



Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas

ISSN: 2007-0934

revista_atm@yahoo.com.mx

Instituto Nacional de Investigaciones

Forestales, Agrícolas y Pecuarias

México

Cervantes Adame, Yessica Flor; Castillo Gutiérrez, Antonio; Carapia Ruiz, Vicente Emilio; Andrade Rodríguez, María; Núñez Valdéz, María Eugenia; Villegas Torres, Oscar Gabriel; Perdomo Roldán, Francisco; Suárez Rodríguez, Ramón; López Santillán, José Alberto
Variabilidad genética y asociación morfológica entre poblaciones nativas de maíz y sus cruza F1

Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas, vol. 7, núm. 8, noviembre-diciembre, 2016, pp. 1919-1931

Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias
Estado de México, México

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=263149505011>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Variabilidad genética y asociación morfológica entre poblaciones nativas de maíz y sus cruzas F_1 *

Genetic variability and morphological association between native maize populations and their F_1 cross

Yessica Flor Cervantes Adame¹, Antonio Castillo Gutiérrez^{2§}, Vicente Emilio Carapia Ruiz², María Andrade Rodríguez¹, María Eugenia Núñez Valdéz³, Oscar Gabriel Villegas Torres¹, Francisco Perdomo Roldán², Ramón Suárez Rodríguez⁴ y José Alberto López Santillán⁵

¹Universidad Autónoma del estado de Morelos- Facultad de Ciencias Agropecuarias. Av. Universidad No. 1001, Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos. C. P. 62209. Tel. (777) 329 7981. ²Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc-UAEM. ³Facultad de Ciencias-UAEM. ⁴Centro de Investigación en Biotecnología- UAEM. ⁵Facultad de Ingeniería y Ciencias-Universidad Autónoma de Tamaulipas. §Autor para correspondencia: antonio.castillo@uaem.mx.

Resumen

En México se siembran 7.4 millones de hectáreas con maíz, cerca de 80% de esta superficie es de temporal, en el estado de Morelos se siembran aproximadamente 26 000 ha y se emplea predominantemente semilla de maíces nativos. Los objetivos planteados en el presente estudio fueron: evaluar el nivel de variación morfológica entre poblaciones nativas maíz y sus cruzas dialélicas y comparar la similitud morfológica de las poblaciones nativas con la similitud de sus cruzas. El germoplasma se constituyó por siete poblaciones nativas de maíz de diferente origen geográfico, sus 21 cruzas dialélicas y tres testigos. Los 31 genotipos de maíz se evaluaron en tres ambientes del estado de Morelos (Ayala-otoño-invierno 2012-2013, Ayala-primavera-verano 2013 y Tepalcingo-primavera-verano 2013). El diseño experimental en los tres ambientes fue bloques completos al azar con tres repeticiones. Se midieron 13 variables las que se sometieron a análisis de varianza combinado, comparación de medias $DMS_{0.05}$, a un análisis de componentes principales y de grupos. Se detectó un alto grado de variabilidad genética inter-poblacional y las cruzas mostraron mayor varianza genética y fenotípica que las poblaciones progenitoras. Se identificaron cinco componentes principales, los que explicaron 91.2 y 83%

Abstract

In Mexico 7.4 million hectares are sown with corn, about 80% of this area is under rainfed, in the state of Morelos approximately 26 000 ha are planted and native maize seed is predominantly used. The objectives of this study were to evaluate the level of morphological variation between corn native populations and their diallel crosses and compare the morphological similarity of native populations with the similarity of their crosses. The germplasm was constituted by seven native maize populations from different geographic origins, their 21 diallel crosses and three controls. The 31 maize genotypes were evaluated in three environments from the state of Morelos (Ayala-autumn-winter 2012-2013, Ayala-spring-summer 2013 and Tepalcingo-spring-summer 2013). The experimental design in the three environments was randomized complete block with three replications. 13 variables were measured and subjected to combine variance analysis, mean comparison $DMS_{0.05}$, a principal component and cluster analysis. A high degree of inter-population genetic variability was detected and crosses showed greater genetic and phenotypic variance than parent populations. Five main components, which accounted for 91.2 and

* Recibido: septiembre de 2016
Aceptado: diciembre de 2016

de la variación fenotípica total, para poblaciones y cruzas, respectivamente. El análisis de grupos reveló el alto grado de divergencia genética entre las poblaciones nativas, al ubicar en diferente grupo a cinco de las siete poblaciones nativas, las cruzas RAT \times MOR (C₄₇) y CAB \times MOR (C₁₇) mostraron la mayor disimilitud fenotípica.

Palabras clave: criollos de maíz, diversidad genética, caracteres morfológicos.

Introducción

El cultivo de maíz tiene gran importancia mundial y nacional, de acuerdo con el volumen de producción, variedad de usos y adaptabilidad a diferentes condiciones ambientales (Rocandio-Rodríguez *et al.*, 2014). México dedica una superficie de 7.4 millones de hectáreas a la siembra de maíz y el estado de Morelos dedica una superficie de siembra bajo temporal de aproximadamente 26 000 ha, con rendimiento promedio de 2.8 t ha⁻¹ (SIAP-SAGARPA, 2013). Con base en la superficie de temporal, alrededor de 80% se siembra usando semilla de poblaciones nativas (Ortega *et al.*, 2010), por lo que el germoplasma nativo de maíz es el más importante en casi todo México (Ángeles-Gaspar *et al.*, 2010). Por otro lado, el maíz presenta una amplia variabilidad genética, que permite a esta especie adaptarse a diferentes tipos de suelo y ambientes agroecológicos (Perales *et al.*, 2003; Beyene *et al.*, 2005). Los rasgos característicos de las variedades nativas han sido la base de la formación de las razas de maíz, de las que a la fecha se han reportado cerca de 59, adaptadas a condiciones ecológicas específicas de México (González *et al.*, 2006).

El maíz nativo es el germoplasma que se ha generado y adaptado mediante selección continua a las variadas condiciones agroecológicas específicas regionales (García-Lara y Bergvinson, 2013). La evolución de este germoplasma ha sobrevivido a una fertilización nula o limitada y baja protección sanitaria, por lo que su valor potencial reside en contener genes para resistencia a enfermedades, plagas, calidad nutritiva y adaptación a condiciones ambientales adversas (Liu *et al.*, 2009). Sin embargo, el germoplasma nativo presenta características desfavorables tales como; alto nivel de acame, asincronía floral y bajos rendimientos, entre otros (Nava y Mejía, 2002).

83% of total phenotypic variation, for populations and crosses, respectively were identified. Cluster analysis revealed the high degree of genetic divergence among native populations, by placing in different group to five of the seven native populations, crosses RAT \times MOR (C₄₇) and CAB \times MOR (C₁₇) showed the greatest phenotypic dissimilarity.

Keywords: creole corn, genetic diversity, morphological traits.

Introduction

Maize has great global and national importance, according to production volume, uses and adaptability to different environmental conditions (Rocandio-Rodríguez *et al.*, 2014). Mexico devotes an area of 7.4 million hectares to corn and the state of Morelos devotes a sowing area under rainfed of approximately 26 000 ha, with average yield of 2.8 t ha⁻¹ (SIAP-SAGARPA, 2013). Based on the rainfed surface, around 80% is planted using seed from native populations (Ortega *et al.*, 2010), so that native maize germplasm is the most important in most of Mexico (Ángeles-Gaspar *et al.*, 2010). On the other hand, corn presents a broad genetic variability that allows species to adapt to different soil types and agro-ecological environments (Perales *et al.*, 2003; Beyene *et al.*, 2005). Trait characteristic from native varieties have been the basis for the formation of maize races, of which to date have been reported about 59, adapted to specific ecological conditions in Mexico (González *et al.*, 2006).

