

# ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD MORFOLÓGICA DE MAÍCES NATIVOS Y EXÓTICOS EN VALLES ALTOS DE MÉXICO

# MORPHOLOGICAL VARIABILITY ANALYSIS OF NATIVE AND EXOTIC MAIZE IN HIGHLANDS OF MEXICO

Ángela M. Velasco-García<sup>1</sup>, J. Jesús García-Zavala<sup>2</sup>\*, Jaime Sahagún-Castellanos<sup>3</sup>, Ricardo Lobato-Ortiz<sup>2</sup>, Carlos Sánchez-Abarca<sup>3</sup> e Iván M. Marín-Montes<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Mocochá, Mocochá, Yucatán, México. <sup>2</sup>Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, Postgrado de Recursos Genéticos y Productividad-Genética, Montecillo, Texcoco, Estado de México, México. <sup>3</sup>Universidad Autónoma Chapingo, Departamento de Fitotecnia, Chapingo, Texcoco, Estado de México, México.

\*Autor de correspondencia (zavala@colpos.mx)

### **RESUMEN**

El maíz (Zea mays L.) de origen tropical y subtropical de México es un reservorio de alelos útiles y diferentes a los existentes en razas de valles altos de México, que ayudaría a enfrentar distintos factores adversos y a contribuir a incrementar su adaptabilidad. El objetivo del presente estudio fue identificar la variabilidad morfológica existente entre poblaciones de maíz exóticas, adaptadas y sin adaptación previa a valles altos, y entre algunas de sus cruzas interraciales. El material genético evaluado estuvo integrado por nueve poblaciones originales de maíz exótico y sus ciclos avanzados de selección en valles altos, ocho cruzas simples, dos cruzas dobles, una cruza triple, las generaciones avanzadas de las cruzas y cuatro testigos locales. Las evaluaciones se realizaron en tres ambientes, mediante un diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones; la unidad experimental consistió de dos surcos de 6 m de longitud, separados a 0.80 m y con una distancia entre plantas de 0.5 m. Se registraron 28 caracteres cualitativos y cuantitativos. Mediante análisis de componentes principales, agrupamiento jerárquico, análisis discriminante y comparación de medias con la prueba de Tukey se identificaron seis grupos contrastantes. Las variables de estructura morfológica, precocidad de planta y características de mazorca explicaron la variabilidad y agrupación de los genotipos. Las poblaciones exóticas originales fueron de mayor altura, más tardías y disminuyeron su rendimiento en mazorca. En contraste, las poblaciones seleccionadas para adaptación a valles altos mostraron mayor rendimiento en mazorca, menos días a floración, menor altura de planta, más ramas primarias de espiga y mazorcas cónicas. Estos atributos podrían incorporarse en programas de mejoramiento de maíz para valles altos de México o combinarse con el germoplasma local para mejorar su adaptabilidad y su heterosis.

Palabras clave: Zea mays L., cambios adaptativos, caracterización morfológica, diversidad genética, germoplasma exótico.

# SUMMARY

Tropical and subtropical maize (Zea mays L.) native from Mexico is an important source of useful alleles that could be different to those of the germplasm from the mexican high valleys, and that would help avoiding the effects of adverse factors and contributing to increase their adaptability. The aim of this study was to identify the morphological variation between adapted and non-adapted exotic maize populations to high valleys and some of their interracial crosses. The germplasm evaluated was nine original populations of exotic maize and their advanced selection cycles in high valleys, eight

single crosses, two double crosses, one triple cross, the advanced generations of the crosses and four local checks. The evaluations were done in three environments under a randomized complete block design with three replicates; the experimental plot had two rows of 6 m, separated to 0.80 m and with 0.5 m between plants. Twenty-eight qualitative and quantitative characters were recorded. Principal component analysis, hierarchical grouping, discriminant analysis and the Tukey's mean comparison allowed to identify six contrasting groups. Traits of morphological structure, plant earliness and ear characteristics explained the variability and clustering of the genotypes. The original exotic populations increased in height, were late-flowering and decreased their ear yield. In contrast, the selected populations showed higher ear yields, fewer days to flowering, lower plant height, more primary tassel branches and conical ears. These attributes could be incorporated into maize breeding programs for mexican high valleys or combined with the local germplasm to improve their adaptability and heterosis.

**Key words:** Zea mays L., adaptive changes, morphological characterization, genetic diversity, exotic germplasm.

### INTRODUCCIÓN

La variabilidad genética del maíz (Zea mays L.) presente en México está distribuida en 59 razas y más de 100 subrazas a lo largo del territorio mexicano (Kato et al., 2009), pero en su mejoramiento genético no se emplea toda la diversidad existente (Yong et al., 2017). Esto sugiere la necesidad de evaluar las razas que no son utilizadas para desarrollar estrategias que permitan la formación de nuevas variedades para enfrentar factores adversos para la producción, como altas temperaturas (Adebayo et al., 2015; Yousaf et al., 2018), plagas (Oloyede-Kamiyo et al., 2018) y enfermedades (Kulka et al., 2018).

