

Desarrollo de híbridos de maíz de cruza simple con diferentes estrategias de selección de progenitores

Development of single-cross maize hybrids with different parent selection strategies

Hernández Martínez, R.^{1*}, Santacruz Varela, A.², Reyes Méndez, C.A.¹,
López Sánchez, H.³, Lobato Ortiz, R.², Castillo González, F.²

¹Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Campo Experimental Río Bravo, km. 61, carretera Matamoros-Reynosa, C.P. 88900. Municipio de Río Bravo Tamaulipas, México.

²Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, km. 36.5, carretera México-Texcoco, C.P. 56230. Montecillo, Texcoco, Estado de México, México.

³Colegio de Postgraduados, Campus Puebla, km. 125.5, carretera Federal México- Puebla, C.P. 72760. Santiago Momoxpan, Puebla, México.



Please cite this article as/Como citar este artículo: Hernández Martínez, R., Santacruz Varela, A., Reyes Méndez, C.A., López Sánchez, H., Lobato Ortiz, R., Castillo González, F. (2024). Development of single-cross maize hybrids with different parent selection strategies. *Revista Bio Ciencias*, 11, e1607. <https://doi.org/10.15741/revbio.11.e1607>

Article Info/Información del artículo

Received/Recibido: December 05th 2023.

Accepted/Aceptado: May 07th 2024.

Available on line/Publicado: May 28th 2024.

RESUMEN

El objetivo del trabajo fue evaluar la eficiencia de los marcadores moleculares en comparación a dos métodos genotécnicos para formar híbridos con altos niveles de rendimientos y sus componentes. Se evaluaron 70 híbridos de maíz, bajo un diseño completamente al azar con tres repeticiones en dos localidades de Tamaulipas. Se realizó un análisis de varianza combinado y contrastes ortogonales con las medias de los híbridos. Existió diferencias en todas las variables agronómicas y de rendimiento en genotipos y ambientes, sin embargo, en interacción genotipo × ambiente fue en número de hileras, diámetro de mazorca, días a floración masculina y femenina. Los híbridos con rendimiento superior a 9.0 t ha⁻¹ fueron P3097, P3092, 30F53 y LEARB9 × UAY113; este último obtenido mediante la estrategia de marcadores moleculares. Los contrastes ortogonales mostraron diferencias para el método molecular vs. evaluación *per se* y la prueba de mestizos en rendimiento, diámetro de mazorca, altura de planta y de mazorca; así mismo, se detectó significancia en el método *per se* vs. mestizos en altura de planta y de mazorca. Los microsatélites revelaron información útil para ser utilizados como herramientas auxiliares en los programas tradicionales por hibridación.

PALABRAS CLAVE: *Zea mays* L., cruzamientos, hibridación, marcadores moleculares, métodos genotécnicos.

*Corresponding Author:

Rosendo Hernández Martínez. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Campo Experimental Río Bravo, km. 61, carretera Matamoros-Reynosa, C.P. 88900. Municipio de Río Bravo Tamaulipas.

Teléfono: 5548762647. E-mail: hernandez.rosendo@inifap.gob.mx

ABSTRACT

This study aimed to assess the efficiency of molecular markers compared to two genotypic methods in generating high-yield hybrids and their associated components. 70 hybrid maize were evaluated using a completely randomized design with three replications across two locations in Tamaulipas state, Mexico. A combined analysis of variance and orthogonal contrasts using hybrid means was conducted. Significant differences were observed in all agronomic and yield variables among genotypes and environments. Notably, genotype \times environment interaction was observed in variables such as number of rows, ear diameter, and days to male and female flowering. Hybrids yielding over 9.0 t ha⁻¹ included P3097, P3092, 30F53, and LEARB9 \times UAY113, the latter developed using the molecular marker approach. Orthogonal contrasts revealed differences between the molecular method and *per se* evaluation, as well as the crossbreeding test, in terms of yield, ear diameter, plant, and ear height. Additionally, significance was noted between the *per se* method and crossbreeding in plant and ear height. Microsatellite analysis provided valuable insights to complement traditional hybridization programs.

KEY WORDS : *Zea mays* L., Crossing, Hybridization, Molecular markers, Breeding methods, Genotypic methods.

Introducción

En el mejoramiento genético es importante conocer el componente genético de las líneas que se usarán como progenitores en la formación de híbridos y variedades comerciales. En el mejoramiento de plantas, se han desarrollado métodos genotécnicos para la evaluación y selección de las líneas sobresalientes para formar híbridos; entre las técnicas más comunes se encuentran la de evaluación de líneas *per se* para seleccionar aquellas con alto potencial de rendimiento, buen comportamiento agronómico y buena aptitud combinatoria (Buenrostro-Robles *et al.*, 2017) y la prueba de aptitud combinatoria general basada en la formación y evaluación de mestizos, que permite determinar los efectos genéticos aditivo de las líneas (Sánchez-Ramírez *et al.*, 2020).

Los métodos genotécnicos juegan un papel importante dentro de un programa de desarrollo de híbridos, al proporcionar información para identificar y seleccionar materiales que posiblemente producirán progenies que presenten altos niveles de heterosis en el rendimiento y sus componentes (Vélez-Torres *et al.*, 2018); sin embargo, esto conlleva un alto costo, tiempo y esfuerzo de los fitomejoradores en las evaluaciones y selección de las líneas.

Por otro lado, gracias a los avances en la biología molecular, se han desarrollado métodos de identificación y caracterización basados en el uso de marcadores moleculares que superan, en la mayoría de los casos, algunas limitaciones de los métodos tradicionales (Azofeita-Delgado, 2006). Los marcadores moleculares son neutros, se utilizan desde las primeras etapas fenológicas de la plántula, presentan polimorfismo, permite la correcta identificación de los genotipos y son libres de efectos epistáticos, por lo tanto, reduce tiempo y esfuerzo al involucrar cruzamientos dirigidos de sus progenitores (Miklas *et al.*, 2006). Bajo este contexto, el uso de los marcadores moleculares de tipo microsatélites o SSRs (secuencias simples repetidas) se caracterizan por su alto nivel de polimorfismo, se distribuyen a lo largo del genoma, se heredan de manera mendeliana y son codominantes (Ni *et al.*, 2002). En ese sentido, los SSRs podría ser una alternativa como auxiliar de los métodos de mejoramiento tradicionales, ya que puede proporcionar información a nivel genético de las líneas que será útil en identificar a los progenitores para la generación de híbridos, de acuerdo con su divergencia genética, con el fin de involucrar cruzamientos en pares de líneas con relación a sus distancias genéticas.