Native maize is the germplasm that has been generated by continuous selection and adapted to the various regional specific agro-ecological conditions (García-Lara and Bergvinson, 2013). The evolution of this germplasm has survived a no or limited fertilization and low health protection, so that their potential value lies in containing genes for resistance to diseases, pests, nutritional quality and adaptation to adverse environmental conditions (Liu *et al.*, 2009). However, native germplasm has unfavorable traits such as; high lodging level, floral asynchrony and low yields, among others (Nava and Mejía, 2002).

La evolución en el germoplasma nativo tiene su origen en la continua siembra por agricultores y la selección aplicada durante periodos largos de tiempo, lo que ha modificado características agronómicas que permiten una mejor adaptación a diferentes nichos ecológicos (Bellon y Berthaud, 2004). No obstante, la diversidad en maíces nativos se está perdiendo debido a la erosión genética y cultural, uso de semilla mejorada, cambio de cultivo, migración y ocurrencia de catástrofes naturales (Eschholz *et al.*, 2010), situación que obliga a conservar (*ex situ* o *in situ*) y aprovechar este recurso vegetal en programas de mejoramiento genético (López-Romero *et al.*, 2005).

Los maíces nativos son poblaciones heterogéneas-heterocigotas, que presentan un alto número de combinaciones alélicas, por lo que son una valiosa fuente natural de nuevos alelos y representan un banco insustituible de recurso genético (Smale *et al.*, 2003). La alta variación genética, característica de las variedades nativas de maíz, ha sido aprovechada en contados programas de mejoramiento genético, lo que ha permitido obtener germoplasma mejorado y adaptado a numerosos ambientes (Liu *et al.*, 2010); Sin embargo, debido al gran número de poblaciones nativas existentes no se han evaluado en su totalidad, y por consiguiente se desconoce la relación genética que pueda existir entre dichas poblaciones (Martin *et al.*, 2008).

El incremento de la base genética del maíz es una meta importante en los programas de mejoramiento genético (Radović *et al.*, 2000), lo que puede hacerse mediante el uso de germoplasma nativo. La evaluación y caracterización de maíz nativo, se han basado principalmente en la expresión de caracteres morfológicos, por lo que la evaluación a través de ambientes se hace indispensable para medir el efecto ambiental en la expresión genética de los caracteres (Berardo *et al.*, 2009). La caracterización se ha enfocado a describir rasgos de la planta, espiga, mazorca y grano (Lucchin *et al.*, 2002); la relación morfológica entre poblaciones permite agrupar germoplasma e identificar material prometedor para su mejoramiento (Andjelkovic y Thompson, 2006).

La evaluación del germoplasma nativo es necesaria para conocer y determinar su valor agronómico, además de permitir la formación de grupos con poblaciones morfológicamente similares, lo que facilita mantener y eventualmente mejorar características de interés agronómico (Hartings *et al.*, 2008). En este contexto, la presente investigación tuvo como objetivos principales: evaluar el

The evolution in native germplasm has its origin in the continuous planting by farmers and selection applied for long periods of time, which has changed agronomic characteristics that allow better adaptation to different ecological niches (Bellon and Berthaud, 2004). However, the diversity of native maize is being lost due to genetic and cultural erosion, use of improved seeds, crop change, migration and occurrence of natural disasters (Eschholz *et al.*, 2010), which forces to keep (*ex situ* or *in situ*) and take advantage of this plant resource in breeding programs (López-Romero *et al.*, 2005).

Native maize are heterogeneous-heterozygous populations, which have a high number of allelic combinations, which are a valuable natural source of new alleles and represent an irreplaceable genetic resource bank (Smale *et al.*, 2003). The high genetic variation, characteristic from native maize varieties, has been exploited in a few breeding programs, which has led to improved and adapted germplasm to many environments (Liu *et al.*, 2010); However, due to the large number of existing native populations these have not been fully evaluated and therefore the genetic relationship that may exist between these populations is unknown (Martin *et al.*, 2008).

The increase of genetic base of maize is an important goal in breeding programs (Radović *et al.*, 2000), which can be done by using native germplasm. Evaluation and characterization of native maize, has been based mainly on the expression of morphological traits, so the evaluation across environments is essential to measure the environmental effect on gene expression of the traits (Berard *et al.*, 2009). Characterization has focused to describe plant, spike, grain and cob traits (Lucchin *et al.*, 2002); morphological relationship between populations allows grouping germplasm and identifies promising material for its improvement (Andjelkovic and Thompson, 2006).

Native germplasm evaluation is necessary to understand and determine their agronomic value, besides allows the formation of groups with similar populations morphologically, which makes it easy to maintain and eventually improve agronomic traits of interest (Hartings *et al.*, 2008). In this context, the objectives of this study were to assess the level of morphological variation between native maize populations and their cross F₁, and compare the morphological similarity of native populations with the similarity of their cross F₁.

nivel de variación morfológica entre poblaciones nativas maíz y sus cruza F_1 , y comparar la similitud morfológica de las poblaciones nativas con la similitud de sus cruza F_1 .

Material y métodos

El germoplasma evaluado en el presente estudio fueron siete poblaciones nativas de maíz colectadas y mantenidas por el Programa de Mejoramiento Genético de Maíz de la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc, las que se seleccionaron por su relativo alto rendimiento de grano en temporal y riego, y por su distinto origen geográfico. Tres de las siete poblaciones son del estado de Morelos BJM1 (2), BJM2 (3) con características afines a la raza Tuxpeño Norteño, CB029 (6) afín a Tabloncillo; tres poblaciones del estado de Tamaulipas, de las cuales CAB (1) y MOR (7) son afines a la raza Tuxpeño Norteño y la población (RAT (4) perteneciente a la raza Ratón; y una población proveniente del estado de Puebla BCP1 (5) que es una mezcla de razas tales como Ratón y Cristalinos del Caribe. Adicionalmente, también se evaluó el comportamiento de las 21 cruza dialélicas F_1 formadas a partir de las siete poblaciones nativas, y como testigos se incluyó a las variedades comerciales H-515, Costeño Mejorado y VS-535, dando un total de 31 genotipos. Las cruza dialélicas entre las siete poblaciones nativas se formaron en el ciclo agrícola primavera-verano 2012. La evaluación agronómica de los 31 genotipos se realizó en experimentos de campo en tres ambientes; Ayala, Morelos en el ciclo agrícola de otoño-invierno 2012/2013 (AMB-1), Ayala, Morelos en el ciclo primavera-verano 2013 (AMB-2), y Tepalcingo, Morelos en el ciclo primavera-verano 2013 (AMB-3). Los experimentos conducidos en AMB-1 (riego) y AMB-2 (temporal) se realizaron en el campo experimental de la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc, de la Universidad Autónoma del estado de Morelos, y el AMB-3 (temporal) en terrenos de un agricultor cooperante.

