

## Estimación de parámetros genéticos y selección de líneas $S_1$ en una población segregante de maíz tropical\*

### Estimation of genetic parameters and selection of $S_1$ lines in a segregating population of tropical maize

Hermes Rebolloza Hernández<sup>1</sup>, Antonio Castillo Gutiérrez<sup>2§</sup>, Vicente Emilio Carapia Ruíz<sup>2</sup>, María Andrade Rodríguez<sup>1</sup>, Oscar Gabriel Villegas Torres<sup>1</sup>, María Eugenia Núñez Valdés<sup>2</sup>, Ramón Suárez Rodríguez<sup>2</sup> y Francisco Perdomo Roldán<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidad Autónoma del estado de Morelos-Facultad de Ciencias Agropecuarias. Av. Universidad Núm. 1001, Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos. CP. 62209. Tel. 777 329 7981. <sup>2</sup>Universidad Autónoma del Estado de México. <sup>§</sup>Autor para correspondencia antonio.castillo@uaem.edu.mx.

#### Resumen

En México se cultivan 7.5 millones de hectáreas con maíz, con un rendimiento de grano promedio de 3.2 t ha<sup>-1</sup>, una estrategia para incrementar el rendimiento es el uso de variedades mejoradas. Los objetivos del presente estudio fueron: 1) estimar los parámetros genéticos en una población segregante de maíz tropical; 2) seleccionar líneas  $S_1$  con base en el rendimiento de grano y precocidad; y 3) determinar la correlación fenotípica y genética entre caracteres. El germoplasma de estudio fueron 193 líneas  $S_1$  segregantes, los progenitores y un testigo, las líneas  $S_1$  provienen de la población  $F_2$  de la cruce de Ac7643 x B-39. Las líneas se evaluaron bajo riego usando un diseño látice alfa con dos repeticiones, en los ciclos primavera-verano 2013 y otoño-invierno 2013/2014, en Ayala, Morelos. Las variables registradas fueron días a floración masculina (FM) y femenina (FF), sincronía floral (SF), altura de planta (AP) y mazorca (AM), y rendimiento de grano (RG). Los resultados indican que el coeficiente de variación genético aditivo para RG fue de 17% y en FM de 4%; la heredabilidad para los mismos caracteres resultó de 0.42 y 0.80, respectivamente. La ganancia genética esperada para RG fue de 0.143 t ha<sup>-1</sup> y para FM de -0.62 d. La línea LUM-80 resultó con herencia transgresiva positiva en RG. Las correlaciones fenotípicas y genéticas entre RG y el resto de

#### Abstract

In Mexico 7.5 million hectares of corn are grown, with an average grain yield of 3.2 t ha<sup>-1</sup>, a strategy to increase yield is the use of improved varieties. The objectives of this study were 1) estimate genetic parameters in a segregating population of tropical maize; 2) select  $S_1$  lines based on grain yield and earliness; and 3) determine the phenotypic and genetic correlation between traits. The germplasm under study consisted of 193 segregating  $S_1$  lines, parents and a control,  $S_1$  lines come from the  $F_2$  population from crossing Ac7643 x B-39. The lines were evaluated under irrigation using an alpha lattice design with two replications during the spring-summer 2013 and autumn-winter 2013/2014 cycle, in Ayala, Morelos. The variables recorded were days to male (FM) and female silking (FF), floral synchrony (SF), plant height (AP) and cob (AM) and grain yield (RG). The results indicate that the coefficient of additive genetic variation for RG was 17% and for FM 4%; heritability for the same traits was 0.42 and 0.80, respectively. The expected genetic gain for RG was 0.143 t ha<sup>-1</sup> and for FM -0.62 d. The LUM-80 line turned with positive transgressive inheritance in RG. Phenotypic and genetic correlations between RG and the rest of the traits were low. The high degree of genetic variability present in the segregating population allows continuing with the breeding program.

\* Recibido: agosto de 2016  
Aceptado: octubre de 2016

caracteres fueron bajas. El alto grado de variabilidad genética presente en la población segregante permite continuar con el programa de mejoramiento genético.

**Palabras clave:** ganancia genética, heredabilidad, herencia transgresiva.

## Introducción

En México se cultivan 7.5 millones de hectáreas con maíz, con un promedio de rendimiento de 3.2 t ha<sup>-1</sup> (SAGARPA-SIAP, 2013). Una estrategia para incrementar los rendimientos de grano de maíz a nivel nacional, es el uso de variedades mejoradas, que pueden ser de polinización libre, sintéticas o híbridas (Hallauer y Miranda, 1988). En la formación de variedades de polinización libre se utilizan esquemas de mejoramiento intrapoblacional por medio de la selección recurrente, donde el principal objetivo es incrementar la frecuencia de alelos favorables en la población (Hallauer, 1981). El conocimiento de la magnitud de los parámetros genéticos de la población base de selección, permite diseñar la mejor estrategia a seguir en programas de mejoramiento genético (Rovarís *et al.*, 2011).

Las poblaciones base de selección pueden formarse a partir del cruzamiento entre líneas endogámicas contrastantes, del cruzamiento entre variedades mejoradas, por el entrecruzamiento de un grupo de líneas o poblaciones (pool genético), o pueden ser poblaciones nativas de maíz (poblaciones panmícticas). Las combinaciones germoplásmicas derivadas de poblaciones nativas x variedades mejoradas también pueden ser germoplasma base para programas de mejoramiento genético en maíz (Dzib-Aguilar *et al.*, 2011).

El maíz híbrido fue uno de los primeros ejemplos de la teoría genética aplicada con éxito en la producción de alimentos, la base genética de la heterosis sigue siendo desconocida (Duvick, 2001). La base de la formación de híbridos comerciales son las líneas endogámicas de buena aptitud combinatoria: sin embargo, el éxito de la obtención de líneas sobresalientes, depende del nivel de variabilidad genética presente en la población segregante y de la frecuencia génica de alelos de interés (Borel *et al.*, 2013).

En programas de mejoramiento genético es deseable contar con el conocimiento genético de las poblaciones base para facilitar la selección de líneas superiores. Para la elección

**Keywords:** genetic gain, heritability, transgressive inheritance.

## Introduction

In Mexico 7.5 million hectares are cultivated with corn, an average yield of 3.2 t ha<sup>-1</sup> (SIAP-SAGARPA, 2013). A strategy to increase grain yield of corn nationwide is the use of improved varieties, which can be free, synthetic or hybrid pollination (Hallauer and Miranda, 1988). In the formation of open-pollinated varieties, intra-population breeding schemes are used by recurrent selection, where the main objective is to increase the frequency of favorable alleles in the population (Hallauer, 1981). Knowledge of the magnitude of genetic parameters of the selection base population, allows designing the best strategy to follow in breeding programs (Rovarís *et al.*, 2011).

