

SELECCIÓN Y MANTENIMIENTO DE
POBLACIONES COMO ALTERNATIVA PARA LA
CONSERVACIÓN *IN SITU* DE LA DIVERSIDAD DEL
MAÍZ

GUILLERMINA MACCHI LEITE

TESIS

Presentada como requisito parcial para
obtener el grado de:

**MAESTRO EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO**



**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA
“ANTONIO NARRO”**

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.
Septiembre de 2010

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIRECCIÓN DE POSTGRADO

**SELECCIÓN Y MANTENIMIENTO DE POBLACIONES COMO ALTERNATIVA
PARA LA CONSERVACIÓN *IN SITU* DE LA DIVERSIDAD DEL MAÍZ**

TESIS POR

GUILLERMINA MACCHI LEITE

**Elaborada bajo la supervisión del comité particular de asesoría y aprobada
como requisito parcial, para optar al grado de**

**MAESTRO EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO**

COMITÉ PARTICULAR

Asesor principal:

Dr. Froylán Rincón Sánchez

Asesor:

Dra. Norma A. Ruiz Torres

Asesor:

Dr. Fernando Castillo González

Dr. Jerónimo Landeros Flores
Director de Postgrado

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Septiembre de 2010.

AGRADECIMIENTOS

A la **Organización de los Estados Americanos**, por la beca otorgada para la realización de la maestría, gracias a su apoyo estoy logrando alcanzar una de mis mayores metas anheladas.

A la **Facultad de Ciencias Agrarias**, de la Universidad Nacional de Asunción de Paraguay, a través del Departamento de Investigación, gracias por permitirme seguir mis estudios.

A la **Universidad Autónoma Agraria “Antonio Narro”**, por brindarme la oportunidad de realizar mis estudios de maestría a través del Departamento de Fitomejoramiento.

Al **Dr. Froylán Rincón Sánchez**, por permitirme participar en su trabajo de investigación, por toda su orientación, por el apoyo brindado y por su gran contribución para mi formación profesional.

A la **Dra. Norma A. Ruiz Torres**, por su tiempo y asesoría en la revisión del presente trabajo.

Al **Dr. Fernando Castillo González**, por su contribución y tiempo dedicado en esta investigación.

A la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA) y al Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas (SNICS) por el financiamiento del proyecto de investigación a través del **Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura** (SINAREFI).

Al **Ejido El Mezquite**, a Don Lupe y el equipo de agricultores por permitir realizar el trabajo de investigación en su finca.

Al plantel de docentes de la Maestría en Ciencias en Fitomejoramiento, gracias por las enseñanzas brindadas, por su gran apoyo y tolerancia.

Al **MC. Daniel Sámano Garduño**, por todos sus consejos y el apoyo brindado durante toda mi etapa de formación.

A la **Lic. Sandra López Betancourt** por su disposición y ayuda en la revisión del formato del presente trabajo.

A mis asesoras de beca **Leyla Cortés (OEA)**, **Paulina Savage (LASPAU)**, **Paola Cueva (LASPAU)** y **Stephanie Gamboa (SEVEN CORNERS)**, gracias por el gran apoyo brindado durante toda la maestría.

Al **Ing. Agr. Lorenzo Meza** y a la **Ing. Agr. Gloria Ovelar**, por darme la oportunidad de seguir formándome en el área profesional, gracias por todo el apoyo brindado desde la gestión de la beca hasta ahora.

Al **Dr. Gilberto Páez Bogarín**, gracias por haberme transmitido el amor a la investigación, y por el apoyo brindado durante toda la gestión de la beca.

A la **Dra. Rosa Oviedo de Cristaldo** y al **MC. Cirilo Centurión**, quiénes me han inculcado en el área del fitomejoramiento, y me han alentado a seguir mis estudios en esta área.

A **Carmen Cohene Mercado**, por ser una verdadera amiga que ha estado conmigo desde siempre.

A **Chieko Hayashi**, a la cual considero como una madre, gracias por estar conmigo en todo momento y por todos tus consejos.

A **Daniel Llano Carrillo**, por el aliento brindado para hacer posible uno de mis sueños anhelados.

A **Adriana Lázaro Carlo y Luis Alberto Nájera Calvo**, por su amistad y el gran apoyo brindado durante todo momento.

A todos mis **paisanos, compañeros y amigos**, gracias por estar conmigo en todo momento.

A las personas que me han ayudado a salir adelante en el área de salud, gracias por todo lo brindado.

A todos los que de alguna u otra forma colaboraron tanto para mi formación como profesional y como persona.

A **México**, gracias por acogerme y ser la mayor escuela que me ha dado la vida.

DEDICATORIA

Especialmente al **DIVINO NIÑO JESÚS** y todos mis **ANGELITOS** los cuales han estado tan cerca mío y no me han dejado ni un solo instante sola, gracias por ser la luz en mi caminar. A la *Virgen de Guadalupe* a quién he encomendado mi salud y a la *Virgen de Caacupe* a quién he confiado mis estudios.

A mi **GRAN FAMILIA**, mis abuelos *Luis, Mari, Rubio y Nicolaza*, mis padres *Dario y Guillermina*, mis hermanos *Ramoncito* (mi angelito), *Patricia, Lorena, Rossanna, Luis, Marcello, Silvina* y mis sobrinos *Montserrat, Camila, Sofia, Araceli, Clara, Luisito, Miguel María y Álvaro*. Gracias familia por todo el amor brindado, por ser mi fortaleza, por su aliento constante, y por la gran confianza que han depositado en mí.

A mi querido **PARAGUAY**, en el que con ansias anhelo trabajar con mucho amor y entusiasmo.

COMPENDIO

SELECCIÓN Y MANTENIMIENTO DE POBLACIONES COMO ALTERNATIVA PARA LA CONSERVACIÓN *IN SITU* DE LA DIVERSIDAD DEL MAÍZ

POR

GUILLERMINA MACCHI LEITE

**MAESTRÍA EN CIENCIAS EN
FITOMEJORAMIENTO**

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO. SEPTIEMBRE - 2010

DR. FROYLÁN RINCÓN SÁNCHEZ ---ASESOR---

Palabras clave: *Zea mays* L., conservación *in situ*, desespigamiento, mejoramiento participativo, selección masal.

En sistemas agrícolas tradicionales, el mantenimiento de las poblaciones de maíz se basa en la selección de semilla que consiste en elegir las mazorcas de mejor aspecto y semilla de tamaño grande; actividad practicada por lo general en el sitio de almacenamiento de la cosecha. El desespigamiento es un método

utilizado para el mantenimiento y producción de semillas. Los objetivos del trabajo fueron valorar la estrategia de selección y mantenimiento de una población criolla mejorada de maíz, y comparar dos métodos de producción de semillas. Se utilizó una población de maíz denominada 'JAGUAN' a la cual se aplicó un esquema de producción de semillas a través de surcos hembra (H) con desespigamiento y surcos macho (M) sin desespigamiento, durante dos generaciones (G_1 y G_2). En cada generación y método de producción se realizó selección masal con participación de agricultores, dando lugar a seis poblaciones (tratamientos): H y M (G_1), y las combinaciones HH, HM, MH y MM (G_2). La evaluación agronómica de las seis poblaciones se condujo en la localidad El Mezquite, Galeana, N. L. durante el 2008 y 2009. También se realizó la evaluación de la calidad fisiológica de la semilla de las poblaciones en estudio. Al evaluar las características agronómicas de las seis poblaciones, se observó diferencia ($P \leq 0.05$) sólo para el rendimiento de grano, mientras que para las demás características las poblaciones presentaron expresión similar. Se presentó diferencia ($P \leq 0.01$) en la comparación entre las generaciones (G_1 , originada en Tepalcingo, Mor.; y G_2 , procedente de El Mezquite, N. L.) para rendimiento de grano. Al analizar las poblaciones (H y M) dentro de la primera generación no se observaron diferencias significativas para las características agronómicas estudiadas. La evaluación de las poblaciones (HH, HM, MH y MM) dentro de la segunda generación (G_2) mostró diferencia ($P \leq 0.01$) sólo para el rendimiento de grano. También dentro de la G_2 se encontró diferencia ($P \leq 0.01$) entre poblaciones macho y hembra sólo para rendimiento de grano; y diferencia ($P \leq 0.05$) entre los métodos de producción con desespigamiento y sin

desespigamiento. La interacción poblaciones \times métodos de producción después de dos generaciones, indica que la respuesta de los métodos de producción es paralela en las poblaciones, con un incremento del método con desespigamiento sobre el método sin desespigamiento con valores de 2.9 % (0.199 t ha^{-1}) y 8.5 % (0.593 t ha^{-1}), respectivamente. Al evaluar los efectos del origen de producción de semillas en la calidad fisiológica, se observaron diferencias ($P \leq 0.01$) entre las poblaciones en estudio para germinación, peso seco de plántula y el peso seco de semilla. En la comparación entre las generaciones de semillas producidas en las localidades Tepalcingo, Mor. (G_1), y El Mezquite, N. L. (G_2), se encontraron diferencias ($P \leq 0.01$) para la germinación, peso seco de plántula y peso seco de semilla. La estrategia de selección masal con modificación en el esquema de producción de semillas (surcos hembra y surcos macho) con participación de agricultores, permite maximizar la productividad en un sistema de agricultura tradicional, al mismo tiempo que favorece la conservación *in situ* de la diversidad del maíz. Entre los métodos de producción de semillas, se encontró un rendimiento superior con el desespigamiento con una diferencia promedio de 5.4 % (0.397 t ha^{-1}) con respecto a surcos no desespigados; por lo que se considera un esquema adecuado para la producción y selección de semillas de maíz. El esquema de producción de semillas no influyó en la calidad fisiológica de las semillas.

ABSTRACT

SELECTION AND MAINTENANCE OF POPULATIONS AS AN ALTERNATIVE FOR *IN SITU* CONSERVATION OF MAIZE DIVERSITY

By

GUILLERMINA MACCHI LEITE

MAESTRÍA EN CIENCIAS EN
FITOMEJORAMIENTO

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO. SEPTEMBER - 2010

DR. FROYLÁN RINCÓN SÁNCHEZ ---ADVISOR---

Key Words: *Zea mays* L., *in situ* conservation, detasseling, participatory plant breeding, mass selection.

In traditional farming systems, maintenance of maize populations is based on the seed selection, which consist of choosing the best looking ears and better seed-size, activity usually practiced from de harvest storage site. Detasseling is a method used for seed production and maintenance. The objectives of this work were to assess the selection and maintenance of a maize population, and

to compare two seed production methods. A maize population named 'JAGUAN' was used, on which a seed production scheme was applied through detasseled female rows (H) and male rows (M) without detasseling, for two generations (G_1 and G_2). Mass selection with farmer's participation was applied in each generation, giving place to six populations (treatments): H and M (G_1), and the combinations HH, HM, MH and MM (G_2). Agronomic evaluation of the six populations was carried out in location El Mezquite, Galeana, N. L, in 2008 and 2009. Evaluation of seed physiological quality of the populations was also performed. In assessing the agronomic characteristics of the six populations, showed difference ($P \leq 0.05$) only for grain yield, while for the other characteristics of populations showed similar expression. There was difference ($P \leq 0.01$) observed for the comparison between generations (G_1 , originated in Tepalcingo, Mor., and G_2 , from El Mezquite, N. L.) for grain yield. Analyzing populations (H and M) within the first generation, there was no significant differences for agronomic traits. Comparison of populations (HH, HM, MH and MM) in the second generation (G_2) showed differences ($P \leq 0.01$) only for grain yield. There was also a difference ($P \leq 0.01$) between male and female populations only for grain yield; and a difference ($P \leq 0.05$) was observed between production methods with detasseling and without detasseling. The population \times production methods interaction after two generations showed a parallel response of production methods in the populations, with an increase of detasseling method over the method without detasseling with values of 2.9 % (0.199 t ha^{-1}) and 8.5 % (0.593 t ha^{-1}), respectively. When evaluating the effects of the origin of seed production for physiological seed quality, there were

significant differences ($P \leq 0.01$) among populations for germination, seedling dry weight and dry weight of seed. The comparison between generations of seed produced in Tepalcingo, Mor. (G_1), and El Mezquite, N. L. (G_2), there were differences ($P \leq 0.01$) for germination, seedling dry weight and dry weight of seed. The mass selection strategy with modification on the seed production scheme (female and male rows), with farmer's participation, allows to maximize productivity in traditional farming systems, while favoring the *in situ* conservation of maize diversity. Among the seed production methods a high yield was showed in detasseling with an average difference of 5.4 % (0.397 t ha^{-1}) with respect to non detasseling rows; therefore it is considered suitable for the production and selection of maize seed. There was no effect of the seed production scheme on the seed physiological quality.

ÍNDICE DE CONTENIDO

	Página
I. INTRODUCCIÓN	1
Objetivos	2
Hipótesis	3
II. REVISIÓN DE LITERATURA	4
Origen, Domesticación y Diversidad del maíz.....	4
Mejoramiento participativo y la conservación <i>in situ</i>	8
Selección masal	11
La selección masal y la producción de semillas de maíz	12
Método de desespigue	14
III. MATERIALES Y MÉTODOS	16
Material genético	16
Ambientes de origen de semillas	18
Evaluación de campo	19
Diseño experimental	19
Manejo de cultivo	20
Variables estudiadas	21
Calidad fisiológica de semillas	24
Análisis de datos	27

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	32
Evaluación de las poblaciones derivadas de una población criolla mejorada de maíz	32
Evaluación de la calidad fisiológica de la semilla	41
Análisis de correlación	45
Discusión general	52
V. CONCLUSIONES	56
VI. LITERATURA CITADA	57

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro		Página
3.1	Coordenadas geográficas, altitud, datos edafológicos y climáticos de Tepalcingo, Mor. y de El Mezquite, Galeana, N. L.	19
3.2	Estructura del análisis de varianza para la evaluación de las poblaciones	28
4.1	Cuadrados medios del análisis de varianza de las características agronómicas. El Mezquite, N. L. 2008 y 2009	33
4.2	Medias de las características agronómicas de poblaciones. El Mezquite, N. L. 2008 y 2009	35
4.3	Medias de las características agronómicas por generaciones y por poblaciones dentro de cada generación. El Mezquite, N. L. 2008 y 2009	37
4.4	Cuadrados medios del análisis de varianza de la calidad fisiológica de la semilla	42
4.5	Medias de la evaluación de la calidad fisiológica de la semilla	43
4.6	Coefficientes de correlación de las características de calidad fisiológica de semillas y características agronómicas	46

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura		Página
3.1	Esquema de selección y mantenimiento de una población criolla mejorada de maíz. H, hembra; M, macho; HH, hembra hembra; HM, hembra macho; MH, macho hembra; MM, macho macho.	17
4.1	Rendimiento de grano en la interacción de poblaciones por métodos de producción en la segunda generación. El Mezquite, N. L., 2008 y 2009.	40
4.2	Dispersión de la interacción Familias \times Generaciones \times Variables, con base a los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2) de las variables en estudio. 1= G ₁ ; 2= G ₂	48
4.3	Dispersión de la interacción Familias \times Poblaciones de la Generación dos \times Variables, con base a los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2) de las variables en estudio. 3= HH; 4= HM; 5= MH; 6= MM. Frecuencia de las poblaciones por cuadrante	50

I. INTRODUCCIÓN

El cultivo de maíz (*Zea mays* L.) es de gran importancia económica a nivel mundial ya sea como alimento humano, de ganado o como fuente de un gran número de productos industriales. Ocupa el primer lugar en producción mundial entre los principales cereales, seguido por el arroz y el trigo (FAO, 2010).