La diversidad genética de las razas de maíz se evalúa para conocer su potencial y utilidad en el mejoramiento genético, en la producción de su semilla o para generar, validar, aplicar y/o transferir tecnología (González et al., 2007). Yong et al. (2013) evaluaron el comportamiento de poblaciones exóticas de maíz y encontraron que

**Recibido:** 4 de Marzo de 2020 **Aceptado:** 15 de Agosto de 2020 poseen alelos favorables para tolerancia al acame y mayor potencial de rendimiento, los cuales son de efectos genéticos aditivos. Souza et al. (2018) evaluaron genotipos exóticos y concluyeron que su variabilidad genética es favorable para mejorar el rendimiento de grano en programas de mejora mediante selección masal recurrente

En estos estudios se mostró el potencial del maíz exótico en el mejoramiento genético como reservorio de alelos novedosos, pero es necesario un proceso de adaptación a ambientes específicos para introducir cambios morfológicos deseables (Hallauer y Carena, 2009). Buenrostro-Robles et al. (2017) identificaron líneas derivadas de germoplasma exótico como una opción viable para formar cruzas simples con mayor rendimiento y a menor costo para el Valle de México. Yong et al. (2020) mencionan que a partir de poblaciones exóticas es posible generar variedades mediante selección masal modificada con mayor rendimiento de grano, resistencia al acame, precocidad y con porte bajo.

En la actualidad, el mejoramiento genético para valles altos de México ha buscado alternativas para ampliar la base genética del maíz local y para generar materiales novedosos para los productores de esta región. Por ejemplo, Pérez-López et al. (2014) y Santiago-López et al. (2017) sugieren que el uso de maíz exótico en valles altos es un recurso valioso para generar mayor heterosis con poblaciones de maíz Chalqueño. Así, el objetivo del presente estudio fue identificar la variabilidad morfológica existente entre poblaciones de maíz exóticas, adaptadas y sin adaptación previa a valles altos, y entre algunas de sus cruzas interraciales

## **MATERIALES Y MÉTODOS**

# Material vegetal

Los 39 materiales vegetales fueron nueve poblaciones exóticas originales proporcionadas por el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMyT): Pepitilla (P1C0), Tabloncillo (P2C0), Comiteco (P3C0), Celaya (P4C0), Vandeño (P5C0), Tepecintle (P6C0), Nal-Tel (P8C0), Tuxpeño (P7C0) y Zapalote Chico (P9C0), a partir de las cuales el Programa de Mejoramiento Genético de Maíz de la Mesa Central del Colegio de Postgraduados realizó el proceso de adaptación desde 1989, en Montecillo, Estado de México (19° 29' LN y 98° 53' LO, 2240 metros sobre el nivel del mar -msnm-) mediante la selección masal visual basado en caracteres de aspecto de planta y mazorca, en parcelas de 15 surcos de 10 m separados a 0.80 m y 0.30 m entre plantas, mediante cruzamientos fraternales entre las mejores plantas por sanidad y vigor.

En cada ciclo de selección se seleccionaron las mejores 200 mazorcas para formar un compuesto balanceado con igual número de semillas de cada mazorca. De este modo, se obtuvieron siete poblaciones con 20 ciclos de selección masal: Pepitilla (P1C20), Tabloncillo (P2C20), Comiteco (P3C20), Celaya (P4C20), Vandeño (P5C20), Tepecintle (P6C20) y Nal-Tel (P8C20) y dos poblaciones con 19 ciclos de selección masal: Tuxpeño (P7C19) y Zapalote Chico (P9C19).

En el experimento se evaluaron las 9 poblaciones exóticas y se incluyeron ocho cruzas simples formadas con las poblaciones adaptadas F1(P1XP3), F1(P2XP1), F1(P4XP1), F1(P4XP3), F1(P7XP5), F1(P6XP5), F1(P7XP6), F1(P9XP8), dos cruzas dobles F1(P2P1XP4P3) y F1(P5P7XP6P7), una cruza triple F1[(P5P7XP6P7)]X(P5P6), tres poblaciones F2 F2(P9XP8), F2(P2P1XP4P3) y F2(P5P7XP6P7), dos poblaciones F3F3(P9XP8) y F3(P2P1XP4P3), una población F4 F4(P9XP8) y como testigos locales se emplearon los híbridos comerciales Promesa (TPR) y San Josecito (TSJ) y las poblaciones locales de la raza Chalqueño Criollo de San Juan Tezontla (TCSTEZ) y Compuesto Xolache (TCXO).

# Establecimiento y diseño experimental

Los 39 genotipos se evaluaron en tres ambientes: Campo Experimental del Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, localizado en Montecillo, Texcoco, estado de México (19° 27' 38" LN, 98° 54' 11" LO, 2250 msnm), donde se establecieron dos experimentos de evaluación por diferentes fechas de siembra y por diferencias físicoquímicas en el tipo de suelo: a) ambiente 1, con suelos profundos de textura media, ligeramente alcalinos, con una conductibilidad eléctrica (CE) baja (0.75 dS m<sup>-1</sup>) y un contenido medio de materia orgánica y b) ambiente 2, que presenta capa de suelo con textura arcillosa, muy alcalina y salina a partir de los 36 cm, una CE alta (5.11 dS m<sup>-1</sup>) con contenido bajo de materia orgánica. El tercer lote se ubicó en el Campo Agrícola Experimental "San Martín" de la Universidad Autónoma Chapingo, situado en Texcoco, Estado de México (19° 29' 05" LN, 98° 53' 11" O, 2250 msnm).