The selection base populations can be formed from the cross between contrasting inbred lines, from crosses between improved varieties, through crossing a group of lines or populations (gene pool), or may be native maize populations (panmictic populations). Germplasm combinations derived from native populations x improved varieties can also be germplasm base for breeding programs in maize (Dzib-Aguilar *et al.*, 2011).

Corn hybrid was one of the first examples of genetic theory successfully applied in food production, the genetic basis of heterosis remains unknown (Duvick, 2001). The basis for commercial hybrids formation are inbred lines of good combining ability; however, the success of obtaining outstanding lines, depends on the level of genetic variability present in the segregating population and of gene frequency of alleles of interest (Borel *et al.*, 2013).

In breeding programs it is desirable to count with genetic knowledge of base populations to facilitate selection of top lines. To choose the plant breeding scheme, it is necessary to know the type of inheritance or gene specific action for quantitative traits of agronomic interest (Peyman *et al.*, 2009). The main objective of breeding programs is to increase grain yield; there are other selection criteria for traits in maize genotypes that can be useful to plant breeders, such as: i) greater permanence of green leaves; ii) reduced spike size; and iii) erect leaves (Chapman and Edmeades, 1999; Edmeades *et al.*, 1999).

del esquema de fitomejoramiento es necesario conocer el tipo de herencia o acción génica específica para caracteres cuantitativos de interés agronómico (Peyman *et al.*, 2009). El objetivo principal de los programas de mejoramiento genético es incrementar el rendimiento de grano; existen otros criterios de selección para caracteres en genotipos de maíz que pueden ser de utilidad al fitomejorador, tales como: i) mayor permanencia verde de hojas; ii) tamaño reducido de espiga; y iii) hojas erectas (Chapman y Edmeades, 1999; Edmeades *et al.*, 1999).

La estimación de parámetros genéticos en poblaciones segregantes de maíz proporciona información sobre la variación genética existente en la población y sustenta el avance del proceso de selección. La proporción de la varianza genética que es heredable se descompone en una porción aditiva asociada al efecto promedio de los efectos de los genes, una porción de dominancia, debida a la interacción alélica intralocus y a la epistasis (Hallauer, 1981). La varianza aditiva mide la cantidad de variación presente en la población que se debe a efectos aditivos de los genes, en tanto que el coeficiente de variación genético aditivo permite cuantificar la magnitud de la variación genética que puede ser aprovechada por la selección recurrente (Rovaris *et al.*, 2011). La estimación de la heredabilidad es indispensable para predecir la respuesta a la selección en una población, dicha respuesta se define como un cambio en la media poblacional de la generación siguiente. La heredabilidad en sentido amplio se determinó para altura de planta en líneas S<sub>1</sub> de siete poblaciones de maíz y tuvo un rango de expresión de 0.58 a 0.8 (Garbuglio *et al.*, 2009).

La estimación de la asociación entre caracteres es de gran utilidad en el mejoramiento genético de plantas, debido a que permite estimar el efecto que tiene la selección en dos o más caracteres y realizar selección indirecta con base en un carácter de fácil medición. La causa principal de la correlación genética entre caracteres es la pleiotropía y una causa transitoria lo es el ligamiento génico, especialmente en poblaciones derivadas de líneas muy divergentes (Falconer y Mackay, 1996). La finalidad de desarrollar líneas S<sub>1</sub> a partir de poblaciones segregantes es explotar el efecto de la herencia transgresiva en caracteres de interés agronómico, lo que permitiría seleccionar líneas que muestren una mayor expresión fenotípica que la de su mejor progenitor, lo que conlleva a identificar líneas endogámicas sobresalientes. Los objetivos de esta investigación fueron: 1) estimar los parámetros genéticos en una población segregante de maíz tropical; 2) seleccionar líneas S<sub>1</sub> con

The estimation of genetic parameters in segregating maize populations provides information on the genetic variation present in the population and supports the progress of the selection process. The proportion of the genetic variance that is heritable is broke down in an additive portion associated with the average effect of gene effects, a portion of dominance, due to intralocus allelic interaction and to epistasis (Hallauer, 1981). Additive variance measures the amount of variation present in the population which is due to additive gene effects, while the coefficient of genetic additive variation allows quantifying the extent of genetic variation that can be exploited by recurrent selection (Rovaris *et al.*, 2011). The estimate of heritability is essential to predict the selection response in a population; such response is defined as a change in the population mean of the next generation. Broad-sense heritability was determined for plant height in S<sub>1</sub> lines from seven corn populations and had an expression ranged of 0.58 to 0.8 (Garbuglio *et al.*, 2009).

The estimate of the association among traits is useful in plant breeding because it allows estimating the selection effect in two or more traits and performs indirect selection based on a trait easy to measure. The main cause of the genetic correlation between traits is pleiotropy and a transient cause genetic linkage, especially in populations derived from highly divergent lines (Falconer and Mackay, 1996). The purpose of developing S<sub>1</sub> lines from segregating populations is to exploit the effect of transgressive inheritance in traits of agronomic interest, which would allow selecting lines that show greater phenotypic expression than that from its best parent, leading to identify inbred outstanding lines. The objectives of this research were: 1) to estimate genetic parameters in a segregating population of tropical maize; 2) select S<sub>1</sub> lines based on grain yield and earliness in male flowering; and 3) determine the phenotypic and genetic correlation between traits.

## Materials and methods

The genetic material was constituted by 193 S<sub>1</sub> lines, plus Ac7643, B39 and Ac7729/TZSRW. Tropical inbred lines Ac7643 and Ac7729 / TZSRW were provided by the International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT) and the sub-tropical B39 line by the National Institute of Forestry, Agriculture and Livestock (INIFAP). The S<sub>1</sub> lines come from an F<sub>2</sub> generation from the initial cross between the lines Ac7643 x B39, performed in the

base en el rendimiento de grano y precocidad en floración masculina; y 3) determinar la correlación fenotípica y genética entre caracteres.

## Materiales y métodos

El material genético se constituyó por 193 líneas  $S_1$ , además de Ac7643, B39 y Ac7729/TZSRW. Las líneas endogámicas tropicales Ac7643 y Ac7729/TZSRW fueron proporcionadas por el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) y la línea sub-tropical B39 por el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP). Las líneas  $S_1$  provienen de la generación  $F_2$  del cruzamiento inicial entre las líneas Ac7643 x B39, que se realizó en el ciclo primavera-verano 2010, en el programa de mejoramiento genético de maíz de la Escuela de Estudios Superiores de Xalostoc (EESuX) de la Universidad Autónoma del Estado de Morelos.

En el campo experimental de la EESuX, durante el ciclo primavera-verano 2012, se sembró la generación  $F_1$  en un lote de 500 m<sup>2</sup>, al momento de la floración se realizó la autofecundación de 120 plantas  $F_1$ , y en la cosecha se eligieron 80 mazorcas con base en su sanidad, se desgranaron y mezclaron para formar la población  $F_2$ . Finalmente, la semilla  $F_2$  se sembró en el ciclo otoño-invierno 2012/2013 en un lote de 700 m<sup>2</sup> y 250 plantas no seleccionadas se autofecundaron para derivar las 193 líneas  $S_1$ , que conforman la población segregante objeto de estudio en esta investigación.