Al respecto, en los programas de mejoramiento de maíz (*Zea mays* L.) han evaluado varios métodos tradicionales y han obtenido diferentes niveles de éxito en la generación de híbridos (Acevedo-Cortés *et al.*, 2020; Ramírez-Díaz *et al.*, 2019; Rodríguez-Pérez *et al.*, 2020); por otro lado, algunos investigadores han considerado el uso de los marcadores moleculares como auxiliar de los métodos tradicionales con la finalidad de predecir el desempeño heterótico de los progenitores al combinar pares de líneas en la formación de híbridos (Beyene *et al.*, 2019, Crossa *et al.*, 2017; Lariépe *et al.*, 2017; Marcón *et al.*, 2019; Mwangangi *et al.*, 2019; Nyaga *et al.*, 2020); estas investigaciones han demostrado que el uso de marcadores moleculares son eficientes, ya que pueden dar predicciones precisas con relación a sus parámetros de rendimiento.

Varios de estos estudios han investigado la exactitud de los métodos tradicionales y moleculares para la generación de híbridos; sin embargo, los centros de investigación dedicados al mejoramiento genético deben tomar en cuenta los gastos en recursos económicos, tiempo y esfuerzo que implica el uso de cada uno de ellos. A pesar de los avances a nivel mundial en la materia, en México el uso de los marcadores moleculares ha sido poco estudiada como herramienta auxiliar en un programa de mejoramiento genético, especialmente para la generación de híbridos en maíz. En ese sentido, el objetivo de esta investigación fue comparar la eficiencia de los marcadores moleculares de tipo microsatélites o SSRs, con relación a dos métodos genéticos tradicionales para generar híbridos de maíz en el norte de Tamaulipas, bajo la hipótesis de que con el uso de los SSRs se obtendrá en menor tiempo la generación de híbridos sobresaliente para rendimiento.

Material y Métodos

Material vegetal

Para la generación de los híbridos simples se utilizaron 37 líneas de maíz amarillo (S_3 y S_5) como progenitores. Del total de las líneas 27 fueron originadas en el Campo Experimental

Río Bravo (CERIB), Tamaulipas, del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícola y Pecuarias (INIFAP), codificadas como LEARB y 10 líneas provenientes de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN), codificadas como UAY101, UAY103, UAY104, UAY105, UAY106, UAY108, UAY110, UAY111, UAY113 y UAY114. Los híbridos se formaron con tres métodos genotécnicos; el primero fue con base a la divergencia genética de las líneas estimada con información molecular de marcadores SSRs, el segundo se realizó a través de la evaluación de líneas *per se*, y el tercero por selección de líneas por aptitud combinatoria general mediante la formación y evaluación de mestizos. A continuación, se describen la técnica de cada una de ellas.

Formación de híbridos con información molecular

Extracción de ADN genómico

En primavera-verano del 2017 se realizó la extracción de ADN, lo anterior fue a partir de 100 mg de tejido del mesocótilo y coleótilo de tres plántulas individuales de ocho días de edad por línea, mediante un kit comercial para extracción de ADN (ChargeSwitch g DNA Plant Kit, Invitrogen®), con un robot de extracción KingFisher Flex (Thermo Scientific®, Waltham, Maryland, USA), de acuerdo con las instrucciones del fabricante. La concentración y calidad del ADN extraído fue determinada mediante lecturas de absorbancia a 260/280 nm en un espectrofotómetro de ultra bajo volumen (NanoDrop™ 2000c, Thermo Scientific®, Wilmington, USA).

Genotipado de las líneas con microsatélites

Tres individuos de cada una de las 37 líneas se analizaron mediante 22 *loci* de secuencias simples repetidas de ADN (Tabla 1). Los microsatélites utilizados se encuentran en la base de datos Maize Genetics and Genomics Database (<http://www.maizegdb.org/ssr.php>).

Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)

La amplificación consistió en una desnaturalización inicial de 4 min a 95 °C, seguida de 24 ciclos de 1 min a 95 °C (desnaturalización), 2 min a 55 °C (alineación) y 2 min a 95 °C (extensión) y una extensión final de 1 h a 72 °C. Cada reacción individual consistió de 2 µL de 10X Buffer PCR (500 mM KCl, 100 mM Tris-HCl, pH 9.0 at 25 °C), 0.4 µL de 10mM dNTPs (2.5 mM cada uno dNTP), 1.2 µL de 25 mM MgCl₂, 0.2 µL de Taq DNA polimerasa (1 unidad total), 2.5 µL de ADN molde (10 ng µL⁻¹), 2.0 µL de 4 pM de cada par de iniciadores (1µL de cada uno, adelante y reversa) y 11.7 µL de agua destilada dos veces. Lo anterior, se llevó a cabo en un termociclador (Gene AMP PCR® System 9700, Singapur).

Electroforesis y análisis de fragmentos

Los productos de PCR se evaluaron por electroforesis vertical (MG33-1063, C.B.S. Scientific® Del Mar California, EUA). Se emplearon geles de acrilamida al 8 % (CIMMYT, 2006), la separación de fragmentos de menor peso molecular (75-278 pb) se llevó a cabo durante 180

min a 250 V, mientras que para fragmentos con mayor peso molecular (105-376 pb) la separación de fragmentos se efectuó durante 240 min a 250 V. El revelado se hizo con AgNO_3 (Sigma®, EUA) de acuerdo con la metodología de CIMMYT (2006). Los geles se fotodocumentaron con un transluminador MiniBis Pro 16 mm (Bio Imaging Systems®, Jerusalén, Israel).

Tabla 1. Loci de microsatélites y oligonucleótidos utilizados para el estudio de microsatélites en líneas de maíz.

