

Patrón heterótico en híbridos de Maíz Dulce su1 originados de razas nativas

José Alberto Sánchez-Nuño¹
Lino De la Cruz-Larios^{1,§}
Abraham Guerrero-Corona¹
Moisés Martín Morales-Rivera¹
Víctor Antonio Vidal-Martínez²

1 Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias-Universidad de Guadalajara. Camino Ramón Padilla Sánchez 2100, Nextipac, Zapopan, Jalisco, México. CP. 44600.

2 Campo Experimental Santiago Ixcuintla-INIFAP. Carretera Internacional México-Nogales km 6, Centro, Nayarit, México. CP. 63300.

Autor para correspondencia: linocucba@hotmail.com.

Resumen

Se realizó la introgresión de genes originarios de razas nativas de Maíz Dulce de México a líneas progenitoras no dulces, como hipótesis, el uso de la selección recurrente es una alternativa para la transferencia del gen de dulzor a líneas no dulces para la formación de híbridos. En la investigación buscamos líneas progenitoras con aptitud combinatoria general y específica con el objetivo de crear un patrón heterótico para la formación de híbridos de Maíz Dulce con gen de dulzor su1, debido que en México nos existe producción de semilla de este material genético. Líneas CML311, CML78, LUG282, LUG03 y LUG20 y razas Dulcillo del Noroeste y Maíz Dulce. Diseños genéticos de cruzamiento, línea por probador de progenie y el diseño II de Carolina Del Norte, medimos efectos de aptitud combinatoria general y específica de líneas y de cruzamientos, un análisis de varianza combinado de tres evaluaciones en dos ciclos de evaluación y se realizaron índices de selección múltiples de las variables de los mejores cruzamientos para establecer grupos heteróticos, años de evaluación, de 2017- 2021 en Zapopan, Jalisco. Como conclusión, se localizaron tres líneas progenitoras que pertenece al grupo heterótico materno con germoplasma de Dulcillo del Noroeste y LUG282 y cuatro líneas progenitoras para el grupo heterótico paterno con germoplasma de Maíz Dulce y CML311. Los resultados mostraron un aporte en la transferencia del gen de dulzor su1 a líneas no dulces, los cruces híbridos desarrollados presentaron calidad en planta y en elote.

Palabras clave:

ACG, ACE, Dulcillo del Noroeste, mejoramiento genético.