El diseño experimental usado en los tres experimentos fue un bloques completos al azar con tres repeticiones. La unidad experimental fue de cuatro surcos de 5 m de largo con una distancia entre surcos de 0.8 m. En la siembra se depositaron dos semillas por mata, cada 0.25 m, en la etapa fenológica V2 se realizó un aclareo a una planta por mata (50 000 plantas ha^{-1}). Las variables medidas fueron, floración masculina (FM en días) y femenina (FF en días), sincronía floral (SF en días), altura de la planta (AP en cm) y mazorca (AM en cm), diámetro de tallo (DT en cm), longitud de mazorca

Materials and methods

The germplasm evaluated in this study consisted of seven native populations collected and maintained by the Maize Breeding Program from the Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc, which were selected for their relatively high grain yield under rainfed and irrigated conditions, and because of their different geographical origin. Three of the seven populations are from the state of Morelos BJM1 (2), BJM2 (3) with similar traits to Tuxpeño Norteño, CB029 (6) similar to Tabloncillo; three populations from the state of Tamaulipas, of which CAB (1) and MOR (7) are similar to Tuxpeño Norteño and to population RAT (4) belonging to Raton race, and a population from the state of Puebla BCP1 (5) which is a mixture of races such as Raton and Crystalline from Caribbean. In addition, the behavior of the 21 diallel crosses F_1 formed from seven native populations was also assessed, and as control included commercial varieties H-515, Costeño Enhanced and VS-535, giving a total of 31 genotypes. The diallel crosses among the seven native populations were formed in the agricultural cycle spring-summer 2012. The agronomic evaluation of 31 genotypes was conducted in experimental fields under three environments; Ayala, Morelos in the agricultural cycle autumn-winter 2012/2013 (AMB-1), Ayala, Morelos in the spring-summer 2013 (AMB-2), and Tepalcingo, Morelos in the spring-summer 2013 (AMB-3). The experiments conducted in AMB-1 (irrigation) and AMB-2 (rainfed) were carried out in the experimental field of the Escuela de Estudios Superior of Xalostoc, from the Universidad Autónoma from the state of Morelos, and AMB-3 (rainfed) on fields belonging to a cooperating farmer.

The experimental design used in the three experiments was a randomized complete block with three replications. The experimental unit consisted of four rows 5 m long with row spacing of 0.8 m. Two seeds per plant, each 0.25 m were deposited at planting, in the phenological stage V2 a thinning of a plant per plant was performed (50 000 plants ha^{-1}). The variables measured were, male (FM in days) and female flowering (FF in days), floral synchrony (SF in days), plant height (AP in cm) and cob (AM in cm), stem diameter (DT in cm), ear length (LM in cm), ear diameter (DM in cm), rows per ear (HM), grains per ear (GM), corncob diameter (OD in cm), 100 grains weight (P100G in grams) and grain yield (RG in $t ha^{-1}$).

Data was processed by combined analysis of variance. Comparison of means was performed using the least significant difference ($DMS_{0.05}$). Populations were compared

(LM en cm), diámetro de mazorca (DM en cm), hileras por mazorca (HM en No.), granos por mazorca (GM en No.), diámetro del olote (DO en cm), peso de 100 granos (P100G en gramos) y rendimiento de grano (RG en t ha⁻¹).

Los datos de las variables medidas se procesaron mediante análisis de varianza combinados. La comparación de medias se realizó mediante la diferencia mínima significativa (DMS_{0.05}). Se compararon poblaciones contra testigos y poblaciones contra cruces por medio de contrastes no ortogonales. Se estimaron las varianzas genéticas y fenotípicas para poblaciones y cruces, con base en las esperanzas de los cuadrados medios. Los datos de poblaciones y cruces por separado se sometieron a análisis de componentes principales y de grupos. El análisis de componentes principales se realizó con el uso de la matriz X de datos, conformada con los promedios de las 13 variables como columnas y como hileras las poblaciones nativas o cruces.

El análisis de grupos se realizó con base en las distancias estadísticas Mahalanobis, misma que se usó como medida de similitud, la matriz se estimó, a través de la fórmula $D_{ij}^2 = (\mu_i - \mu_j)' V^{-1} (\mu_i - \mu_j)$, donde: D_{ij}^2 = distancia entre la *i*-ésima y *j*-ésima población o cruce, μ = vector de medias de la *i*-ésima o *j*-ésima población o cruce, V^{-1} = inversa de la matriz de varianzas y covarianzas, (Manly, 2000). Para la construcción de un dendrograma, se utilizó el método de agrupación UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean). La totalidad de análisis estadístico se realizó con el uso del software Statistical Analysis System (SAS, 1999).

Resultados y discusión

Los análisis de varianza mostraron diferencias estadísticas ($p \leq 0.01$) para las poblaciones y la interacción poblaciones \times ambientes para la totalidad de las variables evaluadas (Cuadro 1). Con relación a la comparación de poblaciones vs testigos, la prueba estadística detectó diferencias ($p \leq 0.01$) en todas las variables excepto en el DO. En la comparación de poblaciones nativas vs cruces F₁ resultaron diferencias estadísticas ($p \leq 0.01$) para once de las trece variables. Los coeficientes de variación fluctuaron de 2.2 a 9.3%, estos valores correspondieron a floración femenina y rendimiento de grano, respectivamente. Las diferencias estadísticas detectadas en la fuente de poblaciones son el resultado del alto grado de variabilidad genética existente entre el germoplasma evaluado, lo que es efecto del

against control and populations against crosses through non-orthogonal contrasts. Genetic and phenotypic variances for populations and crosses were estimated, based on the expectation of square means. Population and cross data separately were subjected to principal component and cluster analysis. The principal component analysis was performed with the use of the data matrix X, made with the averages of the 13 variables as columns and rows as native populations or cross.

Cluster analysis was performed based on Mahalanobis statistic distances, same that was used as similarity measure, the matrix was estimated through the formula $D_{ij}^2 = (\mu_i - \mu_j)' V^{-1} (\mu_i - \mu_j)$, where: D_{ij}^2 = distance being the *i*th and *j*th population or cross, μ = mean vector of the *i*th or *j*th population or crosses, V^{-1} = inverse of matrix variance and covariance (Manly, 2000). For the construction of the dendrogram the clustering method UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) was used. All statistical analysis were performed with the use of Statistical Analysis System (SAS, 1999) software.

Results and discussion

The analysis of variance showed statistically significant differences ($p \leq 0.01$) for populations and population \times environment interaction for all variables evaluated (Table 1). Regarding to the comparison of populations vs control, statistical test detected differences ($p \leq 0.01$) in all variables except in DO. In the comparison of native populations vs F₁cross were statistical differences ($p \leq 0.01$) for eleven of the thirteen variables. The coefficients of variation ranged from 2.2 to 9.3%, these values corresponded to flowering and grain yield, respectively. Statistical differences detected in population source are the result of the high degree of genetic variability between the evaluated germplasm, which is effect of the different geographical origin of the populations. Similar results were observed in a characterization study of native maize populations from Puebla, where it was determined that the wide diversity found in local corn, is partly related to the geographical origin of the populations studied (Ángeles-Gaspar *et al.*, 2010).

The differences between F₁ cross is explained by the genetic divergence among native populations; it has been observed that as genetic diversity in parent germplasm increases, genetic variation increases in their progeny

origen geográfico distinto de las poblaciones. Resultados similares se observaron en el estudio de caracterización de poblaciones de maíz nativas de Puebla, donde se determinó que la amplia diversidad encontrada en los maíces locales, está parcialmente relacionada con el origen geográfico de las poblaciones estudiadas (Ángeles-Gaspar *et al.*, 2010).