En cada ambiente las poblaciones fueron evaluadas bajo un diseño experimental en bloques completos al azar con tres repeticiones. La unidad experimental (UE) consistió en dos surcos con separación de 0.80 m y 6 m de longitud, en los que se depositaron dos semillas cada 0.50 m.

## Manejo agronómico

La preparación del terreno consistió de un barbecho, un paso de rastra y surcado. Las siembras se realizaron el 1 y 23 de mayo en Montecillo y el 25 en Chapingo, ambas en 2017. Los tres ambientes fueron de temporal; sin embargo, se aplicaron dos riegos de auxilio, el primero a la siembra, para homogenizar la germinación y emergencia de plántula, y el segundo durante el periodo de sequía intraestival. Las poblaciones se sembraron a una densidad de 50,000 plantas ha-1.

La dosis de fertilización aplicada fue 160 N - 80 P - 00 K. En la siembra se aplicó todo el P y la mitad del nitrógeno y el resto al aporque [35 días después de la siembra (dds)]. Para el control de maleza, a los siete días después de la siembra (dds) se aplicó Gesaprim Calibre 90 GDA® (1 kg ha-1) combinado con Primagran® Gold (3 L ha-1) y a los 60 dds Gesaprim Calibre 90 GDA® más Gramoxone® y surfactante. La cosecha se realizó cuando cada genotipo alcanzó la madurez fisiológica de grano.

## Variables registradas

La evaluación agro-morfológica, realizada en 10 plantas en cada unidad experimental, incluyó nueve variables cualitativas (Cuadro 1) y 20 cuantitativas.

Las variables cuantitativas que se midieron de acuerdo a la guía técnica para la descripción varietal de maíz (SNICS, 2014) fueron: floración masculina (DFM) y femenina (DFF), altura (m) de planta (AP) y mazorca (AM), diámetro (mm) de tallo (DT), total de macollos (TM), ramas primarias de la espiga (NRP), longitud (cm) de espiga (LTE), de la rama central de la espiga (LRC) y de mazorca (LM).

Otras variables registradas fueron: rendimiento (t ha-1) total de mazorca (REN), peso (g) de 200 granos (PDG), total de hojas (TH), hojas arriba de la mazorca (NHAM), largo (cm) de la hoja donde se inserta la mazorca (LHM), ancho (cm) de la hoja donde se inserta la mazorca (AHM), diámetro (cm) superior de la mazorca (DSM), diámetro (cm) basal de la mazorca (DBM) e índice (%) de conicidad de la mazorca (IC).

El REN se obtuvo al multiplicar el peso de mazorca de la UE a humedad constante por la densidad de plantación obtenida en campo. El IC, LM, DSM y DBM se midieron en una muestra de diez mazorcas por UE. El IC se calculó como (Ordas y De Ron, 1988):  $^{IC} = \frac{(di-ds)/2}{(J/3)} * ^{100}$ , donde di = DBM; ds = DSM;  $\iota$  = LM. AP, AM, LHM, AHM, LTE, LRC y LM se evaluaron con flexómetro PRO-3MEC, PRETUL®. Para PDG se empleó una balanza digital CS200, Ohaus®. El DT, DBM y DSM se midieron con un vernier TRUPER®, CALDI-6MP.

### Análisis estadístico

Para el análisis estadístico se construyó una matriz con el promedio aritmético para cada variable cuantitativa de los tres ambientes. La prueba KMO de Kaiser (1974) se realizó con Psych versión 1.7.8 para determinar la factibilidad de usar Análisis de Componentes Principales (ACP). Esta prueba compara los coeficientes de correlación de Pearson con los coeficientes de correlación parcial entre variables. El ACP permitió eliminar colinealidad y contribuyó a seleccionar las variables de mayor varianza explicativa, el cual se realizó con Stats 3.5.0; ambos paquetes estadísticos pertenecen a R Core Team (2017). Las variables seleccionadas fueron empleadas en análisis subsecuentes.

El agrupamiento jerárquico se realizó con distancias euclidianas cuadráticas, generadas con Factoextra 1.0.5 (R Core Team, 2017) y mínima varianza de Ward (Ward, 1963), con Stats 3.5.0. El número de grupos se determinó con el índice de Beale (Beale, 1969). Un análisis discriminante corroboró la pertinencia de la agrupación identificada mediante la prueba de resustitución (Johnson, 1998) e identificó las variables con mayor capacidad de separación con MASS 7.3 (R Core Team, 2017).

Cuadro 1. Variables cualitativas registradas en 39 genotipos de maíz, PV 2017.

