

Mejoramiento convergente masivo en la línea de maíz tropical T49

Massive convergent improvement in the T49 tropical corn line

DOI: 10.34188/bjaerv5n2-079

Recebimento dos originais: 20/01/2022

Aceitação para publicação: 31/03/2022

Luis Ángel Ramírez-Casimiro

Ingeniero Agrónomo por la Universidad Autónoma de Guerrero, Unidad Académica de Ciencias Agropecuarias y Ambientales

Institución: estudiante de maestría en ciencias en Recursos Genéticos y Productividad-Genética en el Colegio de Postgraduados. Campus Montecillo, Estado de México, México

Dirección: km. 36.5 carr. México-Texcoco, Montecillo, Texcoco, Estado de México C. P. 56230

Correo electrónico: luisito.uagro@gmail.com

César del Ángel Hernández-Galeno*

Doctor en Ciencias en Recursos Genéticos y Productividad-Genética por el Colegio de Postgraduados. Campus Montecillo, Estado de México, México

Institución: Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Campo Experimental Iguala

Dirección: km 2.5 carr. Iguala-Tuxpan, Iguala de la Independencia, Guerrero. C. P. 40040

Correo electrónico: hernandez.cesar@inifap.gob.mx

Noel Orlando Gómez-Montiel

Doctor en Ciencias en Genética por el Colegio de Postgraduados. Campus Montecillo, Estado de México, México

Institución: INIFAP, Campo Experimental Iguala. Dirección: km 2.5 carr. Iguala-Tuxpan, Iguala de la Independencia, Guerrero. C. P. 40040

Correo electrónico: gomez.noel@inifap.gob.mx

José Salgado de la-Paz

Maestro en Ciencias en Fitomejoramiento por la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro.

Institución: Universidad Autónoma de Guerrero, Unidad Académica de Ciencias Agropecuarias y Ambientales

Correo electrónico: 00288@uagro.mx

Juan Pereyda-Hernández

Doctor en Ciencias en Fitosanidad por el Colegio de Postgraduados. Campus Montecillo, Estado de México, México

Institución: Universidad Autónoma de Guerrero, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Ambientales

Correo electrónico: pereyda.juan@gmail.com

Francisco Palemón Alberto

Doctor en Ciencias en Recursos Genéticos y Productividad-Genética por el Colegio de Postgraduados. Campus Montecillo, Estado de México, México.

Institución: Universidad Autónoma de Guerrero, Unidad Académica de Ciencias Agropecuarias y Ambientales

Dirección: Periférico poniente s/n, colonia Villa de Guadalupe, Iguala de la Independencia, Guerrero. C. P. 40010

Correo electrónico: alpaf75@hotmail.com

* Autor para correspondencia

Enrique Inoscencio Canales Islas

Doctor en Ciencias en Recursos Genéticos y Productividad-Genética por el Colegio de Postgraduados.
Campus Montecillo, Estado de México, México
Institución: INIFAP, Campo Experimental Santiago Ixcuintla
Dirección: km. 6, carretera internacional México-Nogales, entronque a Santiago Ixcuintla, Santiago
Ixcuintla, Nayarit. C. P. 63300
Correo electrónico: canales.enrique@inifap.gob.mx

RESUMEN

En México, mínimamente se ha trabajado el mejoramiento de líneas y excepcionalmente en el mejoramiento convergente. El objetivo de este estudio fue evaluar los cambios generados en líneas recobradas de maíz sometidas a un esquema de mejoramiento convergente masivo. El material genético estuvo constituido por una línea endogámica (T49), que se utilizó como progenitor recurrente, además, ocho líneas elites donantes (T48, GNF, B41, LT154, LT156, CML549, CML550 y CML264) con características sobresalientes en rendimiento, profundidad y tamaño de grano, aptitud combinatoria general, resistencia a enfermedades, entre otras. Se generaron dos grupos de líneas recobradas de maíz, en uno se realizaron dos retrocruzamientos y una autofecundación; el segundo grupo considero tres retrocruzamientos. Se obtuvieron cien líneas para su evaluación *per se*, mediante el diseño experimental de látice simple 10 x 10, en dos localidades del estado de Guerrero, en el ciclo agrícola primavera-verano 2019. Se cuantificaron las variables: rendimiento de grano, altura de planta y mazorca, calificaciones de planta y mazorca; y componentes del rendimiento. La información obtenida se sometió a análisis de varianza por localidad y combinando localidades. Con las comparaciones de medias por grupo de retrocruzas, se pudo identificar los cambios generados en las líneas recobradas respecto a la original. Los análisis de varianza por localidad mostraron diferencias estadísticas en la mayoría de las variables cuantificadas. Así mismo, el análisis combinado de localidades permitió identificar líneas sobresalientes, superiores a la línea original, las cuales pueden ser empleadas para la formación de nuevos híbridos. Al comparar los grupos de retrocruzas se determinó que las líneas donantes CML549, GNF y B41, incorporaron mayor número de características favorables a la línea original. Por otra parte, se observó que, en promedio, las líneas con tres retrocruzas fueron superiores a las líneas con dos retrocruzas más una autofecundación.

Palabras clave: *Zea mays* L., retrocruzamiento, líneas elites, mejoramiento convergente.

ABSTRACT

In Mexico, the improvement of lines has been minimally worked and exceptionally in the convergent improvement. The objective of this study was to evaluate the changes generated in recovered maize lines subjected to a massive convergent breeding scheme. The genetic material consisted of an inbred line (T49), which was used as a recurrent parent, in addition, eight elite donor lines (T48, GNF, B41, LT154, LT156, CML549, CML550 and CML264) with outstanding characteristics in yield, depth and grain size, general combining ability, disease resistance, among others.

