales. La manera correcta para conocer el genotipo es compararlo con distintos ambientes y

así conocer el efecto provocado en el fenotipo (Núñez-Torres y Almeida-Secaira, 2022).

El tipo de acción génica que controla cada carácter determina simplicidad para incorporar atributos agronómicos y que el potencial de producción aumente, en este aspecto es requerido el uso de técnicas para caracterizar fenotipos y conocer los efectos genéticos de los individuos involucrados en el estudio (Hernández y De León, 2021).

Hernández y De León, (2021) señalan que, al realizar mejoramiento genético enfocado al aumento de rendimiento se deben de mejorar las variables correlacionadas favorablemente con éste, algunas variables pueden ser, la longitud de mazorca, el peso hectolítrico y la profundidad de grano, éstas, al ser mejoradas tendrá respuesta en el potencial productivo de manera directa o indirecta.

2.5. Heredabilidades

En el fitomejoramiento, la heredabilidad en sentido estricto está definida como la variación fenotípica entre individuos que forman una población, debido a los efectos genéticos hereditarios. De igual manera, la heredabilidad en sentido amplio es la proporción de la variación genotípica atribuida al genotipo, que comprende los efectos aditivos, dominancia y epistáticos (Schmidt *et al.*, 2019).

Laghari *et al.*, (2010) mencionaron que la heredabilidad es valor atribuible al fenotipo, su importancia dentro del fitomejoramiento está en saber hacia dónde dirigir el programa. Además de, estimar en qué punto puede transmitirse una característica de generación en generación, su valor permite la elección correcta de las metodologías de mejoramiento o selección a utilizar por el fitomejorador para mejorar el carácter en la población. También, es utilizada para conocer la ganancia

genética que se pudiera obtener en la selección y determinar la importancia de los efectos genéticos.

El parámetro de la heredabilidad (h^2) es fundamental para realizar una buena selección, ya que estima la variación de una característica que puede ser atribuible a la varianza aditiva debido al efecto directo de los genes, conocida como herencia (Hernández y De León, 2021).

El uso de la genética cuantitativa aplicada en el estudio de parámetros permite estimaciones clave para la evaluación de genotipos, como la heredabilidad de distintos rasgos, la aptitud combinatoria general y específica, las asociaciones entre caracteres, la magnitud de la respuesta de selección y los índices empleados para realizar dicho proceso (Fernández *et al.*, 2023).

El rendimiento es un carácter controlado por diversos genes, siendo el factor de mayor interés y complejidad, por ende, la heredabilidad de este carácter puede ser muy variada con valores que van desde el 10% hasta el 80% dependiendo si la evaluación es en un solo ambiente o si son individuos endogámicos en ambientes repetidos por ende los esquemas de selección recurrente resultan ser mejores en el mejoramiento y la identificación de nuevas variedades (Fernández *et al.*, 2023).

La utilización de métodos estadísticos que permiten estudiar diversos caracteres a la vez en un mismo análisis, permite seleccionar genotipos con atributos superiores, sin embargo, para este tipo de selección es requerido conocer las covarianzas genéticas y fenotípicas basados en el valor del índice agregado de modo que se pueda estudiar y comprender la población involucrada en los programas de mejoramiento (Fernández *et al.*, 2023).

La heredabilidad estima la probabilidad y la cantidad en la que un carácter puede ser mejorado además de la rapidez que conllevaría para realizar dicho proceso, un ejemplo claro está en lo que encontraron por Bustios y Bustamante, (2021) en donde, mencionaron que investigadores estimaron heredabilidad de altura de planta y de rendimiento de maíz obteniendo un 70% y un 20% respectivamente, esta diferenciación en los porcentajes es porque el carácter de altura de planta interacciona menos con el ambiente y que es un carácter controlado por pocos genes a diferencia del rendimiento que es cuantitativo y afectado por el ambiente.

Bustios y Bustamante, (2021) señalaron que, la heredabilidad al ser estimada en diversos ambientes presenta limitaciones ya que los valores pueden elevarse demasiado, por lo que no deben de emplearse para conocer la variabilidad genotípica porque el ambiente estaría desviando el valor original.

2.6. Variedades Autóctonas o Mejoradas de la Tierra

Las variedades de polinización libre presentan cualidades favorables para los agricultores ya que son de bajo costo, además que su mantenimiento es fácil y puede seguir siendo cultivada con la misma semilla durante ciclos. Para la obtención de estas variedades se requiere realizar evaluaciones en ambientes para identificar a los genotipos con mejores cualidades agronómicas y estables (Canales *et al.*, 2024).

Las variedades de PL (polinización libre o abierta) son plantas alógamas y su polinización no es manipulada por el ser humano esto explica que las flores hembras pueden ser fecundadas por cualquier planta de la población por medio de la polinización anaeróbica y aeróbica, mediante este proceso de reproducción los individuos contarán con una gran variabilidad genética que puede repercutir positiva

o negativamente, según su comportamiento agronómico y demás cualidades que puedan satisfacer los requerimientos de los agricultores (FAO, 2024).

La FAO, (2024) indicó que, los híbridos comerciales de maíz son competitivos desarrollados a partir de la genética de familias superiores, estas plantas presentan homogeneidad en alturas de planta y en ciclo de maduración. La SADER, (2023) explica que su principal impacto está en incrementar la producción sin necesidad de aumentar la superficie sembrada optimizando los recursos.

Turrent *et al.*, (2012) mencionaron que los híbridos son superiores a las variedades mejoradas en aspecto de rendimiento a lo que Fernández *et al.*, (2013) mencionaron que, las razas nativas tienen ventajas sobre los híbridos cuando las condiciones no son las más óptimas incluso, las variedades nativas pueden producir donde las variedades mejoradas no sobrevivirían, por ende, en los terrenos edafo-climáticamente más limitados los productores optan por razas nativas.

La conservación del germoplasma nativo es de gran importancia, debido a las evidencias que existen acerca de la extinción y pérdida de algunas poblaciones nativas, por lo que se debe tener el conocimiento para la caracterización y preservación, permitiendo mantener materiales adaptados a condiciones climáticas específicas y preservar actividades culinarias tradicionales (Fernández *et al.*, 2013).

III. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Ubicación del Experimento

El desarrollo de este proyecto de investigación fue realizado dentro de las instalaciones de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro en el Campo Experimental del Bajío, perteneciente al Instituto Mexicano de Maíz específicamente en una localización geográfica con las coordenadas 25°23'36"N 100°01'1.8" W y una altitud de 1730 m s. n. m.

La precipitación media anual es de 350 a 400 mm, con temperaturas promedio entre los 18 y 22°C.

3.2. Material Genético

El germoplasma utilizado pertenece a una colecta de maíz azul, en diferentes regiones del Trópico seco y el Subtrópico mexicano. Esta población en particular se caracteriza por la tonalidad azul presente en el grano, debido a la cantidad de antocianinas acumuladas el endospermo y la capa de aleurona.

La población de maíz azul evaluada, presenta características agronómicas distintivas: entre las que destacan entrenudos largos, ciclo precoz- intermedio, y grano tipo dentado. Esta registrada, en el Catálogo Nacional de Variedades Vegetales (CNVV) del SNICS como VAN-CENTENARIO (3334) y corresponde al Programa de Mejoramiento del Instituto Mexicano de Maíz "Mario Enrique Castro Gil" de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro con adaptación a las regiones con sistemas de producción tradicional específicamente para la región del Subtrópico.