Variable <sup>†</sup>	Código
Color de planta (CP)	1: verde claro, 2: verde medio, 3:verde oscuro, 4: rojo, 5: morado
Pilosidad de planta (PP)	1: ausente, 2: muy poca, 3: poca, 4: abundante, 5: muy abundante
Aspecto de planta (ASP)	1:excelente, 2: bueno, 3: regular, 4: malo, 5: muy malo
Uniformidad de planta (UP)	1: muy uniformes, 3: uniformidad regular, 5: muy heterogéneas
Sanidad de planta (SP)	1: 100 % sanas, 2: 75 % sanas, 3: 50 % sanas, 4: 25 % sanas, 5: 100 % enfermas
Acame (AC)	1: 100 % sin acame, 3: 50 % sin acame, 5: 100 % con acame
Sanidad de mazorca (SM)	1: 100 % sanas, 2: 75 % sanas, 3: 50 % sanas, 4: 25 % sanas, 5: 100 % enfermas
Uniformidad de mazorca (UM)	1: muy uniformes, 3: uniformidad regular, 5: muy heterogéneas
Aspecto de mazorca (ASM)	1:excelente, 2: bueno, 3: regular, 4: malo, 5: muy malo

<sup>†:</sup> Evaluadas con base en toda la unidad experimental. Las variables CP, PP, ASP y UP se evaluaron al final de la floración, SP y AC en estado de grano lechoso, SM, UM y ASM después de la cosecha.

Complementariamente, al análisis de agrupamiento se realizó un análisis de varianza (ANDEVA) combinado (datos no mostrados) y una comparación de medias por la prueba de Tukey ( $p \le 0.05$ ) entre grupos mediante R 3.4.1. (R Core Team, 2017).

Los análisis antes mencionados se realizaron en variables cuantitativas. Las variables cualitativas se analizaron mediante la moda para cada grupo y se emplearon para describir los grupos de germoplasma, como lo sugirió Segura (2003).

## **RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

La prueba KMO (Kaiser, 1974) estimó un valor de 0.70 para la matriz de datos cuantitativos, lo cual indicó que los datos son adecuados para realizar análisis de componentes principales. Se eligieron los tres primeros componentes con 2.51, 1.92 y 1.10 de valores propios y explicación del 74 % de la variación fenotípica total (Figura 1). El componente principal uno (CP1) explicó 42 % de la varianza total y se asoció de manera positiva con REN (0.32), LHM (0.31), DSM (0.30) y LM (0.37). El componente principal dos (CP2) expresó 24 % de la variación, con asociación negativa a DFM (-0.40), NHAM (-0.39) y DT (-0.33) y positiva con IC (0.37). El componente principal tres (CP3) tuvo asociación negativa con AP (-0.30) y positiva en NRP (0.70). Las variables antes mencionadas no presentaron colinealidad y fueron empleadas para análisis subsecuentes.

El ACP permitió identificar las variables que explicaron de manera eficiente la variabilidad existente entre las poblaciones evaluadas y estas podrían emplearse para estimar variabilidad entre poblaciones de maíz exótico. Las características morfológicas y del ciclo biológico de la planta fueron de mayor importancia para describir la variación entre poblaciones. Cervantes et al. (2016) y Yousaf

et al. (2018) reportan que las características precocidad, longitud y ramificación de espiga central, diámetro de mazorca, número de granos por hilera y cantidad de hileras por mazorca explicaron en mayor proporción la variación morfológica en poblaciones de maíz.

El análisis de agrupamiento (Figura 2) se realizó con las diez variables seleccionadas mediante ACP, en el cual se identificaron seis grupos de genotipos a partir del índice de Beale (1969). Esta agrupación permitió establecer el grado de semejanza (Cuadro 2) entre poblaciones evaluadas, para determinar si las poblaciones exóticas originales se conservaron sin cambios con respecto a las adaptadas a valles altos, después de realizar 20 ciclos de selección masal.

El análisis discriminante identificó que los caracteres que originaron mayor distanciamiento (93 %) fueron altura de planta, ramas primarias en espiga, hojas arriba de la mazorca y longitud de mazorca, que fueron las más importantes en la generación del patrón de agrupamiento obtenido con el algoritmo de Ward. Con la prueba de resustitución, realizada con las funciones lineales discriminantes, se estimó una tasa de error de cero, por lo cual el agrupamiento obtenido mediante el método de Ward fue el correcto, al integrar de manera adecuada los genotipos en los grupos definidos.

El grupo I se formó con las poblaciones adaptadas de Zapalote Chico (P9C19), Nal-Tel (P8C20) y sus cruzas avanzadas F1 (P9XP8) y F2 (P9XP8)) y se caracterizó por presentar plantas de porte bajo, tallos delgados, mayor precocidad, longitud pequeña de la hoja donde se inserta la mazorca, pocas hojas arriba de la mazorca, abundantes ramas primarias en espiga, bajo rendimiento de mazorca, con conicidad intermedia y menor longitud de mazorca. Lo anterior permitió inferir que los materiales ampliarían la variabilidad genética de las razas de maíz de valles altos,

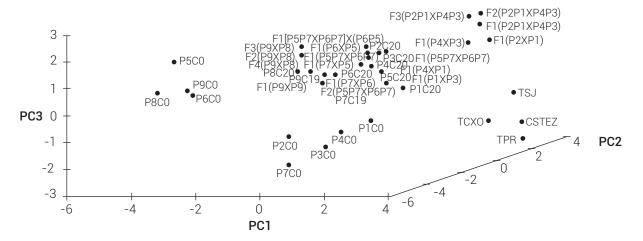


Figura 1. Distribución de la variabilidad morfológica de los genotipos a partir de tres componentes principales.