Introducción

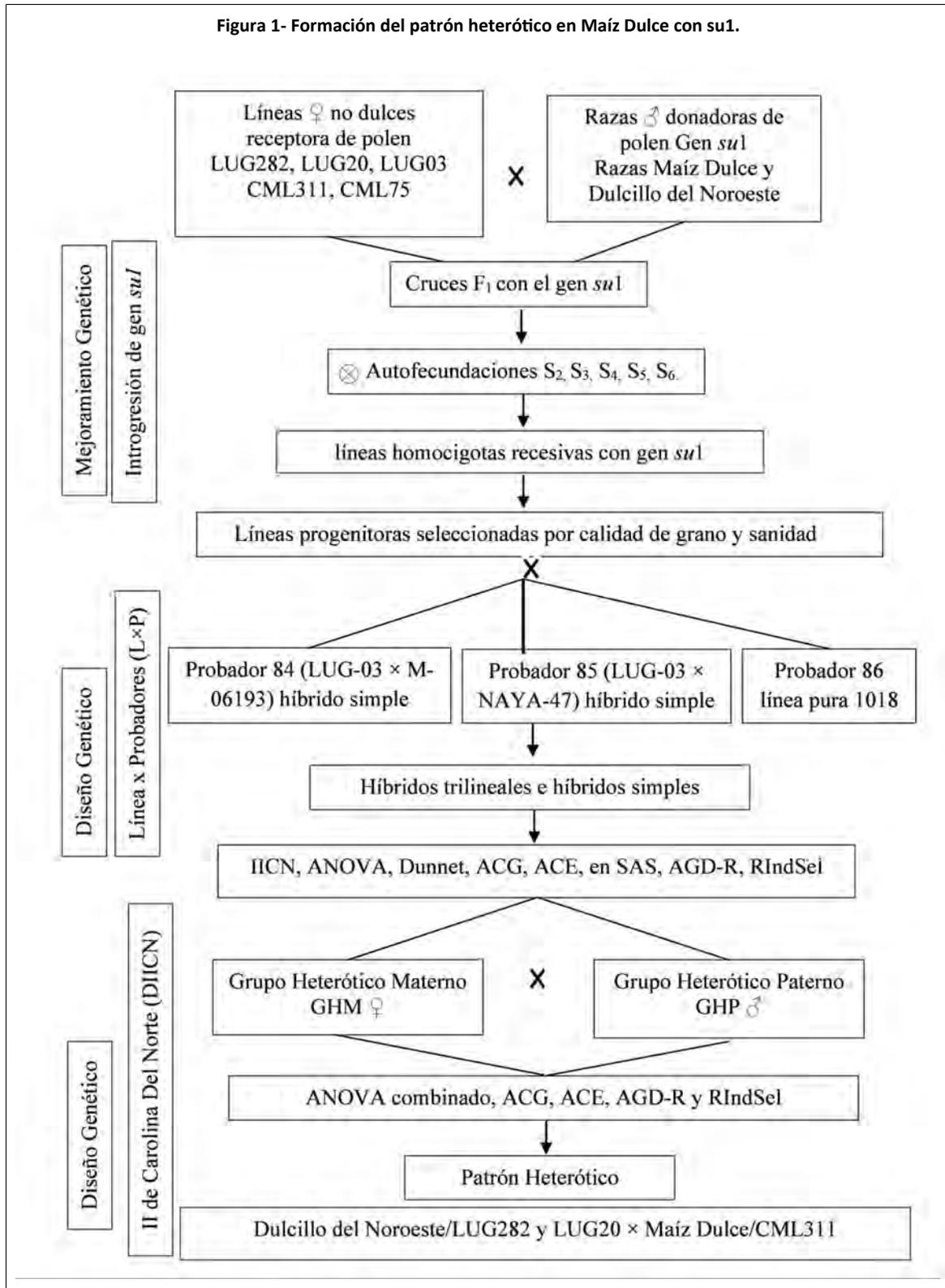
Los estados de producción de variedades de elote dulce que se cultiva en México son Jalisco, Zacatecas, Sinaloa, Nayarit, Michoacán, Guanajuato (Sánchez *et al.*; 2000; Ruiz *et al.*; 2013). En México existen dos razas nativas, Dulcillo del Noroeste y Maíz Dulce (Tracy, 1997). Este grano tiene varios usos principalmente cultivar elotes o desgranado procesado en la industria, preparación de comida típica regional, alimento de ganado. Es rico en carotenoides, componentes fenólicos, fósforo, potasio y magnesio (Lau *et al.*, 2019).

Autores como Elayaraja *et al.* (2014) sugieren que para la formación de híbridos se realicen pruebas de capacidad de combinación, entre sí y formar grupos heteróticos con heterosis en este caso de dulzor de grano; es decir, caracteres cuantitativos acumulativos, dominantes y recesivos. Revilla y Tracy (1997) mencionan que los grupos heteróticos mejoran el comportamiento agronómico y de adaptación.

Materiales y métodos

El trabajo fue realizado en el Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias (CUCBA) de la Universidad de Guadalajara (U de G) en Jalisco. Coordenadas (20° 44' 42.7" latitud norte y 103° 30' 54.1" longitud oeste), altitud de 1 658 m, el germoplasma donador de polen fue: Razas Maíz Dulce y Dulcillo del Noroeste con gen *su1* a líneas puras no dulces recurrentes del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), CML311 y CML78 y de la Universidad de Guadalajara (U de G), LUG282 LUG03 y LUG20. La Introgresión del gen *su1* recesivo y formación de patrones heteróticos se muestra en la Figura 1.