3.2.1. Cruzas

La formación de la población evaluada fue generada en el ciclo de primavera-verano del 2022 atendiendo el diseño de apareamiento Carolina del Norte I, que consistió en el cruzamiento de 51 plantas utilizadas como macho, las cuales fueron los donadores de polen para distinta cantidad de hembras, estas cruzas dieron origen a 250 estructuras de hermanos completos; para realizar la evaluación se añadieron cinco genotipos que fungieron como testigos. La evaluación se realizó en el ciclo de primavera-verano del 2023.

3.3. Siembra

La siembra del experimento se llevó a cabo el día 30 de abril de 2023, de manera manual, depositando dos semillas por golpe, para lograr tener una densidad de población óptima y al tener emergencia de la planta en las primeras etapas se realizó un aclareo que brindará hasta lo posible obtener la densidad de siembra óptima.

La unidad experimental consistió en un surco de 3 metros de longitud con una distancia entre planta y planta de 12.5 cm y la separación entre surcos de 75 cm logrando una densidad de 106,600 plantas ha⁻¹ aproximadamente.

3.4. Aclareo

Consiste en dejar solo una planta de las dos emergidas, esta actividad permite asegurar una densidad óptima para su evaluación. Esta actividad se realizó en etapas iniciales del cultivo (V3-V4).

3.5. Manejo Agronómico

El manejo realizado fue de forma homogénea para las 250 familias y los 5 testigos que consistió en riego, fertilización, manejo agronómico, control de plagas y control

de malezas, estas actividades se realizaron en los momentos adecuados o requeridos dentro de las etapas de crecimiento y desarrollo del cultivo de maíz.

3.5.1. Fertilización

Las fuentes de fertilización empleadas fueron triple 17, fosfato monoamónico 11-52-00 y Urea aplicando una dosis total de 200-100-100 kg por hectárea, el cual se dividió en dos aplicaciones de manera manual, la primera cuando el cultivo estaba en V2 en la cual se aplicó el total de fósforo y potasio y solo el 50% del nitrógeno total el resto se aplicó cuando estaba en etapa V5-V6.

3.5.2. Riego

Fueron aplicados cuando el cultivo lo requería, esto se realizó mediante cintilla.

3.5.3. Control de Malezas

Se aplicó un herbicida pre-emergente el día de siembra, el producto aplicado es conocido como Gesaprim Calibre 90 (atrazina) a una dosis de 2 kg ha⁻¹ diluidos en 200 litros de agua, posteriormente al tener presencia de malezas se aplicó una herbicida post-emergencia conocida como Elumis de la empresa Syngenta (Nicosulfuron + Mesotrione) a dosis de 1.5 l ha⁻¹ diluidos en 200 litros de agua.

3.5.4. Control de Plagas

Las aplicaciones se realizaron en base al umbral económico del gusano cogollero, el insecticida utilizado fue Proclaim 5GS (Benzonato de Emamectina) en una dosis de 200 g ha⁻¹ diluidos en 200 litros de agua aplicados al cogollo de la planta.

3.6. Variables Evaluadas

Las variables agronómicas evaluadas son las consideradas de mayor importancia para realizar la selección de plantas de maíz.

3.6.1. Floración Macho (FM)

Son los días transcurridos desde la siembra hasta el día en que el 50% más 1 de las plantas de la parcela experimental evaluadas presentan inflorescencia y están en antesis.

3.6.2. Floración Hembra (FM)

Son los días transcurridos desde el día de siembra hasta el día en que el 50% más 1 de las plantas de la parcela experimental evaluadas presentan inflorescencia femenina (estigmas visibles y receptibles).

3.6.3. Altura de Planta (AP)

Es la longitud medida en centímetros desde la base de la planta hasta el final de la inflorescencia masculina, este dato fue tomado en 5 plantas representativas de la unidad experimental para posteriormente ser reportadas como promedio de la parcela experimental.

3.6.4. Altura de Mazorca (AM)

Es la longitud expresada en centímetros desde la base de la planta, hasta el punto de inserción de la mazorca principal, este dato fue tomado de 5 plantas representativas de la unidad experimental, para posteriormente ser reportadas como promedio de la parcela.

3.6.5. Acame de Raíz (AR)

Son las plantas que están mal ancladas al suelo presentando acame, considerando como acame a las plantas que forman un ángulo de inclinación igual o mayor a 30°

con respecto a la posición vertical de la planta, de cada unidad experimental se calculó el porcentaje.

3.6.6. Acame de Tallo (AT)

Son plantas que se encontraron acamadas por unidad experimental, considerándose acame a las plantas que presentan dobladuras entre los entrenudos por debajo de la mazorca principal. De cada unidad experimental se calculó el porcentaje.

3.6.7. Mala Cobertura (MC)

Son las mazorcas que no están cubiertas en su totalidad por el totemoxtle. De cada unidad experimental se calculó el porcentaje con respecto al total de mazorcas.

3.6.8. Plantas con *Fusarium* (PF)

Son las plantas que presentan senescencia temprana o tallos débiles que favorecen el acame; los signos frecuentes son que, los entrenudos inferiores muestran coloración café o marrón, al cortar el tallo, se observa la médula desintegrada y una decoloración rosada a tostada, en planta muestran amarillamiento y marchitez generalizada, a menudo empezando por un lado de la planta. De cada unidad experimental se calculó el porcentaje con respecto a las plantas sanas versus plantas con presencia de daño.

3.6.9. Calificación de Planta (CP)

Es una calificación otorgada a cada unidad experimental en base a su desempeño y agrupada en cualidades fenotípicas y características cuantitativas como potencial

de rendimiento, sanidad, porte, expresado en una calificación de 1 a 10, donde 1 es muy malo y 10 excelente.

3.6.10. Calificación de Mazorca (CM)

Es una calificación otorgada al total de mazorcas producidas por la unidad experimental, se toman en cuenta los atributos de las mazorcas como, tamaño de mazorca, tamaño de grano, calidad de grano y homogeneidad expresados en una calificación de 1 a 10, donde 1 es muy malo y 10 excelente.

3.6.11. Humedad (Hum)

Esta variable fue expresada en porcentaje, se tomó de una muestra representativa de todas las mazorcas cosechadas por unidad experimental en la que se desgrano una muestra de aproximadamente 300 gramos y con apoyo del medidor portátil de humedad y peso hectolítrico de la marca Dickey-Jhon modelo "MINI GAC Plus" se obtuvo la información correspondiente.

3.6.12. Peso Hectolítrico (PHL)

Es el peso de un volumen de 100 litros expresado en (kg hl^{-1}) es un dato que puede verse afectado por la humedad, a mayor humedad de grano mayor será el peso hectolítrico. Esta variable se tomó al momento de muestrear la humedad.

3.6.13. Rendimiento (REND)

Es la producción estimada en una hectárea ajustada humedad al 15.5% expresado en (t ha^{-1}). Para calcular el rendimiento fue necesario estimar la materia seca mediante la siguiente formula:

$$ps = \frac{100 - \%H}{100} \times pc$$

Donde:

%H= porcentaje de humedad de grano a cosecha pc= peso total de campo en Kg.