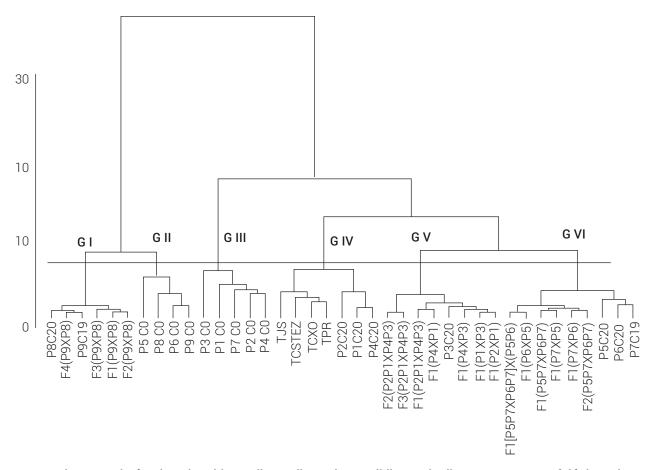


Figura 2. Dendrograma jerárquico obtenido mediante distancias Euclidianas de diez caracteres morfológicos de mayor correlación en el análisis de componentes principales

Cuadro 2. Comparación de medias de los seis grupos identificados de germoplasma exótico evaluado en valles altos, para los diez caracteres de mayor varianza explicativa.

Caracter	Grupos								
	I	II	Ш	IV	V	VI	DHS		
REN (t ha-1)	4.35 b	2.29 b	3.95 b	9.33 a	9.93 a	9.00 a	2.45		
DFM (días)	70.93 c	83.75 b	105.00 a	81.56 bc	87.00 b	92.47 ab	12.62		
AP (cm)	1.87 d	2.17 c	2.94 a	2.33 bc	2.47 b	2.31 bc	0.29		
LHM (cm)	81.73 c	86.22 bc	99.38 a	93.59 ab	100.70 a	93.52 ab	9.82		
NHAM (número)	4.80 b	5.85 a	5.88 a	5.09 ab	5.37 ab	5.92 a	0.88		
DT (mm)	22.65 c	24.03 c	30.97 a	26.88 b	27.77 b	28.44 ab	2.76		
NRP (número)	18.87 ab	20.63 ab	21.20 a	14.16 b	24.32 a	23.34 a	6.71		
DSM (mm)	3.48 bc	3.19 c	4.06 a	4.06 a	3.84 ab	3.92 a	0.43		
C (%)	7.06 ab	6.24 bc	4.81 c	8.18 a	8.18 a	6.79 ab	1.56		
_M (cm)	11.04 c	9.76 c	13.64 b	15.21 ab	15.82 a	14.55 ab	1.80		

Medias con letras iguales en una misma hilera no son estadísticamente diferentes (Tukey, ≤ 0.05); DHS: diferencia significativa honesta; REN: rendimiento; DFM: días a floración masculina; AP: altura de planta; LHM: longitud de hoja donde se inserta la mazorca; NHAM: hojas arriba de la mazorca; DT: diámetro de tallo; NRP: ramas primarias de la espiga; DSM: diámetro superior de mazorca; IC: índice de conicidad; LM: longitud de mazorca.

en altura de planta, para contrarrestar los problemas de acame característico en estas zonas (González et al., 2007), y en precocidad, dado el ciclo tardío de los materiales locales.

En el grupo II se concentraron las poblaciones originales de Nal-Tel, Zapalote Chico, Vandeño y Tepecintle. La forma de agrupación de estas poblaciones se debe a que Tepecintle es el padre putativo de Vandeño y de Zapalote Chico (Vielle-Calzada y Padilla, 2009), lo que explicaría la presencia de características similares en estas razas. Este grupo se caracterizó por presentar plantas de altura intermedia, tallos delgados, precocidad intermedia, pocas hojas arriba de la mazorca, hoja pequeña donde se inserta la mazorca, cuantiosas ramas primarias en espigas, bajo rendimiento de mazorca debido a que estas presentaron menor longitud y poca conicidad.

El grupo III se integró con las poblaciones originales de Pepitilla, Tabloncillo, Comiteco, Celaya y Tuxpeño que tuvieron plantas altas, tallos gruesos, fueron tardías en floración masculina, con hoja larga donde se inserta la mazorca, mayor cantidad de hojas arriba de la mazorca, espigas con muchas ramas primarias, rendimiento bajo de mazorca, longitud de mazorca intermedia y bajo índice de conicidad; esto último significa que las mazorcas fueron más cilíndricas, típico en materiales de origen tropical y subtropical (Wen et al., 2012; Sierra-Macías et al., 2016).

El grupo IV se integró con los testigos locales de la raza Chalqueño (TPR, TSJ, TCSTEZ y TCXO) y P1C20, P2C20 y P4C20. Las plantas presentaron porte intermedio, grosor de tallo intermedio, intermedia precocidad, hojas largas donde se inserta la mazorca, muchas hojas arriba de la mazorca, pocas ramas primarias en espiga, el diámetro superior de mazorca fue alto y rendimiento de mazorca mayor al observado en los grupos I, II y III.