La evaluación de las 196 líneas se realizó bajo condiciones de riego durante los ciclos primavera-verano 2013 y otoño-invierno 2013/2014 en el campo experimental de la EESuX, localizado en Ayala, Morelos, con ubicación geográfica de 18° 46' 01" de latitud norte y 98° 58' 96" de longitud oeste, una altitud de 1218 msnm, 885 mm de precipitación media anual y de clima tropical cálido sub-húmedo (INEGI, 2014). El diseño experimental que se utilizó en ambos ciclos agrícolas fue un látice alfa simple de 14 x 14 con dos repeticiones. La unidad experimental la representó un surco de 5 m de largo, 0.8 m entre surcos y 0.25 m entre plantas. Las variables de respuesta fueron: floración masculina (FM) y femenina (FF), ambas se determinaron por los días transcurridos desde la emergencia hasta que 50% más uno de las plantas en la unidad experimental se encontraron en anthesis y emergencia de estigmas, respectivamente. La sincronía floral (SF), se determinó por la diferencia en

spring-summer 2010, in the maize breeding program from the Escuela de Estudios Superiores of Xalostoc (EESuX) belonging to the Universidad Autónoma del Estado de Morelos.

In the experimental field of EESuX during the spring-summer 2012 cycle,  $F_1$  generation was planted on a field of 500 m<sup>2</sup>, at the time of flowering a self-pollination of 120  $F_1$  plants was performed, and at harvest 80 cobs were chosen based on their health, were shelled and mixed to form the  $F_2$  population. Finally, the  $F_2$  seed was sown in the autumn-winter 2012-2013 cycle in a field of 700 m<sup>2</sup> and 250 not selected plants were self-pollinated to derive the 193  $S_1$  lines, which make up the segregating population under study in this research.

The evaluation of the 196 lines was conducted under irrigation conditions during the spring-summer 2013 and autumn-winter 2013-2014 cycles in the experimental field from EESuX, located in Ayala, Morelos, with geographic location of 18° 46' 01" north latitude and 98° 58' 96" west longitude, an altitude of 1 218 masl, annual rainfall of 885 mm and warm tropical sub-humid climate (INEGI, 2014). The experimental design used in both agricultural cycles was a simple alpha lattice of 14 x 14 with two replications. The experimental unit was composed of a groove 5 m long, 0.8 m between rows and 0.25 m between plants. The response variables were: male (FM) and female (FF) flowering, both were determined by the days elapsed since emergence until 50% plus one of the plants in the experimental unit was in anthesis and stigmata emergence, respectively. Flowering synchrony (SF) was determined by the difference in days over FM and FF. Plant (AP) and cob (AM) height were expressed in cm and consisted in measuring the length from the knot of adventitious roots to the knot from flag leaf and insertion knot of the main cob, respectively. Grain yield (RG) was determined at 15.5% moisture, an adjustment per covariance for each environment between RG and number of harvested plants was performed, and it was expressed in t ha<sup>-1</sup>.

The variables measured were tested for normality and it was necessary to normalize only the variable SF, through transformation:  $SF_T = \ln \sqrt{SF + 10}$ . The data was processed through an analysis of variance, multiple range test Tukey ( $p < 0.05$ ) and analysis of genetic and phenotypic correlation. All the statistical analyzes were performed using the Statistical Analysis Package System (SAS) [SAS, 1999]. The estimation of additive genetic



días entre FM y FF. Las alturas de planta (AP) y mazorca (AM) se expresaron en cm y consistió en medir la longitud desde el nudo de las raíces adventicias hasta el nudo de la hoja bandera y el nudo de inserción de la mazorca principal, respectivamente. El rendimiento de grano (RG) se determinó al 15.5% de humedad, se realizó un ajuste por covarianza para cada ambiente entre RG y número de plantas cosechadas, se expresó en t ha<sup>-1</sup>.

Las variables medidas se probaron para normalidad y fue necesario normalizar sólo la variable de SF, a través de la transformación:  $SF_T = \ln \sqrt{SF} + 10$ . Los datos se procesaron por medio de análisis de varianza, prueba de rango múltiple de Tukey ( $p < 0.05$ ) y análisis de correlación genética y fenotípica. La totalidad de los análisis estadísticos se realizaron con el paquete Statistical Analysis System (SAS) [SAS, 1999]. La estimación de la varianza genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), varianza fenotípica ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), heredabilidad en sentido estrecho ( $\hat{h}^2$ ), coeficiente de variación genético aditivo ( $CV_A$ ) y ganancia genética ( $\Delta_G$ ), se realizó con base en los componentes de varianza, estimados a partir de las esperanzas de cuadrados medios. La  $\Delta_G$  se calculó con la fórmula siguiente:  $\Delta_G = \frac{kc\sigma_A^2}{\sqrt{(\sigma_e^2/rt) + (\sigma_{AE}^2 + 1/4\sigma_{DE}^2)/t + \sigma_A^2 + 1/4\sigma_D^2}}$  (Fehr, 1993). Los valores de  $\Delta_G$  para FM y FF se calcularon para dilucidar la precocidad de las líneas selectas. Se determinaron los correspondientes errores estándar para los estimadores de los parámetros genéticos, así como el intervalo de confianza ( $IC_{h^2}$ ) al 95% para la  $\hat{h}^2$ .

## Resultados y discusión

Los análisis de varianza (Cuadro 1) en las fuentes de variación de ambientes y líneas detectaron diferencias estadísticas ( $p \leq 0.01$  y  $p \leq 0.05$ ) en la totalidad de los caracteres, en tanto que en la interacción líneas x ambientes no se observaron diferencias significativas para los caracteres altura de planta y mazorca. Los coeficientes de variación fluctuaron entre 2.50 y 24.20%, estos valores correspondieron a floración masculina y rendimiento de grano, respectivamente. Las diferencias estadísticas entre ambientes pueden ser atribuidas a los efectos de temperatura y humedad relativa, toda vez que los experimentos se condujeron en la misma localidad, pero en diferentes ciclos agrícolas, donde las temperaturas fluctuaron de 21.8 a 19.5 °C y de 20.0 a 23.4 °C, respectivamente. En tanto que la humedad relativa osciló de 78.1 a 74.7 y de 54.2 a 62.3%, respectivamente

variance ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), phenotypic variance ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), narrow sense heritability ( $\hat{h}^2$ ), coefficient of additive genetic variation ( $CV_A$ ) and genetic gain ( $\Delta_G$ ), was made based on the variance components, estimated from the expected mean squares.  $\Delta_G$  was calculated with the following formula:

$$\Delta_G = \frac{kc\sigma_A^2}{\sqrt{(\sigma_e^2/rt) + (\sigma_{AE}^2 + 1/4\sigma_{DE}^2)/t + \sigma_A^2 + 1/4\sigma_D^2}} \quad (\text{Fehr, 1993}).$$

$\Delta_G$  values for FM and FF were calculated to elucidate the precocity of the selected lines. The corresponding standard errors for the estimates of genetic parameters were calculated, as well as the confidence interval ( $IC_{h^2}$ ) at 95% for  $\hat{h}^2$ .