México es reconocido como el centro de origen y domesticación del maíz, en donde se encuentra la mayor diversidad genética (Altieri, 2003). En éste país se siembran 8,436,895 ha de maíz, de las cuales el 84.5 % corresponden a cultivo de temporal, sembrado bajo sistema de agricultura tradicional y 15.5 % con riego en sistema de agricultura altamente tecnificada (SAGARPA – SIAP, 2010). En los sistemas de agricultura tradicional, se reconoce la labor de los pequeños productores en la conservación y generación de la diversidad genética *in situ*, a través del fomento de intercambio de semillas, así como el manejo y selección empírica de semillas por múltiples generaciones (Mapes y Mera, 2009).

Sin embargo, dicha diversidad se ha visto reducida por la ampliación del área con agricultura basada en el uso de semillas híbridas, por la substitución por otros cultivos, por el abandono de parcelas, por la expansión de las

ciudades a costa de las áreas agrícolas; además, hay indicios de deterioro de la agricultura campesina por el descuido de las semillas (Ortega *et al.*, 1991).

De ahí la necesidad de establecer una estrategia que permita, por un lado, la conservación de la diversidad del maíz y, por otro, mejorar las características agronómicas de las poblaciones generando beneficios a los agricultores. En este sentido, es necesario el diseño de esquemas sencillos y baratos de selección y manejo del germoplasma, que puedan ser fácilmente adoptados por los agricultores, generando un enfoque de fitomejoramiento participativo buscando mejorar las poblaciones y la calidad de semillas (Rincón *et al.*, 2009).

En este trabajo de investigación se plantea una alternativa de manejo de las plantas con participación de los productores para mejorar la población manteniendo las características de interés.

Objetivos

- Valorar la estrategia de selección y mantenimiento de una población criolla mejorada como alternativa de la conservación *in situ* de la diversidad del maíz.
- Comparar los métodos de producción, con desespigamiento y sin desespigamiento, en la producción y selección de semilla de maíz.

Hipótesis

La estrategia de selección y mantenimiento de poblaciones de maíz bajo un esquema participativo, puede mejorar la productividad, la obtención de semilla de calidad para siembra, y a la vez favorecer la conservación *in situ* de la diversidad del maíz.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Origen, Domesticación y Diversidad del maíz

El origen del maíz ha sido objeto de controversia durante más de una centuria, pero se ha llegado a un consenso de que el teocintle, y en especial el teocintle mexicano, es el ancestro del maíz cultivado (Kato, 2009).

Con relación a la domesticación y diversificación del maíz existen dos teorías alternativas: una la que propone que el maíz tuvo un origen multicéntrico, es decir, que existieron varios centros de domesticación a partir de diferentes poblaciones de teocintle hace unos 8,000 años; y otra la teoría del evento único de domesticación (unicéntrica) que propone que las poblaciones del teocintle de la raza Balsas o subespecie (*ssp.*) *parviglumis* localizadas en el centro de la cuenca del Balsas (oriente de Michoacán, suroeste del estado de México y norte de Guerrero) dieron origen al maíz (Kato, 2009).

El hombre ha mantenido activo el proceso de diversificación, o evolución bajo domesticación, mediante el cual ha seleccionado y modificado características genotípicas de la planta, que le han permitido la formación de

nuevas poblaciones adaptadas a diversos climas y tipos de suelos (Mera, 2009).

La diversidad se relaciona claramente con la persistencia cultural, los factores bióticos y abióticos como los suelos, el clima y los sistemas de cultivos tradicionales que utilizan los agricultores locales, todo esto origina un proceso dinámico de conservación de la agrobiodiversidad *in situ* a través del tiempo (Latournerie *et al.*, 2009).

La variación del maíz moderno se relaciona con eventos culturales recientes y antiguos. En América se han detectado seis regiones que se definen principalmente por la distribución coincidente de tipos de maíz, en parte por los rasgos culturales y la topografía (Bird, 1980).

Los maíces de México son de interés extraordinario, ya que en este país, más que el de otros países de América, se encuentra la mayor diversidad genética de este cultivo. Cuatro factores diferentes intervinieron en el origen de la diversidad, tales como la presencia de las razas primitivas, la influencia de variedades exóticas, la cruce del teocintle en forma natural con el maíz, y la geografía que favorece la rápida diferenciación de este cultivo (Wellhausen *et al.*, 1951).

En México se considera que existen 59 razas nativas (Mera, 2009), esto se atribuye a que el maíz fue domesticado en este país, a la gran variación de

condiciones ambientales en que se cultiva y a la considerable diversidad de usos que se le ha dado (Ortega *et al.*, 1991).

La diversidad es fundamental para conservar y mejorar la productividad de los cultivos agrícolas en diferentes regiones con agroclimas sumamente variables. Tal diversidad protege a los pequeños productores frente a enfermedades, plagas, sequías y otras presiones, y también les permite explotar toda la gama de agroecosistemas que existen en cada región (Altieri, 2003).

Se ha observado que los sistemas de cultivo del maíz han sufrido transformaciones técnicas a través de la historia de México, las cuales están relacionadas con seis etapas que fueron: la introducción de técnicas europeas durante la colonia, el México Independiente, el Porfiriato, la Revolución de 1910, la Revolución Verde, y el tratado de Libre Comercio de América del Norte (Mera y Mapes, 2009). A lo largo de la historia los sistemas de agricultura tradicional no han sido atendidos e incluso han sido marginados, por lo que el productor de maíz en estos sistemas tiene problemas para sostener su producción y consecuentemente la diversidad del maíz.

La conservación de la diversidad *in situ* debe estar basada en el mantenimiento de los procesos que la generan y mantienen, tales como la mutación, selección y recombinación, así como la preservación de las poblaciones nativas (Mapes y Mera, 2009).

El mantenimiento *in situ* ha sido poco atendido por los programas de conservación de recursos fitogenéticos, en parte debido a los prejuicios asociados con sistemas tradicionales de producción usados por los agricultores que cultivan las poblaciones nativas (González, 2007).

La reducción de la diversidad genética del maíz en los agroecosistemas tradicionales de México y de otros países está sucediendo en parte debido a la modernización (Arias *et al.*, 2006). El cambio económico, social y político influye sobre las decisiones que toman los agricultores sobre las variedades agrícolas a cultivar, las cuales tienen efectos sobre los recursos genéticos y su conservación (Rice, 2007).

Para proteger la diversidad genética de maíz, se debe proteger a los más de dos millones de agricultores de pequeña escala o marginados que existen en el país. Se debe reconocer que son ellos los guardianes del germoplasma nativo de maíz, ya que conservan, mantienen e incluso modifican la diversidad genética presente en sus territorios mediante el intercambio, flujo genético y experimentación de nuevas semillas (Kato *et al.*, 2009).

Mantener esta diversidad está indisolublemente ligado a mantener la viabilidad económica y social de la agricultura a pequeña escala en el país (Hellin y Bellon, 2007), por lo cual es necesario buscar estrategias en los sistemas de agricultura tradicional, para la selección y mantenimiento de poblaciones, que contribuyan a mejorar la productividad.

Mejoramiento participativo y la conservación *in situ*

Los sistemas de cultivo en la agricultura tradicional constituyen un papel importante en la conservación *in situ*, ya que contribuyen a la preservación de la diversidad genética del maíz. En este contexto, se han impulsado diversos trabajos relacionados con la conservación del maíz, la diversificación y la investigación participativa en algunas regiones de México (Turrent y Serratos, 2004).

La conservación *in situ* se refiere al mantenimiento de la diversidad cultivada en las fincas o campos de los agricultores, y por agricultores que la mantienen y mejoran a partir de su conocimiento y en el contexto de sus sistemas tradicionales de cultivo y sus actividades de supervivencia (Baena *et al.*, 2003).

La conservación en fincas es un enfoque de conservación *in situ* de los recursos fitogenéticos orientado a mantener las especies cultivadas en los campos de los agricultores, utilizando sus propios métodos y criterios de selección. Esta conservación, permite la continuidad de los procesos de adaptación y de evolución de las plantas cultivadas y asegura la generación de nuevas combinaciones genéticas a través del tiempo; es opuesto a una conservación que se limite a mantener un conjunto finito de recursos genéticos en un banco de germoplasma (Jarvis *et al.*, 2000).

El mejoramiento participativo, en donde se trata de aproximar los objetivos del mejorador y del productor, refuerza la diversidad biológica agrícola en el mantenimiento y el uso de tal diversidad en los sistemas de producción de los agricultores (Voss, 1996).

El fitomejoramiento participativo ha sido propuesto como una estrategia para mejorar el potencial de las variedades locales, mantener la diversidad genética, así como la selección de características de interés en un sistema tradicional y sostenible (Eyzaguirre e Iwanaga, 1996).

Aumentar en favor de los agricultores la competitividad de la diversidad genética cultivada, podría lograrse con el mejoramiento de las variedades locales y del sistema de producción, a través del mejoramiento participativo, en donde las estrategias empleadas deben ajustarse a las características peculiares de los agricultores y de las comunidades (Amri *et al.*, 2000).

La base del mejoramiento participativo, además de promover y fortalecer el vínculo entre investigadores y productores, es el de reconocer el rol decisivo de los agricultores, sus conocimientos y su organización social, en el manejo y el mantenimiento de la biodiversidad agrícola (Vernooy, 2003).

El mejoramiento participativo en comunidades de pequeños agricultores influye en el proceso de auto-sostenibilidad de la producción de semillas y en la

obtención de variedades de maíz mejor adaptadas a estos sistemas de manejo (Toledo *et al.*, 2006).

En Honduras las variedades criollas de maíz han sido mejoradas mediante la utilización de métodos de fitomejoramiento participativo para generar variedades mejoradas que combinen la adaptación específica con los caracteres deseados por los pequeños productores (Rosas *et al.*, 2006).

En la práctica de selección participativa con agricultores en poblaciones de maíz, mediante la aplicación de un esquema de selección masal adaptados a condiciones de manejo tradicional de cultivo, los avances han sido perceptibles por los agricultores al ganar homogeneidad en la producción y presentar menos problemas de sanidad de mazorca y acame (Smith *et al.*, 2001; Castillo *et al.*, 2009).

En variedades mejoradas, el mantenimiento y producción de semillas se realiza con métodos de desespigue en siembras de surcos hembra alternados con surcos macho (CIMMYT, 1999); también, han sido analizados en esquemas de producción de semillas, como estrategia de selección y mantenimiento de poblaciones de maíz (Rincón y Ruiz, 2004).

Selección masal

La selección masal es el método de mejoramiento de maíz más antiguo y simple; es además el menos costoso y el que requiere recursos mínimos. Fue practicada por los agricultores durante las primeras etapas de domesticación y evolución del maíz hacia una planta de gran producción de granos. También fue bastante usada por los pioneros mejoradores de maíz que desarrollaron variedades de maíz de altos rendimientos. Aún se realiza alguna forma de selección masal simple por parte de los agricultores para el mantenimiento de sus propias variedades y, más importante, para seleccionar mazorcas y semillas para la siembra en la próxima estación (Paliwal, 2001).

En el mejoramiento por selección masal en maíz, los individuos escogidos se separan de una población heterogénea heterocigota en base a su producción individual. Esto significa que en ciclos subsecuentes, conforme la heterogeneidad poblacional va disminuyendo como consecuencia de la selección, los individuos seleccionados van constituyendo poblaciones que son cada vez más homogéneas, por lo que las relaciones entre ellos van cambiando, hasta llegar a ser, en etapas avanzadas, individuos cada vez más semejantes, genotípica y fenotípicamente (Márquez, 1979).

En la selección masal en maíz, sólo se conoce al progenitor femenino y sólo se selecciona con base en el individuo; es decir la unidad de selección es la planta, y en el caso del agricultor normalmente selecciona sólo con base en

la expresión fenotípica de la mazorca. Por otra parte, prácticamente nunca la selección se hace basándose en la producción de la planta, sino de manera indirecta en el montón de mazorcas en el lote al momento de la cosecha o bien en la troje (Márquez, 1985).

Gardner (1961) sugirió algunas modificaciones en los procedimientos simples de selección masal; propuso la estratificación del lote de selección en pequeños sublotes dentro de los cuales se hace la selección de plantas individuales, con el fin de poder comparar a plantas en la misma condición ambiental dentro de cada sublote. Esto, más la selección de plantas con competencia completa, ha hecho posible que numerosos investigadores hayan tenido ganancias por ciclo del 3 al 5 % sobre la media de la variedad original, como valores más frecuentes (Márquez, 1980).

La selección masal visual es efectiva en la adaptación de poblaciones exóticas de maíz a condiciones climáticas diferentes a las de su origen, por lo cual este método ha ganado importancia (Pérez *et al.*, 2007).

La selección masal y la producción de semillas de maíz

El uso de semilla está asociado con el tipo de agricultura; en las regiones con agricultura campesina típica de 80 a 100 % de los agricultores usan fundamentalmente semilla criolla, en las áreas con agricultura de transición de 50 a 80 %, y en la agricultura empresarial menos de 50 % (Herrera *et al.*, 2002).

En los sistemas de agricultura tradicional, del área de producción del cultivo se selecciona la semilla para el siguiente ciclo de siembra; es decir el agricultor no tiene destinado en su parcela un área exclusiva para producción de semillas (Castiñeiras *et al.*, 2009).

La evolución bajo domesticación ha permitido la generación de poblaciones criollas cada vez de mayor rendimiento de grano, a través del proceso de selección tradicional de semillas por los productores, favoreciendo también a la conservación *in situ* de dichos recursos genéticos en forma cotidiana (Herrera, 1999; Herrera *et al.*, 2002).