Las mazorcas del grupo IV presentaron alto índice de conicidad, característica distintiva en las razas del altiplano central (Vielle-Calzada y Padilla, 2009; Sierra-Macías et al., 2016). Por este hecho se infirió que en Tabloncillo y en Celaya se modificó su mazorca, de cilíndrica a cónica y con mayor longitud. En Pepitilla, Tabloncillo y Celaya, adaptadas, hubo pocas ramas primarias, en comparación con sus poblaciones sin adaptar, lo cual permite inferir la ocurrencia de cambios adaptativos en estas razas al adaptarse a un ambiente con mayores restricciones de humedad.

El grupo V se conformó con Comiteco adaptado y las cruzas donde este fue progenitor, además de F1 (P2XP1) y F1 (P4XP1). Las plantas presentaron altura intermedia, grosor de tallo intermedio, precocidad intermedia, la longitud de la hoja donde se inserta la mazorca fue larga,

mayor cantidad de hojas por arriba de la mazorca, más ramas primarias en espiga, alto rendimiento en mazorca, las cuales presentaron diámetro superior de mazorca intermedio, alto índice de conicidad y mazorcas largas.

El grupo VI incluyó poblaciones avanzadas de Tuxpeño, Tepecintle, Vandeño y sus cruzas. Estos genotipos presentaron altura intermedia, grosor de tallo medio, con mayor cantidad de días a floración masculina, la hoja donde se inserta la mazorca fue de mayor longitud, muchas hojas arriba de la mazorca, más ramas primarias en espiga, el rendimiento en mazorca fue intermedio, el diámetro superior de mazorca fue mayor, por lo que fueron casi cónicas y de longitud intermedia.

El patrón de agrupación de los materiales que se observó en el presente estudio indicó que las poblaciones exóticas originales sufrieron cambios morfológicos durante la selección masal aplicada para mayor adaptación en la región central de México. Esto se reflejó en diferencias significativas entre los promedios de los grupos identificados. Las modificaciones podrían ampliar la base genética de los materiales élite en programas de mejoramiento del altiplano central y podrían integrarse en patrones heteróticos para generar mayor heterosis. Al respecto, Yong et al. (2020) generaron variedades a partir de maíz exótico divergente, el cual amplió la base genética local y generó mayor heterosis en caracteres agronómicos de interés.

El germoplasma evaluado tendría potencial porque los genotipos de mazorca pequeña y menos días a floración se separaron del resto de las poblaciones con mazorca grande y más días a antesis. En la actualidad, el mejoramiento genético busca obtener variedades precoces para hacer frente a situaciones adversas como sequía y heladas (Souza et al., 2018). De esta manera, la precocidad, que se manifestó en Nal-Tel, Zapalote Chico y sus cruzas, indicó que podrían presentar alelos favorables para hacer frente a estas condiciones comunes de zonas altas.

La altura de planta sería otro carácter importante para mejorar el maíz en valles altos, debido al problema de acame que presentan las variedades locales que pertenecen a las razas Cónico, Chalqueño, Cacahuacintle, Palomero Toluqueño y Arrocillo Amarillo (González et al., 2007). El uso de materiales de porte bajo, como los del grupo I, sería una opción deseable, porque éstos aportarían alelos alternativos a los que se han acumulado en variedades locales.

La longitud de mazorca podría ser mejorada debido a la importancia que tiene en el incremento del rendimiento de grano de maíz (Usha et al., 2017). En este estudio se observó que la introducción de genotipos exóticos a

valles altos, como los materiales de mayor LM del grupo V, permitiría ampliar su variabilidad genética y aumentar el potencial de rendimiento en las variedades de las razas locales.

En las poblaciones adaptadas se identificó menos días a floración masculina, comparadas con las no adaptadas, lo que sugiere que los ciclos de selección permiten obtener poblaciones precoces, lo cual concuerda con Yong et al. (2020), quienes lograron reducir esta característica en poblaciones exóticas en cinco ciclos de selección masal.

Los genotipos originales de maíz tropical y subtropical, cultivados bajo condiciones de valles altos, presentaron mayor altura, mayor longitud de hoja donde se inserta la mazorca, fueron más tardíos y tuvieron menor rendimiento de mazorca. Esto concuerda con lo expuesto por Hallauer y Carena (2009), quienes observaron que las poblaciones tropicales cultivadas en ambientes templados muestran porte alto, hojas y espigas más grandes, ciclo de crecimiento largo debido al fotoperiodo y menor rendimiento de grano.

Las mazorcas de las poblaciones y sus cruzas adaptadas a valles altos presentaron mayor índice de conicidad, comparado con las poblaciones sin adaptar. Pérez et al. (2000) encontraron que Tuxpeño, con 12 ciclos de selección masal visual para valles altos, presentó incrementos en sus componentes del rendimiento y redujo significativamente días a antesis, hojas arriba de la mazorca, ramas primarias de la espiga y aumentó la conicidad de mazorcas; esto generó mayor similitud entre el material adaptado y el local.

Los caracteres cualitativos, obtenidos por parcela, permitieron hacer una descripción adicional de la variabilidad existente entre grupos definidos con las metodologías multivariadas. El grupo IV presentó variación en color de tallo de verde ligero a morado y de pilosidad intermedia a abundante. Pepitilla (P1C20) subtropical y el criollo de San Juan Tezontla (TCSTEZ) presentaron verde ligero, Chalqueño local presentó tallos de color morado con pilosidad abundante. Esto concuerda con lo reportado por Vielle-Calzada y Padilla (2009), quienes mencionan que las poblaciones del grupo Cónico presentaron hojas muy pubescentes y antocianinas en tallo.