## Results and discussion

The analysis of variance (Table 1) in the sources of variation of environments and lines detected statistical differences ( $p \leq 0.01$  and  $p \leq 0.05$ ) in all the traits, while for lines x environments interaction no significant differences were observed for plant height and cob traits. The coefficients of variation ranged between 2.50 and 24.20%, these values correspond to male flowering and grain yield, respectively. The statistical differences between environments can be attributed to the effects of temperature and relative humidity, since the experiments were conducted in the same locality, but in different agricultural cycles, where temperatures ranged from 21.8 to 19.5 °C and 20.0 to 23.4 °C, respectively; while relative humidity ranged from 78.1 to 74.7 and 54.2 to 62.3%, respectively (SEMARNAT, 2015). Due to random fluctuation of the environment, it is necessary to perform the agronomic evaluation of maize through different environments, which would allow a more accurately estimate of the genetic components value and separate environmental-genetic effect (Gutiérrez *et al.*, 2004; Alejos *et al.*, 2006).

Statistical differences observed between lines, is the result of genetic variability of the germplasm, which was derived from multiple allelic combinations in a segregating population (Ribaut *et al.*, 1996, Agrama and Moussa, 1996). The presence of genotype-environment interaction was present in four of the six measured traits, which can be explained by the high number of genotypes from the segregating population and the differential effect that environmental factors produce on genotypes (Fehr, 1993).

(SEMARNAT, 2015). Debido a la fluctuación aleatoria del ambiente, la evaluación agronómica del germoplasma de maíz requiere se realice a través de diferentes ambientes, lo que permite estimar con mayor precisión el valor de los componentes genéticos y separar el efecto genético ambiental (Gutiérrez *et al.*, 2004; Alejos *et al.*, 2006).

Table 2, shows the estimates of genetic parameters for segregating population under study; this table shows that the estimate of phenotypic variance for all the tested traits showed a greater magnitude in relation to the estimation of the additive variance. The values of the coefficients of additive genetic variation were expressed in amplitude of

**Cuadro 1. Cuadrados medios de las variables medidas en Cd. Ayala, Mor. Primavera-verano 2013 y otoño-invierno 2013-2014.**  
**Table 1. Mean squares of the variables measured in Cd. Ayala, Mor. Spring-summer 2013 and autumn-winter 2013-2014.**

FV	GL	FM	FF	SF	AP	AM	RG
		(d)	(d)	(trans.)†	(cm)	(cm)	(t ha <sup>-1</sup> )
A	1	5907.02**	3915.18**	0.249**	11393.53**	11006.26**	40.34**
R/A	2	13.43*	36.86**	0.02**	8391.82**	3450.03**	1.38**
B/A x R	52	7.29**	12.99**	0.004**	329.96**	91.54**	0.24**
Líneas (L)	195	51.98**	58.26**	0.004**	1032.44**	446.38**	0.48**
L x A	195	10.36**	11.19**	0.004**	33.01NS	12.48NS	0.28**
Error	338	3.35	3.93	0.002	104.12	37.06	0.09
CV (%)		2.5	2.62	3.95	6.18	9.73	24.2
Media		73.25	75.53	1.25	165.08	62.56	1.28
R <sup>2</sup>		0.95	0.94	0.74	0.89	0.91	0.87

FV= fuente de variación; GL= grados de libertad; FM= floración masculina; FF= floración femenina; SF= sincronía floral; AP= altura de planta; AM= altura de mazorca; A= ambientes; R= repeticiones; B= bloques, \*, \*\* significativo al 0.05 y 0.01 de probabilidad, respectivamente; †= valores transformados por  $\ln(SF + 10)^{0.5}$ ; RG= rendimiento de grano.

Las diferencias estadísticas observadas entre las Líneas, es el resultado de la variabilidad genética en el germoplasma utilizado, la cual se derivó a partir de múltiples combinaciones alélicas en una población segregante (Ribaut *et al.*, 1996, Agrama y Moussa, 1996). La presencia de interacción genotipo-ambiente se presentó en cuatro de los seis caracteres medidos, la cual se puede explicar por el alto número de genotipos provenientes de la población segregante y el efecto diferencial que los factores del ambiente producen en los genotipos (Fehr, 1993).

En el Cuadro 2, se presentan las estimaciones de los parámetros genéticos para la población segregante en estudio. En este cuadro se observa que la estimación de la varianza fenotípica en todos los caracteres evaluados mostró una mayor magnitud en relación a la estimación de la varianza aditiva. Los valores de los coeficientes de variación genético aditivos se expresaron en una amplitud de 4 a 17%, estos valores se relacionaron con los caracteres de floración masculina y rendimiento de grano, respectivamente. La heredabilidad de los caracteres tuvo valores desde 4% (sincronía floral) hasta 97% (altura de planta). Con base en la presión de selección ejercida (20%) en la población segregante, el estimador de ganancia genética ( $\Delta_G$ ) para los caracteres críticos de selección, resultó con valores de -0.62

4 to 17%, these values were related to the traits from male flowering and grain yield respectively. Traits heritability had values from 4% (floral synchrony) to 97% (plant height). Based on the selection pressure (20%) in the segregating population, genetic gain estimator ( $\Delta_G$ ) for critical traits selection, was -0.62 d in male flowering and 0.143 t ha<sup>-1</sup> for grain yield, which establishes that the select lines tend to reduce their male flowering.

The components of additive and phenotypic variance were in accordance with expectations, because, phenotypic variance is comprised by the genetic effect, the deviation attributable to the environment and by the component genotype x environment interaction, so in genetic studies, it is expected that phenotypic variance magnitudes exceeds additive variance; a similar behavior of these parameters was found in a study designed to assess the genetic effects in populations derived from crosses between commercial corn hybrids (Gutiérrez *et al.*, 2004).

The coefficient of additive genetic variation ( $CV_A$ ) in this study, overall revealed a major amount of the additive component in the segregating population, mainly in grain yield (17.47%), ear (16.65%) and plant (9.57%) height traits. Based on coefficients of additive genetic variation,

d en floración masculina y de 0.143 t ha<sup>-1</sup> para rendimiento de grano, lo que establece que las líneas selectas tienden a reducir su floración masculina.