En la selección masal, cada individuo es fecundado al azar por una muestra de polen de diversos individuos de la población, incluyendo su propio polen, lo cual genera varias estructuras familiares como autohermanos, medios hermanos y hermanos completos (Márquez, 1985).

La selección masal en poblaciones obtenidas a través de esquemas de producción de semillas (surcos hembra y surcos macho), puede ser implementada en sistemas agrícolas tradicionales para el mantenimiento de la diversidad genética de la población de maíz, la obtención de semilla de calidad para siembra, así como para aumentar el rendimiento (Rincón *et al.*, 2009). En los individuos de los surcos hembra desespigados, teóricamente se pueden obtener familias de medios hermanos y hermanos completos, y se elimina la posibilidad de que se formen autohermanos.

Al comparar la eficiencia relativa de la respuesta a la selección masal bajo un esquema de producción de semillas (surcos hembra y surcos macho) y la selección masal tradicional, la eficiencia dependerá de la relación entre la desviación estándar de las varianzas fenotípicas $\left(\frac{\sigma_{f \text{ tradicional}}}{\sigma_{f \text{ desespigado}}}\right)$, que se espera sea superior a la unidad, ya que la varianza genética en la selección tradicional es mayor que la correspondiente a la selección masal en surcos desespigados (Márquez, 1985).

Método de desespigue

El desespigue consiste en la remoción de la espiga en plantas que funcionarán como progenitores femeninos antes de la emisión del polen; en la práctica esta operación está asociada con la remoción de algunas hojas. Cuando es excesiva la disminución del área foliar influye de manera negativa en la tasa fotosintética, altera el metabolismo de las plantas, y reduce el contenido de sacarosa y de azúcares reductores, así como la cantidad de almidón en las semillas, y es capaz de afectar el desarrollo y producción de maíz (Menezes y Cicero, 1994).

En la producción de semillas de híbridos con progenitores normales, los campos son sembrados alternando dos surcos de macho por seis de hembra, aunque esto puede variar en función a la cantidad de polen producido por el progenitor masculino. La inflorescencia masculina en el progenitor femenino

debe ser eliminada antes de la liberación del polen, para conservar la pureza y la estabilidad genética de la semilla a producir (Tadeo *et al.*, 2001).

Para lograr un fácil y seguro desespigue, en las cruzas simples progenitoras de híbridos dobles, se podría adoptar la eliminación de la inflorescencia masculina junto con tres hojas (Espinosa y Tadeo, 1998). Megalhães *et al.* (1999) mencionaron que la eliminación de la espiga con 4 a 5 hojas incide negativamente en la producción de semillas.

Generalmente, el desespigue es practicado para la producción de semillas de variedades e híbridos de maíz (CIMMYT, 1999). Rincón y Ruiz (2004) consideran que esta estrategia puede ser implementada en sistemas agrícolas tradicionales para el mantenimiento de la diversidad genética de la población.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético

En el trabajo de investigación se utilizó una población de maíz criollo mejorado denominada 'JAGUAN', obtenida a partir de la cruce de una población criolla adaptada a Jagüey de Ferniza, Saltillo, Coahuila con una población mejorada, en la cual posteriormente se realizaron tres ciclos de selección familiar de hermanos completos (Rincón y Ruíz, 2004; Rincón-Sánchez y Ruíz-Torres, 2005).

En la población 'JAGUAN' se aplicó un esquema de producción de semillas, de surcos hembra (con desespigamiento manual) y surcos macho (sin desespigamiento), durante dos generaciones. Los surcos hembra estuvieron constituidos por familias de medios hermanos (FMH) obtenidas por cruces mesofraternales (FMH #), en tanto que los surcos macho correspondieron a FMH formadas a partir de polinización libre (FMH PL).

La primera generación (G_1) fue producida en el ciclo otoño-invierno 2006 - 2007 en la estación experimental de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN), en Tepalcingo, Mor., donde se obtuvieron dos subpoblaciones

denominadas hembra (H) y macho (M) (Figura 3.1). En esta localidad, la proporción de siembra de surcos hembra y surcos macho fue de 2:2.

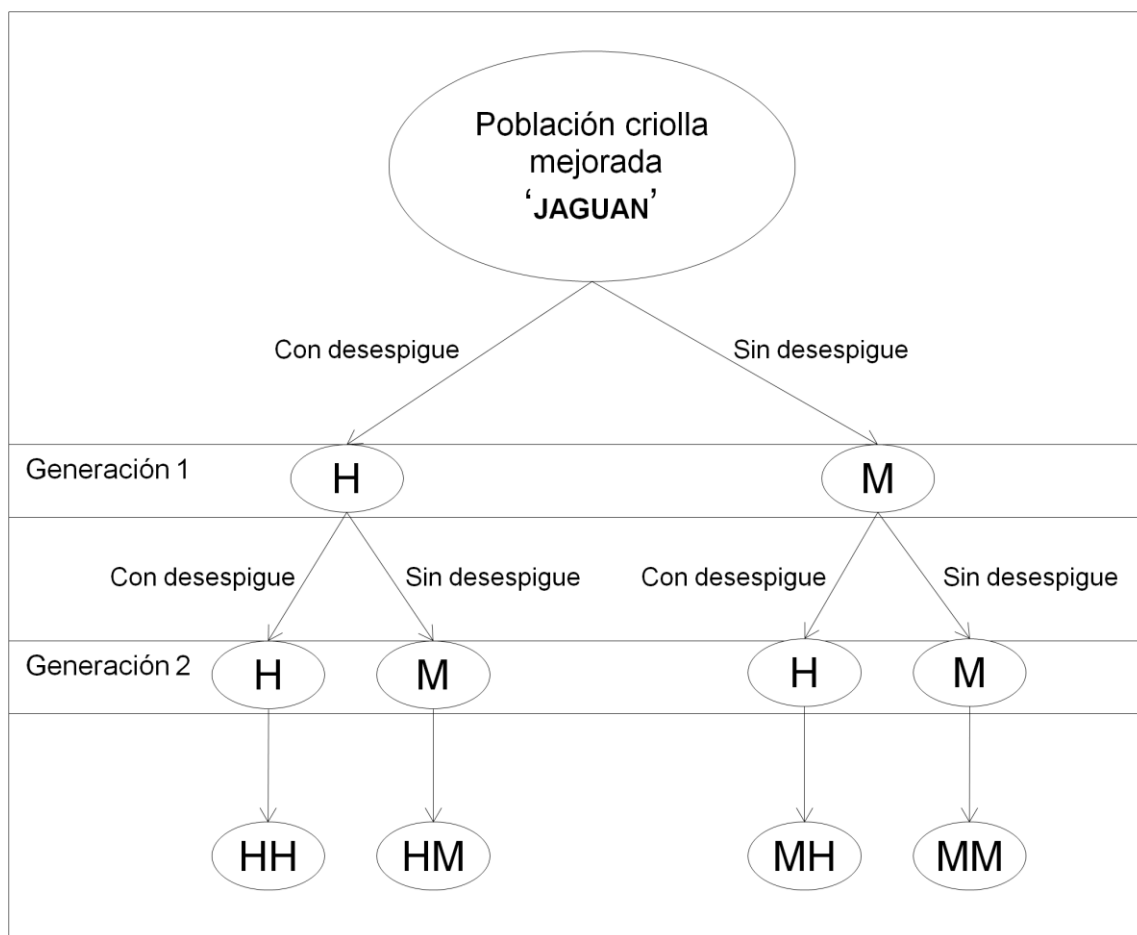


Figura 3.1. Esquema de selección y mantenimiento de una población criolla mejorada de maíz. H, hembra; M, macho; HH, hembra hembra; HM, hembra macho; MH, macho hembra; MM, macho macho.

En 2007, en El Mezquite, Galeana, N. L., se obtuvo la generación dos (G_2), a partir de las dos subpoblaciones (H y M) obtenidas en Tepalcingo, Mor., a las que se aplicó el mismo esquema de producción de semillas, de surcos hembra y surcos macho en la proporción 4:2, generándose cuatro

subpoblaciones, denominadas hembra hembra (HH), hembra macho (HM), macho hembra (MH) y macho macho (MM) (Figura 3.1).

En cada generación, el desespigamiento manual y la selección masal con modificación en la producción de semillas fueron realizados con la participación de agricultores. La selección consistió de 100 mazorcas (familias) en cada subpoblación originada en cada una de las generaciones. Así, las seis subpoblaciones evaluadas en esta investigación, denominadas de aquí en adelante poblaciones (tratamientos) fueron: H y M en la G_1 , y HH, HM, MH y MM en la G_2 , las cuales estuvieron representadas por diferentes familias en la evaluación experimental.

Ambientes del origen de semillas

Las coordenadas geográficas y altitud para Tepalcingo, Mor. y El Mezquite, Galeana, N. L. fueron obtenidas con georeferenciación; los datos edafológicos de tipos de suelos y los datos climáticos se obtuvieron de mapas digitalizados de México. La temperatura media anual y la precipitación anual corresponden a las estaciones climatológicas cercanas a las localidades; así, los datos de Tepalcingo, Mor., provienen de la estación climatológica Tepalcingo, y los del El Mezquite, N. L. de la estación climatológica Agrodelta El Cuije, periodo 2006 - 2009 (Cuadro 3.1).

Cuadro 3.1. Coordenadas geográficas, altitud, datos edafológicos y climáticos de Tepalcingo, Mor. y de El Mezquite, Galeana, N. L.

	Localidades		Referencias
	Tepalcingo, Mor.	El Mezquite, N. L.	
<u>Coordenadas geográficas</u>			
Latitud norte	18°36'42"	25°05'22"	Georeferenciación
Longitud oeste	98°50'31"	100°42'31"	
Altitud (msnm)	1182	1890	
<u>Datos edafológicos</u>			
Tipo de suelo	Vertisol pélico	Castañozem cálcico	INIFAP - CONABIO (1995)
Textura de suelo	Fina	Media	
<u>Datos climáticos</u>			
Tipo de clima	Awo (Cálido, subhúmedo)	BS1k(x') (Semiárido, templado)	García y CONABIO (1998)
Temperatura media anual (°C)	22.9	15.5	COFUPRO (2010)
Precipitación anual (mm)	877.0	416.4	

Evaluación de campo

La evaluación agronómica de las seis poblaciones en estudio, fue realizada durante el 2008 y 2009, en El Mezquite, Galeana, N. L., bajo condiciones de riego.

Diseño experimental

En cada población, representada por una muestra de familias, se utilizó un diseño experimental en bloques incompletos con arreglo α -látice (0,1) (Barreto *et al.*, 1997) con dos repeticiones. El diseño para cada población fue generado con el programa de cómputo CropStat 7.2 (IRRI, 2007). Al mismo tiempo, los diseños generados de cada población fueron aleatorizadas dentro de cada repetición. Las seis poblaciones fueron establecidas como un bloque dentro de

la repetición. En la evaluación 2008, cada bloque estuvo constituido por 50 unidades experimentales (45 FMH y 5 testigos comunes), dando un total de 600 unidades experimentales. En 2009, cada bloque estuvo constituido por 40 unidades experimentales (40 FMH iguales a las del año 2008 para la G_1 y diferentes para las poblaciones de la G_2), dando un total de 480 unidades experimentales.

En los dos años de evaluación se probaron 430 familias: 45 familias en cada una de la poblaciones H y M, y 85 familias en cada una de las combinaciones de HH, HM, MH, y MM, respectivamente.

La unidad experimental consistió de un surco de 4 m de largo por familia, con una distancia de 0.2 m entre plantas y 0.92 m entre surco, dando una densidad de 54,348 plantas por hectárea.

Manejo de cultivo

Las fechas de siembra fueron el 21 de mayo de 2008 y 8 de mayo de 2009. La siembra fue realizada en húmedo y los riegos de auxilio estuvieron en función a las condiciones de la precipitación pluvial de cada año.

La fertilización total aplicada en cada año de evaluación fue de 120–60–60. A la siembra se aplicó la mitad del nitrógeno con todo el fósforo y

potasio con la fórmula 17–17–17. El complemento se aplicó con el primer cultivo con urea (46–0–0).

Las labores culturales como raleo, aporque, control de malezas y control de plagas fueron realizadas según las necesidades del cultivo.

Variables estudiadas

Las variables estudiadas en los dos años de evaluación se mencionan a continuación:

- **Floración masculina (FM):** Se consideró el número de días desde la siembra hasta que el 50 % de las plantas de la unidad experimental hubieran liberado polen.
- **Floración femenina (FF):** Número de días desde la siembra hasta que hayan emergido los estigmas del 50 % de las plantas de la unidad experimental.
- **Asincronía floral (ASI):** Se estimó a través de la diferencia entre días de floración masculina y días de floración femenina.
- **Número de plantas (PTAS):** Se refiere al número de plantas establecidas por unidad experimental previo a la cosecha. Este dato fue utilizado en el

cálculo del porcentaje de mala cobertura de mazorca, prolificidad, rendimiento de grano ajustado y para el análisis de covarianza.

- **Cobertura de mazorca:** Se realizó el conteo del número de plantas con mala cobertura de mazorca previo a la cosecha. El porcentaje de mala cobertura de mazorca (MCOB) fue calculado dividiendo el número de plantas con mala cobertura y el número de plantas por unidad experimental.
- **Número de mazorcas (MAZ):** Se registró el número total de mazorcas cosechadas por unidad experimental.
- **Prolificidad (PRO):** Fue determinado con la relación entre el número de mazorcas y el número de plantas por unidad experimental.
- **Peso de campo (PC):** Es el peso de las mazorcas de cada unidad experimental en el momento de la cosecha, expresado en kilogramos.
- **Humedad de grano (H):** Es el contenido de humedad en el grano al momento de la cosecha, expresado en porcentaje. La medida se obtuvo con el aparato Dickey John modelo 462331247, a partir de una muestra aleatoria de granos de varias mazorcas de cada unidad experimental.

- **Rendimiento de grano:** Se obtuvo multiplicando el valor del peso seco por un factor de conversión, expresado en t ha⁻¹ al 15 % de humedad. Este valor fue multiplicado por 0.85 para obtener el rendimiento estimado de grano considerando un 85 % de desgrane.

El peso seco (PS) fue estimado multiplicando el peso de campo por el porcentaje de grano seco.

$$PS = PC * (1 - \frac{H}{100})$$

El factor de conversión (FC) fue calculado de la siguiente forma:

$$FC = \frac{100}{85} * \frac{10000}{APU} / 1000$$

Donde:

APU (Área de parcela útil), calculado como la distancia entre surcos por la distancia entre plantas por el número de plantas por parcela; 100/85, coeficiente para obtener el rendimiento al 15 % de humedad; 1000, constante usada para calcular el rendimiento en t ha⁻¹; 10000, superficie de una hectárea en m².