Los grupos V y VI sobresalieron en aspecto de planta. Las poblaciones P3C20, P5C20, P6C20, P7C19 y sus cruzas fueron las mejores. Los genotipos presentaron buena uniformidad de planta, pero en el grupo II ésta fue intermedia. Este hecho permitió inferir que la selección masal fue propicia para homogeneizar la variabilidad dentro de poblaciones.

Los seis grupos, en promedio, no tuvieron acame de

planta, pero el testigo local TCSTEZ, de la raza Chalqueño, fue susceptible. Esto sugiere que las poblaciones de maíz exótico tropical y adaptadas permitirían contrarrestar este problema muy frecuente en variedades de las cinco razas predominantes en valles altos del centro de México (González et al., 2007).

Los genotipos de los grupos III, IV y V presentaron buena sanidad de planta. En sanidad de mazorca, los materiales de los grupos I, II, y IV fueron sobresalientes. Nal-Tel y Zapalote Chico no mostraron enfermedades, lo que concuerda con Oliveira *et al.* (2018) y con Sanches (2019), quienes mencionaron que estas razas presentan alelos favorables para tolerancia a enfermedades en la mazorca. Lo anterior permitiría mejorar esta característica en variedades e híbridos generados con germoplasma nativo del altiplano, los cuales son susceptibles (González *et al.*, 2007).

## CONCLUSIONES

Los caracteres altura de planta, ramas primarias en espiga, hojas arriba de la mazorca y longitud de mazorca diferenciaron el 93 % de la variación morfológica, con lo cual se identificaron seis grupos de genotipos contrastantes entre ellos, en los que se observó la separación entre poblaciones originales sin adaptación y los seleccionados en valles altos.

El proceso de adaptación al Altiplano Central de México, por selección masal en genotipos de maíz exótico, modificó la morfología en precocidad a floración, longitud y ramificación de espiga central, forma de mazorca, número de granos por hileras de mazorca y cantidad de hileras por mazorca.

Los cambios morfológicos en las poblaciones originales, sin adaptación y adaptadas, permiten reconocer la variabilidad fenotípica existente en las poblaciones evaluadas, la cual podría incorporarse en programas de mejoramiento genético de maíz en la mesa central de México, para aprovechar su divergencia y generar mayor heterosis.

## **BIBLIOGRAFÍA**

Adebayo M. A., A. Menkir, M. Gedil, E. Blay, V. Gracen, E. Danquah and L. Funmilayo (2015) Diversity assessment of drought tolerant exotic and adapted maize (*Zea mays* L.) inbred lines with microsatellite markers. *Journal of Crop Science and Biotechnology* 18:147-154, https://dx.doi.org/10.1007/s12892-014-00. 76-3

Beale M. L. (1969) Euclidean cluster analysis. In: Bulletin of the International Statistical Institute: Proceedings of the 37<sup>th</sup> Session (London). September. International Statistical Institute. Voorburg, The Netherlands. pp: 92-94.

Buenrostro-Robles M., R. Lobato-Ortiz, J. J. García-Zavala y C. Sánchez-Abarca (2017) Rendimiento de líneas de maíz exótico irradiado con rayos Gamma y de híbridos de cruza simple. *Revista*.

- Fitotecnia Mexicana 40:351-358.
- Cervantes A. Y. F, A. Castillo G., V. E. Carapia R., M. A. Rodríguez, M. E. Núñez V., O. G. Villegas T., ... y J. A. López S. (2016) Variación genética y asociación morfológica entre poblaciones nativas de maíz y sus cruzas F1. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas 7:1919-1931.
- González H. A., L. M. Vázquez, J. Sahagún C., J. E. Rodríguez P. y D. J. Pérez L. (2007) Rendimiento del maíz de temporal y su relación con la pudrición de mazorca. Agricultura Técnica en México 33:33-42.
- Hallauer A. R. and M. J. Carena (2009) Maize breeding: *In:* Cereals. M. J. Carena (ed). Springer-Verlag. New York, USA. pp: 3-98
- Johnson E. D. (1998) Applied Multivariate, Methods for Data Analysts. Pacific Grove: Duxbury Press. California, USA. 567 p.
- Kaiser H. (1974) An index of factor simplicity. Psychometrika 39:31-36., https://doi.org/10.1007/BF02291575
- Kato T. A., C. Mapes, L. M. Mera, J. A. Serratos y R. A. Bye (2009) Origen y Diversificación del Maíz: una revisión analítica. Universidad Nacional Autónoma de México y Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. D.F., México, 116 p.
- Kulka V. P., T Aparecida S., R. I. Contreras-Soto, C. Maldonado, F. Mora and C. A. Scapim (2018) Diallel analysis and genetic differentiation of tropical and temperate maize inbred lines. Crop Breeding and Applied Biotechnology 18:31-38, https://doi.org/10.1590/1984-70332018v18n1a5
- Oliveira N. C., A. K. Suzukawa, C. B. Pereira, H. V. Santos, A. Hanel, F. A. Albuquerque and C. A. Scapim (2018). Popcorn genotypes resistance to fall armyworm. *Ciencia Rural* 48:e20170378, https://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20170378
- Oloyede-Kamiyo Q. O., S. O. Ajala and A. O Job (2018) Potential in a collection of adapted and exotic tropical maize inbred lines as resistance source for stem borers. *Journal of Plant breeding and Crop Science* 10:183-190, http://doi.org/10.5897/JPBCS2018.0735
- Ordas A. and A. M. De Ron (1988) A method to measure conicalness in Maize. Maydica 33:261-267.
- Pérez A. A., J. D. Molina G. y A. Martínez G. (2000) Adaptación a clima templado de una variedad de maíz tropical mediante selección masal visual estratificada. *Agrociencia* 34: 533-542.
- Pérez-López F. J., R. Lobato-Ortiz, J. J. García-Zavala, J D. Molina-Galán, J. J. López-Reynoso y T. Cervantes-Santana (2014) Líneas homocigóticas de maíz de alto rendimiento como progenitoras de híbridos de cruza simple. *Agrociencia* 48:425-437.
- R Core Team (2017) R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria, https://www.R-project.org/ (consultado en enero 2020)
- Sanches R. E., A. K. Suzukawa, R. I Contreras-Soto, D. A. Rizzardi, M. C. Kuki, D. M. Zeffa,...and C.A. Scapim (2019) Multivariate analysis reveals key traits of fall armyworm resistance in tropical popcorn genotypes. *Bragantia* 78:175-182, https://dx.doi.org/10.1590/1678-4499.20180230
- Santiago-López N., J. J. García-Zavala, A. Mejía-Contreras, A. Espinoza-Banda, U. Santiago-López, G. Esquivel-Esquivel y J. D. Molina-Galán (2017) Rendimiento de grano de poblaciones de maíz Tuxpeño