Locus	BIN	Tamaño de fragmento (pb)	oligonucleótidos hacia adelante// oligonucleótidos en reversa
phi127	2.07	105–126	NED-ATATGCATTGCCTGGAAGGA//AATTCAAACACGCCTCCCGAGTGT
phi051	7.06	136–154	6-FAM-GCGAAAGCGAACGACAACAATCTT//ACATCGTCAGATTATATTGCAGACCA
phi115	8.03	292–312	HEX-GCTCCGTGTTTCGCCTGAA//ACCATCACCTGAATCCATCACA
phi033	9.02	224–270	6-FAM-ATCGAAATGCAGGCGATGGTTCTC//ATCGAGATGTTCTACGCCCTGAAGT
phi072	4.01	134–163	6-FAM-GTGCATGATTAATTTCTCCAGCCTT//GACAGCGCGCAAATGGATTGAACT
phi093	4.08	272–296	NED-GTGCCTCAGCTTCATCGCCTACAAG//CCATGCATGCTTGCAACAATGGATACA
phi024	5.00	354–376	HEX-CTCCGCTTCCACTGTTCCA//TGTCGCTGCTTCTACCCA
phi085	5.06	233–266	6-FAM-AGCAGAACCGCAAGGGCTACT//TTTGGCACACCACGACGA
phi121	8.04	93–105	6-FAM-AGGAAAATGGAGCCGGTGAACCA//TTGGTCTGGACCAAGCACATACAC
phi056	1.01	231–278	NED-ACTTGCTTGCCTGCCGTTAC//CGCACACCACTTCCCAGAA
phi064	1.11	75–121	HEX-CGAATTGAAATAGCTGCGAGAACCT//ACAATGAACGGTGGTTATCAACACGC
phi96100	2.00 - 2.01	218–300	6-FAM-AGGAGGACCCCAACTCCTG//TTGCACGAGCCATCGTAT
phi101249	?	114–161	NED-TTCTCCTCCACTGCCTC//AAGAACAGCGAAGCAGAGAAGG
phi029	3.04	139–176	NED-TCTTTCTTCTCCACAAGCAGCGAA//TTTCCAGTTGCCACCGACGAAGAACTT
phi073	3.05	186–203	HEX-GTGCAGAGGCTTGACCAA//AAGGGTTGAGGGCGAGGAA
phi96342	10.XX	223–256	6-FAM-GTAATCCCACGTCTATCAGCC//TCCAACCTGAACGAACTCCTC
phi427913	1.XX	117–207	NED-CAAAGCTAGTCGGGTCA//ATTGTTGATGACACACTACGC
phi402893	2.00	205–243	HEX-GCCAAGCTCAGGGTCAAG//CACGAGCGTTATTCGCTGT
phi308090	4.01 - 4.04	190–226	6-FAM-CAGTCTGCCACGAAGCAA//CTGTGGTTTCGGTCTTCTT
phi330507	5.02 - 5.06	128–161	NED-GTAAAGTACGATGCGCCTCCC//CGGGGTAGAGGAGATTGTG
phi213398	4.01 - 4.04	287–320	6-FAM-GTGACCTAACTTGGCAGACCC//CAAGAGGTACCTGCATGGC
phi159819	6.00 - 6.08	119–139	6-FAM-GATGGGCCCTAGACCAGCTT//GCCTCTCCCATCTCTCGGT

BIN: posición del alelo en el cromosoma.

Análisis de la información molecular

A partir de la lectura directa de los geles se generó un perfil alélico para cada una de las líneas y con esta información se generó una matriz de distancias genéticas de Rogers modificadas por Wright (1978) mediante el programa computacional NTSYS (Rohlf, 2009) y se realizó un análisis de conglomerados con base en las distancias genéticas mediante el método de agrupamiento UPGMA. La formación de híbridos a partir de la información molecular se realizó bajo condiciones de riego en primavera-verano de 2018 en el Campo Experimental Río Bravo, Tamaulipas. La siembra se realizó en surcos de 20 m de largo por cada línea con una separación entre surcos de 0.82 m. Al momento de la floración se hicieron cruza dirigidas con mayor distancia genética, de los cuales se polinizaron 10 plantas en pares de líneas por cada combinación. Al final se generaron 20 híbridos simples con información molecular.

Formación de híbridos mediante evaluación de líneas *per se*

Las líneas se evaluaron bajo condiciones de riego en el ciclo primavera-verano del 2018 en el Campo Experimental Río Bravo, Tamaulipas. El ensayo de las líneas se estableció bajo un diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones. La unidad experimental consistió en cuatro surcos de 5 m de largo con una separación entre surco de 0.82 m, con una densidad de población aproximada de 65,000 plantas por hectárea. Al momento de la cosecha se colectaron 40 plantas con competencia completa para estimar variables de rendimiento y agronómicas. Se realizó un análisis de varianza utilizando el programa estadístico de SAS® versión 9.4 (SAS Institute Inc., 2011) y la comparación de medias mediante la prueba de Tukey ($p \leq 0.05$). Una vez analizados los resultados se seleccionaron ocho líneas sobresalientes con base en su información *per se*, que posteriormente se utilizaron para formar 28 híbridos de crusa simple en el ciclo otoño-invierno del 2019, bajo condiciones de riego, a través de cruza dirigidas.

Formación, evaluación de mestizos y generación de híbridos con información de mestizos

Con el método de aptitud combinatoria general se formaron 37 mestizos bajo condiciones de riego en el ciclo primavera-verano del 2018 mediante el establecimiento de las líneas en un lote aislado en el CERIB, Río Bravo, Tamaulipas. Se utilizó como probador a la línea LRB-3A proveniente del programa de mejoramiento genético del INIFAP-Campo Experimental Río Bravo, Tamaulipas. La evaluación de los mestizos se realizó en el ciclo otoño-invierno de 2019 en condiciones de riego, bajo un diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones; así mismo, la parcela experimental consistió en cuatro surcos de 5 m de largo con 0.82 m entre surco. Al momento de la cosecha se colectaron 40 plantas con competencia completa para estimar variables de rendimientos y agronómicas. Se realizó un análisis de varianza y una prueba de medias de Tukey ($p \leq 0.05$) con el uso del programa estadístico de SAS versión 9.4 (SAS Institute Inc., 2011). Con la información generada de los mestizos se seleccionaron las mejores ocho líneas con base en sus parámetros de rendimiento y con ellas se logró la formación de 15 híbridos de crusa simple mediante polinizaciones manuales planta a planta en el ciclo primavera-verano de 2019, bajo condiciones de riego.