Rendimiento de grano ajustado (REND): Debido a fallas en el establecimiento de plantas esperadas, se realizó un análisis de varianza por experimento y año usando el número de plantas como covariable. Cuando los resultados de la

covariable fueron significativos, se realizó el ajuste del rendimiento de grano. Para este análisis se eliminaron las parcelas con número de plantas menor o igual a nueve.

Calidad fisiológica de semillas

Para la evaluación de la calidad fisiológica de semillas, se establecieron dos experimentos en el Laboratorio de Calidad de Semillas del Centro Regional de Conservación de Semillas del Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (SINAREFI) ubicado en las instalaciones de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro.

Los experimentos que se desarrollaron para la determinación de la calidad fisiológica de la semilla fueron: uno de germinación estándar en el cual se midió el porcentaje de germinación y el peso seco de plántulas normales, y otro para la determinación del peso seco de semilla.

Germinación estándar

Se obtuvo una muestra de semilla de 388 familias que representaron a las seis poblaciones en estudio (32 familias de la población H, 36 de la población M, 80 de cada una de las poblaciones HH, HM, MH y MM). Las familias fueron evaluadas en cinco ensayos, donde se incluyeron las seis poblaciones en cada uno. Cada ensayo fue establecido bajo un diseño experimental en bloques

incompletos con arreglo α -látice con dos repeticiones por ensayo. La unidad experimental consistió de 25 semillas para la prueba de germinación.

La prueba de germinación se realizó en base al método de la International Seed Testing Association (ISTA, 2009) con algunas modificaciones. La prueba consistió en colocar 25 semillas, tratadas previamente con Captán en polvo, sobre papel Anchor humedecido. Posteriormente se enrollaron en forma de taco, se sujetaron en los extremos con ligas, se introdujeron en bolsas de polietileno colocando seis tacos por bolsa, luego se ubicaron en la cámara de germinación Thermo scientific Model 844 por siete días a una temperatura de 25 °C. El conteo de germinación se realizó al séptimo día donde se determinó el número de plántulas normales, anormales y semilla sin germinar. El porcentaje de plántulas normales es la que indicó el resultado de la prueba de germinación.

Posteriormente, las plántulas normales de la prueba de germinación fueron utilizadas para la determinación del peso seco por plántula. Las plántulas normales fueron colocadas en bolsas de papel estraza previamente perforadas, las cuales se ubicaron en la estufa Lumistell HTP-41 a 70 ° C por 24 horas. Por último, las muestras se retiraron de la estufa y se pesaron en una balanza de precisión AND Gx-600. El peso fue reportado en mg plántula⁻¹.

Peso seco de semilla

Para el experimento de peso seco de semilla se utilizó una muestra de semillas de 387 familias que representaron a las seis poblaciones (32 familias de la población H, 35 de la población M, 80 de cada una de las poblaciones HH, HM, MH y MM). Las familias que representaron a las poblaciones fueron evaluadas bajo un diseño completamente al azar, en el que se usaron dos repeticiones por cada familia. La unidad experimental consistió de 15 semillas por familia.

Se utilizó el método de secado en la estufa a una temperatura de 130 °C por un periodo de cuatro horas (ISTA, 2009). El procedimiento consistió en pesar cada una de las cajas de aluminio con tapa (P1) en una balanza de precisión AND Gx-600 al miligramo, se cargó la caja con una muestra de 15 semillas, las cuales fueron colocadas destapadas en la estufa Lumistell HTP-41, a una temperatura de 130 °C. Luego de un periodo de cuatro horas en la estufa, se colocaron las tapas a cada una de las cajas, se las pasó a un desecador por cinco minutos para enfriarlas y se procedió a pesarlas (P2).

El peso seco de semilla (PSS) expresado en mg fue calculado con la siguiente fórmula:

$$PSS = \frac{(P2 - P1)}{15} * 1000$$

Análisis de datos

Datos de campo

Se llevó a cabo el análisis de varianza de las poblaciones en estudio considerando los dos años de evaluación (2008 y 2009). De aquí en adelante a los años de evaluación fueron denominados como grupos, debido a que en cada año las familias evaluadas en cada población fueron diferentes, excepto en la población H y M.

El modelo lineal general utilizado se describe a continuación y la estructura del análisis de varianza se presenta en el Cuadro 3.2.

$$Y_{ijkl} = \mu + G_i + \beta_{j(i)} + P_k + PG_{ki} + PB_{kj(i)} + F_{l(k)} + GF_{il(k)} + \varepsilon_{ijkl}$$

Donde:

Y_{ijkl} , la variable respuesta; μ , el efecto de la media general; G_i , el efecto del i -ésimo grupo (2008, 2009); $\beta_{j(i)}$, el efecto del j -ésimo bloque dentro del i -ésimo grupo; P_k , el efecto de la k -ésima población (H, M, HH, HM, MH, MM); PG_{ki} , el efecto de la interacción de la k -ésima población y el i -ésimo grupo; $PB_{kj(i)}$, el efecto de la interacción de la k -ésima población y el j -ésimo bloque dentro del i -ésimo grupo; $F_{l(k)}$, el efecto de la l -ésima familia dentro de la k -ésima

población; $GF_{il(k)}$, el efecto de la interacción del i -ésimo grupo y la l -ésima familia dentro de la k -ésima población; ε_{ijk} , el error experimental.

Cuadro 3.2. Estructura del análisis de varianza para la evaluación de las poblaciones.

Fuentes de variación		Grados de libertad		Observaciones
Grupos		g-1	1	
Bloques/Grupos		g (b-1)	2	
Poblaciones (Pob)		p-1	5	
Generaciones (G_i)		c-1	1	Dos generaciones: G_1 y G_2
Pob/ G_1		p-1	1	Dos subpoblaciones (H y M) dentro de la G_1
Pob/ G_2		p-1	3	Cuatro subpoblaciones (HH, HM, MH, MM) dentro de la G_2
Poblaciones (Pob)	p-1		1	Dos subpoblaciones: hembra y macho
Metodos de producción (MP)	m-1		1	Dos métodos: con y sin desespigamiento.
Pob x MP	(p-1) (m-1)		1	
Pob x Grupos		(p-1) (g-1)	1	Son dos subpoblaciones que interaccionan con los grupos
Pob x Bloques/Grupos		(p-1) g(b-1)	10	
Familias/Pob		p (f-1)	420	45 familias para cada una de las subpoblaciones H y M, y 85 para cada una de las subpoblaciones HH, HM, MH y MM
Grupos x Familias/Pob		(g-1) p(f-1)	77	
Error		Por diferencia	463	
Total		n - 1	983	

El análisis de varianza teniendo en cuenta el modelo lineal general se realizó con el procedimiento PROC GLM de SAS (SAS Institute, 2004) utilizando el modelo mixto para realizar las pruebas de hipótesis en el modelo. En el análisis de varianza todos los efectos del modelo fueron considerados

efectos aleatorios, excepto las poblaciones que fueron analizadas como efectos fijos.

La comparación de las poblaciones en estudio se hizo a través de la comparación múltiple de medias de Tukey ($\alpha=0.05$), en el que se utilizó al efecto de familias dentro de poblaciones como término de error.

Debido a que la fuente de variación poblaciones incluye todos las subpoblaciones incluidas en el estudio en las dos generaciones, se procedió a realizar la descomposición de la suma de cuadrados como sigue: generaciones (G_1 vs G_2), poblaciones dentro de la generación uno (Pob/G_1), y poblaciones dentro de la generación dos (Pob/G_2). Posteriormente, se realizó la partición de la variación entre las poblaciones dentro de la generación dos (Pob/G_2) considerando un arreglo factorial 2×2 dadas por las poblaciones (hembra y macho, obtenidas de la G_1) y métodos de producción (con desespigamiento y sin desespigamiento, que dieron origen a las poblaciones de la G_2); y la interacción entre poblaciones y métodos de producción (Cuadro 3.2).

Las pruebas de hipótesis en el modelo completo, con la descomposición de sumas de cuadrados de poblaciones fue realizado con el procedimiento PROC MIXED de SAS (SAS Institute, 2004).

Datos de laboratorio

Con los datos de laboratorio (germinación y peso seco de plántula) se obtuvo el análisis de varianza usando el siguiente modelo lineal:

$$Y_{ijklm} = \mu + E_i + \beta_{j(i)} + b_{k(ij)} + P_l + PE_{li} + PB_{lj(i)} + F_{m(l)} + EF_{im(l)} + \varepsilon_{ijklm}$$

Donde:

Y_{ijklm} , la variable respuesta; μ , el efecto de la media general; E_i , el efecto del i -ésimo ensayo; $\beta_{j(i)}$, el efecto del j -ésimo bloque dentro del i -ésimo ensayo; $b_{k(ij)}$, el efecto del k -ésimo bloque incompleto dentro del i -ésimo ensayo y el j -ésimo bloque; P_l , el efecto de la l -ésima población (H, M, HH, HM, MH, MM); PE_{li} , el efecto de la interacción de la l -ésima población y el i -ésimo ensayo; $PB_{lj(i)}$, el efecto de la interacción de la l -ésima población y el j -ésimo bloque dentro del i -ésimo ensayo; $F_{m(l)}$, el efecto de la m -ésima familia dentro de la l -ésima población; $EF_{im(l)}$, el efecto de la interacción del i -ésimo ensayo y la m -ésima familia dentro de la l -ésima población; ε_{ijklm} , el error experimental.

Para el estudio del peso seco de semilla se usó el siguiente modelo lineal:

$$Y_{ij} = \mu + P_i + F_{j(i)} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

Y_{ij} , la variable respuesta; μ , el efecto de la media general; P_i , el efecto de la i -ésima población; $F_{j(i)}$, el efecto de la j -ésima familia dentro de la i -ésima población; ε_{ij} , el error experimental.

Al igual que en el trabajo de campo, todos los efectos en el modelo fueron considerados aleatorios, excepto las poblaciones que fueron analizadas como efectos fijos. También, se realizaron las descomposiciones de las sumas de cuadrados con las pruebas de hipótesis correctas.

La comparación de las poblaciones se obtuvo a través de comparación múltiple de medias de Tukey ($\alpha = 0.05$), en el que el efecto de familias dentro de poblaciones se usó como término de error.

Análisis de correlación

Se computó el análisis de correlación entre las variables de estudio (características agronómicas y de calidad fisiológica de semillas), con base a las medias de las familias comunes en las dos generaciones, con el uso del procedimiento PROC CORR de SAS (SAS Institute, 2004). También se realizó un análisis de interacción Familias \times Generaciones \times Variables, y de Familias \times Poblaciones \times Variables en la generación dos, usando el análisis de dispersión gráfica (Yan, 2007).

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Evaluación de las poblaciones derivadas de una población criolla mejorada de maíz

La hipótesis nula planteada para cada uno de los efectos aleatorios (Grupos, Bloques/Grupos, Poblaciones \times Grupos, Poblaciones \times Bloques/Grupos, Familias/Poblaciones, Grupos \times Familias/Poblaciones) es que la varianza asociada a cada una de las fuentes de variación es igual a cero.

Los resultados del análisis de varianza muestran que no hubo diferencias para los efectos aleatorios grupos, bloques dentro de grupos, y poblaciones por grupos para ninguna de las variables de estudio (Cuadro 4.1), lo que indica que presentaron una varianza igual a cero.

Se encontraron diferencias ($P \leq 0.01$) para la interacción poblaciones por bloques dentro de grupos para el rendimiento de grano, floración masculina, mala cobertura de mazorca y prolificidad. También el efecto de las familias dentro de las poblaciones mostró diferencia ($P \leq 0.01$) para días a floración masculina, y significancias ($P \leq 0.05$) para asincronía floral y mala cobertura de mazorca. El efecto de grupos por familias dentro de poblaciones presentó

significancia ($P \leq 0.01$) para prolificidad y diferencia ($P \leq 0.05$) para mala cobertura de mazorca (Cuadro 4.1). Todas estas diferencias indican que para las variables mencionadas los efectos de esas fuentes de variación presentaron una varianza diferente de cero.

Cuadro 4.1. Cuadrados medios del análisis de varianza de las características agronómicas. El Mezquite, N. L. 2008 y 2009.

Fuentes de variación	Grados de libertad	REND (t ha ⁻¹)	FM (d)	ASI (d)	MCOB (%)	PRO
Grupos	1	325.72	405.45	13.92	12790.61	0.10
Bloques / Grupos	2	4.03	124.52	6.04	10.22	0.13
Poblaciones (Pob)	5	30.34 *	47.42	4.15	238.49	0.02
Generaciones (G _i)	1	84.05 **	269.35	19.76	614.80	0.02
Pob/G ₁	1	1.02	17.32	0.00	400.39	0.01
Pob/G ₂	3	21.07 **	1.77	2.46	5.24	0.03
Poblaciones	1	31.45 **	0.00	0.00	6.54	0.03
Metodos de producción (MP)	1	25.07 *	2.45	6.27	1.93	0.04
Pob x MP	1	6.33	2.88	1.08	7.16	0.04
Pob x Grupos	1	0.48	47.29	3.30	196.70	0.00
Pob x Bloques/Grupos	10	4.88 **	80.07 **	1.95	253.57 **	0.04 **
Familias/Pob	420	1.80	19.68 **	3.41 *	133.96 *	0.02
Grupos x Familias/Pob	77	1.38	6.87	2.16	92.64 *	0.02 **
Error	463	1.15	8.64	1.96	65.71	0.01
CV (%)		15.61	3.18	80.48	68.97	10.52

*, ** Significativo al 0.05 y 0.01 niveles de probabilidad, respectivamente; REND, rendimiento de grano; FM, floración masculina; ASI, asincronía floral; MCOB, porcentaje de mala cobertura de mazorca; PRO, número de mazorca por planta; G₁, generación uno; G₂, generación dos.

Al analizar las características agronómicas de las seis poblaciones, se observó diferencia ($P \leq 0.05$) sólo para el rendimiento de grano, mientras que para las demás características las poblaciones presentaron expresión similar (Cuadro 4.1). Es decir, después de dos generaciones de selección y mantenimiento de las sub-poblaciones no se nota cambios en las

características agronómicas pero sí en el rendimiento de grano. El manejo que hacen los agricultores a sus poblaciones ha permitido la conservación dinámica de la diversidad del maíz. El esquema que aquí se analiza permite mantener las características de la población, pero con un incremento en el rendimiento de grano por efectos del sistema de producción de semilla y por la recombinación entre individuos diferentes dentro de la misma población.