El rendimiento en mazorca se obtuvo para cada unidad experimental al multiplicar el factor de corrección por el peso seco.

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

Donde:

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

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

1000 = Coeficiente para obtener el rendimiento en t ha⁻¹.

10,000 m² = Equivalencia a una hectárea.

3.7. Diseño Experimental Utilizado

El diseño experimental utilizado en esta investigación fue un diseño de bloques al azar con un arreglo *Alpha- lattice* (0,1), con finalidad de homogenizar la variación presentada por el terreno entre repeticiones;

Modelo lineal empleado para el diseño experimental:

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

Donde:

Y_{ijk} = Valor obtenido de los tratamientos (j), de la repetición (i), dentro del bloque (k).

μ = es la media general.

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

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

T_j = Es el efecto del i-ésimo tratamiento.

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

Modelo lineal utilizado para del Análisis Genético.

La evaluación se realizó en una sola localidad por lo que se empleó el análisis individual.

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

Donde:

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

μ = es la media general.

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

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

M_k = es el efecto del k-ésimo macho.

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

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

3.8. Esperanzas de Cuadrados Medios Estimados para el Diseño Carolina del Norte I.

Cuadro 3.1. Esperanzas de cuadrados medios del diseño I de Carolina del Norte.

F.V.	G.L.	C.M.	E.C.M.
R	r-1		
M	m-1	M_3	$\sigma^2_e + r \sigma^2_{h/m} + rh \sigma^2_m$
H(M)	m-(h-1)	M_2	$\sigma^2_e + r \sigma^2_{h/m}$

Error	(mh-1) (r-1)	M ₁	σ^2_e
Total	rmh-1		

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

3.9. Estimación de Componentes de Varianza

La estimación de los componentes de varianza se calculó utilizando el comando “Varcomp” mediante el software estadístico SAS (*Statistical Analysis System* 9.0), se ejecutó para todas las variables obtenidas del ANOVA del diseño I. Al ejecutar, la operación se generó un ANOVA con las siguientes estimaciones de varianza; varianza de machos (σ^2_m), varianza de hembras dentro de machos ($\sigma^2_{h(m)}$) y varianza del error (σ^2_e).

La fórmula para ser obtenidas es la siguiente:

$$\sigma^2_m = (M_3 - M_2) / hr$$

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

$$\sigma^2_e = M_1$$

La estimación de los componentes de varianza aditiva (σ^2_A) y varianza de dominancia (σ^2_D) se realizó en base a las esperanzas de cuadrados medios del análisis de varianza, para cada una de las variables, apoyado del comando “varcomp” del programa estadístico SAS (*Statistical Analysis System* 9.0).

La estimación de los componentes genéticos en base a los cuadrados medios del diseño de Carolina del Norte I pueden ser estimados de la siguiente manera:

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

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

Varianza Genética, $\sigma^2_G = (\sigma^2_A + \sigma^2_D)$;

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

3.10. Heredabilidad

Utilizando el software SAS y el comando “varcomp”, se calculó la varianza genética aditiva conocida como heredabilidad en sentido estricto (h^2) expresada en porcentaje, para cada variable agronómica evaluada; la fórmula para obtener dicho porcentaje es la siguiente:

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

3.11. Gráfico Biplot Mediante el Modelo AMMI

La metodología estadística para realizar la selección de las mejores estructuras familiares fue el modelo estadístico de IS (índice de selección) el cual para realizar el estudio requiere el análisis de pocas variables que sean representativas de todas; por lo que se utilizó del gráfico biplot que permite observar si existe un agrupamiento entre las variables evaluadas y seleccionar las de mayor impacto en la población.

Para realizar el gráfico biplot, fue necesario estandarizar los valores obtenidos de las variables evaluadas ya que fueron tomadas en distintas unidades de medida como: cm, t ha⁻², porcentaje, días, etc., la siguiente formula permitió realizar la estandarización de los datos:

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

Donde:

Z = Valor estandarizado.

Y_i = Valor obtenido de la variable.

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

σ = Desviación estándar de la variable en cuestión.

Posteriormente, se reordenaron los datos para realizar el grafico biplot en 3 columnas, en la primera se encontraba la variable agronómica evaluada, en la segunda el número de estructura familiar y en la última columna el valor estandarizado para cada variable, después se ejecutó para observar el agrupamiento de las 13 variables anteriormente descritas, el Modelo de Efectos Principales e Interacciones Multiplicativas (AMMI) ejecutado con la siguiente formula:

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

Donde:

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

μ = media general.

g_i = efecto del i-ésimo genotipo.

e_j = efecto de la j-ésima variable.

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

k=1.

λ_k = Raíz cuadrada del vector característico del k-ésimo eje del ACP.

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

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

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

3.12. Índice de Selección

Para la selección de las mejores familias se usó la metodología de Índices de Selección (IS), la cual se basa en la selección de variables de mayor interés económico para la mejora continua de la población, para esto, se utiliza el grafico biplot el cual muestra las variables más distintivas dentro de los grupos formados, considerando a su vez la heredabilidad de cada variable que presenta cada una de ellas.

Las variables seleccionadas para dicho análisis fueron: Rendimiento, Plantas con *fusarium*, y Floración Macho, con el propósito de obtener una población más precoz y con menor incidencia de *fusarium*, pero sin perder el rendimiento.

Se empleó la metodología de índices de selección propuesta por Barreto *et al.*, (1991), donde la ecuación utilizada para estimar dicho índice fue la siguiente:

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

Donde:

IS = Índice de selección.

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

$M_j...n$ = meta de selección.

$I_j...n$ = Intensidad de selección.

La asignación de metas consistió en otorgarle un valor a las variables a analizar, en donde se asignan valores de -3 a +3; donde los valores negativos identificarán los genotipos que se encuentran por debajo de la media poblacional de la variable analizada, a lo opuesto de los valores positivos que identifican los genotipos que resultaron por encima de la media de la población, para obtener genotipos cercanos al promedio se asignó el valor cero.

La intensidad de selección para cada variable puede variar entre valores de 1 a 10 donde los valores cercanos (1) son para las variables de menor interés consideradas por el fitomejorador y los valores próximos a (10) representan las variables de mayor interés.

Los resultados del índice de selección se emplearon para realizar otro, donde se alinearon a la columna de variable respuesta y se realizó una prueba de medias Tukey ($p \leq 0.05$), que permitió ordenar los índices de manera numérica, siendo los genotipos con valor más bajo seleccionados. Según Barreto *et al.*, (1991) son las familias superiores respecto a los genotipos evaluados.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En este capítulo, se muestran los resultados obtenidos de los análisis estadísticos, bajo el diseño de Carolina del Norte I para la población de maíz azul, denominada VAN-CENTENARIO con el propósito de cumplir los objetivos planteados para el presente trabajo de investigación.

4.1. Análisis de Varianza

En el Cuadro 4.1, se muestran los resultados de los cuadrados medios estimados, para cada variable evaluada de la población de maíz azul.