(Pecina-Martínez *et al.*, 2009). The presence of genotype \times environment interaction found in all variables measured, suggests that the genotypes have a differential behavior from one environment to another, this type of interaction has been reported in native maize from Puebla valley where the main objective was to know the level of morphological

Cuadro 1. Cuadrados medios de los análisis de varianza combinados y contrastes no ortogonales para las poblaciones nativas y cruza F_1 de maíz.

Table 1. Mean squares of combined analysis of variance and non-orthogonal contrasts for native maize populations and cross F_1 .

FV GL	Poblaciones 30	Poblaciones nativas vs testigos 1	Poblaciones nativas vs cruza F_1 1	Poblaciones \times ambientes 60	CV (%)
FM (d)	36.4**	30.5**	155.0**	17.0**	2.3
FF (d)	25.3**	8.9**	25.2**	16.0**	2.2
SF (d)	1.7**	4.2**	0.1**	2.0**	7.6
AP (cm)	635.0**	1504.0**	1406.0**	576.8**	5.8
AM (cm)	171.2**	486.6**	43.3NS	159.7**	7.1
DT (cm)	0.1**	0.3**	0.1NS	0.1**	3.4
LM (cm)	3.7**	0.1**	4.5**	2.3**	3.5
DM (cm)	0.2**	0.2**	0.3**	0.2**	4.1
HM (No.)	7.0**	1.2**	5.8**	3.5**	6.7
GM (No.)	16254.0**	5734.0**	7505.2**	9907.0**	7.3
DO (cm)	0.1**	0.1NS	0.1**	0.1**	4.8
P100G (g)	18.4**	199.5**	8.9**	21.1**	3.6
RG (t ha ⁻¹)	0.2**	2.3**	0.4**	0.3**	9.3

FV= fuente de variación; GL= grados de libertad; ns= No significativo; * = Significativo al 5%; ** = Significativo al 1%; FM= floración masculina; FF= floración femenina; SF= sincronía floral; AP= altura de planta; AM= altura de mazorca; DT= diámetro del tallo; LM= longitud de mazorca; DM= diámetro de mazorca; HM= hileras por mazorca; GM= granos por mazorca; DO= diámetro de olote; P100G= peso de 100 granos; RG= rendimiento de grano; CV= coeficiente de variación.

Las diferencias detectadas entre cruza F_1 se explica por la divergencia genética entre las poblaciones nativas, se ha observado que a medida que se incrementa la diversidad genética en el germoplasma progenitor, la variación genética se incrementa en su progenie (Pecina-Martínez *et al.*, 2009). La presencia de interacción genotipo \times ambiente encontrada en todas las variables medidas, permite suponer que los genotipos tienen un comportamiento diferencial de un ambiente a otro, este tipo de interacción se ha reportado en maíces nativos del valle de Puebla donde el objetivo principal fue conocer el nivel de diversidad morfológica en el germoplasma estudiado (Hortelano *et al.*, 2008). Los resultados de la comparación entre poblaciones nativas y cruza F_1 , se explican por combinación de alelos que provienen de diferente población y a que las poblaciones nativas *per se* tienen una alta variabilidad genética. Similar resultado se observó en un estudio de divergencia genética entre poblaciones nativas de maíz de valles altos de México y sus cruza (Carballoso-Torrecilla *et al.*, 2000).

diversity in the germplasm studied (Hortelano *et al.*, 2008). The results of the comparison between native populations and F_1 crosses are explained by allele combination that come from different population and to native populations *per se* have high genetic variability. Similar results were observed in a study of genetic divergence between native maize populations from the highlands of Mexico and their crosses (Carballoso-Torrecilla *et al.*, 2000).

Estimates of genetic and phenotypic variance for native populations and F_1 cross (Table 2) show that phenotypic variance in all variables, was expressed in greater magnitude than genetic variance; which is in concordance with expectations, because the phenotypic variance involves not only genetic component, the environmental effects and genotype-environment interaction (Rocandio-Rodríguez *et al.*, 2014). Overall amplitude range was higher in F_1 crosses than in native populations, which can be explained by the latter for being heterogeneous populations and in large

Las estimaciones de varianzas genéticas y fenotípicas para las poblaciones nativas y cruza F₁ (Cuadro 2), muestran que la varianza fenotípica en todas las variables, se expresó en mayor magnitud que la varianza genética. Lo que está de acuerdo con lo esperado, debido a que la varianza fenotípica involucra, además del componente genético, los efectos ambiental y de interacción genotipo-ambiente (Rocandio-Rodríguez *et al.*, 2014). El rango en general mayor tuvo mayor amplitud en las cruza F₁ que en las poblaciones nativas, lo cual puede ser explicado por que éstas últimas al ser poblaciones heterogéneas y en gran medida heterocigotas, mostraron un mayor grado de combinaciones alélicas lo cual generó un mayor nivel de variabilidad genética (Hortelano *et al.*, 2008).

amount heterozygotes, showed a greater degree of allelic combinations which generated a higher level of genetic variability (Hortelano *et al.*, 2008).

The results of principal component analysis for native populations (Table 3) identified five principal components that cumulatively accounted for 91.2% of the total phenotypic variation among populations. Considering that the visualization of inter-population relationships is appropriate graphically when considering three dimensions; discussion of results focuses on the first three components, which jointly accounted for 72.5% of the inter-population total phenotypic variation. Regarding the eigenvectors of the principal components, considering CP1, which explained

Cuadro 2. Varianza genética y fenotípica de las poblaciones nativas y sus cruza F₁ de maíz.

Table 2. Genetic and phenotypic variance of native maize populations and their F₁ crosses.

Variable	Poblaciones nativas			Cruza F ₁		
	σ^2_G	σ^2_F	Rango	σ^2_G	σ^2_F	Rango
FM (d)	1.37	2.69	65-69	1.53	2.74	64-71
FF (d)	0.76	2.43	67-71	0.99	2.50	68-75
SF (d)	0.05	0.12	2-3	0.08	0.26	2-4
AP (cm)	35.00	84.20	269-294	56.36	99.71	264-298
AM (cm)	3.11	16.55	138-149	5.46	19.08	130-149
DT (cm)	0.01	0.01	3-4	0.01	0.01	3-4
LM (cm)	0.10	0.35	18-19	0.56	0.84	16-19
DM (cm)	0.01	0.03	4.5-5.0	0.01	0.03	4.0-5.0
HM (No.)	0.32	1.01	12-14	0.10	0.40	11-15
GM (No.)	-59.81	1713.12	483-594	689.00	1630.651	506-659
DO (cm)	0.03	0.04	2-3	0.01	0.05	2-3
P100G (g)	0.68	2.23	50-57	2.44	4.30	53-58
RG (t ha ⁻¹)	0.01	0.03	4.9-5.4	0.01	0.04	4.9-5.5

FV= fuente de variación; GL= grados de libertad; ns= No significativo; * = Significativo al 5%; ** = Significativo al 1%; FM= floración masculina; FF= floración femenina; SF= sincronía floral; AP= altura de planta; AM= altura de mazorca; DT= diámetro del tallo; LM= longitud de mazorca; DM= diámetro de mazorca; HM= hileras por mazorca; GM= granos por mazorca; DO= diámetro de olote; P100G= peso de 100 granos; RG= rendimiento de grano; CV= coeficiente de variación.