Two groups of recovered maize lines were generated, in one two backcrosses and one self-fertilization were performed; the second group considered three backcrosses. One hundred lines were obtained for their evaluation *per se*, through the experimental design of simple lattice 10 x 10, in two localities of the state of Guerrero, in the spring-summer 2019 agricultural cycle. The variables were quantified: grain yield, plant height and cob, plant and cob qualifications; and performance components. The information obtained was subjected to analysis of variance by locality and combining localities. With the comparisons of means by group of backcrosses, it was possible to identify the changes generated in the recovered lines with respect to the original. The analyzes of variance by locality showed statistical differences in most of the quantified variables. Likewise, the combined analysis of localities allowed to identify outstanding lines, superior to the original line,

which can be used for the formation of new hybrids. When comparing the backcross groups, it was determined that the donor lines CML549, GNF and B41 incorporated a greater number of favorable characteristics than the original line. On the other hand, it was observed that, on average, lines with three backcrosses were superior to lines with two backcrosses plus one selfing.

Keywords: *Zea mays* L., backcross, elite lines, convergent breeding.

1 INTRODUCCIÓN

Los programas de mejoramiento genético dedicados a la formación de híbridos y variedades comerciales de maíz (*Zea mays* L.), requieren generar nuevas líneas con alto potencial de rendimiento, buen comportamiento agronómico y excelente aptitud combinatoria general (ACG) (Fan *et al.*, 2003).

La mayoría de los maíces híbridos presentan buen comportamiento agronómico, pero después de cierto tiempo, es posible que muestren al menos una característica indeseable, esto en ocasiones es difícil de corregir porque dentro de un programa no se cuenta con los genes que regulan esta característica. Una forma de atender esta situación es recurrir a fuentes de germoplasma que contengan dichas características de interés e integrarlas a un programa de mejoramiento genético.

Las opciones para el mejoramiento de líneas son mínimas; Jugenheimer (1981) refiere como opciones la selección gamética, retrocruzas y el mejoramiento convergente. Hallauer (1990), indica la importancia del mejoramiento de líneas, así como, la utilidad de las líneas recobradas por reciclaje de las mismas. Posteriormente, González (1995) menciona que el mejoramiento de líneas progenitoras elite es una alternativa para solucionar los problemas de bajos rendimientos y características agronómicas indeseables que se presentan en la producción de semilla híbrida de maíz y así facilitar el mantenimiento y la multiplicación de las líneas, reduciendo el tiempo en la generación de nuevos híbridos y aumentando la probabilidad de éxito. Márquez (1988), menciona que para obtener líneas de maíz con alto potencial de rendimiento es necesario disponer de poblaciones base de tamaño grande, variables, y de alto rendimiento, y usar sistemas de endogamia moderado, en el mismo sentido, Hallauer *et al.* (2010), refieren que su rendimiento puede aumentar mediante selección y mejoramiento de las líneas existentes.

El mejoramiento convergente es un método que no ha sido utilizado a gran escala por la dificultad de la transferencia de características consideradas importantes en el mejoramiento de líneas, ya que se necesita tener cuidado durante la selección en cada generación de retrocruza (RC), pues los efectos que determinan la característica podrían perderse en subsecuentes retrocruzamientos (Hallauer, 1990).

Murphy (1942) aplicó mejoramiento convergente a cuatro líneas parentales de dos cruas simples (CS) y logró obtener líneas recobradas que mostraron mejor vigor y mayor resistencia al

acame y al tizón, así como mejor sanidad de mazorca que las líneas originales. También formó cruza simples recobradas que superaron significativamente el rendimiento de grano de la CS original. En el Trópico de México, Martínez (1988) aplicó el mejoramiento convergente en el híbrido H-511, con el propósito de mejorar la productividad y algunas características agronómicas y de calidad de semilla de las líneas T₁₁ y T₁₂ que lo forman; hizo dos y tres retrocruzas y después una autofecundación en ambas líneas, además aplicó otras variantes para incrementar la endogamia.

El objetivo de esta investigación fue evaluar cambios morfoagronómicos en líneas recobradas de maíz, así como, dos variantes de retrocruzamientos aplicados a la línea endogámica de maíz tropical T49 sometida a mejoramiento convergente masivo.

2 MATERIALES Y MÉTODOS

Material Genético

Se utilizó la línea endogámica de maíz T49, la cual interviene como progenitor de diversos híbridos comerciales. Esta línea, presenta buena ACG, que permite generar excelentes híbridos con alto potencial de rendimiento, no obstante, presenta características indeseables que son transmitidas a los híbridos donde participa, las cuales reducen el valor agronómico del híbrido formado. Para corregir esta situación, dicha línea fue sometida a mejoramiento convergente masivo, mediante el cruzamiento de la línea T49 con un grupo de líneas élites (donantes) con características complementarias a esta. Las líneas élite utilizadas fueron: T48, GNF, B41, LT154 y LT156, obtenidas en el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) y CML549, CML550 y CML264, procedentes del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT).

La metodología convencional para realizar mejoramiento convergente considera la retrocruza, esto implica la formación de una cruza simple élite, la F₁ se retrocruza con uno de sus progenitores en varias generaciones y se continua con autofecundaciones, dando como resultado que la progenie tenga apariencia semejante al progenitor recurrente; con este proceso se integran las características deseables de las que carecen las líneas originales. En este trabajo después de la F₁ se continuó con un programa de retrocruzas, obteniendo dos grupos de líneas recobradas i) con dos retrocruzamientos y una autofecundación (2RC + \otimes) y ii) líneas con tres retrocruzamientos (3RC). Al interior de estos grupos se constituyeron subgrupos considerando las líneas recobradas para cada línea donante diferenciadas por el número de retrocruzamientos y autofecundaciones efectuadas (Cuadro 1).

Cuadro 1. Agrupamiento de las líneas de maíz recobradas y su versión original. Ciclo agrícola P-V 2019.