En la comparación de medias entre las seis poblaciones, se observó mayor rendimiento de grano en la población MH con respecto a las demás poblaciones (Cuadro 4.2). Bajo el esquema planteado, después de dos generaciones se esperaba que la población HH presentara el mayor rendimiento de grano con relación a las demás poblaciones, ya que en surcos con desespigamiento se elimina la posibilidad de formación de familias de autohermanos, y además se reducen los índices de depresión endogámica. Sin embargo, la superioridad de la población macho puede explicarse por el flujo de genes entre individuos de esta población con individuos de un lote comercial de maíz contiguo, ya que se observó un posible traslape en el periodo de floración, lo que influyó en la expresión del vigor híbrido.

Cabe mencionar que durante la producción de semillas de la segunda generación, la sección donde se sembró la población macho, para incremento y selección, estuvo cerca de un lote comercial de maíz, que aun cuando se consideró un aislamiento por fecha de siembra, hubo coincidencia de floración entre los individuos de ambos materiales. Castillo y Goodman (1996)

mencionan que el flujo de genes entre diferentes tipos de maíz con coincidencia de floración, es considerablemente alto entre los extremos adyacentes, y prácticamente no hay flujo genético efectivo hacia el centro de la parcela. Por lo general, la amplitud de floración de un material criollo es superior a la de un lote comercial, lo cual favoreció un cierto grado de intercambio de polen entre los individuos del extremo superior de la población con los individuos del extremo inferior (precoces) de la fuente extraña.

Cuadro 4.2. Medias de las características agronómicas de poblaciones. El Mezquite, N. L. 2008 y 2009.

Poblaciones	REND (t ha⁻¹)	FM (d)	ASI (d)	MCOB (%)	PRO
Macho Hembra (MH)	7.603 a [†]	92.85 a	1.79 a	11.12 a	1.11 a
Macho Macho (MM)	7.010 b	92.58 a b	1.90 a	11.35 a	1.08 a
Hembra Hembra (HH)	6.978 b	92.72 a b	1.71 a	11.52 a	1.11 a
Hembra Macho (HM)	6.779 b c	92.72 a b	1.98 a	11.38 a	1.11 a
Macho (M)	6.434 c	91.69 a b	1.51 a	11.41 a	1.08 a
Hembra (H)	6.356 c	91.33 b	1.53 a	13.91 a	1.10 a
Media	6.874	92.34	1.74	11.75	1.10
Tukey ($\alpha = 0.05$)	0.425	1.40	0.58	3.66	0.04

[†] Valores con la misma letra en la columna son estadísticamente iguales (Tukey $\alpha = 0.05$); REND, rendimiento de grano; FM, floración masculina; ASI, asincronía floral; MCOB, porcentaje de mala cobertura de mazorca; PRO: número de mazorcas por planta.

También en el Cuadro 4.2 se nota que las poblaciones de la generación uno (H y M) fueron las que mostraron menor rendimiento de grano en comparación con las poblaciones de la generación dos (HH, HM, MH, MM).

En el análisis de varianza no se encontraron diferencias en los días a floración masculina (Cuadro 4.1), sin embargo, en la comparación de medias, se nota una tendencia de formación de dos grupos con los extremos de la

población MH con respecto a la H (Cuadro 4.2). Lo anterior puede atribuirse a la prueba de comparación de medias de Tukey, ya que está detectando una diferencia entre una amplitud mínima de 1.5 días, lo cual podría ser considerada una diferencia mínima. Las demás características como asincronía floral, mala cobertura de mazorca y prolificidad presentaron una expresión similar. Con estos resultados se reafirma que la estrategia generó cambios positivos en el rendimiento de grano, manteniéndose las demás características de la población, lo puede ser de utilidad en la conservación *in situ* de la diversidad del maíz.

A continuación se hace un análisis de los factores asociados con la diferencia entre poblaciones (Cuadro 4.1), por lo tanto se hará referencia a los valores medios de las generaciones, de las poblaciones dentro de la generación uno, y de las poblaciones y métodos de producción dentro de la generación dos (Cuadro 4.3).

Se encontró diferencia ($P \leq 0.01$) en la comparación entre las dos generaciones (G_1 y G_2) en el rendimiento de grano (Cuadro 4.1). Las dos generaciones fueron originadas en diferentes localidades, G_1 en Tepalcingo, Mor. y la G_2 en El Mezquite, N. L. Se observó que las poblaciones cuyas semillas fueron obtenidas en El Mezquite, N. L. (G_2) fueron superiores a las producidas en Tepalcingo, Mor. (G_1), con una diferencia promedio de 0.698 t ha⁻¹ en rendimiento de grano (Cuadro 4.3).

Cuadro 4.3. Medias de las características agronómicas por generaciones y por poblaciones dentro de cada generación. El Mezquite, N. L. 2008 y 2009.

Fuentes de variación	REND (t ha ⁻¹)	FM (d)	ASI (d)	MCOB (%)	PRO
<u>Generaciones</u>					
G ₂ (El Mezquite, N. L.)	7.094 a [†]	92.72 a	1.84 a	11.34 a	1.10 a
G ₁ (Tepalcingo, Mor.)	6.396 b	91.51 b	1.52 b	12.64 a	1.09 a
Media	6.874	92.34	1.74	11.75	1.10
Tukey ($\alpha = 0.05$)	0.186	0.61	0.25	1.56	0.02
<u>Generación uno (G₁)</u>					
<u>Poblaciones</u>					
Macho (M)	6.434 a	91.69 a	1.51 a	11.41 a	1.08 a
Hembra (H)	6.356 a	91.33 a	1.53 a	13.91 a	1.10 a
Media	6.396	91.51	1.52	12.64	1.09
Tukey ($\alpha = 0.05$)	0.337	0.98	0.42	2.75	0.04
<u>Generación dos (G₂)</u>					
<u>Poblaciones</u>					
Macho (MH, MM)	7.310 a	92.72 a	1.84 a	11.23 a	1.09 a
Hembra (HH, HM)	6.879 b	92.72 a	1.84 a	11.45 a	1.11 a
Media	7.094	92.72	1.84	11.34	1.10
Tukey ($\alpha = 0.05$)	0.186	0.60	0.25	1.50	0.02
<u>Métodos de producción</u>					
Con desespigamiento (HH, MH)	7.291 a	92.79 a	1.75 a	11.32 a	1.11 a
Sin desespigamiento (HM, MM)	6.894 b	92.65 a	1.94 a	11.37 a	1.09 a
Media	7.094	92.72	1.84	11.34	1.10
Tukey ($\alpha = 0.05$)	0.186	0.60	0.25	1.50	0.02

[†] Valores con la misma letra en la columna son estadísticamente iguales (Tukey $\alpha = 0.05$); REND, rendimiento de grano; FM, floración masculina; ASI, asincronía floral; MCOB, porcentaje de mala cobertura de mazorca; PRO, número de mazorcas por planta.

Los resultados anteriores podrían estar relacionados con las condiciones ambientales (temperatura, latitud, longitud, etc.) de los sitios de incremento y selección de semillas (Cuadro 3.1), así como a los niveles de fertilización y manejo agronómico, los cuales pueden influir en la expresión fenotípica de la

progenie (Monty *et al.*, 2009). También Roach y Wulff (1987), mencionan que el entorno en que las semillas maduran, pueden influir en el tamaño de la semilla, germinación, tamaño de plántula, en el crecimiento y desarrollo de las plantas de la descendencia de la siguiente generación.

Al analizar las poblaciones (hembra y macho) dentro de la primera generación no se observaron diferencias para ninguna de las características agronómicas estudiadas (Cuadro 4.1). Estos resultados podrían atribuirse a que es la misma población de partida a la cual se había aplicado el esquema de producción de semillas (surcos hembra con desespigamiento y surcos macho sin desespigamiento), también puede deberse al muestreo de individuos que representaron a la poblaciones.

En el análisis de los datos preliminares correspondientes al primer año de evaluación (2008), donde se evaluaron 45 familias de cada población, entre las poblaciones de la primera generación se encontró una superioridad de 6.3 % de la población macho sobre la hembra (Macchi *et al.*, 2010). Sin embargo, en la presente evaluación no se observó diferencias entre la población macho y hembra (Cuadro 4.1, Cuadro 4.3), en donde fueron consideradas las mismas 45 familias de cada población y dos años de evaluación, por lo que es posible que las diferencias en los ambientes de evaluación y el muestreo de individuos que representaron a las poblaciones pudieran estar influyendo en estos resultados.

La evaluación de las poblaciones (HH, HM, MH y MM) dentro de la segunda generación (G_2) mostró diferencia ($P \leq 0.01$) para el rendimiento de grano (Cuadro 4.1). El análisis de los efectos asociados a la segunda generación, indican que estas diferencias se deben a las diferencias ($P \leq 0.01$) entre poblaciones macho (MH, MM) y hembra (HH, HM) en el rendimiento de grano, así como a las diferencias ($P \leq 0.05$) entre los métodos de producción con desespigamiento (HH, MH) y sin desespigamiento (HM, MM), ya que no se encontraron efectos significativos en la interacción población por métodos de producción (Cuadro 4.1).

En la segunda generación, se observó que la población macho (MH y MM) presentó una diferencia promedio a favor de 0.431 t ha^{-1} con respecto a la hembra (HH, HM) en rendimiento de grano (Cuadro 4.3). Esto podría estar asociado al flujo de genes entre la población macho (que dio origen a las poblaciones MH y MM) y el lote comercial de maíz que estuvo contiguo a esta población (Louette, 1996), que se reflejó en la expresión del vigor híbrido dada por la cruce entre los individuos heterocigotes en la población (Márquez-Sánchez, 1990).

Entre los métodos de producción se observó en el rendimiento de grano una diferencia promedio de 0.397 t ha^{-1} del método con desespigamiento sobre el método sin desespigamiento (Cuadro 4.3). Esto podría atribuirse al método de desespigamiento y a los efectos de selección, con lo cual se eliminó la posibilidad de obtener plantas autofecundadas, y se evitó la presencia de

depresión endogámica dentro de las poblaciones (Márquez, 1985; Falconer, 1974). Además, esta superioridad puede atribuirse a los efectos de heterosis residual por la cruce de individuos heterocigotes en la población, y útil para efectos de selección a través de generaciones subsecuentes (Márquez-Sánchez, 1990).

No se encontró efectos de interacción significativos entre poblaciones (MH, MM vs HH, HM) y métodos de producción (con y sin desespigamiento) (Cuadro 4.1). Sin embargo, se presentan las medias de la interacción poblaciones \times métodos de producción, después de dos generaciones (Figura 4.1). Se observa que la respuesta de los métodos de producción es paralela en las poblaciones, con un incremento del método con desespigamiento sobre el método sin desespigamiento en las poblaciones hembra y macho, con valores de 2.9 % (0.199 t ha^{-1}) y 8.5 % (0.593 t ha^{-1}), respectivamente (Figura 4.1).

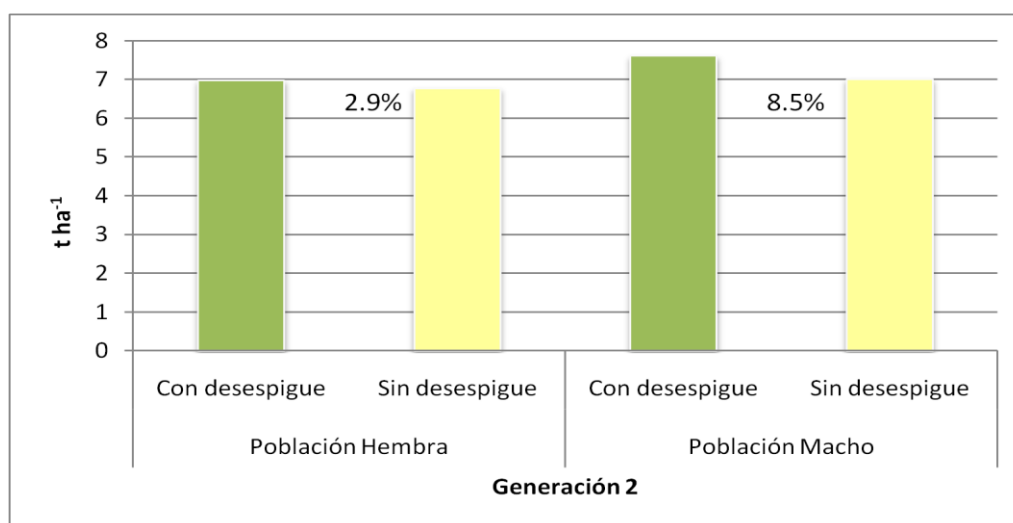


Figura 4.1. Rendimiento de grano en la interacción de poblaciones por métodos de producción en la segunda generación. El Mezquite, N. L., 2008 y 2009.

La diferencia relativa entre los métodos de producción en la población macho fue de 8.5 %. Lo anterior podría estar influenciado por el flujo de genes de la población macho y el lote comercial de maíz, lo cual se reflejó en valores superiores en la respuesta, debido posiblemente a la expresión del vigor híbrido entre los individuos de las dos fuentes (población macho y el híbrido comercial).

En la población hembra la diferencia relativa entre los métodos de producción fue de 2.9 %, la cual fue menor en comparación a la diferencia relativa de la población macho. Estos resultados están dentro de lo encontrado por los mejoradores, los cuales han reportado ganancias por ciclo de 2.5 a 24.5 %, dependiendo del material genético mejorado (Pérez *et al.*, 2007). Sin embargo, en este estudio el procedimiento de control de desespigamiento y selección fueron desarrollados por los agricultores, lo cual puede ser de gran utilidad en esquemas de selección y mantenimiento de la diversidad en poblaciones de maíz.

Evaluación de la calidad fisiológica de la semilla

Debido a las diferencias observadas en la expresión y comportamiento agronómico en el campo entre las dos generaciones procedentes en diferentes sitios de producción Tepalcingo, Mor. (G_1) y El Mezquite, N. L. (G_2) (Cuadro 4.1, Cuadro 4.3), cuyas condiciones ambientales fueron diferentes (Cuadro 3.1); se realizó un experimento de laboratorio para probar posibles efectos del origen de producción de semillas en la calidad fisiológica.

Se encontró que los efectos ambientales en la prueba de laboratorio (Bloques/Ensayos, Bloques incompletos dentro de Ensayos por Bloques) influyeron sobre el peso seco de plántula, lo que indica que esta característica es más sensible al ambiente (Cuadro 4.4).

Cuadro 4.4. Cuadrados medios del análisis de varianza de la calidad fisiológica de la semilla.