La fuente de variación de repetición, identificó diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$) para las variables de FM, FH, AP, AM, AR, CP y diferencias significativas ($P \leq 0.05$) para la variable de PHL, estas diferencias se atribuyen a las condiciones del terreno, al manejo agronómico y en general a factores bióticos o abióticos. Según Woodcock *et al.*, (2016) mencionan que, a mayor variabilidad entre las variables evaluadas, mayor deberá ser el número de repeticiones para identificar confiablemente las diferencias que puedan existir.

Mientras que, para las variables de AT, MC, PF, CM, REND y HUM no se encontraron diferencias, esto demuestra la efectividad del experimento, además de que estas variables, no fueron afectadas por condiciones de variación del ambiente. Vargas-Rojas *et al.*, (2024) mencionan que cuanto menor sea la diferencia entre tratamientos que se desea detectar, mayor será el número de repeticiones requerido para detectar dicho efecto.

Cuadro 4.1. Cuadrados medios del análisis de varianza de trece variables agronómicas de la población azul, evaluadas durante la primavera-verano de 2023.

F.V.	G.L.	FM (d)	FH (d)	AP (cm)	AM (cm)	AR (%)	AT (%)	MC (%)	PF (%)	CP (1-9)	CM (1-9)	REND (t ha ⁻¹)	HUM (%)	PHL (kg hl ⁻¹)
Rep	1	291.78**	270.02**	5642.12**	5669.03**	1357.28**	9.62	11.12	9.09	15.15**	.52	3.37	1.20	21.89*
Bloq/Rep	28	4.84**	5.16**	1168.37**	585.22**	116.95	13.75	43.16	104.61	1.34	.93	8.76*	3.07*	9.16**
Machos	50	9.07**	10.79**	1125.64**	984.75**	177.92**	17.66	137.03**	97.48	1.46*	2.25**	17.56**	6.9**	15.4**
Hem/Mac	199	3.00**	3.49**	310.48**	206.89**	95.54	18.94*	69.22**	77.30	1.05	1.11**	8.26**	2.68**	7.00**
Error	221	1.29	1.42	177.91	103.21	83.83	14.39	49.99	72.68	1.02	0.66	5.47	1.86	4.59
C.V.		1.49	1.55	4.82	6.95	116.99	35.87	41.66	35.3	22.44	19.49	18.67	7.76	2.79
Media		76.02	76.84	276.98	146.04	7.82	10.57	16.96	24.15	4.5	4.17	12.57	17.58	76.62
Máximos		81.00	81.00	312.50	189.5	50.5	24.5	50.5	48	6.5	7	20.72	19.75	81.85
Mínimos		71.50	71.50	221.50	91.5	0	8	8	8.5	2.5	1	4.53	13.8	70.85

*, **=significancia al 0.05, al 0.01 de probabilidad respectivamente; Rep= Repeticiones; Bloq/Rep= Bloques dentro de Repeticiones; Hem/Mac= Hembras dentro de Machos; F.V= Fuentes de variación; G.L.=Grados de libertad; FM=Floración macho; FH=Floración hembra; AP= Altura de Planta; AM=Altura de mazorca; AR = Acame de raíz; AT= Acame de tallo; MC= Mala cobertura; FUS= Fusarium; CP= Calificación de planta; CM= Calificación de mazorca; REND= Rendimiento; HUM= Porcentaje de humedad; PHL= Peso hectolítrico.

La fuente de variación de Bloques / Repeticiones detectó diferencias altamente significativas para ($P \leq 0.01$) para las variables de FM, FH, AP, AM, PH y diferencias significativas para REND y HUM, lo que demuestra que los bloques tienen un efecto dentro de las repeticiones reduciendo las diferencias generadas por las repeticiones. Vela, (2018) indica que, dentro de cada bloque, no debe de existir condiciones que afecten diferente a las unidades experimentales que se encuentran dentro de él. Además, Gutiérrez, (2015) mencionaron que, el propósito de tener conglomeradas las unidades experimentales en bloques es mantener las mismas condiciones para las unidades experimentales.

En la fuente de variación que corresponde a los machos se detectaron diferencias altamente significativas y significativas para 11 de las 13 variables agronómicas evaluadas, lo que demuestra que al menos uno de los machos, fue estadísticamente diferente al resto. Esto se debe a las diferencias fenotípicas y genéticas que presenta cada macho, por lo que la significancia es atribuible a la alta variabilidad genética presente en la población, misma que fue aprovechada para seleccionar los machos con cualidades distintivas. Rodríguez-Pérez *et al.*, (2023) mencionaron que, estas diferencias pueden ser debidas a las diferencias fenotípicas y genéticas de cada línea que se utilizó.

En la fuente de variación de hembras dentro de machos se identificaron diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$) para las variables: FM, FH, AP, AM, MC, REND, HUM, PH, mientras que para AT se detectaron diferencias significativas ($P \leq 0.05$). Esto indica que existen familias que muestran distinto comportamiento; esto puede ser generado debido a la interacción de alelos o a la información genética, así como a las condiciones edafoclimáticas. González-Torres *et al.*, (2017) señalaron que, para las líneas machos y hembras, la significancia es muestra de la diversidad alélica encontrada entre las mismas, lo cual es una condición necesaria para obtener híbridos sobresalientes; estas diferencias denotan la diversidad genética de la población evaluada.

Para el caso del coeficiente de variación de las variables FM, FH, AP, AM, HUM, PH, CP, CM y REND se obtuvieron valores bajos (1.49, 1.55, 4.82, 6.95, 7.76, 2.79, 22.4, 19.49 y 18.67 respectivamente), mientras que para las variables de AR, AT, MC y PF, con valores de (116.99, 35.87, 41.66, 35.3, respectivamente) mostraron un CV más elevado; lo que representa una mayor variabilidad en los datos, este aumento puede deberse a el mayor grado de dificultad en la toma de datos de estas variables, o a la heterogeneidad del ambiente. Nardino *et al.*, (2020) indicaron que, el CV es una variable que depende de la cantidad de tratamientos, repeticiones y

del impacto de los tratamientos; por lo que no se tiene estandarizado un valor para definir, si el experimento es viable.

4.2. Componentes Genéticos

En el Cuadro 4.2 se muestran los resultados correspondientes a los componentes genéticos, varianzas genéticas y heredabilidad de las 13 variables agronómicas evaluadas en un solo ambiente.

Para el efecto de la varianza aditiva (σ^2_A) tuvo un valor mayor en comparación con la varianza de dominancia para la mayoría de las variables, excepto para la variable de AT. Esto indica que el valor reproductivo es aceptable, lo cual es una evidencia de que existe una mayor contribución de alelos que se transmiten de generación en generación; el método de selección recurrente es una buena opción para mejorar la población, porque permite explotar la variabilidad genética de tipo aditivo, en donde se espera una mayor ganancia genética. Silva-Díaz *et al.*, (2018) señalaron que, la varianza aditiva es la más importante, ya que es la que se hereda de los padres a su descendencia, es determinante de las cualidades genéticas de la población y de la respuesta positiva a la selección, deseable en programas de selección recurrente que tienen por objetivo la acumulación de genes favorables para mejorar la población *per se*.