Grupos	Subgrupos	Genealogía	Líneas recobradas	NLR [§]
2RC + (X) [¥]	R1	(B41xT49)xT49xT49 (X)	B41 ^{2R+(X)}	15
2RC + (X)	R5	(CML264xT49)xT49xT49 (X)	CML264 ^{2R+(X)}	7
2RC + (X)	R6	(GNF _x T49)xT49xT49 (X)	GNF ^{2R+(X)}	6
2RC + (X)	R8	(CML550xT49)xT49xT49 (X)	CML550 ^{2R+(X)}	6
2RC + (X)	R9	(LT154xT49)xT49xT49 (X)	LT154 ^{2R+(X)}	8
2RC + (X)	R11	(T48xT49)xT49xT49 (X)	T48 ^{2R+(X)}	6
2RC + (X)	R13	(CML549xT49)xT49xT49 (X)	CML549 ^{2R+(X)}	9
2RC + (X)	R16	(LT156xT49)xT49xT49 (X)	LT156 ^{2R+(X)}	4
3RC [£]	R2	(B41xT49)xT49xT49xT49	B41 ^{3R}	10
3RC	R3	(CML549xT49)xT49xT49xT49	CML549 ^{3R}	7
3RC	R4	(GNF _x T49)xT49xT49xT49	GNF ^{3R}	4
3RC	R7	(CML264xT49)xT49xT49xT49	CML264 ^{3R}	4
3RC	R10	(LT154xT49)xT49xT49xT49	LT154 ^{3R}	4
3RC	R12	(T48xT49)xT49xT49xT49	T48 ^{3R}	5
3RC	R14	(CML550xT49)xT49xT49xT49	CML550 ^{3R}	3
3RC	R15	(LT156xT49)xT49xT49xT49	LT156 ^{3R}	1
Línea original	T49	T49 original	-	1

[¥] 2RC + (X) = dos retrocruzamientos y una autofecundación; [£] 3RC = tres retrocruzamientos. [§] NLR= número de líneas recobradas, en total se utilizaron 99 líneas recobradas y la línea original.

Localidades de evaluación y diseño experimental

Las evaluaciones se realizaron en el ciclo agrícola primavera-verano 2019 (P-V 2019), en las localidades de Iguala (17° 52' 25" N y 98° 45' 25" O, altitud de 780 m, temperatura y precipitación media anual de 27.5 °C y 977mm, respectivamente; y Quechultenango (17° 24' 53" L N y 99° 14' 28" O, altitud de 1241 m, temperatura y precipitación media anual de 24 °C y 1100 mm, respectivamente), ambas localizadas en el estado de Guerrero.

El diseño experimental fue un látice simple 10x10, se incluyó a 99 líneas recobradas y como testigo a la línea original (Cuadro 1). La parcela experimental constó de un surco de 5.0 y 0.8 m de largo y ancho, respectivamente, 0.4 m entre matas, dos plantas por mata y 24 plantas por parcela, equivalente a 62,500 plantas por hectárea. Los experimentos se establecieron los días 22 de julio y 29 de julio del año 2019 en Quechultenango e Iguala, Guerrero, respectivamente. El manejo agronómico en ambas localidades fue con apego a lo descrito y recomendado por el INIFAP (SAGARPA, 2015).

Variables y análisis estadístico

Las variables estudiadas se cuantificaron conforme a lo descrito por SAGARPA (2014), e incluyeron: días a floración masculina (DIFLM) y femenina (DIFLF) al 50 % de la liberación de polen y el surgimiento del estigma, respectivamente; altura de planta (ALPL, cm) y mazorca

(ALMZ, cm) con base en tres plantas representativas por parcela; número de hojas arriba de la mazorca (HAMZ); rendimiento de grano (REND, $t\ ha^{-1}$) ajustado al 12 % de humedad; calificación de planta (CAPL), enfermedad (CAENF), cobertura (CACOB), mazorca (CAMZ) estas cuatro variables se evaluaron con una escala visual de 1-5, donde 1 fue lo más sobresaliente y 5 lo menos; porcentaje de mazorcas podridas (% MZPD), plantas acamadas (% PLAC) y plantas con mildiu (% PLMD); diámetro de mazorca (DIMZ, cm), de olote (DIOL, cm), longitud de mazorca (LOMZ, cm), profundidad de grano (PRGR relacionada con diámetro de mazorca - diámetro de olote) y porcentaje de grano (% GR, el peso de grano de las tres mazorcas multiplicado por cien y dividiéndose entre el peso de las tres mazorcas); las tres últimas variables se cuantificaron mediante una muestra representativa de tres mazorcas por parcela y una repetición por experimento, por ello, solo se incluyen en el análisis combinado. Las variables % PLMD y % PLAC únicamente se cuantificaron en la localidad de Iguala, ya que en la localidad de Quechultenango no se tuvo su expresión.

Con la información obtenida de las líneas recobradas y el testigo, se realizaron análisis de varianza (ANOVA) por localidad y combinado entre las dos localidades mediante el paquete estadístico SAS (Statistical Analysis System) versión 9.0 (SAS, 2002). En la comparación de medias se utilizó la prueba de Tukey ($P \leq 0.05$). Las fuentes de variación de los cuadrados medios fueron: localidad, tratamientos, localidad x tratamientos y error.

Con los promedios obtenidos en el análisis individual, se calculó una media general de los subgrupos de las líneas recobradas para hacer una comparación *per se* de la línea original y sus líneas recobradas.

3 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Análisis de varianza por localidad

El análisis de varianza que se realizó a las variables cuantificadas en las líneas recobradas de los retrocruzamientos hacia la línea T49, en las dos localidades mostró diferencias significativas para las variables REND, ALPL, ALMZ, CAENF, CAMZ, HAMZ y % MZPD, excepto las variables CALP, % PLAC y % PLMD que manifestaron significancia en la localidad de Iguala y DIFM y DIFF en la localidad de Quechultenango (Cuadro 2).

Cuadro 2. Cuadrados medios del análisis de varianza de 13 variables morfológicas cuantificadas en los retrocruzamientos hacia la línea T49, en Iguala y Quechultenango, Guerrero, México, ciclo agrícola P-V 2019.