Fuentes de variación	Grados de libertad	GERM (%)	PSP (mg plántula ⁻¹)	Grados de libertad	PSS (mg semilla ⁻¹)
Ensayos(E)	4	15.36	1073.73		
Bloques (B)/Ensayos	5	7.78	1154.82 **		
Bloques incompletos/E x B	50	9.26	122.15 **		
Poblaciones (Pob)	5	321.24 **	26811.89 **	5	232066.49 **
Generaciones	1	1410.34 **	146069.36 **	1	1129406.66 **
Pob/G ₁	1	363.11 **	15.90	1	1571.19
Pob/G ₂	3	17.32	408.30	3	10304.17 *
Poblaciones (Pob)	1	22.65	1059.74 *	1	28489.80 **
Metodos de producción (MP)	1	29.08	165.59	1	1324.23
Pob x MP	1	0.00	2.38	1	1098.48
E x Pob	3	4.95	8.83		
Pob x B/E	25	9.99	39.21		
Familias/Pob	365	29.31 **	207.31 **	381	3437.68 **
E x Fam/Pob	83	12.64 **	76.52 **		
Error	398	7.75	50.79	387	246.81
CV (%)		2.84	8.84		5.90

*, ** Significativo al 0.05 y 0.01 niveles de probabilidad, respectivamente; GERM, porcentaje de germinación; PSP, peso seco de plántula; PSS, peso seco de semilla; G₁, generación uno; G₂, generación dos.

Los resultados mostraron diferencias ($P \leq 0.01$) entre las seis poblaciones para porcentaje de germinación, peso seco de plántula y el peso seco de semilla (Cuadro 4.4). En la comparación de medias entre las seis poblaciones para las variables de calidad fisiológica se observó que las poblaciones de la primera generación (H y M) mostraron valores inferiores a las poblaciones de la segunda generación (MH, MM, HH y HM) (Cuadro 4.5).

Cuadro 4.5. Medias de la evaluación de la calidad fisiológica de semillas por poblaciones y generaciones.

Fuentes de variación	GERM (%)	PSP (mg plántula⁻¹)	PSS (mg semilla⁻¹)
<u>Poblaciones</u>			
Macho Hembra (MH)	99.30 a [†]	88.61 a	274.35 a
Hembra Hembra (HH)	98.75 a b	91.24 a	290.32 a
Macho Macho (MM)	98.75 a b	87.59 a	279.85 a
Hembra Macho (HM)	98.45 a b	90.96 a	290.57 a
Hembra (H)	97.35 b	62.14 b	179.30 b
Macho (M)	95.21 c	62.74 b	186.15 b
Media	97.98	80.62	266.30
Tukey ($\alpha= 0.05$)	1.74	4.62	22.72
<u>Generaciones</u>			
G ₂ (El Mezquite, N. L.)	98.81 a	89.60 a	283.82 a
G ₁ (Tepalcingo, Mor.)	96.29 b	62.44 b	182.88 b
Media	97.98	80.62	266.32
Tukey ($\alpha= 0.05$)	0.74	1.96	11.03

[†] Valores con la misma letra en la columna son estadísticamente iguales; GERM, porcentaje de germinación; PSP, peso seco de plántula; PSS, peso seco de semilla; G₁, generación uno; G₂, generación dos.

Al realizar la prueba de significancia entre las generaciones de semillas producidas en las localidades Tepalcingo, Mor. (G₁), y El Mezquite, N. L. (G₂), se encontraron diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) para el porcentaje de germinación, peso seco de plántula y peso seco de semilla (Cuadro 4.4). Las semillas provenientes de la generación dos (producida en El Mezquite, N. L.), presentaron mayor germinación, peso seco de plántula y peso seco de semillas con relación a la generación uno (originada en Tepalcingo, Mor.), con una diferencia promedio de 2.52 %, 27.16 mg plántula⁻¹ y 100.94 mg semilla⁻¹, respectivamente (Cuadro 4.5).

Los niveles de calidad pueden estar influenciados en parte por el ambiente de producción, principalmente por los factores ambientales (Cuadro 3.1) y así como también al manejo agronómico. La mayor calidad fisiológica de la semilla producida en El Mezquite puede atribuirse en parte a que esta localidad presenta las condiciones ambientales más próximas con el origen ecológico del material genético, que corresponde a Jagüey de Ferniza, Saltillo, Coahuila, y que probablemente al someterla a otro ambiente (Tepalcingo, Mor.) presentó un comportamiento diferente con efectos sobre la calidad de semilla.

La diferencia del peso seco de semilla, germinación y peso seco de plántula, puede estar relacionada con lo reportado por Roach y Wulff (1987), quienes mencionan que diferentes factores ambientales (Cuadro 3.1), principalmente la temperatura, fotoperiodo, nutrientes en el suelo, durante la maduración pueden afectar al tamaño de la semilla, lo cual tiene importantes consecuencias ecológicas sobre la germinación, tamaño de plántula y de planta adulta.

Otros estudios mencionan que en maíz, el peso individual del grano está determinado por el periodo efectivo del llenado del grano y la tasa de llenado de grano, las cuales guardan relaciones con los factores ambientales que inciden sobre el crecimiento y desarrollo de la planta, como la temperatura, competencia entre plantas, disponibilidad de fotoasimilados, humedad, fertilidad, estrés por enfermedades (López *et al.*, 2000; López *et al.*, 2004).

Se observó diferencia ($P \leq 0.01$) entre las poblaciones de la generación uno sólo para la germinación (Cuadro 4.4). La evaluación de las poblaciones (HH, HM, MH, MM) dentro de la generación dos, mostró diferencia ($P \leq 0.05$) sólo para el peso seco de semilla (Cuadro 4.4).

Los componentes de los efectos de la generación dos, muestran que las poblaciones hembra (HH, HM) y macho (MH, MM) presentaron diferencia ($P \leq 0.05$) para el peso seco de plántula y significancia ($P \leq 0.01$) para el peso seco de semilla (Cuadro 4.4). Entre los métodos de producción (con y sin desespigamiento) no se encontró diferencias para ninguna de las variables estudiadas (Cuadro 4.4), lo cual indica que los métodos no influyen en la calidad fisiológica de la semilla. Menezes y Ciceros (1994) y Wilhelm *et al.*, 1995) han encontrado que el desespigamiento no influye en la calidad fisiológica de la semilla.

Análisis de correlación

El análisis de correlación con base a las medias de las familias comunes en las dos generaciones, mostró una asociación positiva entre las variables de calidad fisiológica de semilla, donde principalmente el peso seco de semilla y peso seco de plántula presentaron alta correlación ($\gamma = 0.80^{**}$) (Cuadro 4.6).

Cuadro 4.6. Coeficientes de correlación de las características de calidad fisiológica de semillas y características agronómicas.

Variables	GERM	PSP	PSS	FM	MCOB	PRO	REND
GERM		0.35 **	0.23 **	-0.01	-0.04	0.04	0.11 *
PSP			0.80 **	-0.09	-0.17 **	0.00	0.06
PSS				-0.04	-0.10	-0.03	0.11 *
FM					0.15 *	-0.04	0.29 **
MCOB						0.07	0.49 **
PRO							0.32 **
REND							

*, ** Significativo al 0.05 y 0.01 niveles de probabilidad, respectivamente; GERM, porcentaje de germinación; PSP, peso seco de plántula; PSS, peso seco de semilla; FM, floración masculina; MCOB, porcentaje de mala cobertura de mazorca; PRO, número de mazorcas por planta; REND, rendimiento de grano.

El peso seco de plántula no presenta una asociación con el rendimiento de grano, lo que indica que no tiene efecto sobre éste. Sin embargo, el peso seco de semilla y la germinación muestran una mínima correlación ($\gamma = 0.11^*$) con el rendimiento de grano (Cuadro 4.6). También se observa una correlación negativa entre el peso seco de plántula y mala cobertura de mazorca (Cuadro 4.6).

Esta mínima correlación entre las variables agronómicas y de calidad de semilla está asociado con la naturaleza de la investigación, en que están involucrados varios factores como ser el origen de semilla, métodos de producción y selección. Por lo general, la calidad fisiológica inicial de las semillas no influye directamente en las características agronómicas (Antuna *et al.*, 2003).

El rendimiento de grano al presentar una correlación positiva con las demás características agronómicas estudiadas (Cuadro 4.6), indica que los días a floración masculina y prolificidad influyen directamente sobre el rendimiento, además se observó que el rendimiento de grano presentó correlación positiva con mala cobertura de mazorca. También los días a floración masculina tienen relación directa con la mala cobertura de mazorca (Cuadro 4.6).

El análisis de la interacción Familias \times Generaciones \times Variables (Figura 4.2) con base a los dos primeros componentes principales, explicaron conjuntamente el 53.2 % de la variación total acumulada en las siete variables en estudio (Figura 4.2). Las familias de la primera generación están representadas en la Figura 4.2 por el número 1, en tanto que las de la segunda generación con el número 2. Las variables están indicadas por los vectores a partir del origen.

El ángulo que forman los vectores de los caracteres a partir del origen, indica el nivel de asociación entre ellos (Yan y Tinker, 2006). Debido a los ángulos menores de 30°, se observó asociación entre las características agronómicas por un lado, y por otro una asociación entre los caracteres de calidad fisiológica de semilla (Figura 4.2). En general, esto corresponde con los resultados del análisis de correlación (Cuadro 4.6), con la diferencia que en la figura se explica el 53.2 % de la variación total en comparación con el 100 % en las variables originadas.

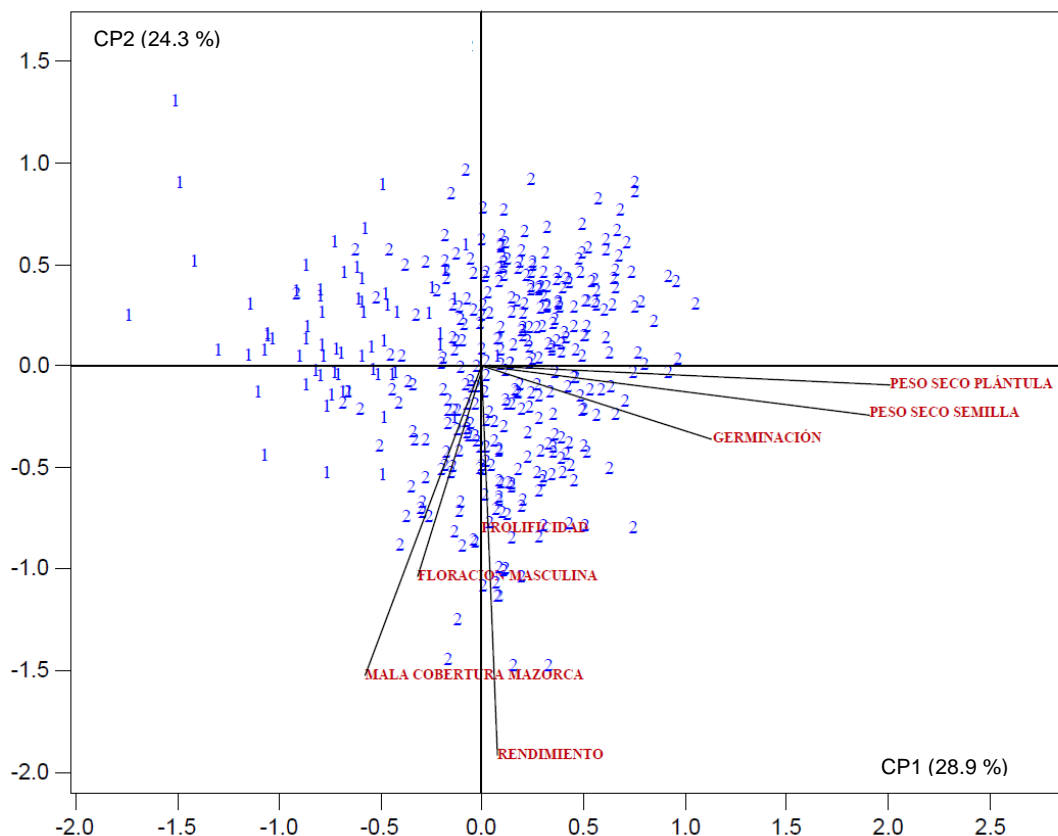


Figura 4.2. Dispersión de la interacción Familias \times Generaciones \times Variables, con base a los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2) de las variables en estudio. 1= G₁; 2= G₂.

Las variables que presentaron mayor discriminación, para las familias que representan a las generaciones, fueron las de calidad fisiológica de semilla, principalmente el peso seco de plántula y peso seco de semilla, por mostrar los vectores más largos (Yan y Tinker, 2006).

Se observa que las familias de la generación uno tienden a agruparse a la izquierda de la figura; y en sentido opuesto, se agrupa una mayor proporción de las familias que representan a la generación dos (Figura 4.2).

Las observaciones que se encuentran en el sentido de los vectores están positivamente correlacionadas con estos, y los que están en sentido opuesto, muestran una asociación negativa (Yan y Tinker, 2006). Se observó que la mayoría de las familias que representaron a la generación dos (G_2), presentaron mayor calidad fisiológica de semillas. En sentido opuesto, las familias que representaron a la generación uno (G_1) mostraron una tendencia de menor calidad fisiológica de semillas (Figura 4.2, Cuadro 4.5). Estas agrupaciones están relacionadas con los diferentes orígenes de producción de semillas, en donde se ha observado que la calidad de semilla está influenciada en parte por las condiciones ambientales entre ambos orígenes (G_1 , Tepalcingo, Mor.; G_2 , El Mezquite, N. L.).

Se observa que las variables de calidad fisiológica de semilla y el rendimiento de grano tienden a una correlación cercana a cero, por presentar un ángulo de aproximadamente 90° , lo cual indica independencia entre las variables (Figura 4.2). También en el análisis de correlación se observó una mínima relación entre dichas variables cercana a cero (Cuadro 4.6).

En la Figura 4.3 se muestra la interacción de las Familias x por las Poblaciones (HH, HM, MH y MM) de la Generación dos x Variables, con base a los dos primeros componentes principales que explicaron conjuntamente el 48.9 % de la variación total acumulada para las siete variables en estudio.