Evaluación de los híbridos formados con las tres metodologías

Se evaluaron un total de 70 híbridos de maíz, de los cuales 63 son híbridos experimentales (20 híbridos con información molecular, 28 con evaluación *per se* y 15 a través de mestizo) por el programa genético del INIFAP-CERIB y 7 híbridos comerciales de la región usados como testigos, los cuales fueron INIFAP (H-443A, 23 × 19), Syngenta (SYN307) y Pioneer (P3097, P3092, 30F53). Los híbridos de cruce simple generados se establecieron bajo condiciones de riego en las localidades de Río Bravo y Díaz Ordaz, en el norte del estado de Tamaulipas en el ciclo otoño-invierno de 2020.

Diseño experimental en campo

Los experimentos en campo se establecieron bajo un diseño experimental de látice 10 × 10 con tres repeticiones en cada ambiente; la unidad experimental consistió en dos surcos de 5 m de longitud a una distancia entre surcos de 0.8 m y a una distancia entre plantas de 0.20 m con una densidad de población de 62,500 plantas ha⁻¹.

Variables evaluadas

Días a floración masculina y femenina (DFM y DFF), cuando el 50 % de las plantas presentaron anteras dehiscentes (floración masculina) y estigmas receptivos (floración femenina); altura de planta y de mazorca en cm (PH y EH) en cinco plantas representativas de la parcela para posteriormente registrar la altura promedio de la base del tallo hasta la hoja bandera y de la base del tallo hasta la inserción de la mazorca, respectivamente; diámetro y longitud de mazorca en cm (ED y EL) en cinco mazorcas representativas por parcela en la parte central y desde la base hasta la punta de la mazorca, respectivamente; número de hileras por mazorca (NR) en la parte media de la misma; porcentaje de desgrane (SPW), obtenido de la relación entre el peso del grano y el peso total de la mazorca; rendimiento de grano (YIELD), que fue estimado con base en el peso de campo de cada parcela, con el respectivo ajuste por el porcentaje de desgrane, se extrapoló a t ha⁻¹ ajustado al 14 % de humedad.

Análisis estadístico

Se realizó un análisis de varianza combinado a través de localidades y comparación de medias mediante la prueba de Tukey ($p \leq 0.05$) de las variables en estudio. El modelo aditivo lineal para el análisis combinado fue:

$$y_{ijk} = \mu + A_j + \beta_{k(j)} + C_i + (CA)_{ij} + e_{ijk}$$

Dónde: y_{ijk} = observación del i -ésimo genotipo en el j -ésimo bloque y k -ésimo ambiente, μ = media general, A_j = efecto del k -ésimo ambiente, $\beta_{k(j)}$ = efecto del j -ésimo bloque dentro del k -ésimo ambiente, C_i = efecto del i -ésimo genotipo, $(CA)_{ij}$ = efecto de la interacción entre el i -ésimo genotipo y el k -ésimo ambiente, e_{ijk} = efecto aleatorio del error de la unidad experimental.

Los híbridos formados con base en las mayores distancias genéticas entre sus progenitores (20 híbridos), 28 híbridos formados con información de líneas *per se* y 15 híbridos formados con base en aptitud combinatoria general de las líneas a través de mestizos fueron sometidos a un análisis de contrastes ortogonales, con el fin de comparar los tres métodos y observar la eficiencia relativa de cada uno de ellos en la formación de los híbridos. Para la ejecución del análisis de varianza combinado y contrastes ortogonales se utilizó el programa estadístico de SAS® versión 9.4 (SAS Institute Inc., 2011).

Resultados y Discusión

Análisis de varianza

Los genotipos demostraron diferencias ($p \leq 0.01$) para rendimiento de grano (YIELD), porcentaje de desgrane (SPW), número de hileras (NR), diámetro y longitud de mazorca (ED y EL), días a floración masculina y femenina (DFM y DFF), altura de planta y de mazorca (PH y EH) (Tabla 2). Las diferencias presentadas indican amplia divergencia en los híbridos de cruce simple, ya que los progenitores involucrados en las combinaciones híbridas provienen de diferente fondo genético; por lo tanto, los resultados obtenidos indican que del conjunto de híbridos evaluados en la zona del norte de Tamaulipas al menos un genotipo es superior. Resultados similares fueron obtenidos por Ferdoush *et al.* (2017) al encontrar en el ANOVA un alto grado de variación entre los genotipos evaluados en relación con los parámetros de rendimiento; así mismo, Singh *et al.* (2017) revelaron diferencias significativas para los caracteres de rendimiento, lo que indicó la presencia de una variabilidad genética amplia. Al respecto, Guillén-de la Cruz *et al.* (2009) mencionan que al incrementar la diversidad genética de los padres también se incrementa las diferencias entre sus cruces, en características agronómicas y fisiológicas.

Con relación en la fuente de variación de ambientes, se detectó diferencias estadísticas altas ($p \leq 0.01$ y 0.05) para YIELD, SPW, NR, ED, EL, DFF, DFM, PH y EH. Al respecto, Cervantes-Adame *et al.* (2020) mencionan que las diferencias en la expresión de los caracteres de rendimiento se ven asociadas a factores genéticos y ambientales como lo es el clima, temperatura, precipitación, altitud y latitud, principalmente. Estos resultados concuerdan con un estudio similar sobre selección de líneas y cruces de alta aptitud combinatoria para rendimiento y sus componentes realizado por Ramírez-Díaz *et al.* (2019). Con relación a la interacción de genotipo por ambiente se encontró diferencias estadísticas ($p \leq 0.01$ y 0.05) para las variables de NR, ED, DFM y DFF, lo que indica que los híbridos no mantuvieron una producción similar en los dos ambientes de evaluación; en teoría, esto reduce el progreso de la selección al ser una fuente de variación que sesga la correcta elección de genotipos superiores con adaptación a una región amplia (Tabla 2). En una investigación realizada por Velázquez-Cárdelas *et al.* (2018) se indica que este fenómeno es una constante preocupación para los fitomejoradores, especialmente cuando su magnitud es grande, ya que obliga al mejorador a establecer ensayos en varias localidades para identificar materiales con mayor estabilidad y mayor rendimiento de grano, o bien, conduce a la recomendación de nuevos materiales a un área agrícola reducida, con la consecuente reducción en la eficiencia económica para la producción de semilla. El

rendimiento en la presente investigación tuvo una media general de 6.5 t ha⁻¹, valor superior a la media del estado de Tamaulipas que fue de 5.1 t ha⁻¹ en el año 2019 (SIAP, 2020), por lo cual, al menos una cruza experimental podría ser seleccionada para su uso comercial en la región noreste de México.