VARIABLES	IGUALA					QUECHULTENANGO				
	MEDIA	DMS 0.05	CUADRADOS MEDIOS		CV (%)	MEDIA	DMS 0.05	CUADRADOS MEDIOS		CV (%)
			Trat	Error				Trat	Error	
REND (t ha ⁻¹)	1.72	3.31	1.79**	0.54**	42.76	2.74	6.15	1.84ns	1.86**	49.80
DIFM (días)	58.55	5.51	1.75ns	1.50ns	2.09	58.43	4.24	1.33*	0.89*	1.61
DIFF (días)	58.91	5.20	1.68ns	1.33ns	1.96	58.90	4.13	1.60**	0.84**	1.56
ALPL (cm)	177.64	56.90	453.27**	159.80**	7.12	188.50	84.11	504.02*	349.18**	9.91
ALMZ (cm)	59.73	34.87	100.73**	60.03**	12.97	58.69	47.26	146.75ns	110.25**	17.89
CAPL (1-5)	2.54	1.11	0.20**	0.06**	9.74	2.50	2.07	0.21ns	0.21ns	18.39
CAENF (1-5)	2.63	1.09	0.18**	0.06**	9.18	2.34	2.02	0.22ns	0.20*	19.25
CACOB (1-5)	2.32	0.36	0.01ns	0.01ns	3.46	2.29	0.50	0.01ns	0.01ns	4.85
CAMZ (1-5)	2.52	1.42	0.19**	0.10**	12.52	2.56	1.90	0.19ns	0.18**	16.44
HAMZ	6.58	2.23	0.44**	0.25**	7.52	7.64	2.92	0.63*	0.42*	8.50
% MZPD	13.07	25.67	241.05**	32.52**	43.59	14.29	23.56	234.94**	27.40**	36.64
% PLAC	0.90	0.44	9.47**	0.01**	10.91	---	---	---	---	---
% PLMD	7.37	13.47	72.99**	8.95**	40.59	---	---	---	---	---

REND= rendimiento, DIFM= días a floración masculina, DIFF= días a floración femenina, ALPL= altura de planta, ALMZ= altura de mazorca, HAMZ: número de hojas arriba de la mazorca, % MZPD: porcentaje de mazorca podridas, % PLAC: porcentaje de plantas acamadas, % PLMD: porcentaje de plantas con mildiú. Las siguientes variables se evaluaron con la escala visual 1-5, donde 1= sobresaliente y 5=menos sobresaliente: CAPL= calificación de planta, CAENF= calificación de enfermedad, CACOB= calificación de cobertura, CAMZ= calificación de mazorca. DMS 0.05= diferencia mínima significativa, TRAT= tratamiento, CV (%)= coeficiente de variación, **, *= valores significativos al 1 y 5 %, respectivamente, ns= no significativo.

En el factor tratamiento, se encontraron diferencias significativas en 10 de 13 variables evaluadas en la localidad de Iguala y 5 de 11 variables en Quechultenango; esto indica que al menos uno de los tratamientos evaluados es diferente estadísticamente al resto en ambas localidades (Cuadro 2). Esta variación identificada muestra la importancia de utilizar plantas individuales de las poblaciones y la factibilidad de recobrar con más facilidad genotipos superiores, así mismo, permite seleccionar genotipos con características agronómicas destacadas, que pueden ser aprovechados a través de esquemas de hibridación y selección recurrente. Las variables que no mostraron significancia, indican niveles bajos de variación y se atribuye a que los progenitores donantes no modificaron estas características.

Los coeficientes de variación muestran valores al límite de lo aceptable, dado que se trata de la evaluación de líneas endogámicas, que son más afectadas por el medio ambiente. Sin embargo, la variable REND, muestra un coeficiente de variación alto, debido a que los genotipos tuvieron una fuerte interacción con los microambientes de evaluación; así mismo, es necesario enfatizar que los tratamientos incluyeron líneas con más del 90 % de endogamia (Cuadro 2).

Análisis de varianza combinado

El análisis de varianza combinado permitió determinar el comportamiento de todos los genotipos evaluados en las localidades de Iguala y Quechultenango. Se detectaron diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$) para 15 de las 18 variables evaluadas en las dos localidades (Cuadro 3). En la fuente de variación localidad, se encontraron diferencias significativas en ocho de las 18 variables evaluadas, esto indica que las localidades donde se realizaron los estudios presentaron diferencias en aspectos como: condiciones climáticas, edáficas y de ubicación geográfica. Estos resultados coinciden con lo mencionado por Silva-Díaz *et al.* (2018), quienes refieren la existencia de diferencias significativas para ambientes, progenies y las interacciones entre progenies por ambientes y progenies por generaciones de retrocruzamientos en el análisis de varianza combinando a caracteres evaluados en poblaciones segregantes de maíz tropical.

Cuadro 3. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado de 18 variables morfológicas cuantificada en retrocruzamientos hacia la línea T49, en Iguala y Quechultenango, Guerrero, México, ciclo agrícola P-V 2019.

VARIABLE	PROMEDIO	DMS 0.05	CUADRADOS MEDIOS				CV (%)
			Loc	Trat	Loc*Trat	Error	
REND (t ha ⁻¹)	2.23	3.41	104.51**	2.52**	1.11ns	1.20**	49.16
DIFM (días)	58.49	3.40	1.32ns	2.81**	0.27ns	1.19ns	1.87
DIFF (días)	58.91	3.25	0.01ns	2.87**	0.41ns	1.09**	1.77
ALPL (cm)	183.07	49.66	11809.93**	620.37**	336.92ns	254.49**	8.71
ALMZ (cm)	59.21	28.73	106.69ns	160.55**	86.93ns	85.14**	15.58
CAPL (1-5)	2.52	1.15	0.12ns	0.27**	0.15ns	0.14**	14.66
CAENF (1-5)	2.48	1.12	8.44**	0.23**	0.17ns	0.13**	14.54
CACOB (1-5)	2.30	0.30	0.08**	0.01ns	0.01ns	0.01ns	4.21
CAMZ (1-5)	2.54	1.16	0.20ns	0.25**	0.13ns	0.14**	14.65
HAMZ	7.11	1.80	112.36**	0.72**	0.35ns	0.33**	8.12
% MZPD	13.68	17.04	144.72*	275.21**	200.78**	29.96**	40.00
% PLAC	0.45	0.22	81.99**	4.73**	4.73**	0.01**	15.43
% PLMD	3.69	6.59	5435.38**	36.50**	36.50**	4.48**	57.40
DIMZ (cm)	4.18	0.86	0.00ns	0.21**	0.00ns	0.08**	6.63
DIOL (cm)	2.43	0.47	0.00ns	0.08**	0.00ns	0.02**	6.21
PRGR (cm)	1.75	0.56	0.00ns	0.09**	0.00ns	0.03**	10.32
% GR	84.61	12.90	0.00ns	37.58**	0.00ns	17.17ns	4.90
LOMZ (cm)	12.87	3.74	0.00ns	3.44**	0.00ns	1.44**	9.33