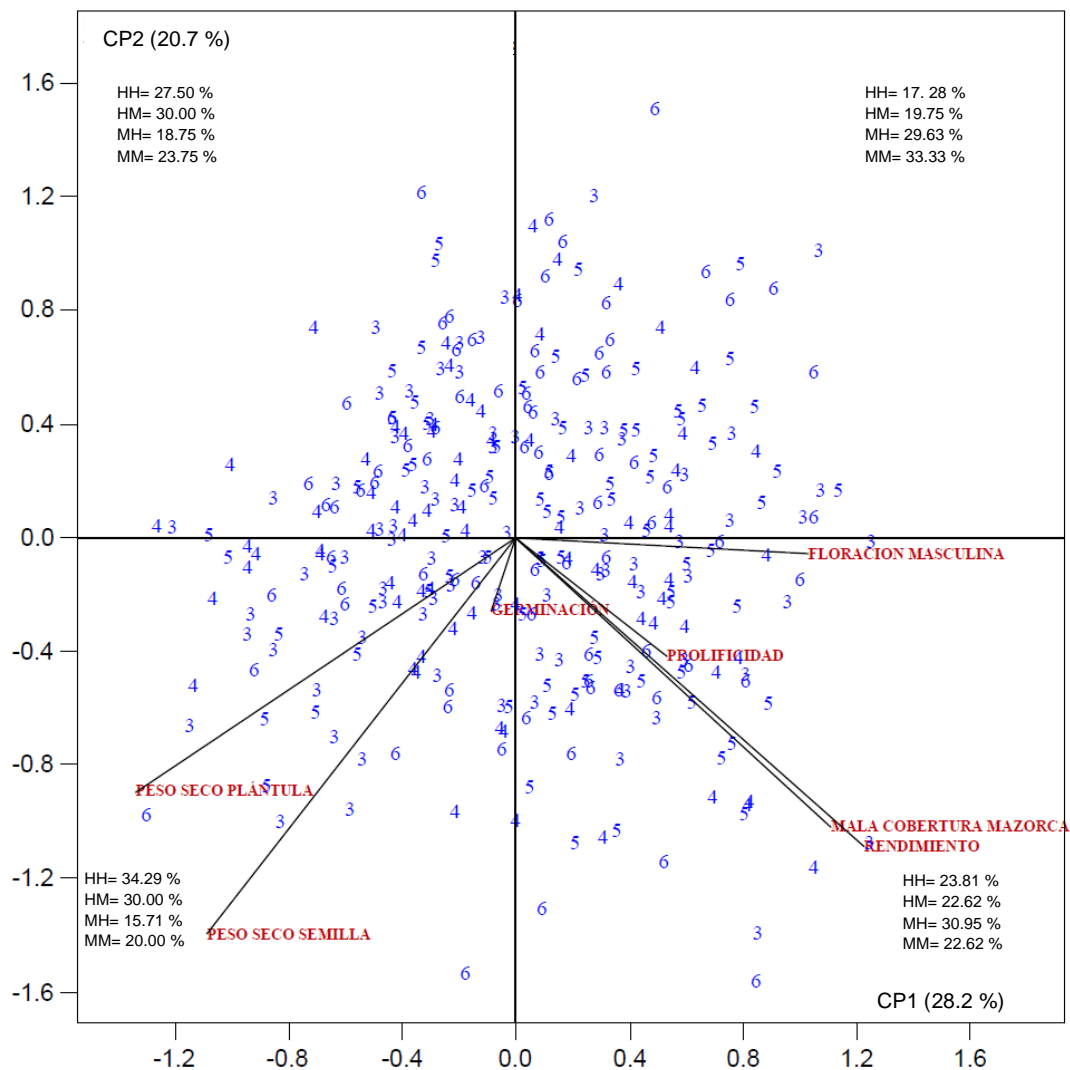


Figura 4.3. Dispersión de la interacción Familias \times Poblaciones de la Generación dos \times Variables, con base a los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2) de las variables en estudio. 3= HH; 4= HM; 5= MH; 6= MM. Frecuencia de las poblaciones por cuadrante.

En la Figura 4.3 las familias de la población HH están representadas el número 3, HM por el 4, MH por el 5 y MM por el 6. Las variables están indicadas por los vectores a partir del origen.

El ángulo menor a 30° , formado entre los vectores de las variables a partir del origen, indica una asociación entre las variables de calidad fisiológica de semillas por un lado, y por otro una asociación entre las variables de características agronómicas (Figura 4.3). Los caracteres con mayor discriminación son el peso seco de semilla, peso seco de plántula, rendimiento de grano y mala cobertura de mazorca, por presentar los vectores más largos (Yan y Tinker, 2006).

La dispersión de los datos con base a los dos componentes principales, mostró un traslape entre las familias de cada una de las poblaciones evaluadas; con propósito de interpretación del comportamiento de las familias de cada población, se determinó la frecuencia relativa con que aparecen las familias por población en cada cuadrante de la figura (Figura 4.3).

La población MH presentó mayor frecuencia (30.95 %) de familias con mayor rendimiento de grano y mala cobertura de mazorca, mientras que las otras familias se encontraron en menor proporción (Figura 4.3). La superioridad en rendimiento de la población macho está relacionada con la posibilidad de flujo de genes entre un lote comercial y esta población, lo cual se refleja en la expresión del vigor híbrido al cruzarse dos poblaciones distintas. El ángulo menor a 30° observadas entre las variables de rendimiento de grano y mala cobertura, lo cual indica correlación entre dichas variables, se puede explicar también por el flujo de genes que se dio entre los individuos de la población

macho y la fuente extraña, ya que la mala cobertura de mazorca es una característica que tiende a expresarse en la progenie.

En el esquema planteado, se esperaría que las frecuencias de las familias HH (3) y HM (4) presentaran mayores valores positivos al rendimiento, lo cual en parte se explica con la frecuencia de estas familias en la Figura 4.3. Sin embargo, la presencia de observaciones con valores de 5 y 6 (MH y MM) en el sentido del vector (mayor rendimiento) explica el flujo de genes con el híbrido comercial.

Se encontró mayor calidad de semillas en las poblaciones HH con una frecuencia de 34.29 % y HM con 30 %. En sentido opuesto a los vectores de calidad fisiológica de semillas, las poblaciones que presentaron mayor proporción de familias con menor calidad fisiológica de semillas fueron MM (33.33 %) y MH (29.63 %) (Figura 4.3). Estos resultados indican que hubo mayor calidad fisiológica de semillas en las poblaciones que se derivaron de la hembra de la G_1 .

Discusión general

A lo largo de la historia de México se ha observado que el sector basado en el sistema de agricultura tradicional ha sido muy poco atendido, en donde los agricultores que siembran maíz tienen problemas para sostener su producción y consecuentemente la diversidad de este cultivo (Mera y Mapes, 2009).

En México más del 80 % de la superficie cultivada con maíz alrededor de 6.5 millones de hectáreas siembran semillas criollas que los productores han conservado por generaciones mediante la selección empírica de semillas a partir de sus cosechas (Castillo *et al.*, 2000a), por lo que la conservación *in situ* del maíz es una actividad cotidiana practicada por los agricultores (Herrera, 2002).

Para proteger la diversidad del maíz, se debe atender a los más de dos millones de agricultores de pequeña escala o marginados que existen en México (Kato *et al.*, 2009), ya que la conservación *in situ* en los sistemas de agricultura tradicional han sido poco atendidos por los programas de conservación de los recursos fitogenéticos (González, 2007).

De ahí la necesidad de buscar estrategias que maximicen la productividad de los cultivos de los agricultores, a través de estrategias generadas y operadas de manera participativa; basadas en el mejoramiento de las técnicas de selección tradicional de semillas en función a los recursos locales, y que a su vez favorezcan la conservación *in situ* de la diversidad de los cultivos (Eyzaguirre y Iwanaga, 1996; Louette y Smale, 2000; Castillo *et al.*, 2000b; Smith *et al.*, 2001; Rincón y Ruiz, 2004).

Por lo anterior, la estrategia analizada de selección masal con participación de los agricultores, con modificación en el esquema de producción, es una técnica sencilla que puede ser implementada en los

sistemas de agricultura tradicional como alternativa de la conservación *in situ* de la diversidad del maíz, así como para incrementar la media de rendimiento en generaciones subsecuentes de selección y producción de semillas.

Con la estrategia planteada se puede observar que la selección y la conservación *in situ* pueden ser compatibles, ya que solo se está modificando el rendimiento de grano y no se observan cambios en las demás características de la población (Cuadro 4.1).

Se ha observado que luego de dos generaciones, en las poblaciones hembra se encontró en los surcos con desespigamiento un incremento del rendimiento de grano del 2.9 % con relación a los surcos no desespigados (Figura 4.1), destacando que el procedimiento de desespigamiento y selección fueron realizados por los agricultores, lo cual es de gran importancia en esquemas de selección y mantenimiento de poblaciones de maíz.

Para la adopción de esta estrategia sería importante proponer a los productores sembrar una sección de su área para producir su propia semilla, de modo que la ganancia en rendimiento de grano sea apreciable por los agricultores a través del tiempo. También sería fundamental el seguimiento de los investigadores durante los primeros años de implementación de la estrategia en los sistemas de agricultura tradicional, ya que una vez que sean observados los beneficios de generación en generación, favorecería a la adopción del esquema de producción a lo largo del tiempo.

Con la estrategia estudiada, al mismo tiempo que se mejoran las plantas, la diversidad genética se puede conservar *in situ* asociado con la preferencia local de los agricultores, además se asegura que se mantengan dentro del sistema de producción agrícola los procesos de adaptación y evolución de los cultivos en sus ambientes (Jarvis *et al.*, 2000).

V. CONCLUSIONES

La estrategia de selección masal con modificación en el esquema de producción de semillas (surcos hembra y surcos macho), con participación de agricultores, permite maximizar la productividad en un sistema de agricultura tradicional, al mismo tiempo que favorece la conservación *in situ* de la diversidad del maíz.

Entre los métodos de producción de semillas, se encontró un rendimiento superior con el desespigamiento con una diferencia promedio de 5.4 % (0.397 t ha⁻¹) con respecto a los surcos no desespigados; por lo que se considera un esquema adecuado para la producción y selección de semillas de maíz.

El esquema de producción de semillas aplicada a la población de maíz no influyó en la calidad fisiológica de las semillas.

VI. LITERATURA CITADA

- Altieri, M. A. 2003. Aspectos socioculturales de la diversidad del maíz nativo. Departamento de Ciencias, Políticas y Gestión del Medio Ambiente. Universidad de California, Berkeley. Disponible en línea <http://www.agroeco.org/doc/alt.contam-maiz.pdf> (Verificado el 24 de septiembre de 2008).
- Amri, A., L. M. Arias-Reyes, D. Balma, A. Birouk, F. Castillo-González, S. Ceccarelli, J. L. Chávez-Servia, N. N. De, P. Eyzaguirre, D. Fanissi, D. Gauchan, L. Holly, K. D. Joshi, O. Kabore, I. Mar, F. Márquez-Sánchez, F. Nassif, R. Ortega-Paczka, D. K. Rijal, K. Riley, A. Subedi, A. Tan, L. N. Trinh. 2000. Incrementando los beneficios de la diversidad local cultivada para los agricultores. *In*: Jarvis, D. I., L. Myer, H. Klemick, L. Guarino, M. Smale, A. H. D. Brown, M. Sadiki, B. Sthapit, T. Hodgkin (eds.). Guía de Capacitación para la Conservación *in situ* en Fincas. Versión 1. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI). Roma, Italia. pp:169 - 187.
- Antuna G., O., F. Rincón S., E. Gutiérrez R., N. A. Ruiz T., L. Bustamante G. 2003. Componentes genéticos de caracteres agronómicos y de calidad fisiológica de semillas en líneas de maíz. *Rev. Fitotec. Mex.* 26 (1): 11 – 17.
- Arias R., L., L. Latournerie M., D. Jarvis, D. Williams, J. Chávez S. and E. Sauri D. 2006. *In situ* conservation of agricultural biodiversity of Milpa in Yucatan. The Ecological Society of America (ESA). Disponible en línea <http://abstracts.co.allenpress.com/pweb/esai2006/document/58909>. (Verificado el 10 de octubre de 2008).
- Baena, M., S. Jaramillo y J. E. Montoya. 2003. Material de apoyo a la capacitación en conservación *in situ* de la diversidad vegetal en áreas protegidas y en fincas. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos. Cali, Colombia. 130 p.

- Barreto, H. J., G. O. Edmeades, S. C. Chapman, J. Crossa. 1997. The alpha lattice design in plant breeding and agronomy: Generation and analysis. *In*: G. O. Edmeades, M. Bänzinger, H. R. Mickelson, and C. B. Peña-Valdivia (eds.). *Developing Drought and Low N-Tolerant Maize. Proceedings of a Symposium. March 25-29, 1996. CIMMYT, El Batán, México. México, D. F. pp: 544 – 551.*
- Bird, R. M. 1980. Maize Evolution from 500 B.C. to the Present. *Biotropica* 12(1): 30 – 41.
- Castillo G., F., M. M. Goodman. 1996. Investigaciones acerca del flujo genético entre maíz mejorado y maíz criollo. *In*: Serratos, J. A., M. C. Willcox, F. Castillo (eds.). *Flujo genético entre maíz criollo, maíz mejorado y teocintle: implicaciones para el maíz transgénico, Memoria del foro. El Batán, Edo. de México, 21 – 25 de septiembre de 1995. CIMMYT. D.F., México. pp: 72 - 80.*
- Castillo, F., E. Herrera, J. Romero, R. Ortega, M. Goodman y M. E. Smith. 2000a. Diversidad genética del maíz y su aprovechamiento *in situ* a nivel regional. *In*: CIAT (ed.). *Fitomejoramiento Participativo en América Latina y el Caribe. Memorias de un Simposio Internacional. Quito, Ecuador. Agosto 31, Septiembre 3, 1999. CIAT – Programa PRGA del CGIAR. Cali, Colombia. 7 p. (CD)*
- Castillo G., F., L. M. Arias R., R. Ortega P., F. Márquez S. 2000b. PPB, Seed networks and grassroot strengthening. Mexico. *In*: Jarvis, D., B. Sthapit, L. Sears (eds.) *Conserving agricultural biodiversity in situ: A scientific basis for sustainable agriculture. International Plant Genetic Resources Institute, Roma, Italia. pp: 199 - 200.*
- Castillo G., F., A. Ramírez H., P. Ramírez V., R. Ortega P. y M. M. Goodman. 2009. La selección masal en la perspectiva de la diversidad genética del maíz. *In*: SOMEFI. *III Reunión Nacional para el Mejoramiento, Conservación y Uso de los Maíces Criollos, Memoria de Resúmenes. Celaya, Gto., 14 – 16 de Octubre de 2009. SOMEFI – I. T. Roque. Chapingo, México. p: 23.*

- Castiñeiras, L., R. Cristóbal, R. Pinedo, L. Collado, L. Arias. 2009. Redes de abastecimiento de semillas y limitaciones que enfrenta el sistema informal. *In: Hermann, M., K. Amaya, L. Latournerie, L. Castiñeiras (eds.). ¿Cómo conservan los agricultores sus semillas en el trópico húmedo de Cuba, México y Perú? Experiencias de un proyecto de investigación en sistemas informales de semillas de chile, frijoles y maíz.* Bioversity International, Roma, Italia. p: 73 – 83.
- Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT). 1999. Desarrollo, mantenimiento y multiplicación de semilla de variedades de polinización libre. 2ª Ed. CIMMYT. México, D. F. 11 p.
- COFUPRO (Coordinadora Nacional de las Fundaciones Produce A. C.). 2010. Red Nacional de Estaciones Estatales Agroclimatológicas. Disponible en línea <http://clima.inifap.gob.mx/redclima/> (Verificado el 11 de junio de 2010).
- Espinosa, A. y M. Tadeo. 1998. Evaluación de desespigue mecánico en híbridos dobles de maíz en los Valles Altos de México. *Agron. Mesoam.* 9 (1): 90 - 92.
- Eyzaguirre, P. and M. Iwanaga. 1996. Farmers' contribution to maintaining genetic diversity in crops, and its role within the total genetic resources system. *In: Eyzaguirre, P. and M. Iwanaga (eds.). Participatory Plant Breeding. Proceedings of a Workshop on Participatory Plant Breeding.* 26 - 29 July 1995. Wageningen, The Netherlands. IPGRI, Rome, Italy. pp: 9 -18.
- Falconer, D. S. 1974. *Introducción a la genética cuantitativa.* Traducción al español por F. Márquez S. Editorial Continental. México, D. F. 430 p.
- FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations). 2010. FAOSTAT. Disponible en línea <http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>. (Verificado el 20 de abril del 2010).
- Gardner, C. O. 1961. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. *Crop Sci.* 1: 241 – 245.