Se obtuvieron 399 líneas progenitoras S₆ con gen *su1*, en el año 2017 para seleccionar por germinación, adaptación, sincronía floral, sanidad de grano y planta solo el 20%, fueron 83 líneas progenitoras y se analizaron con diseño estadístico genético conocido como líneas x probador de

progenie (LxP), se utilizaron como probadores dos cruza simple (P-84= LUG03xM-06193); (P-85= LUG03xNAYA-47) y una línea pura (P- 86= 921/1018). Se obtuvieron 249 híbridos, 166 trilineales y 83 de cruza simple, se realizó un análisis de varianza con PROC GLM (SAS, 2007).

El diseño experimental fue un arreglo de bloques incompletos al azar (756 parcelas, 252 tratamientos, 18 bloques incompletos con 42 tratamientos y tres repeticiones). Las variables evaluadas fueron: floración masculina (Dfm), floración femenina (Dff), altura de planta (AltPI), altura de elote (AltE), longitud de elote (LongE), diámetro de elote (DiaE), dulzor de granos a los 30 días después de floración ($^{\circ}$ Bx) y peso de 10 elotes sin brácteas a los 30 días después de floración (P10E), testigos de referencia: Hortaflo, Golden Sweeter y Jayamitla.

Se realizó la prueba Dunnett, medimos los mejores valores de índices de selección de diferentes variables simultáneamente, rendimiento, dulzor, longitud y diámetro, se utilizó el software RIndSel (CIMMYT, 2020), con la función linear phenotypic selection index (LPSI) (Smith, 1936). Se realizó también la prueba de aptitudes combinatorias generales y específicas (ACG) y (ACE) de 83 progenitores, utilizamos el software ADG-R con el análisis North Carolina (NCII), de los bloques incompletos al azar.

Con los análisis seleccionamos 27 progenitores con los mejores promedios, fueron separados en dos grupos heteróticos, las hembras con 16 líneas maternas (GHM) y 11 líneas paternas (GHP). Dichos grupos se cruzaron 16 x 11, con el diseño genético II de Carolina del Norte (DIICN), (HembraxMacho), los híbridos F_1 se evaluaron con un diseño de bloques incompletos al azar en tres evaluaciones por separado con dos ciclos de siembra en los años 2019 y 2020 en temporal de lluvia, se utilizó el diseño experimental de bloques incompletos al azar (10x11) con tres repeticiones en cada evaluación, se utilizó SAS (SAS Institute, 2007).

Para los efectos de ACG y ACE de las líneas de ambos grupos heteróticos (GHPxGHM), se utilizó el software AGD-R (CIMMYT, 2018). Y un Anova combinado de las tres evaluaciones de los dos ciclos. Los modelos estadísticos utilizados fueron: modelo estadístico lineal bloques incompletos al azar, modelo estadístico del diseño genético II de Carolina del Norte DIICN (mxh) y el Modelo para el Anova combinado.

Resultados y discusión

El diseño genético LxP, muestran que fue altamente significativo ($p \leq 0.01$) para todas las variables de los progenitores; se mostró diversidad en la calidad de los híbridos en variables como: P10E, longitud y $^{\circ}$ Bx. Los probadores presentaron significancia ($p \leq 0.01$) para las variables DiaE, AltPI, AltE y Dff y no se mostraron diferencias significativas en la interacción de LxP; sin embargo, se mostraron diferencias numéricas en los promedios 21 $^{\circ}$ Bx en cruza simples y 20.3 y 20.4 $^{\circ}$ Bx en cruza trilineales.

Los hallazgos de Hallauer, (2001) mostraron genotipos con sólidos solubles totales WSP que se traducen en $^{\circ}$ Bx, valores de 14.3 a 28.5 $^{\circ}$ Bx, estuvimos en concordancia en los rangos, pero con valores más bajos en los valores de sus evaluaciones. Los promedios se muestran en el Cuadro 1.

Cuadro 1-. Análisis de varianza de híbridos, diseño genético LxP, 2018.