REND= rendimiento, DIFM= días a floración masculina, DIFF= días a floración femenina, ALPL= altura de planta, ALMZ= altura de mazorca, HAMZ= número de hojas arriba de la mazorca, % MZPD= porcentaje de mazorca podridas, % PLAC= porcentaje de plantas acamadas, % PLMD= porcentaje de plantas con mildiú, DIMZ= diámetro de mazorca, DIOL= diámetro de olote, PRGR= profundidad de grano, % GR= porcentaje de grano, LOMZ= longitud de mazorca. Las siguientes variables se evaluaron en una escala de 1-5, donde 1 es lo mejor y 5 lo peor: CAPL= calificación de planta, CAENF= calificación de enfermedad, CACOB= calificación de cobertura, CAMZ= calificación de mazorca. DMS 0.05: diferencia mínima significativa, Loc= localidad, Trat= tratamientos, Loc*Trat= localidad por tratamientos, CV (%)= coeficiente de variación, **, *= valores significativos al 1 y 5 % respectivamente, ns= no significativo.

La fuente de variación tratamientos, mostró diferencias significativas en todas las variables, excepto para CACOB, estas diferencias denotan la existencia de variabilidad entre los genotipos evaluados y ofrece la oportunidad de identificar genotipos con excelentes atributos agronómicos y alto potencial genético, mismos que podrían ser empleados a futuro como progenitores de híbridos superiores; así mismo, en la fuente de variación localidad por tratamientos, se observaron diferencias altamente significativas para las variables % MZPD, % PLAC y % PLMD. Sin embargo, las variables donde no se tuvo significancia, se debió a que no hubo interacción genotipo-ambiente, esto indica que gran parte de

las variables evaluadas tienen similar comportamiento en las dos localidades; es decir, tienden a ser estables, sobre todo para las características deseables que se buscan mejorar; lo cual es importante en un programa de mejoramiento, ya que al disponer de líneas con estabilidad ambiental, esta información será transmitida a los posibles híbridos que se generen con ellas (Cuadro 3). Gordón *et al.* (2006) mencionan que la evaluación de genotipos a través de distintos ambientes, principalmente en ambientes contrastantes, es una de las prácticas más usuales para la recomendación de nuevos materiales a los productores de una región o zona específica.

Comportamiento de subgrupos de líneas recobradas en Iguala, Guerrero

En el Cuadro 4 se presentan los valores promedios de rendimientos de grano y características agronómicas determinadas en las líneas recobradas de las retrocruzas hacia la línea T49 y el testigo, a través de los 16 subgrupos conformados y la línea original.

Cuadro 4. Comparación de medias por subgrupo de líneas recobradas de las retrocruzas hacia la línea T49 y el testigo. Iguala, Guerrero, México, ciclo agrícola P-V 2019.

SUBGRUPO	PROGENITOR DONANTE [¥]	REND (t ha ⁻¹)	DIFM (días)	DIFF (días)	ALPL (cm)	CAPL (1-5)	CAENF (1-5)	CAMZ (1-5)	HAMZ	% MZPD (%)
R4	GNF ^{3R}	3.1a	58.4ab	58.8ab	194.9a	2.2ad	2.4cdef	2.1ab	7.3a	6.8ab
R3	CML549 ^{3R}	3.0a	58.2ab	58.7ab	183.7ab	2.3acd	2.4ef	2.2ab	6.6ab	6.8ab
R2	B41 ^{3R}	2.6ab	58.2ab	58.7ab	179.1ab	2.2ad	2.3f	2.2ab	7.0a	7.1ab
R15	LT156 ^{3R}	2.5abc	58.0ab	59.0ab	205.2a	2.4abcd	2.5bcdef	2.2ab	6.0ab	0.5ab
R12	T48 ^{3R}	2.4abc	58.1ab	58.7ab	185.8ab	2.3abcd	2.4def	2.5ab	6.7ab	7.6ab
R14	CML550 ^{3R}	2.4abc	57.7ab	57.5ab	178.8ab	2.5abcd	2.4bcdef	2.4ab	6.5ab	10.8ab
R7	CML264 ^{3R}	2.1abc	57.8ab	58.3ab	182.5ab	2.6abcd	2.6abcdef	2.3ab	6.6ab	9.8ab
R10	LT154 ^{3R}	2.1abc	58.0ab	58.6ab	185.8ab	2.4abcd	2.5bcdef	2.3ab	6.6ab	9.4ab
R6	GNF ^{2R+⊗}	1.6bc	58.6ab	59.1ab	190.4a	2.5abcd	2.7abcde	2.6ab	6.7ab	16.0ab
R11	T48 ^{2R+⊗}	1.6bc	58.6ab	58.8ab	175.8ab	2.8ab	2.9ab	2.6ab	6.2ab	10.9ab
R13	CML549 ^{2R+⊗}	1.4c	58.8ab	59.0ab	182.7ab	2.6abc	2.8abc	2.6a	6.5ab	14.6ab
R9	LT154 ^{2R+⊗}	1.2c	59.0ab	59.4ab	174.0ab	2.5abcd	2.6abcdef	2.7a	6.7ab	14.1ab
R1	B41 ^{2R+⊗}	1.1c	59.4a	59.7a	164.4ab	2.7abc	2.7abcdef	2.7a	6.5ab	22.7a
R5	CML264 ^{2R+⊗}	1.1c	58.0ab	58.4ab	175.4ab	2.7abc	2.8abcd	2.7a	6.6ab	15.6ab
R16	LT156 ^{2R+⊗}	0.9c	58.5ab	59.0ab	165.2ab	2.6abcd	2.7abcdef	2.6ab	6.3ab	13.5ab
R8	CML550 ^{2R+⊗}	0.8c	58.6ab	58.7ab	168.1ab	2.9a	2.9abc	2.7a	5.9b	11.8ab
T49	-	0.5c	60.0a	60.0a	166.3ab	3.0a	3.4a	3.0a	7.5a	33.3a