Tabla 2. Cuadrados medios y significancia del análisis de varianza en 96 híbridos de maíz amarillo en parámetros de rendimiento en Díaz Ordaz y Río Bravo, Tamaulipas, México, 2020.

SV	DF	YIELD	SPW	NR	ED	EL	DFM	DFF	PH	EH
Ambientes (A)	1	1202.5**	20.7*	307.8**	34.4**	120.6**	5913.7**	7518.4**	182833.7**	84603.6**
Reps/A	4	12.4**	125.4**	0.9	0.09**	30.3**	1.3	1.5	159.2	59.7
Subl/Reps × A	54	1.0	6.4	0.7	0.02	1.7**	1.0*	1.3**	123.5*	70.7**
Genotipos (G)	95	8.5**	17.4**	5.7**	0.2**	7.6**	18.9**	18.4**	369.3**	258.6**
G × A	86	0.9	5.7	0.9*	0.02**	0.9	1.7**	1.6**	90.2	54.7
Error	335	0.7	4.5	0.6	0.01	0.7	0.7	0.7	82.1	41.0
CV (%)		13.2	2.5	5.4	2.8	5.9	1.0	1.1	4.5	9.4
Media		6.5	85.2	14.1	4.3	14.9	78.1	79.3	197.5	67.4

*, **: diferentes a $p \leq 0.05$ y 0.01 , respectivamente. SV: fuentes de variación, DF: grados de libertad, YIELD: rendimiento de grano, SPW: porcentaje de desgrane, NR: número de hileras, ED: diámetro de mazorca, EL: longitud de mazorca, DFM: días a floración masculina, DFF: días a floración femenina, PH: altura de planta, EH: altura de mazorca, Reps/A: repeticiones dentro de ambiente, Subl/Reps × A: subbloques dentro de repeticiones por ambiente, G × A: interacción genotipo por ambiente, CV: coeficiente de variación.

Con respecto a la prueba de medias, los híbridos testigos Pioneer P3097, P3092, 30F53 y el híbrido experimental LEARB9 × UAY113 fueron estadísticamente similares, con rendimientos de grano en 10.9, 10.6, 9.8 y 9.1 t ha⁻¹, lo que indica que el híbrido experimental es competitivo en rendimiento con los híbridos de las empresas comerciales de la región norte de Tamaulipas (Tabla 3). Así mismo, la cruza LEARB9 × UAY113 fue diferente estadísticamente al híbrido Syn307 (Syngenta) y H-443A (INIFAP), con rendimientos superiores de 300 y 800 kg ha⁻¹, este último, es un genotipo liberado por el INIFAP en el noreste de México. Estos resultados difieren con los de Reyes *et al.* (2009), quienes obtuvieron rendimientos de 4.9 a 8.3 t ha⁻¹ y un promedio de 7.1 t ha⁻¹ en el híbrido H-443A, siendo competitivo con los testigos comerciales A-7573Y, P30F53 y D-2020Y, que produjeron 6.8, 6.9 y 7.3 t ha⁻¹, respectivamente. Dentro del conjunto de genotipos seleccionados, los híbridos experimentales LEARB9 × UAY113 y LEARB3 × UAY101 se generaron con información molecular a través de pares de líneas con mayor distancia genética. Al respecto Lariépe *et al.* (2017) encontraron que al involucrar las distancias genéticas entre las líneas parentales de los híbridos se estima mejor la capacidad de combinación potencial

de las líneas endogámicas cuando se cruzan con líneas no relacionadas entre sí. Así mismo, Marcón *et al.* (2019) concluyeron que al utilizar marcadores moleculares de tipo SSRs se tiene una relación significativa entre las distancias genéticas de los progenitores y la heterosis en algunos caracteres morfo-agronómicos. Los híbridos UAY103 × LEARB23, UAY103 × LEARB2 y UAY103 × LEARB8 fueron formados con información de las líneas *per se*, lo que indica que las líneas progenitoras de dichos híbridos tienen una contribución importante en la expresión del rendimiento en grano, lo cual podría ser aprovechado en la liberación como híbridos de cruce simples o para generar variedades sintéticas dentro de un programa de mejoramiento genético de maíz (Guillén-De la Cruz *et al.*, 2009). Entre los híbridos generados con información de mestizos en este grupo selecto de híbridos no se identificó ningún material sobresaliente en rendimiento y sus componentes.

En cuanto a la variable SPW todas las cruzas se comportaron de manera similar en comparación con los híbridos comerciales, lo cual indican que los genotipos descubiertos tienen características favorables en porcentaje de desgrane, factor importante para obtener un buen rendimiento de grano (Tabla 3). Con relación a número de hileras (NR) y diámetro de mazorca (ED), los testigos fueron superiores a los híbridos experimentales, con valores de 15.6 y 15.4 en NR al igual que en ED, con valores de 4.9, 4.8 y 4.6 en ED. Para EL, los genotipos sobresalientes fueron P3097, 30F53, LEARB9 × UAY113, UAY103 × LEARB23, H443A, UAY101 × LEARB3 y UAY103 × LEARB8. Resultados similares se han obtenido en diferentes estudios (Acevedo-Cortés *et al.*, 2020; Rodríguez-Pérez *et al.*, 2020; Sánchez-Ramírez *et al.*, 2020), al encontrar significancia en los parámetros de rendimiento en líneas de maíz y sus combinaciones. Para días a floración masculina y femenina los genotipos oscilaron entre 76.8 y 81.8 para DFM, y entre 77.1 y 82.1 para DFF, mientras que para altura de planta y de mazorca los híbridos fueron de 190.3 a 217 cm en PH y de 61.1 a 82.6 cm en EH. Estos resultados demuestran divergencia genética amplia de acuerdo al origen de las líneas usadas como progenitores en las combinaciones híbridas, además del efecto de las condiciones climáticas y edáficas presentadas en las diferentes etapas fenológicas del cultivo. Lo obtenido en este estudio concuerda con los resultados de Velázquez-Cárdelas *et al.* (2018), quienes al evaluar híbridos comerciales y mestizos de maíz formados con germoplasma del INIFAP y CIMMYT, encontraron diferencias para casi todas las viables en estudio.

Tabla 3. Medias de 10 híbridos de maíz amarillos generados con información molecular, de evaluación de líneas *per se* y pruebas de mestizos para parámetros de rendimiento en Díaz Ordaz y Río Bravo, Tamaulipas, México, 2020.