Fuente	GL	P10E (kg)	$^{\circ}$ Bx	LongE (cm)	DiaE (cm)	AltPI (m)	AltE (m)	Dfm (d)	Dff (d)
Modelo	285	0.21**	11.54**	3.03**	0.12**	0.06**	0.04**	21.02**	15.54**
CME	413	0.06	6.82	1.31	0.02	0.02	0.01	11.22	2.44
CMR	2	1.08**	34.55	2.18	0.02	0.01	0.01	47.16	176.93**
CMB(r)	51	0.22**	11.99	2.18	0.07**	0.05**	0.03**	14.62	5.53**
CML	82	0.45**	13.84**	6.48**	0.32**	0.11**	0.07**	35.96**	34.24**
CMP	2	0.4	31.33	0.83	0.44**	0.4**	0.4**	18.49	34.58**
CMLxP	149	0.06	9.54	1.46	0.04	0.03	0.01	13.3	4.29**
CV		13.24	12.7	6.73	3.84	8.7	16.72	4.73	2.23

Fuente	GL	P10E (kg)	°Bx	LongE (cm)	DiaE (cm)	AltPl (m)	AltE (m)	Dfm (d)	Dff (d)
Media		1.892	20.5	17.03	4.4	1.72	0.72	70.7	69.9

CME= cuadrado medio del error; CMR= cuadrado medio de repetición; CMB(r)= cuadrado medio de bloques dentro de repetición; CML= cuadrado medio de líneas; CMP= cuadrado medio de probadores; CML*P= cuadrado medio de líneas por probadores; CV= coeficiente de variación; GL= grados de libertad; **= altamente significativo; *= significativo; P10E= peso de diez elotes sin brácteas; °Bx= dulzor de grano expresado en grados Brix; DiaE= diámetro de elote; LongE= longitud de elote, AltPl= altura de planta; AltE= altura de elote; Dfm= días a floración masculina; Dff= Días a floración femenina.

El investigador Tracy (2007) evaluó, dulzor, tamaño y diámetro de elote, obtuvo 15.7 cm de longitud en elote y estos hallazgos 17.3 cm, en diámetro obtuvieron 4.2 cm y en este documento 4.4 cm. Los híbridos simples lograron superar a los testigos de referencia, dulzor 12.8 °Bx en Golden Sweet, 20.7 °Bx en Hortaflor y 18.5 °Bx en Jayamitla. Para la cruza 1 003x1 024 con 26.2 °Bx. Garay *et al.* (2012) obtuvo genotipos con 27.1 °Bx.

Los análisis del diseño genético LxP mostraron que el modelo fue altamente significativo ($p\#$ 0.01) debido a la amplia base genética utilizada en la formación de híbridos. En el Cuadro 3 se presentan efectos de ACG y se mostraron las mejores cruza (Cuadro 5). El análisis de varianza combinado permitió distinguir diferencias estadísticas altamente significativas ($p\#$ 0.01) para los híbridos, tratamiento por encima de la media general en distintas variables. Suzukawa *et al.* (2018) mostró líneas progenitoras de híbridos con valores por encima de los 15 °Bx, comparados con estos híbridos evaluados con un dulzor de 18.1 °Bx en promedio (Cuadro 2).

Cuadro 2. Anova combinado de tres evaluaciones de dos ciclos, grupos maternos x paternos.

V	gl	P10E (kg)	°Bx	LongE (cm)	DiaE (cm)	AltPl (m)	AltE (m)	Dff (d)	Dfm (d)	Hil
M	376	1.21**	9.12**	6.33**	0.14**	0.09**	0.05**	22.09**	16.9**	3.58**
E	426	0.07	4.89	1.19	0.04	0.02	0.01	5.6	3.58	0.84
H	130	0.58**	12.16**	10.49**	0.24**	0.11**	0.09**	31.11**	24.3**	7.40**
A	2	127.6**	131.1**	136.4**	2.27**	1.44**	0.42**	338.4**	289.9**	6.48*
HxA	162	0.13**	5.71	2.05**	0.05	0.03	0.01**	7.28	6.1**	1.07
R (A)	5	0.15	16.09	3.12	0.05	0.44**	0.22**	49.9**	28.7**	0.88
B(AxR)	77	0.09	4.14	1.44	0.05	0.07**	0.02**	13.55**	9.15**	0.85
CV	11	12.2	5.8	4.9	8.6	11.4	3.2	2.6	6.3	
Media		2.48	18.1	18.9	4.49	1.99	0.98	73.74	72.33	14.6

