

## Diversidad genética en accesiones de 10 razas mexicanas de maíz de altitudes intermedias

Miriam Sánchez Vega<sup>1, 2</sup>  
Leobigildo Córdova Téllez<sup>2</sup>  
Amalio Santacruz Varela<sup>2</sup>  
Fernando Castillo González<sup>2</sup>  
Ma. Claudia Castañeda Saucedo<sup>3</sup>  
Alejandrina Robledo Paz<sup>2</sup>  
Alonso Méndez López<sup>2§</sup>

<sup>1</sup>Cátedras CONACYT-Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Calzada Antonio Narro núm. 1923, Buenavista, Saltillo, Coahuila. CP. 25315. (msanchezv@conacyt.mx). <sup>2</sup>Campus Montecillo-Colegio de Postgraduados. Carretera Mex-Tex km 36.5, Montecillo, Texcoco, México. CP. 56230. (sanchez.miriam@colpos.mx; lcordova@colpos.mx; asvarela@colpos.mx; fcastill@colpos.mx; arobledo@colpos.mx). <sup>3</sup>Centro Universitario del Sur-Universidad de Guadalajara. Av. Enrique Arreola Silva 883, Ciudad Guzmán, Jalisco, México. CP. 49000. (claudia.saucedo@cusur.udg.mx).

§Autor para correspondencia: mendez.alonso@colpos.mx.

### Resumen

La diversidad del maíz (*Zea mays* L.) en México es amplia y aún existe la necesidad de llevar a cabo trabajos que permitan discernir la variación dentro y entre grupos raciales y establecer colecciones de referencia racial para su entendimiento. Se valoró la diversidad morfológica de poblaciones representativas de 10 razas de maíz de México. En el ciclo primavera-verano de 2010 se establecieron experimentos con 88 accesiones representativas de las razas Bofo, Celaya, Coscomatepec, Dulce de Jalisco, Elotes Occidentales, Mushito, Palomero de Jalisco, Serrano de Jalisco, Tablilla de Ocho, y Zamorano Amarillo, en las localidades de Roque, Guanajuato y Ciudad Guzmán, Jalisco, bajo un diseño experimental de bloques incompletos, se midieron 30 caracteres morfológicos. El análisis de varianza indicó diferencias significativas entre las accesiones para todos los caracteres (variables). El análisis de repetibilidad reflejó que 16 caracteres presentaron un coeficiente  $\geq 3$ , éstos fueron los menos afectados por el ambiente. En el análisis de componentes principales y conglomerados hubo variación dentro y entre razas, con una dispersión continua, que permitió identificar cuatro complejos raciales. El grupo I lo integraron accesiones de Bofo, el II de Celaya, el III de Dulce de Jalisco y el IV de Elotes Occidentales, las razas restantes se agregan en su mayoría en el grupo II como subgrupos. Este estudio confirmó agrupamientos de accesiones en razas bien definidas y representadas en los bancos de germoplasma. Es necesario realizar estudios más profundos en razas con pocas accesiones para lograr una mejor definición racial.

**Palabras claves:** análisis multivariado, caracteres morfológicos, grupos raciales.

Recibido: enero de 2019

Aceptado: febrero de 2019

## Introducción

México es reconocido como centro de origen y domesticación del maíz, por lo que existe gran diversidad de tipos que han sido adaptados a condiciones ambientales y socioculturales específicas (Matsuoka *et al.*, 2002). En México, la variabilidad genética de maíz es el resultado de la interacción humana durante miles de años con los parientes silvestres y el medio ambiente (CONABIO, 2013). En ese proceso se dan los mecanismos de dispersión, la recombinación genética por cruza naturales entre maíz y teocintle (*Z. mays*: ssp. *huehuetenanguensis*, ssp. *mexicana* y ssp. *parviglumis*, entre otras); a través, de la geografía del país y la amplia diversidad de grupos humanos, quienes realizan selección de acuerdo a sus costumbres en nichos ecológicos específicos (Orozco-Ramírez *et al.*, 2016).