Los resultados del análisis de componentes principales para las poblaciones nativas (Cuadro 3), identificaron cinco componentes principales que explicaron de manera acumulativa 91.2% de la variación fenotípica total observada entre poblaciones. Considerando que la visualización de las relaciones inter-poblacionales es adecuada de forma gráfica cuando se consideran tres dimensiones; la discusión de los resultados se enfoca en los tres primeros componentes, los que de manera conjunta explicaron 72.5% de la variación fenotípica total inter-poblacional. Respecto a los vectores propios de los componentes principales, considerando el CP1, el cual explica la mayor cantidad de variación

most of phenotypic variation component (33.3%), it was found that this component was largely determined by six of the thirteen measured variables such as: male (FM) and female (FF) flowering with values of 0.80 and 0.87 respectively, length and ear diameter with values of -0.73 and -0.80, P100G and RG with values of 0.77 and 0.78.

Regarding morphological similarity between native populations (Figure 1), the principal component analysis (Figure 1A) shows a wide spatial dispersion of the seven populations in the four two-dimensional quadrants formed by CP1 and CP2. The CB029 populations (from Morelos)

fenotípica por componente (33.3%) se encontró que dicho componente estuvo mayormente determinando por seis de las trece variables medidas como son: la floración masculina (FM) y femenina (FF) con valores de contribución de 0.80 y 0.87 respectivamente, longitud y diámetro de mazorca, con valores de contribución de -0.73 y -0.80, P100G y RG con valores de 0.77 y 0.78.

and CAB (from Tamaulipas), were located in quadrant one, considering the third dimensional axis (CP3) this populations are in a different spatial plane. In the second quadrant are the BJM1 (Morelos), RAT (Tamaulipas) and BCP1 (Puebla) populations. The native population BJM2 from the state of Morelos was located in the third quadrant and finally the MOR population (Tamaulipas), was

Cuadro 3. Valores y vectores propios para las poblaciones nativas de maíz, evaluadas durante los ciclos agrícolas otoño-invierno 2012/2013 y primavera-verano 2013.

Table 3. Values and eigenvectors for native maize populations, evaluated during the agricultural cycles autumn-winter 2012/2013 and spring-summer 2013.

Componente	λ_i	PVF (%)	AVF (%)	Variable	CP1	CP2	CP3
1	4.3	33.3	33.3	FM (d)	0.80	0.29	0.10
2	3.1	23.9	57.2	FF (d)	0.87	0.13	0.03
3	2.0	15.3	72.5	SF (d)	-0.15	-0.36	-0.34
4	1.3	10.2	82.7	AP (cm)	-0.13	-0.89	0.24
5	1.1	8.5	91.2	AM (cm)	-0.06	-0.87	0.29
6	0.7	5.2	96.5	DT (cm)	-0.28	0.55	0.06
7	0.4	2.9	99.4	LM (cm)	-0.73	-0.24	-0.11
8	0.0	0.3	99.7	DM (cm)	-0.80	-0.05	-0.16
9	0.0	0.3	100.0	HM (No.)	-0.43	-0.28	0.82
10	0.0	0.0	100.0	GM (No.)	-0.41	-0.3	0.80
11	0.0	0.0	100.0	DO (cm)	0.09	-0.81	0.05
12	0.0	0.0	100.0	P100G (g)	0.77	-0.22	0.40
13	0.0	0.0	100.0	RG (t ha ⁻¹)	0.78	-0.19	0.42

λ_i = valor característico; PVF= proporción de la variación fenotípica; AVF= acumulado de la variación total fenotípica; FM= floración masculina; FF= floración femenina; SF= sincronía floral; AP= altura de planta; AM= altura de mazorca; DT= diámetro del tallo; LM= longitud de mazorca; DM=diámetro de mazorca; HM= hileras por mazorca; GM=granos por mazorca; DO= diámetro de olote; P100S= peso de 100 granos; RG= rendimiento de grano; CP1= componente principal 1; CP2= componente principal 2; CP3= componente principal 3.

Respecto a la similitud morfológica entre poblaciones nativas (Figura 1), el análisis de componentes principales (Figura 1A) muestra una amplia dispersión espacial de las siete poblaciones en los cuatro cuadrantes bidimensionales formados por CP1 y CP2. Las poblaciones CB029 (origen Morelos) y CAB (origen Tamaulipas), se ubicaron en el cuadrante uno, considerando el tercer eje dimensional (CP3) dichas poblaciones se encuentran en un diferente plano espacial. En el segundo cuadrante se situaron las poblaciones BJM1 (Morelos), RAT (Tamaulipas) y BCP1 (Puebla). La población nativa BJM2 del estado de Morelos se ubicó en el tercer cuadrante y finalmente la población MOR (Tamaulipas), se localizó en el cuarto cuadrante. Los resultados del análisis de grupos (Figura 1B) para las poblaciones nativas, detecto coincidencias en la similitud morfológica inter-poblacional, como las identificadas en el análisis de componentes principales.

located in the fourth quadrant. Cluster analysis (Figure 1B) for native populations detected similarities in inter-population morphological similarity, such as those identified in the principal component analysis.

The dendrogram distinguished six groups (Figure 1B), where the largest number of genotypes was located in group (III), grouping the BJM1, RAT populations, and improved varieties control, Costeño Enhanced and VS535. This group was mainly characterized by having an intermediate flowering (66 days), an LM of 18.5 cm and grain yield of 5.10 t ha⁻¹. In the other five groups, were distributed the rest of the native populations, which is indicative of the high genetic and phenotypic variability, present between populations evaluated, these being panmictic nature have also broad genetic base. The above results indicate the existence of a high inter-population genetic variation in the 13 measured

El dendrograma distinguió seis grupos (Figura 1B), donde en el grupo (III) se ubicó el mayor número de genotipos, agrupando a las poblaciones nativas BJM1, RAT, y a las variedades mejoradas testigo, Costeño Mejorado y VS535. Este grupo se caracterizó principalmente por tener una floración intermedia (66 días), una LM de 18.5 cm y un RG de grano de 5.10 t ha⁻¹. En los otros cinco grupos formados, estuvieron distribuidas el resto de las poblaciones nativas, lo que es un indicativo de la alta variabilidad genética y por tanto fenotípica presente entre las poblaciones evaluadas, estas al ser de naturaleza panmíctica son también de amplia base genética. Los resultados descritos indican la existencia de una alta variación genética inter-poblacional en los 13 caracteres morfológicos medidos, lo que también ha sido reportado en otros estudios llevados a cabo con germoplasma nativo, particularmente en la parte oriente del Estado de México, donde concluyeron que variables vegetativas relacionadas con la espiga y características de grano de maíz, fueron relativamente menos afectadas por el ambiente, las cuales podrían usarse para explicar con mayor eficiencia las diferencias entre poblaciones nativas de maíz (Herrera *et al.*, 2000).

La dispersión de las poblaciones nativas a través de los cuatro cuadrantes bidimensionales y el tercer eje representado por el CP3, confirman la existencia de altos niveles de variación en los caracteres evaluados, lo que era de esperarse debido al origen distinto del germoplasma evaluado. Por otro lado, las variables relacionadas con la floración y tamaño de mazorca identificadas por esta investigación, como las que determinan mayormente el CP1 (33.3% de la variación fenotípica), coinciden con las de mayor importancia determinada en un estudio de caracterización de poblaciones nativas de maíz en el estado de Puebla (Ángeles-Gaspar *et al.*, 2010).