V= variables; M= modelo; E= error; H= híbridos; A= ambientes; HxA= híbridos x ambientes; R(A)= repetición en ambientes; B(AxR) ambientes por repetición en bloques; gl= grados de libertad; **= altamente significativo; *= significativo; P10E= peso de 10 elotes sin brácteas; °Bx= grados de dulzor expresado en °Bx; LongE= longitud de elote; DiaE= diámetro de elote; AltPl= altura de planta; AltE= altura de elote; Dff= días a floración femenina; Dfm= días de floración masculina; Hil= hileras de elote; Rep= repetición; CV= coeficiente de variación.

Cuadro 3. Aptitud combinatoria general (ACG) de las 15 mejores hembras.

Rango	Hembras	ACG	Error Standard	Valor T	Prob-T	Raza
1	1003	0.585	0.375	1.558	0.142	Maíz Dulce
2	1012	0.5	0.378	1.324	0.207	Dulcillo del Noroeste
3	1001	0.333	0.352	0.948	0.359	Maíz Dulce
4	1010	0.196	0.453	0.432	0.672	Maíz Dulce
5	1015	0.177	0.355	0.498	0.626	Maíz Dulce
6	1006	0.11	0.328	0.336	0.741	Maíz Dulce

Rango	Hembras	ACG	Error Standard	Valor T	Prob-T	Raza
7	1014	-0.02	0.372	-0.053	0.959	Maíz Dulce
8	1002	-0.033	0.331	-0.101	0.921	Maíz Dulce
9	1004	-0.092	0.331	-0.279	0.784	Maíz Dulce
10	1005	-0.099	0.337	-0.294	0.773	Maíz Dulce
11	1008	-0.12	0.345	-0.347	0.734	Dulcillo del Noroeste
12	1016	-0.127	0.316	-0.401	0.695	Maíz Dulce
13	1009	-0.424	0.401	-1.058	0.308	Dulcillo del Noroeste
14	1011	-0.457	0.331	-1.38	0.189	Dulcillo del Noroeste
15	1007	-0.53	0.376	-1.412	0.18	Dulcillo del Noroeste

ACG= aptitud combinatoria general.

Los mejores valores superiores a 20 °Bx se presentaron en 12 de las 26 líneas y en uno de los testigos, datos que son coincidentes con los resultados obtenidos por Luchsinger y Camilo (2008), quienes reportaron valores de sólidos solubles entre 20 y 30 °Bx. En estudios de Narváez (2007) resaltó que el Maíz Dulce es apropiado para elotes puede ser industrializado o asados.

Los progenitores presentaron ACG y ACE, adicionalmente a cada uno de los grupos añadimos una línea más por grupo, la ♀1016 al GHM y ♂1027 al GHP utilizadas por su ACG, estas líneas corresponden a progenitores de los probadores (P.85 y P.86) del diseño genético LxP.

En la interacción entre hembras y machos solo presentan alta significancia ($p \leq 0.01$) en la variable de LongE y Hil, lo que sugiere que solo algunas cruzas darán mayor longitud al elote y mayor grosor. En longitud de elote obtuvimos rangos superiores de 15.8 y 19.6 cm con respecto a los híbridos comparados en las investigaciones de Choe *et al.* (2016) que obtuvieron rangos de 16.6 y 19.4 cm.