Híbridos	YIELD	SPW	NR	ED	EL	DFM	DFF	PH	RH
P3097	10.9 ^a	87.4 ^{a-e}	13.0 ^{o-y}	4.6 ^{b-g}	17.0 ^{a-e}	79.0 ^{l-r}	79.6 ^{l-r}	217.8 ^a	76.6 ^{a-c}
P3092	10.6 ^{ab}	86.6 ^{a-g}	15.4 ^{a-j}	4.8 ^{ab}	15.8 ^{b-n}	81.1 ^{d-h}	82.1 ^{b-g}	206.8 ^{a-h}	82.6 ^a
30F53	9.8 ^{abc}	87.8 ^{a-e}	15.6 ^{a-g}	4.9 ^a	18 ^{ab}	81.0 ^{d-i}	81.6 ^{c-i}	202.18 ^{a-l}	73.1 ^{a-g}
LEARB9 × UAY113 [†]	9.1 ^{a-d}	86.8 ^{a-f}	13.6 ^{h-y}	4.5 ^{b-i}	16.2 ^{a-l}	81.0 ^{d-i}	81.3 ^{e-k}	193.1 ^{c-o}	70.0 ^{a-k}
SYN307	8.8 ^{b-e}	88.6 ^{abc}	15.4 ^{a-i}	4.6 ^{a-e}	15.6 ^{c-q}	77.8 ^{n-w}	78.6 ^{m-v}	209.1 ^{a-f}	73.0 ^{a-h}
UAY103 × LEARB23	8.4 ^{c-f}	85.2 ^{a-k}	14.4 ^{d-t}	4.6 ^{b-i}	16.4 ^{a-i}	78.1 ^{m-w}	79.0 ^{l-u}	203.1 ^{a-k}	70.1 ^{a-j}
UAY103 × LEARB2	8.4 ^{c-g}	85.6 ^{a-k}	14.8 ^{c-o}	4.6 ^{b-i}	15.8 ^{b-o}	78.3 ^{l-v}	79.1 ^{k-t}	201.3 ^{a-l}	61.1 ^{d-n}
H-443A	8.3 ^{c-h}	85.4 ^{a-k}	13.8 ^{g-y}	4.4 ^{d-q}	16.1 ^{a-m}	81.8 ^{c-f}	82.0 ^{c-h}	190.3 ^{e-p}	79.8 ^{abc}
LEARB3 × UAY101 [†]	8.2 ^{c-i}	85.2 ^{a-k}	14.4 ^{d-t}	4.5 ^{b-n}	16.3 ^{a-j}	80.0 ^{e-m}	81.6 ^{c-i}	206.0 ^{a-i}	71.3 ^{a-j}
UAY103 × LEARB8	8.1 ^{c-j}	87.9 ^{a-e}	13.2 ^{m-y}	4.3 ^{e-u}	15.9 ^{a-n}	76.8 ^{q-a}	77.1 ^{t-a}	200.6 ^{a-m}	74.5 ^{a-f}

[†]Detectado con información molecular. YIELD: rendimiento de grano, SPW: porcentaje de desgrane, NR: número de hileras, ED: diámetro de mazorca, EL; longitud de mazorca, DFM: días a floración masculino, DFF: días a floración femenina, PH: altura de planta, EH: altura de mazorca. Medias con letras iguales en cada columna no son estadísticamente diferentes (Tukey, $p \leq 0.05$).

Contrastes entre métodos genotécnicos

Un contraste es una combinación lineal de los efectos de tratamientos; si el número de tratamientos es k se pueden probar $k-1$ contrastes ortogonales (Rebolledo, 2002). La Tabla 4 muestra el análisis de varianza del experimento, donde se observa diferencias ($p \leq 0.01$) entre los tratamientos (métodos de mejoramiento) para las variables de rendimiento de grano (YIELD), altura de planta (PH) y altura de mazorca (EH) y significativa ($p \leq 0.05$) para diámetro de mazorca (ED), lo que indica que al menos un método de elección de progenitores difiere del resto en relación a estas variables.

Tabla 4. Cuadrados medios y significancia del análisis de varianza de tres métodos de elección de progenitores en híbridos de cruce simple de maíz, en Díaz Ordaz y Río Bravo, Tamaulipas, México, 2020.

SV	DF	YIELD	SPW	NR	ED	EL	DFM	DFF	PH	EH
Tratamientos	2	1.1**	3.6	0.9	0.0*	0.0	1.0	1.1	123.9**	18.4**
Bloques	5	10.0**	8.4*	2.6**	0.2**	2.0**	75.4**	62.1**	1370.2**	636.4**
Error		0.1	2.5	0.1	0.0	0.1	1.3	1.3	16.3	2.2
CV (%)		5.2	1.8	2.2	1.5	3.0	1.4	1.1	2.0	2.2

*, **: diferentes a $p \leq 0.05$ y 0.01 , respectivamente. SV: fuentes de variación, DF: grados de libertad, YIELD: rendimiento de grano, SPW: porcentaje de desgrane, NR: número de hileras, ED: diámetro de mazorca, EL: longitud de mazorca, DFM: días a floración masculina, DFF: días a floración femenina, PH: altura de planta, EH: altura de mazorca.

En cuanto a los dos contrastes, se visualiza que el contraste 1 (molecular vs *per se*, mestizos) mostró diferencias ($p \leq 0.01$ y 0.05) para rendimiento de grano, diámetro de mazorca, altura de planta y de mazorca (Tabla 5). Lo anterior revela que el uso de los marcadores moleculares en un programa de mejoramiento genético puede ser una herramienta útil para predecir eficazmente los progenitores para la generación de híbridos sobresalientes en estas características. Al respecto, Nyaga *et al.* (2020) sugieren que con la selección de las líneas parentales basada en marcadores moleculares a través de sus distancias genéticas es posible desarrollar híbridos sobresalientes para algunos parámetros de rendimiento. En este sentido, Tomkowiak *et al.* (2020) señalaron que al involucrar progenitores con mayores distancias genéticas, determinadas a través de marcadores moleculares SSRs, mayor será el efecto de heterosis para rendimiento y sus componentes; así mismo, varios autores han señalado que el uso de los métodos tradicionales de mejoramiento genético asistidos con marcadores moleculares da una mejor precisión de predicción en la generación de híbridos (Crossa *et al.*, 2017; Mwangangi *et al.*, 2019, Technow *et al.*, 2014). Por otro lado, Beyene *et al.* (2019) señalan que al introducir los marcadores moleculares en la selección fenotípica convencional es más prometedor para acelerar el desarrollo y la liberación de nuevos genotipos a un costo menor, tiempo y esfuerzo.