En cuanto a la varianza de dominancia se presentó en mayor proporción para la variable de acame de tallo (AT) en comparación con la varianza de efecto aditivo. Silva-Díaz *et al.*, (2018) mencionaron que, tanto los efectos de tipo aditivo como los de dominancia influyen en la herencia de los caracteres, pero con mayor impacto de los efectos aditivos, si se desea mejorar todas las características se sugiere utilizar un programa de selección recíproca recurrente o la selección recurrente, bajo metodologías S_1 , S_2 , ya que estas metodologías permiten mejorar todas las variables cuando existen los tipos de acción génica como sucede en este caso.

Cuadro 4.2. Componentes genéticos, varianzas genéticas y heredabilidad de la población azul, de trece variables agronómicas evaluadas durante la primavera-verano de 2023.

Estimador	FM (d)	FH (d)	AP (cm)	AM (cm)	AR (%)	AT (%)	MC (%)	PF (%)	CP (1-9)	CM (1-9)	REND (t ha ⁻¹)	HUM (%)	PHL (kg hl ⁻¹)
σ^2_M	0.65	0.77	91.55	90.11	8.73	-0.12	8.31	2.63	0.06	0.15	1.25	0.52	1.04
$\sigma^2_{(H)/M}$	0.91	1.10	70.69	55.28	6.25	2.43	10.25	2.47	0.02	0.24	1.48	0.44	1.28
σ^2_A	2.61	3.07	366.20	360.46	34.91	0.00	33.25	10.51	0.25	0.60	5.00	2.09	4.17
σ^2_D	1.04	1.34	0.00	0.00	0.00	10.19	7.76	0.00	0.00	0.37	0.94	0.00	0.96
σ^2_G	3.65	4.41	366.20	360.46	34.91	10.19	41.01	10.51	0.25	0.97	5.94	2.09	5.14
σ^2_F	4.30	6.61	549.31	412.06	76.83	17.39	66.01	46.85	0.76	1.30	8.68	3.02	7.44
h^2	0.61	0.46	0.67	0.87	0.45	0.00	0.50	0.22	0.33	0.46	0.58	0.69	0.56

σ^2_M = Varianza de machos; $\sigma^2_{(H)/M}$ = Varianza de hembras dentro de machos; σ^2_A = Varianza aditiva; σ^2_D = Varianza de dominancia; σ^2_G = Varianza genética; σ^2_F = Varianza fenotípica; h^2 = Heredabilidad; FM=Floración macho; FH=Floración hembra; AP= Altura de Planta; AM=Altura de mazorca; AR = Acame de raíz; AT= Acame de tallo; MC= Mala cobertura; PF= Fusarium; CP= Calificación de planta; CM= Calificación de mazorca; REND= Rendimiento; HUM= Porcentaje de humedad; PHL= Peso hectolítrico.

4.3. Heredabilidad de Caracteres

En el Cuadro 4.2, los resultados obtenidos para el parámetro de heredabilidad (h^2) referente a el diseño genético, mostraron que para las variables de floración macho (FM), altura de planta (AP), altura de mazorca (AM), mala cobertura (MC), rendimiento (REND), humedad (HUM) y peso hectolítrico (PH) mostraron una heredabilidad alta ≥ 0.5 , lo que indica que estos caracteres pueden ser transmitidos con mayor facilidad a la siguiente generación, entonces, al mejorar estos caracteres puede resultar más sencillo, el método recomendado es la selección recurrente sin polinización controlada.

Bernardo, (2020) mencionó que, para los caracteres de alta heredabilidad, la metodología de selección masal suele ser efectiva, para aumentar la frecuencia de alelos favorables en la población.

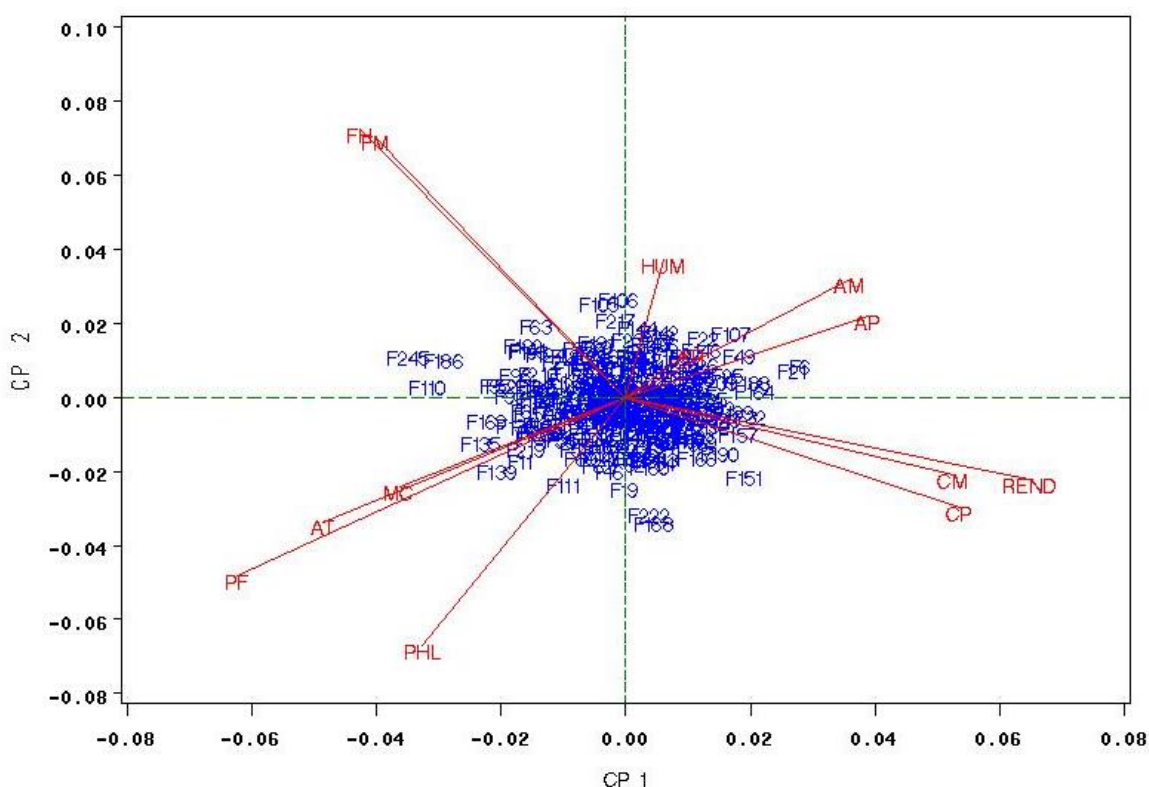
Para las variables de Floración Hembra (FH), Acame de Raíz (AR), Plantas con *Fusarium* (PF), Calificación de Mazorca (CM) mostraron una heredabilidad media (0.2-0.5) por lo tanto; si se desea mejorar estas variables se debe plantear un esquema de mejoramiento de hermanos completos. Esto coincide con lo mencionado por Hernández y De León (2021), que sugieren la implementación del método de selección de hermanos completos, ya que permite mantener y aprovechar la variabilidad genética que se tiene dentro de la población y aumentar los alelos favorables para obtener familias con un desempeño favorable en los siguientes ciclos de selección.