Los componentes de varianza aditiva y fenotípica resultaron de acuerdo con lo esperado, debido a que la varianza fenotípica está constituida además del efecto genético, por la desviación atribuible al ambiente y por el componente de interacción genotipo x ambiente, por lo que en estudios genéticos, se espera que las magnitudes de varianza fenotípica superen a las de varianza aditiva; similar comportamiento de los parámetros mencionados se encontró en un estudio diseñado para valorar los efectos genéticos en poblaciones obtenidas a partir de la cruce entre híbridos comerciales de maíz (Gutiérrez *et al.*, 2004).

quantified in a synthetic variety of tropical maize for the same characters, RG= 6.12%; AM= 3.13%; AP= 2.25% (Rovaris *et al.*, 2011), can be concluded that this segregating population has a high additive genetic variation, which guarantees a substantial genetic gain per selection cycle. Furthermore, the amount of genetic variation decreases through the process of breeding population, as observed in a Brazilian corn population, where the original population showed a coefficient of genetic variation of 15.3%, while in the third selection cycle this coefficient decreased to 7.1% (Paterniani, 1967).

Regarding to the results of heritability, most of the characters (except in floral synchrony) had high estimates in this parameter, so in the population under selection

**Cuadro 2. Parámetros genéticos de las variables medidas en Ayala, Morelos en primavera-verano 2013 y otoño-invierno 2013/2014.**

**Table 2. Genetic parameters from measured variables in Ayala, Morelos in spring-summer 2013 and autumn-winter 2013-2014.**

Parámetro estimado	FM	FF	SF	AP	AM	RG
	(d)			(cm)		(t ha <sup>-1</sup> )
$\sigma^2_A$	10.40±2.62	11.77±2.94	0.03±0.16	249.86±52.17	108.47±22.53	0.05±0.02
$\sigma^2_F$	12.99±2.62	14.56±2.94	0.74±0.15	258.11±52.01	111.59±22.49	0.12±0.02
CV <sub>A</sub> (%)	4.4	4.54	7.27	9.57	16.65	17.47
h <sup>2</sup>	0.80±0.23	0.81±0.23	0.04±0.38	0.97±0.19	0.97±0.19	0.42±0.34
ICh <sup>2</sup> <sub>inferior</sub>	0.71	0.72	-0.38	0.95	0.96	0.16
ICh <sup>2</sup> <sub>superior</sub>	0.86	0.86	0.33	0.98	0.98	0.59
$\Delta_G$	-0.62	-0.79	-0.34	17.46	9.21	0.14
$\mu_{PS}$	73.24	75.52	2.28	164.98	62.54	1.26
$\mu_{LS}$	72.69	74.82	2.13	175.9	68.91	1.77

$\sigma^2_A$  = varianza aditiva;  $\sigma^2_F$  = varianza fenotípica; CV<sub>A</sub> = coeficiente de variación genético aditivo; h<sup>2</sup> = heredabilidad; FM = floración masculina; FF = floración femenina; SF = sincronía floral; AP = altura de planta; AM = altura de mazorca; RG = rendimiento de grano.  $\Delta_G$  = ganancia genética.  $\mu_{PS}$  = media de la población segregante;  $\mu_{LS}$  = media de líneas seleccionadas; ICh<sup>2</sup><sub>inferior</sub> = intervalo de confianza para heredabilidad ( $\alpha=0.05$ ).

El coeficiente de variación genético aditivo (CV<sub>A</sub>) en este estudio, reveló en general una cantidad importante del componente aditivo en la población segregante, principalmente en los caracteres de rendimiento de grano (17.47%), altura de mazorca (16.65%) y de planta (9.57%). Con base en los coeficientes de variación genético aditivo, cuantificados en una variedad sintética de maíz tropical para los mismos caracteres, RG= 6.12%; AM= 3.13%; AP= 2.25%, (Rovaris *et al.*, 2011), se puede concluir que esta población segregante tiene una alta variación genética aditiva, lo que garantiza un avance genético substancial por ciclo de selección. Por otro

predominate additive genetic effects (Rafiq *et al.*, 2010), as it was demonstrated in the values from the coefficients of additive genetic variation. The heritability for grain yield in this study was 0.42, a similar estimate was obtained for the same trait (h<sup>2</sup>=0.43) in a synthetic variety (Rovaris *et al.*, 2011) and contrasts with the high heritability (h<sup>2</sup>=0.88) reported for recombinant inbred lines of tropical maize (Ferreira *et al.*, 2015), the results show that estimates of genetic parameters are specific to the population under study. The estimated heritability for male flowering (0.80) in the present study, is very similar to that value reported

lado, la cantidad de variación genética disminuye a través del proceso de mejoramiento de la población, como se observó en una población brasileña de maíz, donde la población original mostró un coeficiente de variación genético de 15.3%, en tanto que en el tercer ciclo de selección dicho coeficiente disminuyó a 7.1% (Paterniani, 1967).

Con relación a los resultados de heredabilidad, la mayoría de los caracteres (excepto en sincronía floral) resultaron con estimaciones altas en este parámetro, por lo que en la población bajo selección predominan efectos genéticos aditivos (Rafiq *et al.*, 2010), como ya se demostró en los valores de los coeficientes de variación genético aditivos. La heredabilidad para rendimiento de grano en esta investigación fue de 0.42, similar estimación se obtuvo para el mismo carácter ( $h^2=0.43$ ) en una variedad sintética (Rovaris *et al.*, 2011) y contrasta con la alta heredabilidad ( $h^2=0.88$ ) reportada para líneas recombinantes de maíz tropical (Ferreira *et al.*, 2015), los resultados evidencian que las estimaciones de parámetros genéticos son específicas para la población bajo estudio. La heredabilidad estimada para la floración masculina (0.80) en el presente estudio, es muy similar al valor reportado con líneas recombinantes 0.83 (Ferreira *et al.*, 2015) y superior al determinado en una variedad sintética de maíz 0.55 (Rovaris *et al.*, 2011).

El valor de la ganancia genética ( $\Delta_G$ ) para rendimiento de grano estimado en esta investigación, predice un incremento de 143 kg y una reducción de -0.62 d en la floración masculina por ciclo de selección, resultados acordes con los objetivos planteados en este estudio. Dado que no es significativa la diferencia de este valor y el de la población original, no se esperaría cambio en los días a floración en la población ciclo uno. Finalmente, la ganancia genética esperada para la altura de planta en las líneas segregantes selectas es de 17.46 cm, tendencia similar resultó para el mismo carácter en la ganancia genética (11.65 cm) en un ciclo de selección intrapoblacional basado en familias medios hermanos en maíz (Afonso *et al.*, 2012).

Por otro lado, en programas de mejoramiento genético intrapoblacional, la varianza genética aditiva contribuye significativamente en la respuesta a la selección en la población, por lo que la estimación de la heredabilidad es indispensable para predecir la respuesta en una población a la selección. Por consiguiente, la existencia de una alta variación genética aditiva justifica la continuación con el programa de mejoramiento poblacional (Rovaris *et al.*, 2011).

Los promedios de los caracteres analizados en el presente estudio (Cuadro 3) corresponden a las 39 líneas seleccionadas con base en el mayor rendimiento de grano. La amplitud para

with recombinant lines 0.83 (Ferreira *et al.*, 2015) and higher than that determined in a synthetic variety of maize 0.55 (Rovaris *et al.*, 2011).