El segundo contraste (*per se* vs. mestizos) reveló diferencias ($p \leq 0.01$) en altura de mazorca y ($p \leq 0.05$) en altura de planta, sin diferencia en las demás variables de estudio. Esto demuestra que en los materiales de este estudio el utilizar la selección *per se* de las líneas o el uso de mestizo no difieren en relación con los caracteres de rendimiento; sin embargo, sí lo hace en las variables agronómicas.

Tabla 5. Contrastes ortogonales de tres métodos de mejoramiento con información molecular, de evaluación de líneas *per se* y prueba de mestizos para la formación de híbridos simples en maíz, en Díaz Ordaz y Río Bravo, Tamaulipas, México, 2020.

SV	DF	YIELD	SPW	NR	ED	EL	DFM	DFF	PH	EH
Molecular vs <i>per se</i> y mestizos	1	1.9**	3.7	0.0	0.0**	0.0	0.0	1.4	120.8*	0.4*
<i>Per se</i> vs mestizos	1	0.2	3.5	0.1	0.0	0.0	1.9	0.9	127.1*	36.4**

*, **: diferentes a $p \leq 0.05$ y 0.01 , respectivamente. SV: fuente de variación, DF: grados de libertad, YIELD: rendimiento de grano, SPW: porcentaje de desgrane, NR: número de hileras, ED: diámetro de mazorca, EL: longitud de mazorca, DFM: días a floración masculina, DFF: días a floración femenina, PH: altura de planta, EH: altura de mazorca.

Conclusiones

El uso de las estrategias estudiadas para selección de líneas parentales generó diferentes resultados en la formación de híbridos de cruce simple de maíz, en diferente magnitud de acuerdo con la variable de interés a mejorar. Se identificó un híbrido con rendimiento superior con base en distancia genética entre sus líneas parentales derivada con información molecular, que fue competente con los testigos comerciales de la región. Los marcadores moleculares de tipo microsatélites mostraron eficiencia en la predicción del desempeño de híbridos de cruce simple de maíz en comparación de los métodos genotécnicos tradicionales *per se* y mestizos. Los SSRs sirven como herramienta auxiliar dentro de los programas de mejoramiento genético en plantas para la predicción y generación de nuevos híbridos simples, con la ventaja de ahorros en tiempo y recursos al no involucrar pruebas de aptitud combinatoria de sus progenitores.

Contribución de los autores

Conceptualización del trabajo, RHM, ASV.; desarrollo de la metodología, RHM, ASV, CARM.; validación experimental, RHM, CARM.; análisis de resultados, RHM, ASV, HLS, RLO.; Manejo de datos, RHM, ASV; escritura y preparación del manuscrito, RHM, ASV, HLS, RLO, FCG.; redacción, revisión y edición, RHM, CARM, ASV, HLS, RLO, FCG.; administrador de proyectos, ASV, RHM.; adquisición de fondos, RHM, ASV.

“Todos los autores de este manuscrito han leído y aceptado la versión publicada del mismo.”

Conflicto de interés

“Los autores declaran no tener conflicto de interés”.

Referencias

- Acevedo-Cortés, M. A., Castillo-Gutiérrez, A., Andrade-Rodríguez, M., Núñez-Valdez, M. E., Perdomo-Roldan, F., & Suárez-Rodríguez, R. (2020). Aptitud combinatoria y potencial agronómico de líneas de maíz con diferente nivel de endogamia. *Acta Agrícola y Pecuaria*, 6(1). <https://doi.org/10.30973/aap/2020.6.0061023>
- Azofeita-Delgado, A. (2006). Uso de marcadores moleculares en plantas; aplicaciones en frutales del trópico. *Agronomía Mesoamericana*, 17(2), 221-242. <https://doi.org/10.15517/am.v17i2.5163>
- Beyene, Y., Gowda, M., Olsen, M., Robbins, K. R., Pérez-Rodríguez, P., Alvarado, G., Dreher, K., Gao, S. Y., Mugo, S., Prasanna, B. M. & Crossa, J. (2019). Empirical comparison of tropical maize hybrids selected through genomic and phenotypic selections. *Frontiers in Plant Science*, 10, 1502. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01502>
- Buenrostro-Robles, M., Lobato-Ortiz, R., García-Zavala, J. J., & Sánchez-Abarca, C. (2017). Rendimiento de líneas de maíz exótico irradiado con rayos gamma y de híbridos de cruza simple. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 40(3), 351-358. <https://doi.org/10.35196/rfm.2017.3.351-358>
- Cervantes-Adame, Y. F., Rebolloza-Hernández, H., Broa-Rojas, E., Olvera-Velona, A., & Bahena-Delgado, G. (2020). Efecto de heterosis en poblaciones nativas de maíz y sus cruza F_1 . *Biocencia*, 22(3), 11-19. <https://doi.org/10.18633/biotech.v22i3.992>
- CIMMYT, Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. (2006). Protocolos de Laboratorio. Laboratorio de Genética Molecular Aplicada. Tercera edición. CIMMYT. México D. F. 92 p.
- Crossa, J., Pérez-Rodríguez, P., Cuevas, J., Montesinos-López, O., Jarquín, D., De Los Campos, G., Burgueños, J., González-Camacho, J. M., Pérez-Elizalde, S., Beyene, Y., Dreisigacker, S., Singh, R., Zhang, X., Gowda, M., Roorkiwal, M., Rutkoski, J., & Varshney, R. K. (2017). Genomic selection in plant breeding: methods, models, and perspectives. *Trends in Plant Science*, 22(11), 961-975. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2017.08.011>
- Ferdoush, A., Haque, M. A., Rashid, M. M., & Bari, M. A. A. (2017). Variability and traits association in maize (*Zea mays* L.) for yield and yield associated characters. *In Journal of Bangladesh Agricultural University*, 15(2), 193-198. <https://doi.org/10.3329/jbau.v15i2.35062>
- Guillén-de la Cruz, P., De la Cruz-Lázaro, E., Castañón-Nájera, G., Osorio-Osorio, R., Brito-Manzano, N. P., Lozano-del Río, A., & López-Noverola, U. (2009). Aptitud combinatoria general y específica de germoplasma tropical de maíz. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 10(1), 101-107. <https://www.redalyc.org/pdf/939/93911243010.pdfv>
- Lariépe, A., Moreau, L., Laborde, J., Bauland, C., Mezouk, S., Décousset, L., Mary-Huard, T., Fiévet, J. B., Gallais, A., Dubreuil, P., & Charcosset, A. (2017). General and specific combining abilities in a maize (*Zea mays* L.) test-cross hybrid panel: Relative importance