En el análisis de varianza combinado los híbridos presentaron varianza genética altamente significativa para los ambientes de evaluación; sin embargo, los híbridos se comportaron similar en ambos ambientes de los dos ciclos en °Bx lo que indica que el gen de dulzor es estable; Wong *et al.* (1994); Djemel *et al.* (2010), señalan que la viabilidad del gen su1 depende de la interacción gen x genotipo está regulada por efectos dominantes de la selección recurrente en el proceso de mejoramiento genético similar a esta investigación.

La revisión que realizó Fan *et al.* (2003) mencionan que la formación de híbridos comerciales de maíz requiere generar nuevas líneas con aptitudes combinatorias generales y específicas para tener éxito en los programas de mejoramiento genético. De acuerdo con los anteriores supuestos, los resultados de los híbridos fueron favorables debido al comportamiento relevante de ACG y ACE de las líneas progenitoras e híbridos.

Los patrones heteróticos, seleccionados por obtener las mejores ACE en la hibridación y ACG por parte de ambos progenitores; con base en los análisis AGD-R, e índices de selección (Cuadro 3, 4 y 5), mostraron buena fuente de alelos favorables que incrementaron los efectos aditivos y de dominancia de los genes. Los patrones heteróticos son modelos de combinación de germoplasma que expresaron buena combinación y su expresión se mantiene a través del tiempo, estos pares pueden formarse por dos grupos de diferente germoplasma, dos criollos o razas de maíz, dos poblaciones mejoradas, una cruce simple entre dos líneas sobresaliente (Ramírez *et al.* 2007). De acuerdo con Manjarrez *et al.* (2014), menciona que la ACG y ACE de caracteres agronómicos y sus componentes genéticos son indicadores de la calidad de semilla en granos de maíz.

Cuadro 4. Aptitud combinatoria general (ACG) de los 15 mejores progenitores macho.

Rank	Macho	ACG	Error standard	Valor T	Prob-T	Raza
1	1023	0.769	0.339	2.266	0.047	Maíz Dulce
2	1019	0.657	0.321	2.05	0.068	Maíz Dulce
3	1 018	0.555	0.357	1.553	0.151	Maíz Dulce
4	1 024	0.358	0.353	1.015	0.334	Maíz Dulce
5	1 017	0.095	0.318	0.299	0.771	Maíz Dulce
6	1 027	-0.118	0.406	-0.291	0.777	Maíz Dulce
7	1 025	-0.137	0.392	-0.349	0.734	Maíz Dulce
8	1 026	-0.265	0.49	-0.54	0.601	Maíz Dulce
9	1 021	-0.425	0.346	-1.229	0.247	Maíz Dulce
10	1 022	-0.49	0.433	-1.132	0.284	Maíz Dulce
11	1 020	-0.998	0.325	-3.067	0.012	Maíz Dulce

ACG= aptitud combinatoria general.

Cuadro 5. ACG y ACE en AGD-R para las mejores cruza. Hibridaciones de grupos heteróticos hembra y macho.

ACE	ACG hembra	ACG macho	Hembra	Macho	P10E	°Bx	LongE	DiamE
0.254	0.333	0.095	1001	1017	1.31	21.9	16.1	4.4
0.224	0.585	0.358	1003	1024	1.61	26.2	19	4.7
0.202	0.585	0.095	1003	1017	1.2	20	15.8	4.8
0.223	0.5	0.657	1012	1019	1.617	22.7	19	4.1
0.254	0.196	0.095	1010	1017	1.742	19.7	17	4.6

ACE= aptitud combinatoria específica; ACG= aptitud combinatoria general; P10E= peso de 10 elotes sin brácteas; °Bx= grados de dulzor expresado en °Bx; LongE= longitud de elote; DiamE= diámetro de elote.

Se formó el patrón heterótico agronómico conformados por cuatro líneas progenitoras con ACE Y ACG, las hembras 1001, 1003, 1010 y 1012 con germoplasma de LUG282 de las razas Maíz Dulce y Dulcillo del Noroeste y tres líneas progenitoras machos la 1017, 1019 y 1024, con germoplasma de CML311 de la raza Maíz Dulce, que en conjunto logran formar 12 híbridos simples de calidad (Cuadro 6).