Se obtuvo una baja heredabilidad ≤ 0.2 para la variable Acame de Tallo (AT), las estimaciones con baja heredabilidad, demuestran que el incrementar alelos favorables para la población será lento o nulo, por ende se debe de orientar el esquema de mejoramiento a progenies endogámicas, pero en general podemos afirmar que la población tiene una gran heredabilidad para el resto de las variables por lo que se pueden obtener mejores resultados con otros métodos, antes de orientarla a progenies endogámicas, lo que beneficiara a esta población ya que es un carácter indeseable. Wuhaib *et al.*, (2017) indicaron que, los últimos estudios de estimación de heredabilidad, han sido bajos principalmente para caracteres de rendimiento y altos para variables agronómicas.

4.4. Selección de Familias

Para la realización de la selección de las estructuras familiares, existen distintos métodos desde la simple observación hasta la implementación de un método más

sofisticado que permite realizar la correcta selección de familias como lo es la utilización de la metodología de índices de selección, propuesto por Barreto *et al.*, (1991). Este índice permite un enfoque preciso y eficiente para realizar la selección. En este proceso, se evaluaron 13 variables agronómicas, de las cuales se seleccionaron tres que tienen gran impacto en la precocidad, sanidad y rendimiento de la población.



FM = Floración Macho; FH = Floración Hembra; AP = Altura de Planta; AM = Altura de mazorca; AR = Acame de raíz; AT = Acame de tallo; MC = Mala cobertura; PF = Plantas con fusarium; CP = Calificación de planta; CM= Calificación de mazorca; REND = Rendimiento; HUM = Porcentaje de humedad; PHL = Peso hectolitro.

Figura 4.1. Gráfico Biplot y agrupamiento natural de trece variables agronómicas, evaluadas durante la primavera-verano de 2023.

La formulación del Índice de Selección se fundamentó en la elección de las variables agronómicas más relevantes, las cuales representan de forma precisa los caracteres poblacionales a mejorar. Esta selección conllevó la creación de un

gráfico Biplot, resultado del análisis estadístico AMMI, el cual agrupó las variables en tres grupos. Para cada grupo, se eligió una variable basada en la mayor dispersión observada en los cuadrantes, teniendo en cuenta la longitud de su vector, el impacto agronómico y el grado de heredabilidad (h^2), un parámetro genético importante en la población.

En la Figura 4.1 se observa la formación de los grupos de variables de la población, se obtuvieron 3 grupos el primero correspondiente a los cuadrantes 1 y 4 que correlacionan para rendimiento, incluyó variables como HUM, AM, AP, AR, REND, CM y CP; así, la variable rendimiento (REND) fue seleccionada para mejorar este aspecto. En el segundo grupo, correspondiente al cuadrante 2, las variables se vinculan a precocidad, para mejorar la población en este aspecto se tomó Floración Macho (FM) debido a su alta heredabilidad. Por último, para el cuadrante 3 se agruparon las variables de: MC, AT, PF y PHL estas están asociadas a la sanidad de la población, de la cual fue seleccionada PF, como variable representativa.

Cuadro 4.3. Variables agronómicas y su respectiva heredabilidad, seleccionadas para construir el índice de selección para la población en estudio.

Variable	h^2	Objetivos
REND	0.58	Mejorar la población en aspecto de precocidad, rendimiento y sanidad.
FM	0.61	
PF	0.22	

H^2 = Heredabilidad de los caracteres de la población; REND= Rendimiento; FM=Floración Macho; PF= Plantas con *fusarium*.

La selección de estructuras familiares dentro de la población se llevó a cabo con la herramienta estadística IS (Selection Index), en el programa SAS (*Statistical Analysis System 9.0*), con este procedimiento se detectaron 20 familias superiores, para ello se eligieron las tres variables mencionadas en el Cuadro 4.3, bajo algunos criterios: la variable seleccionada debe de estar relacionada a un grupo de variables

y debe ser la más representativa dentro de este grupo, para lo cual se toma en cuenta el parámetro genético de heredabilidad de la variable seleccionada, además, del objetivo del fitomejorador, ya que este es de gran relevancia, porque permite dirigir hacia donde se quiere llevar la población.

El índice de selección fue estimado por repetición, los valores obtenidos de los índices fueron utilizados para un análisis de varianza y una prueba de medias de Tukey ($p=0.05$). Las familias que se seleccionaron fueron las que obtuvieron un índice de selección con menor valor. De acuerdo con Barreto *et al.*, (1991), los valores del índice están dados por distancias euclidianas, lo que significa que las familias que obtengan valores menores son consideradas las familias superiores.

El Cuadro 4.4 muestra los valores medios de 13 variables agronómicas que se utilizaron para la selección de 20 estructuras familiares superiores en base al índice de selección, destaca la variabilidad en los datos de las variables acame de raíz (AR), mala cobertura (MC), plantas con *fusarium* (FUS) y rendimiento (REND).

El objetivo fue seleccionar las familias sobresalientes en cuanto a las variables estudiadas, es importante tomar en cuenta los valores que presentan estas familias en el resto de variables agronómicas ya que pueden contribuir de manera positiva o negativa en la siguiente generación de la población, por ejemplo, la familia 53 tiene valores bajos en cuanto a calificación de planta y de mazorca 3 y 2 respectivamente, esto indica que el porte de la planta no es atractivo. Mientas que destaca de forma positiva en los factores de altura de planta y mazorca, teniendo valores de 263 y 119 cm; estos valores son ideales porque están debajo de la media de la población y puede correlacionar favorablemente hacia los componentes de acame. Además, el peso hectolítrico fue alto con un valor de 79.1 kg hl⁻¹, a pesar de tener un porcentaje de mala cobertura del 17%, por lo que demuestra que tiene cualidades para sanidad de grano.

Cuadro 4.4. Selección de 20 familias superiores de hermanos completos de la población azul a través del índice de selección.

FAM	IS	FM (d)	FH (d)	AP (cm)	AM (cm)	AR (%)	AT (%)	MC (%)	PF (%)	CP (1-9)	CM (1-9)	REND (t ha ⁻¹)	HUM (%)	PHL (kg hl ⁻¹)
202	8.20	74	76	276	145	0	0	7	8	5	4	17.99	19.4	74.5
53	9.90	74	75	263	119	4	1	17	11	3	2	15.54	17.4	79.1
188	10.00	76	77	287	151	0	0	1	7	6	6	16.37	19.8	73.7
7	10.10	76	77	279	153	5	1	1	7	5	5	14.78	18.8	75.6
174	10.30	75	77	261	128	3	0	3	11	5	5	14.68	17.1	78.9
166	10.30	74	74	265	139	5	3	3	7	5	5	14.93	14.9	77.6
26	10.30	78	79	285	155	6	0	11	5	6	5	15.53	17.8	76.2
15	10.30	76	77	288	148	7	1	11	7	4	4	13.19	16.5	78.7
152	10.30	74	76	286	149	0	0	5	6	6	4	14.67	18.3	78.1
190	10.30	74	74	283	141	8	2	5	18	6	5	16.81	18.0	76.2
160	10.30	76	77	288	148	7	4	7	14	4	4	13.19	16.5	78.7
32	10.40	76	76	292	164	4	0	2	8	6	6	17.19	17.6	78.7
199	10.40	76	77	300	148	16	0	10	4	6	5	17.14	16.4	78.9
157	10.50	74	74	285	148	0	2	5	10	5	6	15.87	19.4	76.4
248	10.60	76	76	279	150	9	1	20	9	5	4	16.44	16.1	76.1
113	10.60	75	75	251	132	1	3	3	14	6	4	16.76	16.9	77.9
8	10.60	75	76	264	137	4	1	8	13	6	4	14.96	19.3	75.8
151	11.90	73	73	274	149	10	2	8	20	6	6	17.82	17.1	76.0
19	12.26	73	72	259	128	0	2	8	13	4	4	12.91	15.6	79.2
35	12.49	74	74	279	144	11	2	5	12	5	4	14.72	20.7	71.5

FAM= Familia IS= índice de selección FM = Floración Macho; FH = Floración Hembra; AP = Altura de Planta; AM= Altura de mazorca; AR = Acame de raíz; AT = Acame de tallo; MC = Mala cobertura; PF = Plantas con *fusarium*; CP = Calificación de planta; CM = Calificación de mazorca; REND = Rendimiento; HUM = Porcentaje de humedad; PHL = Peso hectolítrico.