El análisis de componentes principales para las cruza F₁ (Cuadro 4) mostró de igual manera que en las poblaciones nativas, a los cinco primeros componentes como los de mayor importancia. De manera conjunta, éstos explicaron 83% de la variación fenotípica total observada entre cruza F₁. Con base en los tres primeros componentes; éstos explicaron independientemente, CP1= 27.5, CP2= 21.1, y CP3=15% de la variación total observada entre las cruza F₁. La mayor cantidad de variación fenotípica fue explicada por el CP1, las variables con mayor contribución para este componente fueron: AP, AM, DT, LM y GM, con valores propios de -0.76, -0.64, -0.46, 0.81 y 0.79, respectivamente.

morphological traits, which also has been reported in other studies conducted with native germplasm, particularly in the eastern part from the State of Mexico, which concluded that vegetative variables related to spike and corn grain traits were relatively less affected by the environment, which could be used more efficiently to explain the differences between native maize populations (Herrera *et al.*, 2000).

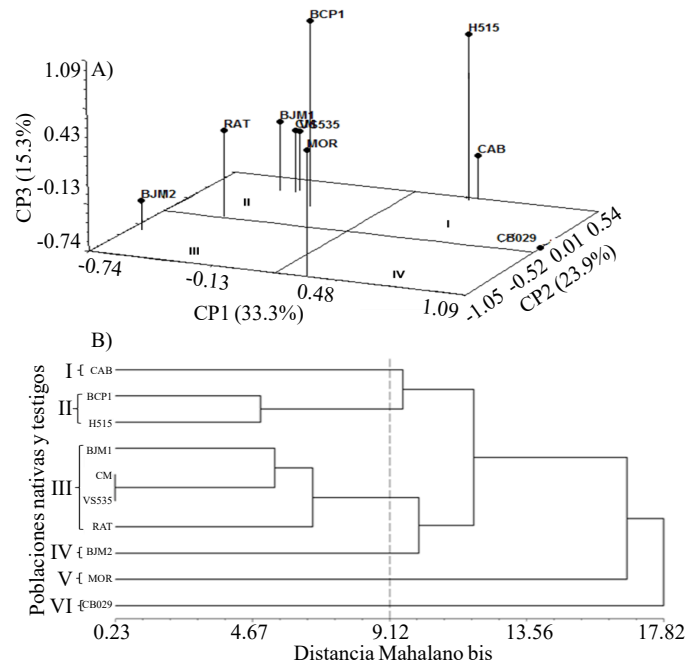


Figura 1. Relaciones entre poblaciones basada en el análisis de componentes principales (A) y dendrograma de similitudes morfológicas generada por el análisis de grupos (B) para las poblaciones nativas de maíz.

Figure 1. Relationships between populations based on principal component analysis (A) and morphological similarities dendrogram generated by cluster analysis (B) for native maize populations.

The dispersion of native populations through the four dimensional quadrants and the third axis represented by CP3, confirm the existence of high levels of variation in the traits evaluated, which was expected due to the different origins of the germplasm. On the other hand, variables related to flowering and cob size identified by this research, such as those that determined most CP1 (33.3% of phenotypic variation), agree with the most important in a characterization study of native maize populations in the state of Puebla (Ángeles-Gaspar *et al.*, 2010).

The principal component analysis for F₁ crosses (Table 4) showed the same behavior as in native populations, the five first components as the most important. Together, they

Cuadro 4. Valores o vectores propios para la cruza F₁ de maíz evaluadas durante los ciclos agrícolas otoño- invierno 2012/2013 y primavera-verano 2013.

Table 4. Values and eigenvectors for F₁ crosses, evaluated during the agricultural cycle autumn-winter 2012/2013 and spring-summer 2013.

Componente	λ_i	PVF (%)	AVF (%)	Variable	CP1	CP2	CP3
1	3.6	27.5	27.5	FM (d)	0.55	0.50	0.60
2	2.7	21.1	48.6	FF (d)	0.59	0.34	0.60
3	1.9	15.0	63.6	SF (d)	0.03	-0.50	-0.14
4	1.4	11.5	75.0	AP (cm)	-0.76	0.38	-0.41
5	1.0	8.0	83.0	AM (cm)	-0.64	0.51	0.02
6	0.9	6.7	89.8	DT (cm)	-0.46	0.39	0.32
7	0.5	3.8	93.6	LM (cm)	0.81	-0.12	-0.29
8	0.4	3.5	97.1	DM (cm)	0.32	-0.16	-0.68
9	0.1	1.2	98.3	HM (No.)	0.58	0.24	-0.19
10	0.1	0.8	99.2	GM (No.)	0.79	0.23	-0.14
11	0.0	0.5	99.7	DO (cm)	0.18	-0.39	-0.06
12	0.0	0.3	100.0	P100G (g)	0.11	0.83	-0.34
13	0.0	0.0	100.0	RG (t ha ⁻¹)	0.21	0.74	-0.49

λ_i = valor característico; PVF= proporción de la variación fenotípica; AVF= acumulado de la variación total fenotípica; FM= floración masculina; FF= floración femenina; SF= sincronía floral; AP= altura de planta; AM= altura de mazorca; DT= diámetro del tallo; LM= longitud de mazorca; DM=diámetro de mazorca; HM= hileras por mazorca; GM=granos por mazorca; DO= diámetro de olote; P100G= peso de 100 granos; RG= rendimiento de grano; CP1= componente principal 1; CP2= componente principal 2; CP3= componente principal 3.

Al comparar el grado en que los cinco y tres primeros componentes principales explican la variación morfológica inter-poblacional (91.2 y 72.5%, respectivamente) y la variación inter-cruzas F₁ (83 y 63.6%, respectivamente), la disminución observada en los valores de las cruzas F₁ se debe a que al hibridar poblaciones panmícticas se genera mayor variabilidad genética en su progenie (Romero *et al.*, 2002), por lo que se requiere de un mayor número de componentes principales, para explicar la variación morfológica que se genera en cruzas F₁. Los resultados del análisis de componentes principales (Figura 2A) determinaron una mayor dispersión espacial entre cruzas en los cuadrantes bidimensionales formados con los componentes CP1 y CP2. Seis cruzas se ubicaron en el cuadrante I, las cuales mostraron los más altos valores en longitud de mazorca (19 cm), diámetro de mazorca (5.0 cm) e hileras por mazorca (16). En el cuadrante II se agruparon ocho cruzas que tuvieron las mazorcas con la menor longitud (17 cm) y diámetro de mazorca (3.2 cm) y mayor diámetro de olote (2.8 cm). En el cuadrante III se localizaron seis cruzas, relacionadas por la longitud de la mazorca (17 cm), granos por mazorca (506 a 659) y el peso del grano de 57 g. En el cuadrante IV se ubicaron las cruzas C17 y C37, definidas por su floración más tardía (70 días a FM) y con altura de planta de 274 cm, así mismo fueron las de mayor número de granos por mazorca (622).

accounted for 83% of the total phenotypic variation observed between F₁ crosses. Based on the first three components; these explained independently, CP1= 27.5, CP2= 21.1, and CP= 15% of total observed variation between F₁ crosses. Most phenotypic variation was explained by CP1, the variables that contributed most to this component were: AP, AM, DT, LM and GM, with eigenvalues of -0.76, -0.64, -0.46, 0.81 and 0.79, respectively.