Cuadro 6. Identificación de los progenitores hembras y machos.

Progenitor	Genealogías	Raza
Hembras		
1003	MD, (LUG-282xM09483)F1-1-3-2-1	Maíz Dulce
1012	DN, (LUG-282xNAY-47)F1-6-2-2-1-1	Dulcillo del N
1001	MD, (LUG-282xZAC-182)F1-3-1-3-1-1-1	Maíz Dulce
1010	LUG-03XM-06193-Planta12	Maíz Dulce
Machos		
1019	MD, (CML311xJal-78-PL34)F1-1-2-1-1	Maíz Dulce
1024	MD, (CML311xJal-78-PL7)F1-5-2-1-1	Maíz Dulce
1017	MD, (CML311xJal-78-PL33)F1-4-1-1	Maíz Dulce

Conclusiones

Dulcillo del Noroeste y Maíz Dulce aportaron el gen de dulzor *su1* para la formación de nuevos híbridos, junto las líneas elite de los programas de mejoramiento genético del CIMMYT y La Universidad de Guadalajara. Las líneas progenitoras obtenidas por selección recurrente involucradas en las hibridaciones aportaron caracteres agronómicos favorables como calidad de planta, buen peso en rendimiento para elote, así como dulzor en °Bx en las progenies generacionales F_1 .

Las variables sobresalientes en el presente estudio fueron el dulzor del elote, medida en °Bx y rendimiento que se vio representada por el patrón heterótico para la formación de híbridos de Maíz Dulce con valores de P10E de 2.51 kg, dulzor de 21 °Bx, longitud de elote de 26.2 cm y diámetro de elote de 4.9 cm.

Bibliografía

- 1 CIMMYT. 2018. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. AGD-R analysis of genetic designs in R. Version 5.0 Copyright. <https://data.cimmyt.org/dataverse/cimmytswdvn>.
- 2 CIMMYT. 2020. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. Rind sel selection index with r for Windows. Version 3.0 Copyright. <https://repository.cimmyt.org/entities/publication/391ddd53-9673-4f2a-858c-1ec4ca797a38>
- 3 Choe, E.; Drnevich, J. and Williams, M. M. 2016. Identification of crowding stress tolerance co expression networks involved in sweet corn yield. Plos One. 11(1):E0147418. 10-20. Doi: 10.1371/journal.pone.0147418.
- 4 Djemel, A.; Ordás, B. L.; Ordás, A. P. y Revilla, P. T. 2010. Efectos genéticos en la viabilidad del mutante *sugary1* en maíz. Misión biológica de Galicia, Apartado 28, 36080 Pontevedra, España. Actas Hortícolas. 55:47-48.
- 5 Elayaraja, K.; Gadag, R. N.; Kumari, J. J.; Singode, A. and Dharam, P. 2014. Análisis de la capacidad combinatoria en híbridos experimentales de Maíz Dulce (*Zea mays* Var. *saccharata*). Revista India de Genética y Fitomejoramiento. 74(3):387. Doi: 10.5958/0975-6906.2014.00859.1.
- 6 Fan, X. M.; Tan, J.; Chen, M. S.; Yang, Y. J. and Yang, H. J. 2003. Heterotic grouping for tropical and temperate maize inbreds by analyzing combining ability and SSR markers. Maydica. 48(4):251-257.
- 7 Garay, E. C. R.; Maidana, B. J. M. y Oviedo, S. V. 2012. Evaluación de genotipos de Maíz Dulce. Investigación Agraria. 14(2):81-86.
- 8 Hallauer, A. R. 2001. Specialty Corns. ISBN 0-8493-2377-0 CRC Press LLC. 162-170 pp.
- 9 Lau, T.; Harbourne, N. and Oruña-Concha, M. 2019. Valorization of sweet corn (*Zea mays*) cob by extraction of valuable compounds. Journal of Food Science and Technology. 54(4):1240-1246. Doi: 10.1111/jifs.14092.
- 10 Luchsinger, L. A. y Camilo F. F. 2008. Rendimiento de Maíz Dulce y contenido de sólidos solubles. Idesia Chile. 26(3):21-29. 10.4067/S0718-4292008000300003.
- 11 Manjarrez, S. M.; Palemón, A. F.; Montiel, G. O.; Espinosa, C. A.; Rodríguez H. S.; Nava, D. A.; Castro, H. E. y Lagunas, C. B. 2014. Aptitud combinatoria general y específica de maíces normales y de alta calidad de proteína. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas. 7(5):1261-1273.
- 12 Narváez, G. E. D.; Figueroa, C. J. D. y Taba, S. 2007. Aspectos microestructurales y posibles usos del maíz de acuerdo con su origen geográfico. Revista Fitotecnia Mexicana. 30(3):321-325.