The genetic gain ( $\Delta_G$ ) value for yield grain estimated in this study predicts an increase of 143 kg and a reduction of -0.62 d in male flowering per selection cycle, results in line with the objectives outlined in this study. Since there is no significant difference between this value and from the original population, changes is not expected in days to flowering in the population from cycle one. Finally, the expected genetic gain for plant height in selected segregating lines is 17.46 cm, a similar trend for the same trait in genetic gain (11.65 cm) in a intrapopulation selection cycle based on half sibs families in maize (Afonso *et al.*, 2012).

On the other hand, intrapopulation breeding programs, additive genetic variance contributes significantly in the selection response in the population, so heritability estimate is essential to predict the response of a population to selection. Therefore, the existence of a high additive genetic variation justifies the continuing with the population breeding program (Rovaris *et al.*, 2011).

Traits average under study in this work (Table 3) correspond to 39 lines selected, based on the highest grain yield. The amplitude for this trait in this group of lines was from 1.60 to 3.36 t ha<sup>-1</sup>; these values corresponded to lines LUM-36 and LUM -80, respectively. The average of the selected lines showed an increase of 40% compared to the average of grain yield from the segregating population. Days to male flowering in selected lines ranged from 67 to 77 d and plant height had a phenotypic expression range of 118-233 cm. In the group of selected lines it was observed that for grain yield there were lines above average (1.77 t ha<sup>-1</sup>) and only LUM-80 exceeded in grain yield to the best parent (B39) and control (Ac7729). For the trait male flowering, second selection criteria in this study, it was found that 15% of the selected lines had an equal or lower flowering than the early parent (B39), with a male flowering of 67 days. Regarding plant height, 46% of the selected lines showed a lower height than the lowest parent (B39, 160 cm), the rest equaled or exceeded the taller parent (Ac7643, 181 cm). For grain yield and plant height traits, it was observed that segregating lines outperformed the average values of the parents (Figure 1a and 1b), indicating the presence of transgressive inheritance.

This type of inheritance is explained by deviations caused by loci with non-additive gene action, such as epistasis and over-dominance (Falconer and Mackay, 1996); also,



este carácter en este grupo de líneas resultó de 1.6 a 3.36 t ha<sup>-1</sup>, estos valores correspondieron a las líneas LUM-36 y LUM-80, respectivamente. La media de las líneas selectas mostró un incremento de 40% con relación a la media de rendimiento de grano de la población segregante. Los días a floración masculina en las líneas selectas oscilaron de 67 a 77 d y la altura de planta tuvo un rango de expresión fenotípica de 118 a 233 cm. En el grupo de líneas seleccionadas se observó que para el rendimiento de grano existieron líneas superiores al promedio (1.77 t ha<sup>-1</sup>) y sólo la línea LUM-80 superó en rendimiento de grano al mejor progenitor (B39) y al testigo (Ac7729). En el carácter de floración masculina, segundo criterio de selección en este estudio, se encontró que 15% de las líneas seleccionadas tuvieron una floración igual o menor que la línea progenitora precoz (B39), con una floración masculina de 67 días. Con relación a la altura de planta, 46% de las líneas seleccionadas mostró una menor altura que el progenitor más bajo (B39, 160 cm), el resto igualó o superó al progenitor de mayor altura (Ac7643, 181 cm). En los caracteres de rendimiento de grano y altura de planta se observaron líneas segregantes que superaron a los valores promedio de los progenitores (Figura 1a y 1b), lo que indica la presencia de herencia transgresiva.

transgressive segregation can be caused by a set of alleles from the parents, who have opposite effects (Lynch and Walsh, 1998). The presence of transgressive inheritance has been reported in other studies with segregating lines, as is the case for grain yield in maize under water stress (Agrama and Moussa, 1996), and floral synchrony (Ribaut *et al.*, 1996). One of the advantages of transgressive inheritance is that it enables the breeder to obtain highly outstanding genotypes in the trait under selection, as in the case of LUM-80 line, which exceeded the best parent and control for grain yield.

In the analysis of phenotypic and genotypic association between traits, Table 4, when considering grain yield and phenotypic correlation, only associations with plant height (0.33\*\*) and cob (0.27\*\*) were found. These values are considered low, although the correlation values vary with the germplasm used for its estimation, such as that reported for inbred lines of maize, where the estimate of phenotypic correlation between grain yield and plant height was 0.34\*\*, and cob height of 0.51\*\* (Ramírez *et al.*, 1998).

### Cuadro 3. Líneas seleccionadas con base en el rendimiento de grano en Ayala, Morelos primavera-verano 2013 y otoño-invierno 2013/2014.

Table 3. Selected lines based on grain yield in Ayala, Morelos, spring-summer 2013 and autumn-winter 2013/2014.

Línea	RG (t ha <sup>-1</sup> )	FM	FF (d)	SF	AP (cm)	AM
LUM-80	3.36	68	69	1	233	87
LUM-18	2.10	70	72	2	188	81
LUM-73	2.08	75	77	2	199	86
LUM-97	2.00	69	72	3	180	72
LUM-21	1.97	69	71	2	194	84
LUM-87	1.95	69	70	1	183	67
LUM-51	1.92	67	69	1	151	50
LUM-123	1.87	68	69	1	188	72
LUM-76	1.86	75	76	1	171	68
LUM-134	1.85	76	79	3	189	83
LUM-145	1.82	69	71	2	193	87
LUM-166	1.81	75	77	2	196	72
μ <sub>LS</sub>	1.77	73	75	2	176	69
R <sub>LS</sub>	1.56-3.36	67-77	69-82	1-5	118-233	41-88
AC7729	2.27	76	79	3	173	66
AC7643	1.47	79	82	3	181	70
B39	2.64	67	68	2	160	58
DSH (5%)	1.01	6	6	4	33	20

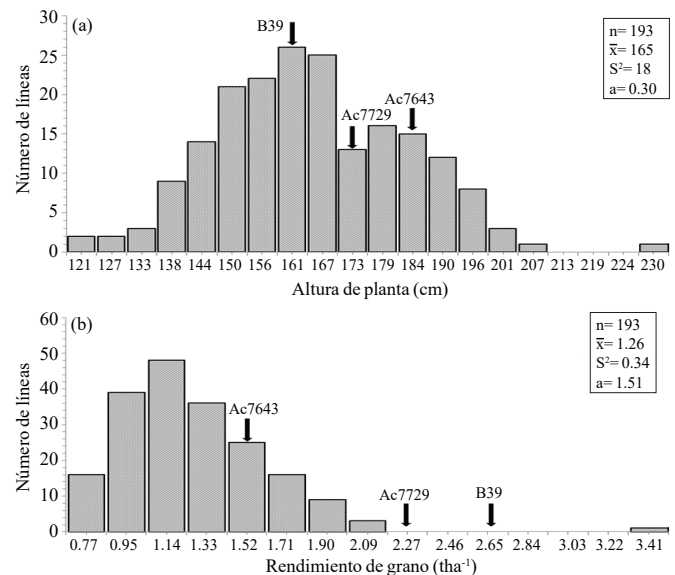
RG= rendimiento de grano; FM = floración masculina; FF= floración femenina; SF= sincronía floral; AP= altura de planta; AM = altura de mazorca; μ<sub>LS</sub>= promedio de líneas selectas; R<sub>LS</sub>= rango de líneas seleccionadas.