REND= rendimiento; DIFM= días a floración masculina; DIFF= días a floración femenina; ALPL= altura de planta; HAMZ= número de hojas arriba de la mazorca; % MZPD= porcentaje de mazorca podridas. Las siguientes variables se evaluaron en una escala de 1-5, donde 1 es lo mejor y 5 lo peor: CAPL= calificación de planta; CAENF= calificación de enfermedad; CAMZ= calificación de mazorca. Medias con letras iguales dentro de cada columna no son estadísticamente diferentes (Tukey $p \leq 0.05$). [¥]En cada línea del progenitor donante con letras y símbolos en superíndice se indica el número de retrocruzas (^R) y autopolinizaciones ([⊗]) según corresponda.

La prueba de comparación de medias de los agrupamientos, mostró que los subgrupos R4 y R3, obtuvieron el mayor rendimiento de grano con 3.1 y 3.0 t ha⁻¹, respectivamente, superando al progenitor original con 2.6 t ha⁻¹ en promedio (Cuadro 4), estos resultados concuerdan a los reportados por Richey y Sprague (1931), quienes presentaron resultados sobre el valor del método de mejoramiento convergente aplicado para incrementar el rendimiento, encontrando que en las líneas comparadas después de sucesivas generaciones de retrocruzamiento y selección, los rendimientos fueron consistentemente superiores en líneas recobradas comparados con la línea original; así mismo, Silva-Díaz *et al.* (2018), mencionan que al evaluar cien progenies de retrocruzamientos en maíces tropicales, identificaron que el carácter producción de granos presentó coeficientes de heredabilidad altos y medios, indicando la factibilidad de identificar y seleccionar genotipos de superior comportamiento que permitan heredar a su descendencia esa característica. En cuanto a las variables DIFM y DIFF, la línea original y el subgrupo R1 fueron significativamente más tardíos que el resto de los subgrupos, con uno y dos días, de acuerdo con Muñoz (2003), los días a floración femenina son importantes porque indican el inicio del periodo de llenado del grano y porque las variedades se pueden clasificar de acuerdo con su precocidad, así como para normar el criterio para su ensamble en los estratos ambientales de un nicho dado. Con relación a las variables ALPL, los subgrupos R15, R4 y R6 fueron significativamente más altos que el resto. En la variable calificación de planta, los progenitores donantes que se ubicaron en los subgrupos R4 y R2, mejoraron el aspecto de la misma con respecto a la línea original. En lo que se refiere a la CAENF, los progenitores donantes ubicados en el subgrupo R2 aportaron genes favorables para mejorar la sanidad de la planta. La calificación de mazorca se vio favorecida en 12 de los 17 subgrupos de retrocruzas; destacaron los subgrupos R4 y R2, en los cuales se registraron los mayores valores para la variable HAMZ, identificada por su relevancia en la asimilación fotosintética de la planta y posteriormente en el llenado del grano (Subedi y Ma, 2005). Estadísticamente, la mayoría de progenitores retrocruzados donantes mostraron bajos niveles de pudrición de mazorcas a la cosecha, excepto el subgrupo R1 y la línea original.

La comparación de medias realizada entre los subgrupos y la línea original, mostró como sobresalientes a los progenitores donantes con 3 RC que incluyen a las líneas GNF^{3R} y B41^{3R} de los subgrupos R4 y R2. Las líneas donantes permitieron mejorar al progenitor recurrente en aspectos como: rendimiento, altura de planta, porte de planta, sanidad, sanidad en mazorca, mayor número de hojas arriba de la mazorca y menor porcentaje de mazorcas podridas (Cuadro 4). Wang *et al.* (2008) refiere que

después de incorporar germoplasma de *Zea mays* ssp. mexicana, a la línea élite Ye515, mediante dos retrocruzas y cuatro ciclos de autofecundación, se obtuvieron líneas recobradas las cuales mostraron gran variación con respecto a caracteres de mazorca, resistencia a diversas enfermedades y composición química del grano.

Comportamiento de subgrupos de líneas recobradas en Quechultenango, Guerrero

Al realizar las comparaciones entre subgrupos de retrocruzas y la línea original, el análisis de comparación de medias no detectó diferencias significativas en la variable rendimiento; sin embargo, se destaca el subgrupo R4 por presentar el mayor valor numérico para esta variable (Cuadro 5), resultados similares reportaron Hameed *et al.* (1994), quienes encontraron una superioridad en el rendimiento de la RC₀F₁ de 5.39 % aunque ésta no fue significativa ($P \geq 0.05$) respecto a la RC₁F₁. La variable altura de planta mostro variabilidad entre las líneas recobradas, la mayor diferencia con respecto a la línea original se detectó en el subgrupo R4, estos resultados de altura de planta coinciden con los reportados por Salinas *et al.* (2016) quienes encontraron resultados prometedores en su evaluación de líneas S1 en prueba temprana, permitiéndoles identificar líneas con buena altura de planta.

En la variable CAPL, 9 de 17 subgrupos sobresalen en calificación de plantas, tres pertenecen al grupo i y seis al ii. Las líneas donantes de los subgrupos R4, R3, R10, R1, R11, R14 y R16, aportaron genes para mejorar la sanidad de la planta, misma que se expresó en la variable CAENF. Con relación a la calificación de mazorcas, la línea original y el subgrupo R16, presentaron estadísticamente los valores más altos. En esta localidad sobresale el subgrupo R4 por presentar el mayor diámetro de mazorca; el subgrupo R16 mostró el valor menor en la variable DIOL y el subgrupo R4, mostró la mayor profundidad de grano en la mazorca. La variable % GR, en los subgrupos R4, R3, R5, R6 y R11 tuvo los mayores valores; así mismo, los subgrupos R4 y R3, sobresalieron con valores más altos en LOMZ. Mendes *et al.* (2008), en sus trabajos de selección recurrente en maíz efectuados durante 20 años, encontraron que la longitud de mazorca en progenies S2 tuvo una tendencia positiva a incrementarse.