Se observa que, dentro de las familias seleccionadas para la mejora de la población, se pueden distinguir familias con un alto rendimiento, siendo esta variable la que permite identificar progenies con un alto potencial. El rendimiento más bajo fue 12.91 t ha⁻¹ y el más alto de 17.99 t ha⁻¹; las familias fueron: 19 y 202 respectivamente; estos valores son superiores comparados con la media nacional, esto indica el potencial genético de las familias para desarrollar un programa de mejoramiento. Donde se debe de hacer énfasis es para la variable de plantas con *fusarium*, ya que las familias: 53, 174, 190, 160, 157, 113, 8, 151, 19 y 35 presentaron valores de $\geq 10\%$ de incidencia presente, que puede generar problemas de sanidad a futuro en la población, debido a que fue el 50% de familias seleccionadas las que tuvieron estos valores. Domínguez y Gonzales (2021) mencionan que, los índices de selección permiten obtener mejores respuestas de selección al ser empleados en un esquema de selección recurrente, aumentando los caracteres de interés de la población.

CONCLUSIONES

La estimación de las varianzas y heredabilidades, permitió la exploración y caracterización genética, en donde se obtuvo que los valores reproductores de la población son adecuados, con el uso del modelo AMMI e índices de selección permitieron la selección de los genotipos sobresalientes con base a la evaluación de campo.

La población mostró una heredabilidad alta en siete de las 13 variables evaluadas (FM, AP, AM, MC, REND, HUM y PHL); intermedia en cinco de las 13 (FH, AR, PF, CP, CM); y baja o nula para la variable AT, esto indica que se puede emplear selección recurrente con tres métodos de mejoramiento: para caracteres de alta heredabilidad en donde se puede emplear el método de estructuras de medios hermanos, para heredabilidad intermedia estructura de medios hermanos y para el caso de heredabilidad baja progenies endogámicas, a mi criterio se debe de seguir trabajando la población con estructuras familiares de hermanos completos, para mejorar de manera simultánea cualidades, tanto en heredabilidades intermedias y altas.

Las 20 familias seleccionadas en base al IS fueron (202, 53, 188, 7, 174, 166, 26, 15, 152, 190, 160, 32, 199, 157, 248, 113, 8, 151, 19, 35) esto corresponde a una presión de selección menor del 10 por ciento, estas familias fueron las superiores para las características de interés que son sanidad, precocidad y rendimiento, mismas que mejoraron en comparación con el ciclo anterior de selección.

LITERATURA CITADA

Acevedo, B. M. A., Silva, D. R. J., Perdomo, R. R. D., Pérez, A. I. B., Álvarez, P. R. M. y Torres, A. O. J. (2022). Genotype x environment interaction for yield of rice hybrids and inbred varieties in Venezuela. *Acta Agronómica*. 71(1):73-80. Disponible en: https://revistas.unal.edu.co/index.php/acta_agronomica/article/view/91101/85718

Agama, A. E., Salinas Y.M., Pacheco G.V. y Bello P. L. A. (2011). Características físicas y químicas de dos razas de maíz azul: morfología del almidón. *Rev. Mex. Cienc. Agric.* 2:317-329.

Anaya, E. L. M., Gómez, G. V. M., Ramírez. V. H., Hernández. E. S., Hernández. V. L. A. y Villagrán, M. B. Z. (2024). Propiedades nutricionales, fisicoquímicas, funcionales, compuestos fenólicos y actividad antioxidante de harinas de tres accesiones de maíz azul nativo de México. *INGENIERÍA: Ciencia, Tecnología e Innovación*. 11(1):23-39. Disponible en: <https://revistas.uss.edu.pe/index.php/ING/article/view/2793/3165>

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

Bernardo, R. (2020). Reinventing quantitative genetics for plant breeding: something old, something new, something borrowed, something BLUE. *Heredity*, 125(6), 375–385. <https://doi.org/10.1038/s41437-020-0312-1>

Bustios, A.M.J. y Bustamante, D.C.M. (2021). Determinación de la variabilidad genética en rendimiento y componentes en la variedad de maíz morado pmv-581 en el distrito de Monsefu 2019 (Tesis de licenciatura). Universidad Nacional de Lambayeque. Disponible en: [file:///C:/Users/Surface%20pro3/Downloads/Bustios Ahumada y Bustamante Diaz.pdf](file:///C:/Users/Surface%20pro3/Downloads/Bustios%20Ahumada%20y%20Bustamante%20Diaz.pdf)

Canales, I.E.I., López, L.C., Espinosa, C.A., Tadeo, R.M., Turrent, F.A. y Zamudio, G.B. (2024). Productividad y estabilidad de variedades de maíz de polinización libre en Valles Altos de México. *Revista Mexicana De Ciencias Agrícolas*, 15(6). Disponible en: <https://doi.org/10.29312/remexca.v15i6.3032>

Domínguez, M., y González, J. (2021). Heredabilidad, correlaciones genéticas, análisis de sendero e índices de selección en una población de girasol (*Helianthus annuus*) de la EEA INTA Pergamino. RIA. *Revista de Investigaciones Agropecuarias*, 47(2). 209-215. Disponible en: <https://www.redalyc.org/journal/864/86469002006/html/>

Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura-FAO. (2024). *Mantenimiento de variedades mejoradas de maíz: Guía para el seguimiento en campo y recuperación de semilla básica*. Recuperado de <https://openknowledge.fao.org/items/c43f9dc1-8f0d-4c37-8e6e-6f78f8a05ee0>

Fernández, S.R., Morales, C.L.A. y Gálvez, M.A. (2013). Importancia de los maíces nativos de México en la dieta nacional. Una revisión indispensable. Revista Fitotecnia México. 36(3): 275 – 283. Disponible en: <https://www.scielo.org.mx/pdf/rfm/v36s3-a/v36s3-aa4.pdf>

Fierros, L.G.A., Ortega, M.P.F., Acosta, G.J.A., Padilla, V.I.V.V., Valverde, F.S. y Gutierrez, P.E. (2016). Interacción genotipo-ambiente en garbanzo blanco de semilla extra grande en el noroeste de México. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas, 7(3): 507-519. Disponible en: <https://d1wqtxts1xzle7.cloudfront.net/117230988/231libre.pdf?1722861950=&response-content->