Este tipo de herencia se explica por desviaciones causadas por loci con acción génica no aditiva, tales como la epistasia y sobredominancia (Falconer y Mackay, 1996), asimismo; la segregación transgresiva puede ser causada por juegos de alelos provenientes de los progenitores, que tienen efectos opuestos (Lynch y Walsh, 1998). La presencia de herencia transgresiva se ha reportado en otros estudios con líneas segregantes, como es el caso para rendimiento de grano en maíz bajo estrés hídrico (Agrama y Moussa, 1996), y para sincronía floral (Ribaut *et al.*, 1996). Una de las ventajas de la herencia transgresiva es que posibilita al fitomejorador obtener genotipos altamente sobresalientes en el carácter bajo selección, tal es el caso de la línea LUM-80, la cual superó al mejor progenitor y testigo para rendimiento de grano.

En el análisis de la asociación fenotípica y genotípica entre caracteres, Cuadro 4, al considerar el rendimiento de grano y la correlación fenotípica, sólo se encontraron asociaciones con la altura de planta (0.33\*\*) y mazorca (0.27\*\*). Estos valores son considerados como bajos, aunque los valores de correlación varían con el germoplasma usado para su estimación, como es el caso de lo reportado para un grupo líneas endogámicas de maíz, donde la estimación de correlación fenotípica entre el rendimiento de grano y la altura de planta fue de 0.34\*\*, y con la altura de mazorca de 0.51\*\* (Ramírez *et al.*, 1998).

La correlación genética entre rendimiento de grano y el resto de caracteres, manifestó una asociación estadística significativa únicamente con la floración masculina (-0.08\*\*) y femenina (-0.11\*\*). Mayores correlaciones genéticas se han reportado para los mismos caracteres, como es el caso de un grupo de mestizos de maíz, donde la correlación entre el rendimiento de grano y floración masculina y femenina fueron de -0.76\*\* y -0.71\*\*, respectivamente (Jawaharlal *et al.*, 2011). En contraste para los mismos caracteres, se han obtenido correlaciones genéticas positivas y altas en híbridos simples de maíz, entre el rendimiento de grano y la floración masculina (0.85\*) y femenina 0.8\*, (Kumar *et al.*, 2013).

En general, las correlaciones tanto fenotípicas como genotípicas estimadas en este estudio son relativamente bajas, lo que puede ser resultado del efecto del ambiente en el sistema poligénico que regula la expresión de dichos caracteres. Lo anterior puede ser sustentado, en cierto grado, por el hecho de que el ambiente reduce la correlación entre el fenotipo y genotipo (Falconer y Mackay, 1996). No obstante, es necesario conocer el grado de asociación entre caracteres y con mayor relevancia la correlación genética, debido a que ésta determina en gran medida la asociación verdadera entre caracteres, ya que excluye el efecto ambiental (Rafiq *et al.*, 2010).



**Figura 1. Distribución de frecuencias para los caracteres altura de planta (a) y rendimiento de grano (b) evaluados en Cd. Ayala, Morelos en p-v 2013 y o-i 2013-2014.** (n= tamaño de muestra;  $\bar{x}$ = promedio de muestra del carácter;  $s^2$ = varianza de muestra del carácter; y  $a$ = coeficiente de asimetría).

**Figure 1. Frequency distribution for plant height (a) and grain yield (b) traits evaluated in Cd. Ayala, Morelos in s-s 2013 and a-w 2013-2014** (n=sample size;  $\bar{x}$ =trait average sample;  $s^2$ = trait sample variance, and  $a$ = coefficient of asymmetry).

The genetic correlation between grain yield and the rest of the traits, showed a statistically significant association just for male flowering (-0.08\*\*) and female (-0.11\*\*). Higher genetic correlations have been reported for the same traits, as in the case of a group of mestizos corn, where the correlation between grain yield and male and female flowering were -0.76\*\* and -0.71\*\* respectively (Jawaharlal *et al.*, 2011). In contrast to the same trait, has been obtained positive and high genetic correlations in single corn hybrids between grain yield and male flowering (0.85\*) and female 0.8\* (Kumar *et al.*, 2013).

Overall, both phenotypic and genotypic correlations estimated in this study are relatively low, which may result from the effect of environment on the polygenic system that regulates the expression of these traits. This can be supported to some extent, by the fact that the environment reduces the correlation between phenotype and genotype (Falconer and Mackay, 1996). However, it is necessary to know the degree of association between traits and more relevant genetic correlation, because it largely determines the true association between traits, as it excludes environmental effect (Rafiq *et al.*, 2010).

**Cuadro 4. Coeficientes de correlación fenotípica r (f) y genética r (g) entre caracteres en 193 líneas S<sub>1</sub>, progenitores y testigo en Cd. Ayala, Morelos, durante primavera-verano 2013 y otoño-invierno 2013-2014.**

**Table 4. Coefficients of phenotypic r (f) and genetic r (g) correlation between traits in 193 S<sub>1</sub> lines, parents and control in Cd. Ayala, Morelos, during spring-summer 2013 and autumn-winter 2013-2014.**

Carácter		FF	SF	AP	AM	RG
FM	r(f)	0.97**	0.16NS	-0.19**	0.13NS	-0.12NS
	r(g)	0.99**	0.26**	0.13**	0.12**	-0.08**
FF	r(f)		0.36**	-0.2**	0.11NS	-0.13NS
	r(g)		0.41**	-0.16**	0.17*	-0.11**
SF	r(f)			-0.06NS	-0.03NS	-0.12NS
	r(g)			-0.05NS	-0.02NS	-0.23NS
AP	r(f)				0.81**	0.33**
	r(g)				0.8**	0.39NS
AM	r(f)					0.27**
	r(g)					0.31NS

RG= rendimiento de grano; FM = floración masculina; FF= floración femenina; SF= sincronía floral; AP= altura de planta; AM = altura de mazorca; \*, \*\*significativo y altamente significativo, respectivamente.

## Conclusión

La determinación de los parámetros genéticos en la población segregante permitió dilucidar que existe una alta variación genética aditiva, lo anterior posibilita un mayor avance genético por ciclo de selección. La segregación transgresiva observada para rendimiento de grano, permitió seleccionar la línea LUM-80 con un sobresaliente rendimiento de grano, similar en días a floración al progenitor precoz. Las correlaciones fenotípicas y genéticas del rendimiento de grano con las demás variables por ser de magnitud baja no permitirían realizar selección indirecta para rendimiento de grano.