When comparing the degree in which the five and first three principal components explain the inter-population morphological variation (91.2 and 72.5%, respectively) and the inter-cross F₁ variation (83 and 63.6%, respectively), the decrease in the values of F₁ crosses is due to when hybridizing panmictic populations greater genetic variability is generated in their progeny (Romero *et al.*, 2002), so it requires a greater number of principal components to explain morphological variation generated in F₁ cross. The results of principal component analysis (Figure 2A) found greater spatial dispersion between crosses in the two-dimensional quadrants formed with CP1 and CP2 components. Six crosses were located in quadrant I, which showed the highest values in ear length (19 cm), ear diameter (5.0 cm) and rows per ear (16). In quadrant II eight crosses that had the ears with the shortest length (17 cm) and ear diameter (3.2 cm) and larger cob diameter (2.8 cm) were grouped. In quadrant III six

El dendrograma generado por el análisis de grupos para las cruza F₁ (Figura 2B), define la formación de cinco agrupaciones. Sólo las cruza C17 y C47 se separaron como grupos independientes. Las ocho cruza en el grupo I, se caracterizan por presentar los valores más altos en la longitud de mazorca (19 cm), valores intermedios en el número de granos por mazorca (578), mayor peso del grano (56 g) y rendimientos intermedios (5.2 t ha⁻¹). Este grupo I integra el mayor número de cruza e intervienen todas las poblaciones nativas del estudio. El grupo VI constituido por cuatro cruza, se caracterizó por exhibir una mayor altura de planta (AP= 292 cm), reducida longitud de mazorca (LM= 17 cm) y el menor número de granos por mazorca (GM= 532), al igual que en el grupo I participan las siete poblaciones, sin embargo, muestra mayor variación morfológica inter-cruza.

En el grupo IV se ubicaron tres cruza, las que se diferencian por un alto número de GM (592) y valores intermedios en el P100G (55 g). Los grupos constituidos por únicamente una cruza fueron los grupos II y VII, el grupo II fue la cruza RAT × Mor, ambas poblaciones de Tamaulipas, en tanto que el grupo VII lo constituyó la cruza CAB × Mor donde la población CAB tiene origen Tamaulipas, lo cual significa que no obstante de contar con el mismo origen geográfico se demuestra que existe una gran variación genética en el germoplasma de maíz de distintas regiones de México. La mayor dispersión de la cruza en los cuatro cuadrantes bidimensionales apoya el hecho que la variabilidad genética en maíz puede ser incrementada por medio del cruzamiento de poblaciones nativas, tanto del mismo como de distinto origen geográfico y genético, este mismo efecto se ha reportado en el estudio de caracterización morfológica con germoplasma del noroccidente de México (Martín *et al.*, 2008).

Conclusiones

Las poblaciones nativas de maíz mostraron un alto grado de variabilidad genética inter-poblacional en todas las variables evaluadas, lo cual ocasionó que las cruza F₁ mostraron mayor varianza genética y fenotípica que las poblaciones nativas. En las poblaciones nativas y sus cruza F₁, se identificaron cinco componentes principales de mayor importancia, los que explicaron 91.2 y 83% de la variación fenotípica total, respectivamente. La dispersión espacial de poblaciones y cruza F₁ confirmaron el alto grado de variación fenotípica presente entre el germoplasma evaluado. El análisis de grupos reveló un alto grado de divergencia genética presente entre las poblaciones nativas, al ubicar en diferente grupo a

crosses, related by cob length (17 cm), grains per ear (506 to 659) and grain weight of 57 g were located. In quadrant IV, C17 and C37 cross, defined by its late flowering (70 days to FM) and plant height of 274 cm, also had the highest number of grains per ear (622) were located.

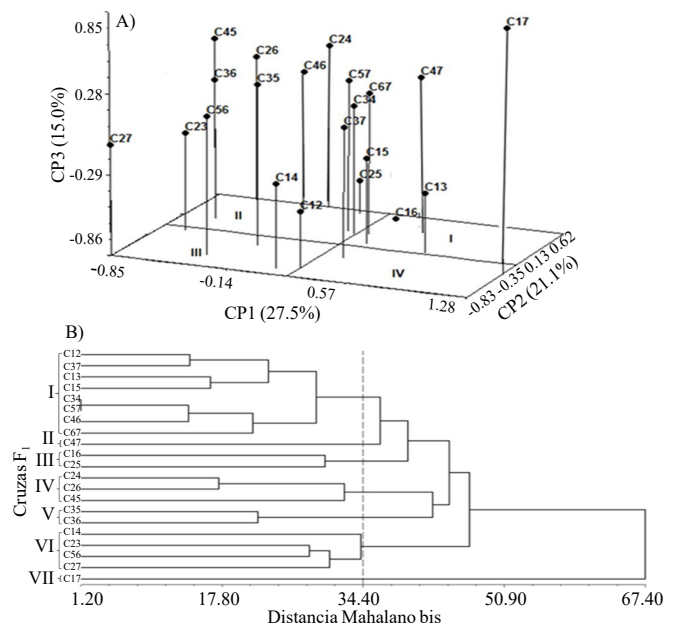


Figura 2. Relaciones entre cruza basada en el análisis de componentes principales (A) y dendrograma de similitudes morfológicas generada por el análisis de grupos (B) para cruza F₁ de maíz.

Figure 2. Relationship between crosses based on principal component analysis (A) and morphological similarities dendrogram generated by cluster analysis (B) for F₁ maize crosses.

The dendrogram generated by the cluster analysis for F₁ crosses (Figure 2B) defines the formation of five groups. Only C17 and C47 crosses were separated as independent groups. The eight crosses in group I, are characterized by having the highest values in ear length (19 cm), intermediate values in the number of grains per ear (578), higher grain weight (56 g) and intermediate yields (5.2 t ha⁻¹). This group I includes the largest number of crosses and all native populations of the study are involved. Group VI consists of four crosses, was characterized by exhibiting greater plant height (AP= 292 cm), reduced ear length (LM= 17 cm) and the lowest number of grains per ear (GM= 532), as that in group I seven populations are involved, however, shows greater morphological inter-cross variation.

In group IV three crosses were located, which are distinguished by a high number of GM (592) and intermediate values in P100G (55 g). Groups constituted

cinco de las siete poblaciones nativas y solo en el grupo III se ubicó a las poblaciones BJM1 y RAT, provenientes de las razas Tuxpeño Norteño y Ratón. En cruza se identificaron siete grupos, donde las cruza RAT \times MOR (C_{47}) y CAB \times MOR (C_{17}) constituyeron grupos propios, revelando alta variabilidad genética entre cruza.