- García, E. y Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). 1998. Climas (clasificación de Koppen, modificado por García). Escala 1:1000000. México. Disponible en http://www.conabio.gob.mx/informacion/cgi-bin/geometadatos_esp.cg?id=36 (Verificado el 29 de junio de 2010).
- González G., M. 2007. Diversidad del Maíz: Potencial agronómico y perspectivas para su conservación y desarrollo *in situ*, en el sureste del Estado de México. Tesis de D. C. Colegio de Postgraduados en Ciencias Agrícolas, Montecillo, Edo. de México, México. 137 p.
- Hellin, J. y M. Bellon. 2007. Manejo de semillas y diversidad del maíz. Revista agroecológica LEISA: 23 (2). Disponible en línea http://latinoamerica.leisa.info/index.php?url=show-blob-html.tpl&p%5Bo_id%5D=198252&p%5Ba_id%5D=211&p%5Ba_seq%5D=1 (Verificado el 22 de agosto de 2010).
- Herrera C., B. E. 1999. Diversidad genética y valor agronómico entre poblaciones de maíz de la raza Chalqueño. Tesis de D. C. Colegio de Postgraduados en Ciencias Agrícolas, Montecillo, Edo. de México, México. 141 p.
- Herrera C., B. E., A. Macías L., R. Díaz R., M. Valadez R., A. Delgado A. 2002. Uso de semilla criolla y características de mazorca para la selección de semilla de maíz en México. Rev. Fitotec. Mex. 25: 17 - 23.
- Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) y Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). 1995. Edafología. Escalas 1:250000 y 1:1000000. México. Disponible en línea http://www.conabio.gob.mx/informacion/cgi-bin/geo_metadatos_esp.cgi?ld=164 (Verificado el 29 de Junio de 2010).
- International Seed Testing Association (ISTA). 2009. International Rules for Seed Testing. The International Seed Testing Association (ISTA). Zürichstr.50 CH-8303 Bassersdorf, Switzerland. ISBN – 13 978-906549-53-8.
- IRRI (International Rice Research Institute). 2007. CropStat for Windows versión 7.2. Metro Manila, Philippines.

- Jarvis, D. I., L. Myer, H. Klemick, L. Guarino, M. Smale, A. H. D. Brown, M. Sadiki, B. Sthapit, T. Hodgkin (eds.). 2000. Guía de Capacitación para la Conservación *in situ* en Fincas. Versión 1. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI). Roma, Italia. pp: 2 – 11.
- Kato Y., T. A. 2009. Teorías sobre el origen del maíz. *In*: Kato Y., T. A., C. Mapes S., L. M. Mera O., J. A. Serratos H., R. A. Bye B. (eds.). Origen y Diversificación del Maíz: Una Revisión Analítica. Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). México, D. F. pp: 43 – 68.
- Kato Y., T. A., C. Mapes S., L. M. Mera O., J. A. Serratos H., R. A. Bye B. 2009. Conclusiones y Recomendaciones. *In*: Kato Y., T. A., C. Mapes S., L. M. Mera O., J. A. Serratos H., R. A. Bye B. (eds.). Origen y Diversificación del Maíz: Una Revisión Analítica. Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). México, D. F. pp: 97 - 99.
- Latournerie, L., L. M. Arias, O. Barrios, R. Pinedo, L. Fernández, J. M. Tun. 2009. Diversidad en los cultivos tradicionales conservados por los agricultores. *In*: Hermann, M., K. Amaya, L. Latournerie, L. Castiñeiras (eds.). ¿Cómo conservan los agricultores sus semillas en el trópico húmedo de Cuba, México y Perú? Experiencias de un proyecto de investigación en sistemas informales de semillas de chile, frijoles y maíz. Bioersity International. Roma, Italia. pp: 47 – 59.
- López S., J. A., J. Ortiz C., M. C. Mendoza C. 2000. Componentes del crecimiento de grano de líneas de maíz de peso contrastante de grano. *Rev. Fitotec. Mex.* 23 (1): 141 – 151.
- López S., J. A., C. A. Reyes M., S. Castro N., F. Briones E. 2004. Componentes del crecimiento de grano de cultivares prolíficos de maíz. *Rev. Fitotec. Mex.* 27 (Núm. especial): 23 – 26.
- Louette, D. 1996. Intercambio de semillas entre agricultores y flujo genético entre variedades de maíz en sistemas agrícolas tradicionales. *In*: Serratos, J. A., M. C. Willcox, F. Castillo (eds.). Flujo genético entre maíz criollo, maíz mejorado y teocintle: implicaciones para el maíz transgénico, Memoria del foro. El Batán, Edo. De México, 21 – 25 de septiembre de 1995. CIMMYT. México, D. F. pp: 60 - 71.

- Macchi L., G., F. Rincón S., N. A. Ruiz T., F. Castillo G. 2010. Selección y mantenimiento de poblaciones. Una perspectiva para la conservación in situ de la diversidad genética del maíz. *Rev. Fitotec. Mex.* 33(Núm. especial 4): (en prensa).
- Mapes S., C. y L. M. Mera O. 2009. Manejo de la diversidad. *In: Kato Y., T. A., C. Mapes S., L. M. Mera O., J. A. Serratos H., R. A. Bye B. (eds.). Origen y Diversificación del Maíz: Una Revisión Analítica.* Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). México, D. F. pp: 83 - 86.
- Márquez S., F. 1979. Respuesta esperada a la selección a largo plazo en maíz, en base a un estudio de una mezcla intervarietal. Colegio de Postgraduados. Chapingo, México. 85 p.
- Márquez S., F. 1980. Sistema de selección combinada, familiar e individual en el mejoramiento genético del maíz (*Zea mays* L.). *Rev. Fitotec. Mex.* 3: 3 - 83.
- Márquez S., F. 1985. Genotecnia Vegetal. Métodos Teoría Resultados Tomo I. AGT. México, D. F. 357 p.
- Márquez-Sánchez, F. 1990. Backcross Theory for Maize. I. Homozygosis and heterosis. *Maydica* 35: 17 – 22.
- Megalhães P. C., F. O. Machado D., A. C. de Oliveira, E. Gomes G. 1999. Efeitos de diferentes técnicas de despendoamento na produção de milho. *Sci. Agric.* 56(1): ISSN 0103-9016.
- Menezes, N. L. y S. M. Cicero. 1994. Efeitos da antecipacao do despendoamento em plantas de milho sobre a área foliar, producao e qualidade de sementes. *Pesq. Agrop. Bras.* 29 (5): 733 – 741.
- Mera O., L. M. 2009. Diversificación y distribución reciente del maíz en México. *In: Kato Y., T. A., C. Mapes S., L. M. Mera O., J. A. Serratos H., R. A. Bye B. (eds.). Origen y Diversificación del Maíz: Una Revisión Analítica.* Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). México, D. F. pp: 69 – 82.

- Mera O., L. M. y C. Mapes S. 2009. El Maíz. Aspectos biológicos. *In*: Kato Y., T. A., C. Mapes S., L. M. Mera O., J. A. Serratos H., R. A. Bye B. (eds.). Origen y Diversificación del Maíz: Una Revisión Analítica. Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). México, D. F. pp: 19 – 31.
- Monty, A., J. Lebeau, P. Meerts, G. Mahy. 2009. An explicit test for the contribution of environmental maternal effects to rapid clinal differentiation in an invasive plant. *J. Evol. Biol.* 22: 917 – 926.
- Ortega P., R. A., J. J. Sánchez G., F. Castillo G., J. M. Hernández C. 1991. Estado actual de los estudios sobre maíces criollos de México. *In*: Ortega P., R., G. Palomino H., F. Castillo G., V. González H. y M. Livera M. (eds.) Avances en el estudio de los recursos fitogenéticos de México. Sociedad Mexicana de Fitogenética, A. C. Chapingo, México. pp: 161 – 185.
- Paliwal, R. L. 2001. Mejoramiento del maíz por selección recurrente. *In*: Paliwal, R. L., G. Granados, H. R. Lafitte, A. D. Violic (eds.). El maíz en los Trópicos: Mejoramiento y Producción. F. A. O Roma, Italia. Disponible en línea <http://www.fao.org/docrep/003/x7650s/x7650s15.htm>. (Verificado el 12 de mayo de 2010).
- Pérez C., A., J. Molina G., A. Martínez G., P. García M. y D. Reyes L. 2007. Selección masal para la adaptación a clima templado de razas tropicales y sub-tropicales de maíz en México. *Biogro* 19 (3): 133 - 141.
- Rice, E. 2007. Conservation in a changing world: *in situ* conservation of the giant maize of Jalisco. *Genet. Res. Crop Evol.* 54: 701 – 713.
- Rincón S., F. y N. A. Ruiz T. 2004. Comparación de estrategias de selección y manejo aplicadas a una población criolla de maíz. *Rev. Fitotec. Mex.* 27 (Número especial): 33 - 37.
- Rincón-Sánchez, F. and N. Ruiz-Torres. 2005. Enhancement of farmers' maize. Varieties with an improved population in Saltillo, Coahuila, México. *In*: Taba, S. (ed.) Latin American Maize Germplasm Conservation: Regeneration, *in situ* Conservation, Core subsets, and Prebreeding. Proceedings of a workshop held at CIMMYT, April 7-10, 2003. México, D. F: CIMMYT. pp: 58 - 62.

- Rincón S., F., N. A. Ruiz T., F. Castillo G., G. Macchi L. 2009. Selección y mantenimiento de poblaciones como alternativa para la conservación *in situ* de germoplasma de maíz. Memoria, IV Reunión Nacional de Innovación Agrícola y Forestal. 19 al 14 de Octubre de 2009. Saltillo, Coahuila. pp: 185.
- Roach , D. A. and R. D. Wulff. 1987. Maternal effects in plants. *Annu Rev. Ecol. Syst.* 18: 209 - 235.
- Rosas S., J. C., O. Gallardo G. y J. Jiménez T. 2006. Mejoramiento de maíces criollos de Honduras mediante la aplicación de metodologías de fitomejoramiento participativo. *Agron. Mesoam.* 17 (3): 383 - 392.
- SAGARPA – SIAP. 2010. Producción Agrícola Anual (1994 – 2008). (Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación - Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera). Disponible en línea <http://www.siap.gob.mx>. (Verificado el 5 de mayo de 2010).
- SAS Institute. 2004. SAS/STAT[®] 9.1 User 'S Guide. Cary, NC: SAS Institute Inc. USA. 5121 p.
- Smith, M. E., F. Castillo, and F. Gómez. 2001. Participatory plant breeding with maize in Mexico and Honduras. *Euphytica* 122(3): 551 - 565.
- Tadeo, M., A. Espinosa, A. Solano y R. Martínez. 2001. Esterilidad masculina para producir semilla híbrida de maíz. *Ciencia y Desarrollo* 27 (157): 65 – 75.
- Toledo M., A, J. Arcanjo N., C. Torres, L. Lourenço N., F. Candido R. 2006. Mejoramiento participativo en maíz: Su contribución en el empoderamiento comunitario en el municipio de Muqui, Brasil. *Agron. Mesoam.* 17 (3): 393 – 405.
- Turrent, A. and J. A. Serratos. 2004. Maize and Biodiversity: The Effects of Transgenic Maize in Mexico. Commission for Environmental Cooperation of North Americas. Disponible en línea http://www.cec.org/files/PDF//Maize-Biodiversity-Chapter1_en.pdf (Verificado el 11 de octubre de 2008).

- Vernooy, R. 2003. Semillas generosas: Mejoramiento participativo de plantas. IDRC (Centro Internacional de Investigaciones para el Desarrollo). Disponible en línea <http://www.idrc.ca/openbooks/016-0/> (Verificado el 27 septiembre de 2008).
- Voss, J. 1996. Participatory breeding and IDRC's biodiversity programme. *In*: Eyzaguirre, P. and M. Iwanaga (eds.). Participatory Plant Breeding. Proceedings of a Workshop on Participatory Plant Breeding. 26-29 July 1995. Wageningen, The Netherlands. IPGRI, Rome, Italy. pp: 3 - 8.
- Wellhausen, E., L. M. Roberts, E. Hernández X. 1951. Razas de Maíz en México, su Origen, Características y Distribución. Oficina de estudios especiales. Secretaria de Agricultura y Ganadería. México. Folleto Técnico N° 5. D. F. 237 p.
- Wilhelm, W. W., B. E. Johnson, J. S. Schepers. 1995. Yield, quality, and nitrogen use of inbred corn with varying numbers of leaves removed during detasseling. *Crop Sci.* 35: 209 – 212.
- Yan, W. and N. A. Tinker. 2006. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science* 86: 623 – 645.
- Yan, W. 2007. GGEbiplot Pattern Explorer. The Complete Biplot Analysis System. Version 6.3 Ontario, Canada.