- 13 Ramírez, D. J. L.; Chuela, B. M.; Vidal, M. V. A.; Ron, J. P. and Caballero, H. F. 2007. Propuesta para formar híbridos de maíz combinando patrones heteróticos. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 30(4):453-461.
- 14 Revilla, P. T. and Tracy, W. F. 1997. Heterotic patterns among open-pollinated sweet corn cultivars. *Journal of American Society for Horticultural Science*. 122(3):319-324.
- 15 Ruiz, C. J. A.; Hernández, C. J. M.; Sánchez, G. J. J.; Ortega, C. A.; Ramírez, O. G.; Guerrero, H. M. J.; Aragón, C. F.; Vidal, M. V. A. y Cruz, L. L. 2013. Ecología, adaptación y distribución actual y potencial de las razas mexicanas de maíz. Libro técnico núm. 5. 34-35 pp.
- 16 Sánchez, G. J. J.; Stuber, C. W. and Goodman, M. M. 2000. Isozymatic diversity of the races of maize of the Americas. *Maydica*. 45(3):185-203.
- 17 SAS Institute. 2007. SAS/STAT for Windows. SAS 9.4 TS Level 1M5. Inc. All Rights Reserved. SAS Institute. Inc., Cary, North.
- 18 Smith, F. H. 1936. A discriminant function for plant selection. *Ann. Eugen.* 7(3):240-250. Doi: 10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x.
- 19 Suzukawa, A. K.; Pereira, C. B.; García, M. M.; Contreras-Soto, R. I.; Zeffa, D. M.; Coan, M. M. D. and Scapim, C. A. 2018. Diallel analysis of tropical and temperate sweet and supersweet corn inbred lines. *Ciencia Agronómica*. 49(4):607-615 Doi: 10.5935/1806-6690.20180069.
- 20 Tracy, W. F. 1997 Historia, genética y cría de Maíz Dulce Supersweet (sh2). *Raza vegetal. Rev.* 14(4):189-236.
- 21 Tracy, W. F. and Yen-Ming, C. 2007. Effects of divergent selection for endosperm appearance in a sugary1 maize population. *Maydica*. 52:71-79.
- 22 Wong, A. D.; Juvik, J. A.; Breeden, D. C. and Swiader, J. M. 1994. Shrunken2 sweet corn yield and the chemical components of quality. *Journal of the American Society Horticultural Sciences*. 119(4):747-755.



Patrón heterótico en híbridos de Maíz Dulce su1 originados de razas nativas

Journal Information
Journal ID (publisher-id): remexca
Title: Revista mexicana de ciencias agrícolas
Abbreviated Title: Rev. Mex. Cienc. Agríc
ISSN (print): 2007-0934
Publisher: Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias

Article/Issue Information
Date received: 01 July 2024
Date accepted: 01 October 2024
Publication date: 19 December 2024
Publication date: Nov-Dec 2024
Volume: 15
Issue: 8
Electronic Location Identifier: e3844
DOI: 10.29312/remexca.v15i8.3844

Categories

Subject: Artículo

Palabras clave:

Palabras clave:

ACG

ACE

Dulcillo del Noroeste
mejoramiento genético.

Counts

Figures: 1

Tables: 6

Equations: 0

References: 22

Pages: 0