En la comparación de medias realizada entre los subgrupos con las líneas original y recobradas, mostró como sobresalientes a las líneas GNF^{3R} y CML549^{3R} del subgrupo R4 y R3, respectivamente. Estas líneas permitieron mejorar al progenitor recurrente en aspectos como: rendimiento, altura de planta, porte de planta, sanidad, sanidad en mazorca; además, presentaron características sobresalientes como: mayor diámetro de mazorca, mayor porcentaje de grano y longitud de mazorca, características que

contribuyen a un mejor rendimiento (Cuadro 5). Casas *et al.* (2003) realizaron tres retrocruzas con maíz, utilizaron seis fuentes diferentes de teocintle y encontraron que la transferencia de germoplasma de teocintle a maíz incremento el rendimiento de grano y el vigor de las plantas, así mismo, permitió conferir precocidad a la fuente recurrente. En ambos casos se observa coincidencia con lo expresado por Acquah (2007) quien menciona que el mejoramiento convergente permite incorporar rasgos específicos en un cultivar existente sin perder ninguna de las características deseables existentes.

Cuadro 5. Comparación de medias por subgrupo de líneas recobradas de las retrocruzas hacia la línea T49 y el testigo. Quechultenango, Guerrero, México, ciclo agrícola P-V 2019.

SUBGRUPO	PROGENITOR DONANTE ³	REND (t ha ⁻¹)	ALPL (cm)	CAPL (1-5)	CAENF (1-5)	CAMZ (1-5)	DIMZ (cm)	DIOL (cm)	PRGR (cm)	% GR (%)	LOMZ (cm)
R4	GNF ^{3R}	4.1a	208.9a	2.2b	2.0b	2.2ab	5.1a	2.7a	2.4a	87.5a	15.8a
R3	CML549 ^{3R}	3.6a	198.5ab	2.3b	2.1b	2.2ab	4.9ab	2.7a	2.2ab	86.6a	15.5a
R7	CML264 ^{3R}	3.4a	197.3ab	2.4b	2.2ab	2.5ab	4.5abcd	2.6a	1.8cde	84.8abc	14.5ab
R12	T48 ^{3R}	3.3a	194.4ab	2.3b	2.6ab	2.2ab	4.2cd	2.5ab	1.8cde	85.4abc	13.0ab
R5	CML264 ^{2R+⊗}	3.2a	195.0ab	2.6ab	2.8a	2.6ab	4.7abc	2.6a	2.1abc	87.5a	14.4ab
R2	B41 ^{3R}	3.0a	194.7ab	2.4b	2.3ab	2.5ab	4.4bcd	2.5a	1.9cde	85.6ab	13.4ab
R6	GNF ^{2R+⊗}	3.0a	194.8ab	2.5b	2.4ab	2.8ab	4.5abcd	2.5ab	2.0bcde	86.5a	13.7ab
R10	LT154 ^{3R}	3.0a	190.4ab	2.3b	2.1b	2.4ab	4.6abcd	2.6a	2.0bcde	86.3ab	14.1ab
R1	B41 ^{2R+⊗}	2.6a	193.0ab	2.5b	2.2b	2.6ab	4.5abcd	2.6a	2.0bcd	86.3ab	14.3ab
R11	T48 ^{2R+⊗}	2.6a	186.4ab	2.5b	2.2b	2.5ab	4.5abcd	2.6a	1.9bcde	87.2a	13.4ab
R9	LT154 ^{2R+⊗}	2.5a	187.7ab	2.6ab	2.5ab	2.6ab	4.3cd	2.5ab	1.8cde	84.5abc	14.3ab
R13	CML549 ^{2R+⊗}	2.2a	188.3ab	2.6ab	2.5ab	2.6ab	4.1cd	2.4ab	1.7de	86.2ab	13.8ab
R14	CML550 ^{3R}	2.2a	159.3bc	2.6ab	2.2b	2.7ab	4.2cd	2.5ab	1.7def	85.3abc	13.4ab
R8	CML550 ^{2R+⊗}	2.1a	176.0abc	2.6ab	2.4ab	2.7ab	4.0de	2.4ab	1.6ef	83.6abc	12.6b
R15	LT156 ^{3R}	2.1a	164.8abc	3.0ab	2.5ab	3.0ab	3.5de	2.3ab	1.2f	82.8abc	9.7bc
R16	LT156 ^{2R+⊗}	1.0a	142.7c	3.2a	2.1b	3.1a	3.3e	2.0b	1.2f	79.1bc	8.7c
T49	-	0.4a	145.2bc	3.0ab	2.3ab	3.3a	3.0e	2.1ab	0.9f	73.5c	7.3c

REND= rendimiento; ALPL= altura de planta; DIMZ= diámetro de mazorca; DIOL= diámetro de olote; PRGR= profundidad de grano; % GR= porcentaje de grano; LOMZ= longitud de mazorca. Las siguientes variables se evaluaron en una escala de 1-5, donde 1 es lo mejor y 5 lo peor: CAPL= calificación de planta; CAENF= calificación de enfermedad; CAMZ= calificación de mazorca. Medias con letras iguales dentro de cada columna no son estadísticamente diferentes (Tukey, $p \leq 0.05$). ³ En cada línea del progenitor donante con letras y símbolos en superíndice se indica el número de retrocruzas (^R) y autopolinizaciones ([⊗]) según corresponda.

En las comparaciones de medias por subgrupo de retrocruzas (Cuadro 4 y 5), se visualiza que las líneas recobradas GNF^{3R} y CML549^{3R} fueron las más estables en ambas localidades. Así mismo, de los dos grupos de mejoramiento recurrente sobresale el que considera realizar tres retrocruzas por su tendencia a mejorar la línea original en las diferentes variables evaluadas. Murphy (1942), señala que con dos o tres cruzas regresivas se obtienen mejoras en las líneas recobradas, así mismo, se tiene buen grado de recuperación de la línea original. Los resultados de esta investigación mostraron que las retrocruzas evaluadas para cada carácter presentaron variabilidad genética, además, se sabe que a medida que aumenta el grado de endogamia, las líneas se vuelven más homogéneas pero la variabilidad entre ellas aumenta, por lo que se pueden seleccionar líneas sobresalientes para cada carácter de interés, lo cual concuerda con lo reportado por Arreola *et al.* (1996) quienes utilizaron el método de retrocruza para el mejoramiento de la línea MLS4-1 de maíz y detectaron mayor aptitud combinatoria y la incorporación de caracteres agronómicos en las líneas recobradas.