## Literatura citada

- Afonso, D. A.; Vieira, M. G.; Oliveira, D. L. R.; Gonçalves, C. L. and Gomes, G. E. E. 2012. Genetic parameters and predictive genetic gain in maize with modified recurrent selection method. Chilean J. Agric. Res. 72(1):33-39.
- Agrama, H. A. S. and Moussa M. E. 1996. Mapping QTLs in breeding for drought tolerance in maize (*Zeamays* L.). Euphytica. 91:89-97.
- Alejos, G.; Monasterio, P. y Rea, R. 2006. Análisis de la interacción genotipo-ambiente para el rendimiento de maíz en la región maicera del estado Yaracuy, Venezuela. Agron. Trop. 56(3):369-384.

## Conclusion

The determination of genetic parameters in a segregating population allowed to elucidate that there is a high additive genetic variation; this allows greater genetic gain per selection cycle. The transgressive segregation observed for grain yield, allowed to select the line LUM-80 with outstanding grain yield, similar in days to flowering to the early parent. Phenotypic and genetic correlations from grain yield with the rest of the variables to be of low magnitude would not allow performing indirect selection for grain yield.

*End of the English version*



- Betrán, F. J.; Ribaut, J. M.; Beck, D. and González, de L. D. 2003. Genetic diversity, specific combining ability, and heterosis in tropical maize under stress and nonstress environments. Crop Sci. 43:797-806.
- Borel, J. C.; Patto, R. M. A.; Rezende, F. de C. V. and Barbosa, A. A. de F. 2013. Genetic and phenotypic parameters in common bean segregant populations from intra and inter-gene pool crosses of elite lines. Euphytica. 193:39-47.
- Chapman, S. C. and Edmeades, G. O. 1999. Selection improves drought tolerance in tropical maize populations. II. Direct and correlated responses among secondary traits. Crop Sci. 39:1315-1324.

- Dzib-Aguilar, L. A.; Segura, J. C.; Ortega, R. y Latournerie, L. 2011. Cruzas dialélicas entre poblaciones nativas de maíz de yucatán y poblaciones mejoradas. *Trop. Subtrop. Agroecosys.* 14:119-127.
- Duvick, D. N. 2001. Biotechnology in the 1930s: the development of hybrid maize. *Nature Rev. of Genet.* 2: 69-74.
- Edmeades, G. O.; Bolaños, J.; Chapman, S. C.; Lafitte, H. R. and Bänziger, M. 1999. Selection improves drought tolerance in tropical maize populations: I. Gains in biomass, grain yield, and harvest index. *Crop Sci.* 39:1306-1315.
- Falconer, D. S. and Mackay, T. F. C. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4<sup>th</sup> Ed. Longman Group Ltd, London, England. 312-321 pp.
- Fehr, W. R. 1993. Principles of cultivar development theory and technique. Macmillian Publishing Company. New York, USA. 1:219-245.
- Ferreira, M. F.; Moreira, G. L. J.; Teixeira, G. C.; Souza, J. C.; Oliveira, G. P. E. and Netto, P. S. 2015. Genetic control of traits related to phosphorus use efficiency in tropical maize. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 15:59-65.
- Garbuglio, D. D.; De Miranda Fihlo, J. B. y Cella, M. 2009. Variabilidade genética em famílias S<sub>1</sub> de diferentes populações de milho. *Acta Sci. Agron. Maringá.* 31(2):209-213.
- Gutiérrez R., E.; Espinoza B., A.; Palomo G., A.; Lozano G., J. J. y Antuna G., O. 2004. Aptitud combinatoria de híbridos de maíz para la Comarca Lagunera. *Rev. Fitotéc. Mex.* 27(1):7-11.
- Hallauer, A. R. and Miranda, J. B. 1988. Quantitative genetics in maize breeding. 2<sup>th</sup> Ed. Iowa State University Press. Ames, Iowa. 468 p.
- Hallauer, A. R. 1981. Selection and breeding methods. *In: plant breeding II.* Frey, K. J. (Ed.). Iowa State University Press. Ames. Iowa. 497 p.
- INEGI. 2014. Anuario estadístico y geográfico de Morelos. Instituto Nacional de Geografía e Informática. México. 475 p.
- Jawaharlal, J.; Reddi, G. L. and Kumar. R. S. 2011. Genetic variability and character association studies in maize. *Agric. Sci. Digest.* 31(3):173-177.
- Kumar, B.; Razdan, A.K. and Gupta, B. B. 2013. Heterosis and character association for grain yield and its component traits in single cross maize hybrids under mid hills of Jammu and Kashmir, India. *Agric. Sci. Digest.* 33(3):198-202.
- Lynch, M. and Walsh, B. 1998. Genetics and analysis of quantitative traits. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, MA, USA. 477- 478.
- Rafiq, Ch.; Rafique, M.; Hussain, A. and Altaf, M. 2010. Studies on heritability, correlation and path analysis in maize (*Zea mays* L.). *J. Agric. Res.* 48(1):35-38.
- Paterniani, E. 1967. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). *Crop Sci.* 7:212-216.
- Peyman, S. D. Hamid. M. Ali and M. Mohammad. 2009. Genetic and genotype x environment interaction effects for appearance quality of rice. *Agric. Sci. China.* 8(8):891-901.
- Ramírez, J. L.; Ron, J.; Sánchez, J.; Carcía, A. y Maya, J. 1998. Aptitud combinatoria general y correlaciones fenotípicas entre líneas y mestizos de maíz. *Agron. Mesoam.* 9(2):69-76.
- Ribaut, J. M.; Hoisington, D. A.; Deutsch, J. A.; Jiang, C. and González de León, D. 1996. Identification of quantitative trait loci under drought conditions in tropical maize. 1. Flowering parameters and the anthesis-silking interval. *Theor. Appl. Genet.* 92:905-914.
- Rovaris, S. R. S.; Araújo, P. M.; Garbuglio, D. D.; Prete, C. E. C.; Zago, V. S. and da Silva, L. J. F. 2011. Estimates of genetic parameter in maize commercial variety IPR 114 at Paraná State, Brazil. *Acta Scientiarum. Agron. Maringá.* 33(4):621-625.
- SAGARPA. 2013. Servicio de Información Estadística Agroalimentaria y Pesquera. Subsistema de Información Agrícola. Versión en CD.
- SEMARNAT. 2015. Instituto Mexicano de Tecnología del Agua. Red de estaciones meteorológicas del estado de Morelos y Fundación Produce. Versión en CD.
- Statistical Analysis System Institute (SAS). 1999. SAS User's Guide. Statistics. Versión 8.2. SAS Inst. Cary, N. C. 102 p.
- Walsh, B. 2001. Quantitative Genetics. Encyclopedia of Life Sciences. Nature publishing group. 1-7 pp.