- adaptado a Valles Altos de México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 8:147-158, https://dx.doi.org/10.29312/remexca.v8i1.78
- Segura S. (2003) Caso 4. Análisis de divergencias interespecíficas con pasifloras andinas. *In:* Análisis Estadístico de Datos de Caracterización Mofológica de Recursos Genéticos. T. L. Franco y R. Hidalgo (eds). IPGRI, Cali, Colombia. pp: 56:72.
- Sierra-Macías M., P. Andrés-Meza, A. Palafox-Caballero e I. Meneses-Márquez (2016) Diversidad genética, clasificación y distribución racial del maíz nativo en el estado de Puebla, México. Revista de Ciencias Naturales y Agropecuarias 3:12-21.
- SNICS, Sistema Nacional de Inspección y Certificación de semillas (2014)
  Guía técnica para la descripción varietal de maíz (*Zea mays*L.). Secretaria de Agricultura, Ganadería, Pesca y Alimentación.
  Ciudad de México, México. 39 p. https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/120832/Maiz.pdf. (noviembre, 2016).
- Souza C. A., J. B. Miranda F., A. Santos O., J. F. Naves P., C. Messias S. and E. F. Dos R. (2018) Genetic variability and expected gain in three maize populations. Revista Brasileira de Milho e Sorgo 17:135-146, https://doi.org/10.18512/1980-6477/rbms.v17n1p135-146
- Usha G., V. Satyanarayana, M. Lal and K. L. Narasimha (2017) Character association and path coefficient analysis of grain yield and yield components in maize (Zea mays L.). International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences 6: 4044-4050, https://doi.org/10.20546/ijcmas.2017.612.465
- Vielle-Calzada J. P. and J. Padilla (2009) The mexican landraces: description, classification and diversity. *In*: Handbook of Maize: Its Biology. J. L. Bennetzen and S. C. Hake (eds). Springer, New York, USA. pp: 543-562.
- Ward J. H. (1963) Hierarchical grouping to optimize an objective function. *Journal of the American Statistical Association* 58: 236-244, https://doi.org/10.1080/01621459.1963.10500845
- Wen W., J. Franco, V. H. Chávez-Tovar, J. Yan and S. Tab (2012) Genetic characterization of a core set of a Tropical Maize race Tuxpeño for further use in Maize Improvement. *PLoS ONE* 7:e32626, https://doi.org/10.1371/journal.pone.0032626
- Yong H., Z. Jin and L. Gao (2017) Breeding potential of maize germplasm populations to improve yield and predominant heterotic pattern in Northeadt China. *Euphytica* 213:219, https://doi.org/10.1007/s10681-017-2013-2
- Yong H., J. Tang and X. Zhao (2020) Effect of five modified mass selection cycles on combining ability in two Chinese maize populations. *Euphytica* 216:57, https://doi.org/10.1007%2 Fs10681-020-02591-0
- Yong H., D. Zhang, J. Wang, M. Li, W. Liu, X. Zhang,... and S. Zhang (2013)

  Broadening the genetic base of Chinese maize heterotic pools with exotic germplasm. *Crop Science* 53:1907-1916, https://doi.org/10.2135/cropsci2012.11.0645
- Yousaf M. I., K. Hussain, S. Hussain, A. Ghani, M. Arshad, A. Mumtaz and R.A. Hameed (2018) Characterization of indigenous and exotic maize hybrids for grain yield and quality traits under heat stress. *International Journal of Agriculture & Biology* 20:333-337, https://doi.org/10.17957/IJAB/15.0493