Literatura citada

- Andjelkovic, V. and Thompson, R. 2006. Changes in gene expression in maize kernels in response to water and salt stress. *Plant Cell Reports*. 25:71-79.
- Ángeles, G. E.; Ortiz, T. E.; López, P. A. & López, R.G. 2010. Caracterización y rendimiento de poblaciones de maíz nativas de Molcaxac, Puebla. *Rev. Fitotec. Mex.* 33:287-296.
- Bellon, M. R. and Berthaud, J. 2004. Transgenic maize and the evolution of landrace diversity in México. The importance of farmers' behavior. *Plant Physiol.* 134: 883-888.
- Berardo, N.; Mazzinelli, G.; Valoti, P.; Lagana, P. and Redaelli, R. 2009. Characterization of maize germplasm for the chemical composition of the grain. *J. Agric. Food Chem.* 57:2378-2384.
- Beyene, Y.; Botha, A. M. and Myburg, A. A. 2005. Phenotypic diversity for morphological and agronomic traits in traditional Ethiopian highland maize accessions. *South African Journal of Plant and Soil.* 22:100-105.
- Caraballoso, T. V.; Mejía, C. A.; Balderrama, C. S.; Carballo, C. A. y González, C. F. V. 2000. Divergencia en poblaciones de maíz nativas de Valles Altos de México. *Agrociencia.* 34:167-174.
- Eschholz, T. W.; Stamp, P.; Peter, R.; Leipner, J. and Hun, A. 2010. Genetic structure and history of Swiss maize (*Zea mays* L.) landraces. *Genet. Resour. Crop Evol.* 57:71-84.
- García, L. S. and Bergvinson, D. J. 2013. Identification of maize landraces with high level of resistance to storage pests *Sitophilus zeamais* Motschulsky and *Prostephanus truncatus* Horn in Latin America. *Rev. Fitotec. Mex.* 36 (3):347-356.
- González, H. A.; Sahagún, C. J.; Pérez, L. D. J.; Domínguez, L. A.; Serrato, C. R.; Landeros, F. V. y Dorantes, C. E. 2006. Diversidad fenotípica del maíz Cacahuacintle en el Valle de Toluca, México. *Rev. Fitotec. Mex.* 29:255-261.
- Hartings, H.; Berardo, N.; Mazzinelli, G. F.; Valoti, P.; Verderio, A. and Motto, M. 2008. Assessment of genetic diversity and relationships among maize (*Zea mays* L.) Italian landraces by morphological traits and AFLP profiling. *Theor. Appl. Genet.* 117:831-842.
- Herrera, C. B. E.; Castillo, G. F.; Sánchez, G. J. J.; Ortega, P. R. and Goodman, M. M. 2000. Caracteres morfológicos para valorar la diversidad entre poblaciones de maíz en una región: caso la raza Chalqueño. *Rev. Fitotec. Mex.* 23:335-354.
- Hortelano, S. R. R.; Gil, M. A.; Santacruz, V. A.; Miranda, C. S. y Córdova L. 2008. Diversidad morfológica de maíces nativos en el valle de Puebla. *Agríc. Téc. Méx.* 34:189-200.
- López, R. G.; Santacruz, V. A.; Muñoz, O. A.; Castillo, G. F.; Córdova, T. L. y Vaquera, H. H. 2005. Caracterización morfológica de poblaciones nativas de maíz del Istmo de Tehuantepec. México. *Interciencia.* 30:284-290.
- by only one cross were groups II and VII, group II was the cross RAT \times Mor, both populations from Tamaulipas, while group VII was constituted by CAB \times Mor where CAB population comes from Tamaulipas, which means that despite having the same geographical origin shows that there is great genetic variation in maize germplasm from different regions of Mexico. The greater dispersion of the cross in the four two-dimension quadrants supports the fact that genetic variability in maize can be increased by crossing native populations, both from the same and different geographical and genetic origin, the same effect has been reported in the morphological characterization study with germplasm from northwestern Mexico (Martin *et al.*, 2008).

Conclusions

Native maize populations showed a high degree of inter-population genetic variability in all variables, which caused that F1 crosses showed greater genetic and phenotypic variance than native populations. In the native populations and their F1 crosses, were identified the five most important principal components, which accounted for 91.2 and 83% of the total phenotypic variation respectively. The spatial dispersion of populations and F1 cross confirmed the high level of this phenotypic variation among germplasm evaluated. Cluster analysis revealed a high degree of genetic divergence among native populations, by locating in different group to five of the seven native populations and only in group III were located the BJM1 and RAT populations from races Tuxpeño Norteño and Raton. For crosses seven groups were identified, where RAT \times MOR (C_{47}) and CAB \times MOR (C_{17}) constituted own groups, revealing high genetic variability among crosses.

End of the English version



- Lucchin, M.; Barcaccia, G. and Parrini, P. 2002. Characterization of a Flint maize (*Zea mays* L. convar *mays*) Italian landrace: I. Morpho-phenological and agronomic traits. *Genet. Resour. Crop Evol.* 50:315-327.
- Manly, B. F. J. 2000. Multivariate statistical methods. A Primer 2nd Ed. Chapman and Hall/CRC. London, New York. 232 p.
- Martín, L. J. G.; Ron, P. J.; Sánchez, G. J. J.; De la Cruz, L. L.; Morales, R. M. M.; Carrera, V. J. A.; Ortega, C. A.; Vidal, M. V. A. y Guerrero, H. M. J. 2008. Caracterización agronómica y morfológica de maíces nativos del noroccidente de México. *Rev. Fitotec. Mex.* 3:331-340.

- Nava, P. F. y Mejía, C. J. A. 2002. Evaluación de maíces precoces e intermedios en valles altos centrales de México. II. Divergencia genética. *Rev. Fitotec. Mex.* 25:187-192.
- Ortega, C. A.; Gómez, M. N. O.; Coutiño, E. B. y Trujillo, C. A. 2010. "Conocimiento de la diversidad y distribución actual del maíz nativo y sus parientes silvestres en México". 2ª etapa 2008-2009. Informe final. 21 p.
- Pecina, M. J. A.; Mendoza, C. M. C.; López, S. J. A.; Castillo, G. F. y Mendoza, R. M. 2009. Respuesta morfológica y fenológica de maíces nativos de Tamaulipas a ambientes contrastantes de México. *Agrociencia.* 43:681-694.
- Perales, R. H.; Brush, S. B. and Qualset, C. O. 2003. Dynamic management of maize landraces in central Mexico. *Econ Bot.* 57:21-34.
- Radović, G.; Muminović, J. and Jelovac, D. 2000. Local maize germplasm. Potentially valuable breeding material. *Genetika.* 32:221-234.
- Rocandio, R. M.; Santacruz, V. A.; Córdova, T. L.; López, S. H.; Castillo, G. F.; Lobato, O. R.; García, Z. J. J. y Ortega, P. R. 2014. Caracterización morfológica y agronómica de siete razas de maíz de los valles altos de México. *Rev. Fitotec. Mex.* 37:351-361.
- Romero, P. J.; Castillo, G. F. y Ortega, P. R. 2002. Cruzas de poblaciones nativas de maíz de la raza Chalqueño: II. Grupos genéticos, divergencia genética y heterosis. *Rev. Fitotec. Mex.* 25:107-115.
- Statistical Analysis System Institute (SAS). 1999. SAS User's Guide. Statistics. Versión 8.2. SAS Institute Cary, N. C. 1643 p.
- SIAP-SAGARPA, 2013. Cierre de la producción agrícola por estado Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. Secretaría de Agricultura, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. México. <http://www.siap.gob.mx/cierre-de-la-produccion-agricola-por-cultivo/>.
- Smale, M.; Bellon, M. R.; Aguirre, J. A.; Rosas, I. M.; Mendoza, J.; Solano, A. M.; Martínez, R.; Ramírez, A. and Berthaud, J. 2003. The economic costs and benefits of a participatory project to conserve maize landraces on farms in Oaxaca, Mexico. *Agric. Econ.* 29:265-275.
- Zhi, Zh. L.; Rong, H. G.; Jiu, R. Zh.; Yi, L. C.; Feng, G. W.; Mo, J. C.; Rong, H. W.; Yun, S. S.; Yan, Ch. S.; Tian, Y. W. and Yu, L. 2009. Population structure and genetic diversity of maize landraces from the southwest maize region of China. *Maydica.* 54:63-76.
- Zhi, Zh. L.; Rong, H. G.; Jiu, R. Zh.; Yi, L. C.; Feng, G. W.; Mo, J. C.; Rong, H. W.; Yun, S. S.; Yan, Ch. S.; Tian, Y. W. and Yu, L. 2010. Analysis of genetic diversity and population structure of maize landraces from the south maize region of China. *Agric. Sci. In China.* 9:1251-1262.