- of population structure and genetic divergence between parents. *Theoretical and Applied Genetics*, 130, 403-417. <https://doi.org/10.1007/s00122-016-2822-z>
- Marcón, F., Martínez, E. J., Rodríguez, G. R., Zilli, A. L., Brugnoli, E. A., & Acuña, C. A. (2019). Genetic distance and the relationship with heterosis and reproductive behavior in tetraploid bahiagrass hybrids. *Molecular Breeding*, 39, 1-13. <https://doi.org/10.1007/s11032-019-0994-3>
- Miklas, P. N., Kelly, J. D., Beebe, S. D., & Blair, M. W. (2006). Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical to MAS breeding. *Euphytica*, 147:105-131. <https://doi.org/10.1007/s10681-006-4600-5>
- Mwangangi, I. M., Muli, J. K., & Neondo, J. O. (2019). Plant hybridization as an alternative technique in plant breeding improvement. *Asian Journal of Research in Crop Science*, 4(1), 1-11. <https://doi.org/10.9734/AJRCS/2019/v4i130059>
- Ni, J., Colowit, P. M., & Mackill D. J. (2002). Evaluation of genetic diversity in rice subspecies using microsatellite markers. *Crop Science*, 42(2):601-607. <https://doi.org/10.2135/cropsci2002.6010>
- Nyaga, C., Gowda, M., Beyene, Y., Murithi, W. T., Burgueno, J., Toledo, F., Makumbi, D., Olsen, M. S., Das, B., M, S. L., Bright, J. M., & Prasanna, B. M. (2020). Hybrid breeding for MLN resistance: heterosis, combining ability, and hybrid prediction. *Plants*, 9(4), 468. <https://doi.org/10.3390/plants9040468>
- Ramírez-Díaz, J. L., Vidal-Martínez, V. A., Alemán-de-la-Torre, I., Ledesma-Miramontes, A., Gómez-Montiel, N. O., Salinas-Moreno, Y., Bautista-Ramírez, E., Tapia-Vargas, L. M., & Ruiz-Corral, A. (2019). Selección de líneas y cruzas de maíz combinando las pruebas de mestizos y cruzas dialélicas. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 42 (4), 335-346. <https://doi.org/10.35196/rfm.2019.4.335-346>
- Rebolledo, R. H. H. (2002). Manual SAS por Computadora: Análisis Estadístico de Datos Experimentales. Trillas. México, D. F. 208 p.
- Reyes, M. C. A., Cantú, A. M. A., De la Garza, C. M., Vázquez, C. G., & Córdova, O. H. (2009). H-443A, Híbrido de maíz de grano amarillo para el noreste de México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 32(4), 331-333. <https://doi.org/10.35196/rfm.2009.4.331>
- Rodríguez, P. G., Treviño, R. J., Ojeda, Z. M., Cervantes, O. F., Ávila, P. M. A., & Gámez, V. A. (2020). Parámetros genéticos y aptitud combinatoria de líneas de maíz para grano. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 11(8), 1867-1878. <https://doi.org/https://doi.org/10.29312/remexca.v11i8.2085>
- Rohlf, F. J. (2009). NTSYSpc: Numerical Taxonomy System. Ver. 2.21c. Exeter Software: Setauket: New York.
- Sánchez-Ramírez, F. J., Mendoza-Castillo, M. C., & Mendoza-Mendoza, C. G. (2020). Evaluación de mestizos y uso de técnicas multivariadas para identificar líneas sobresalientes de maíz. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 11(2), 433-439. <https://doi.org/10.29312/remexca.v11i2.1778>
- SAS Institute Inc. (2011). SAS/STAT® 9.4 User's Guide. SAS Institute Inc. Cary, North Carolina, USA. 8640 p.
- Singh, G., Kumar, R., & Jasmine. (2017). Genetic parameters and character association study for yield traits in maize (*Zea mays* L.). *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 6(5), 808-813. <https://www.phytojournal.com/archives/2017/vol6issue5/PartL/6-5-14-319.pdf>

- SIAP (Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera). (2020). Anuario Estadístico de la Producción Agrícola. Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural. Ciudad de México. <https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/> (Enero 2021).
- Technow, F., Schrag, T. A., Schipprack, W., Bauer, E., Simianer, H., & Melchinger, A. E. (2014). Genome properties and prospects of genomic prediction of hybrid performance in a breeding program of maize. *Genetics*, 197(4), 1343-1355. <https://doi.org/10.1534/genetics.114.165860>
- Tomkowiak, A., Bocianowski, J., Kwiatek, M., & Kowalczewski, P. L. (2020). Dependence of the heterosis effect on genetic distance, determined using various molecular markers. *Open Life Sciences*, 15(1), 1-11. <https://doi.org/10.1515/biol-2020-0001>
- Velázquez-Cárdelas, G. A., González-Huerta, A., Pérez-López, D. J., & Castillo-González, F. (2018). Comportamiento de mestizos de maíz en tres localidades del centro de México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícola*, 9(6), 1217-1230. <https://doi.org/10.29312/remexca.v9i6.1586>
- Vélez-Torres, M., García-Zavala, J. J., Lobato-Ortiz, R., Benítez-Riquelme, I., López-Reynoso, J. J., Mejía-Contreras, J. A., & Esquivel-Esquivel, G. (2018). Estabilidad del rendimiento de cruas dialélicas entre líneas de maíz de alta y baja aptitud combinatoria general. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 41(2), 167-175. <https://doi.org/10.35196/rfm.2018.2.167-175>
- Wright, S. (1978). *Evolution and the Genetic of Populations*. Vol. 4. Variability Within and Among Natural Populations. University of Chicago Press. Chicago, USA. 590 p.