4 CONCLUSIONES

Se identificaron líneas recobradas superiores significativamente a la línea original T49. En estas, se mejoraron las características de rendimiento, aspecto de planta, sanidad y grano.

El mejoramiento convergente utilizando tres retrocruzamientos o dos retrocruzamientos y una autofecundación fueron efectivos para transferir genes de características deseables y complementarias a la línea T49, dado que las evaluaciones *per se* permitieron identificar líneas recobradas prometedoras con buenos atributos en comparación con la línea original. Sin embargo, los mayores avances se tuvieron en las líneas recobradas que fueron sometidas a tres retrocruzamientos.

AGRADECIMIENTOS

Al proyecto con recursos fiscales titulado “Selección y registro de maíces tolerantes a factores bióticos y abióticos en el trópico y sub trópico bajo de México”.

REFERENCIAS

- Acquaah G. (2007)** Principles of plant genetics and breeding. Blackwell Publishing. Pág. 170-171.
- Arreola J., G. Burciaga, J. R. Gutiérrez, C. Vega, E. Navarro (1996)** Mejoramiento de la línea MLS4-1 de maíz (*Zea mays* L.) a través del método de retrocruza. *Agronomía Mesoamericana* 7(1):62-66, <https://doi.org/10.15517/AM.V7I1.24791>
- Casas S., J. F., J. L. Ramírez D., J. J. Sánchez G., J. Ron P., S. Montes H., M. Chuela B. (2003)** Características agronómicas en retrocruzamientos maíz-teocintle. *Revista Fitotecnia Mexicana* Vol. 26 (4): 239-248,
- Fan X. M., Tan, H. M Chen and Y. J. Yang (2003)** Heterotic grouping for tropical and temperature maize inbreds by analyzing combining ability and SSR markers. *Maydica* 48:251-257.
- González L. S. (1995)** Híbridos dobles de Maíz (*Zea mays* L.) formados a partir de líneas mejoradas por selección gamética y retrocruza. Tesis profesional. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. p. 99.
- Gordón M. R., Camargo, B., Franco, B. J., González, S. (2006)** Evaluación de la adaptabilidad y estabilidad de 14 híbridos de maíz, Azuero, Panamá. *Agronomía Mesoamericana* 17(2):189-199.
- Hallauer A. R. (1990)** Methods used in developing maize inbreds. *Maydica* 35: 1-16.
- Hallauer A., M. Carena y J. Miranda-Filho (2010)** Quantitative Genetics in Maize Breeding. Third edition. Iowa State University Press. Ames, Iowa.
- Hameed A, L M Pollak, P N Hinz (1994)** Evaluation of Cateto maize accessions for grain yield and physical grain quality traits. *Crop Science* 34:265-269.
- Jugenheimer R. W. (1981)** Maíz. Variedades Mejoradas, Métodos de Cultivo y Producción de Semillas. 1ª edición. Editorial Limusa. México. P. 212-217.
- Márquez S. F. (1988)** Genotecnia vegetal. Métodos, Teoría, Resultados. Tomo II. AGT Editor S. A. México. 665 pp.
- Martínez C. J. J. (1988)** Mejoramiento convergente en líneas de maíz considerando rendimiento, adaptabilidad y calidad de semilla como criterio de selección. Tesis MC. CP. Montecillo, México.
- Mendes M. P. M. R., S. E. Pêgo, C. V. Patto y A. R. Hallauer (2008)** Comparison of selection methods on 'Pigarro', a Portuguese improved maize population with fasciation expression. *Euphytica*. 163: 481-499.
- Muñoz O. A. (2003)** Descifrando la diversidad de maíz de los nichos ecológicos de México. *In: Centli Maíz*. A Muñoz O (ed). Departamento de Difusión, Colegio de Postgraduados. pp:133-143.
- Murphy R. P. (1942)** Convergent improvement with four inbred lines of corn. *Agronomy Journal*. 34:138-150, <https://doi.org/10.2134/agronj1942.00021962003400020005x>

Richey F. D. and Sprague G. F. (1931) Experiments on hybrid vigor and convergent improvement in corn. USDA. Department. Agriculture. Technical. Bulletin. 267 pp.

Salinas J. V, J. C. Raya P., Mancilla, C. L. Aguirre M., F. Chablé M., J. G. Ramírez P., G. García R., J. Covarrubias P. (2016) Prueba temprana en líneas S1 de maíz. *Phyton* (Buenos Aires). 85(2): 203-209.

SAS Version 9.0. (2002) Statistical Analysis System. Copyright by SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.

SAGARPA, Secretaria de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (2014) Maíz (*Zea mays* L.). Guía técnica para la descripción varietal. Tlalnepantla, Estado de México. México. 39 pp.

SAGARPA, Secretaria de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (2015) Agenda Técnica Agrícola Guerrero. Paquete Tecnológico de Maíz Temporal. 2a ed. Guerrero. México. pp 49-52.

Silva-Díaz R., P. García-Mendoza, D. Faleiro-Silva, C. Lopes de Souza (2018) Determinación de componentes de la varianza y parámetros genéticos en una población segregante de maíz tropical. *Bioagro* 30(1):67-77.

Subedi K. D. and B. L. Ma (2005) Ear position, leaf area, and contribution of individual leaves to grain yield in conventional and leafy maize hybrids. *Crop Science* 45: 2246-2257, <https://doi.org/10.2135/cropsci2004.0653>

Wang, L., A. Yang, C. He, M. Qu, J. Zhang (2008) Creation of new maize germplasm using alien introgression from *Zea mays* ssp. mexicana. *Euphytica* 164:789–801.