García-Mendoza, P.J., Pérez-Almeida, I.B., Prieto-Rosales, G.P., Medina-Castro, D.E., Manayay, S.D., Marín-Rodríguez, C.A., Ricse, N.J.C., Ortecho, L.R. y Medina-Hoyos, A.E. (2021). INTERACCIÓN GENOTIPOAMBIENTE Y POTENCIALPRODUCTIVO DE 25 VARIEDADES DE MAÍZ AMILÁCEO EN LA PROVINCIA DE TAYACAJA, PERÚ. Bioagro 33(2): 67-78. Disponible en: <https://revistas.uclave.org/index.php/bioagro/article/view/3192/1973>

González-Torres, A., Luna-Ortega, J.G., Gallegos-Robles, M.A., García-Hernández J.L., Preciado-Rangel, P., Guerrero-Guerrero, C. y García-Carrillo, M. (2017). Aptitud combinatoria y heterosis en maíz. Ecosistema y Recursos Agropecuarios. 4(11):223-232. Disponible en: <https://www.scielo.org.mx/pdf/era/v4n11/2007-901X-era-4-11-00223.pdf>

Gutiérrez Liñán, J. L. (2015). Diseño de bloques al azar (Tesis de licenciatura, Universidad Autónoma del Estado de México, Centro Universitario UAEM

Zumpango).

Recuperado

de

<http://ri.uaemex.mx/bitstream/handle/20.500.11799/31401/secme-17390.pdf?sequence=1>

Hernández, A. E. y De León, C. H. (2021). Comportamiento genético para componentes de rendimiento en una población de maíz enano. Revista mexicana de Ciencias Agrarias. 26. IMM-UAAAN. Coahuila.

Laghari, K.A., Sial, M.A., Afzal, A.M., Mirbahar, A.A., Pirzada, A.J., Dahot, M.U. and Mangrio, S.M., (2010). Heritability studies of yield and yield associated traits in bread wheat. Pak. J. Bot., 42(1): 111-115.

Menchaca, A., M. (2022). optimización del proceso de nixtamalización por extrusión para la obtención de tortillas de maíz azul (*zea mays* L.) de calidad con alto contenido de antocianinas bioaccesibles. tesis doctoral del programa de doctorado en recursos y tecnologías agrarias, agroambientales y alimentarias. Universidad Miguel Hernández de Elche. Disponible en: <https://dspace.umh.es/bitstream/11000/28949/1/TD%20Menchaca%20Armenta%2c%20Mariela.pdf>

Nájera, C. L.A. Rincón S. F. Ruiz T. N. A. Castillo, G. F. (2010). Potencial de rendimiento en poblaciones criollas de maíz de Coahuila, México. Rev. Fitotec. Mex. Vol. 33 (4): 31 – 36.

Nardino, M., Pereira, JM, Marques, VT, D'avila, FC, Franco, FD y Barros, WS (2020). Coeficiente de Variación: Un Nuevo Enfoque para el Estudio de Experimentos con Maíz: Coeficiente de variación: un nuevo enfoque. Revista

Brasileña de Biometría. 38 (2), 185–206.
<https://doi.org/10.28951/rbb.v38i2.440>

Núñez-Torres, O.P. y Almeida-Secaira, R.I. (2022). Genética cuantitativa: principios de la crianza en la producción pecuaria. *Bianual*, 9(1). Disponible en: <https://portal.amelica.org/ameli/journal/198/1983099007/html/>

Preciado-Ortiz, R. E., y Vázquez-Carrillo, M. G. (2022). Generación de maíces especializados para mejorar la salud y nutrición en México. *ACI Avances En Ciencias E Ingenierías*, 14(1):13. Disponible en: <https://doi.org/10.18272/aci.v14i1.2489>

Rodríguez-Pérez, G., García-Ramírez, A., Cervantes-Ortiz y Andrio-Enríquez, E. (2023). COMPONENTES GENÉTICOS BAJO EL DISEÑO CAROLINA DEL NORTE II EN MAÍZ (*Zea mays* L.) EN EL SUR DE SONORA, MÉXICO. *Agro-Ciencia* 39(1): 1-11. Disponible en: <https://www.scielo.cl/pdf/chjaasc/v39n1/0719-3890-chjaasc-39-01-1.pdf>

Santiago-López, N., García-Zavala, J.J., Santiago-López U. y Santillán-Castillo R. (2024). PARÁMETROS GENÉTICOS DE MAÍZ POZOLERO: RAZA ‘ELOTES OCCIDENTALES’. *Interciencia*, 49(6): 0378-1844. Disponible en: https://www.interciencia.net/wpcontent/uploads/2024/06/06_7187_Com_Santiago_v49n6_7.pdf

Schmidt, P., Hartung, J., Bennewitz, J., Piepho, H.P. (2019). Heritability in plant breeding on a genotype-difference basis, *Genetics* . 212(4): 991–1008.

Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural - SADER. (2023). Selección de semillas mejoradas de maíz. Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural. https://www.gob.mx/agricultura/articulos/seleccion-de-semillas-mejoradas-de-maiz?utm_source=com

Servicio de información agroalimentaria y pesquera - SIAP. (2024). Panorama Agroalimentario 2018-2024. Secretaria de agricultura y desarrollo rural. 96-97. Citado al 30 de marzo de 2025. Disponible en: <https://www.gob.mx/siap/acciones-y-programas/panorama-agroalimentario258035>

Silva-Díaz, R., García-Mendoza, P., Faleiro-Silva, D. y Lopes de Souza, C. (2018). Determinación de componentes de la varianza y parámetros genéticos en una población segregante de maíz tropical. Bioagro 30(1): 67-77. Disponible en: <https://ve.scielo.org/pdf/ba/v30n1/art07.pdf>

Vargas-Rojas, J.C., Vargas-Martínez, A. y Corrales-Brenes, E. (2024). Determinación del número de repeticiones para un experimento en agricultura: importancia de la variabilidad y tamaño del efecto. Agronomía Costarricense 48(2): 133-142. Disponible en: <https://www.scielo.sa.cr/pdf/ac/v48n2/0377-9424-ac-48-02-133.pdf>

Vela Colorado, A. J. (2018). Estimación de Componentes Genéticos y Selección de Familias en Tres Poblaciones de Maíz (Tesis Maestría. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro). Disponible en: [file:///C:/Users/Surface%20pro3/Downloads/Vela%20Colorado,%20Antonio%20de%20JesA%CC%83%C2%BAs%20\(1\).pdf](file:///C:/Users/Surface%20pro3/Downloads/Vela%20Colorado,%20Antonio%20de%20JesA%CC%83%C2%BAs%20(1).pdf)

Woodcock, BA; Heard, MS; Jitlal, MS; Rundlöf, M; Bullock, JM; Shore, RF; Pywell, RF. 2016. Replication, effect sizes and identifying the biological impacts of pesticides on bees under. Source: Journal of Applied Ecology 53(5):1358-1362.

Wuhaib K. M.; Hadi B. H. and Hassan W. A. 2017. Estimation of genetic variation components, average degree of dominance and heritability for several traits of maize in four crosses. J. Agric. Veterinary Sci. 10(10):53-57.