Para entender la diversificación genética, se ha estudiado la diferenciación morfológica entre las poblaciones nativas de maíz aplicando el concepto de raza (Anderson y Cutler, 1942). Se han utilizado a los caracteres fisiológicos y morfológicos reproductivos, como una herramienta para valorar la diversidad (Wellhausen *et al.*, 1952; Hortelano *et al.*, 2008; Ángeles *et al.*, 2010; Rocandio-Rodríguez *et al.*, 2014). Para lograr una valoración racial acertada, es necesario conocer la variación existente entre variantes dentro de las razas (Castillo, 1993), con el propósito de diseñar el aprovechamiento de algunas formas dentro de la diversidad genética regional de la especie.

A la fecha, se han descrito aproximadamente 62 razas de maíz, número que se incrementa o disminuye ligeramente según las consideraciones de cada estudio (Sánchez *et al.*, 2000; Vielle-Calzada y Padilla, 2009; Hortelano *et al.*, 2012). Muchas de las poblaciones nativas de maíz recolectadas en México son variantes intermedias entre razas; sin embargo, una vez conocidas las características de las variantes descritas como representativas de razas se pueden proponer posibles rutas de diversificación racial (Wellhausen *et al.*, 1952).

Los estudios de la diversidad del maíz en México han incluido escasas muestras representativas de las razas reportadas (Wellhausen *et al.*, 1952), o bien se han concentrado en la diversidad en áreas geográficas específicas (Herrera-Cabrera *et al.*, 2004; Mijangos-Cortés *et al.*, 2007; Ángeles *et al.*, 2010). El conocimiento de la diversidad genética es indispensable para: ampliar las fuentes de germoplasma, minimizar los riesgos de vulnerabilidad genética, incrementar las probabilidades de detectar alelos favorables y conservar los recursos fitogenéticos (Bellon, *et al.*, 2009).

Las aportaciones de los estudios de Wellhausen *et al.* (1952); Hernández y Alanís (1970); Ortega (1979); Sánchez y Goodman (1992); Sánchez *et al.* (2000); entre otros, en razas como Bofo, Celaya, Coscomatepec, Dulce de Jalisco, Elotes Occidentales, Mushito, Palomero de Jalisco, Serrano de Jalisco, Tablilla de Ocho y Zamorano Amarillo indican que la diversidad del maíz ha sido estudiada paso a paso para reunir la variabilidad genética racial existente, en forma intensiva en diferentes regiones ecológicas y étnicas del país, así como las formas especializadas de consumo.

Lo anterior, ha sentado la base para las clasificaciones raciales actuales por medio de caracteres morfológicos, fisiológicos, genéticos, bioquímicos y moleculares; sin embargo, las caracterizaciones raciales de algunas accesiones, en los bancos de germoplasma han sido identificadas y clasificadas en colecciones que figuran como típicas y no corresponden con las descripciones raciales propuestas por estos autores.

En este contexto el presente trabajo tuvo como objetivo estudiar la diversidad genética de accesiones representativas de diez razas de maíz con adaptación a altitudes de bajas a intermedias (100-2 200 msnm) mediante caracteres morfológicos para estimar la diversidad genética entre y dentro de razas, que permita clasificarlas por sus características intrínsecas y determinar la condición de las accesiones tipo en los bancos de germoplasma.

## **Materiales y métodos**

### **Material genético**

Se caracterizaron 88 accesiones de maíz, catalogadas de acuerdo con sus datos de pasaporte como pertenecientes a 10 razas de México: Bofo (8 accesiones), Celaya (15), Coscomatepec (7), Dulce de Jalisco (12), Elotes Occidentales (23), Mushito (5), Palomero de Jalisco (1), Serrano de Jalisco (3), Tablilla de Ocho (7) y Zamorano Amarillo (7). La semilla fue proporcionada por los bancos de germoplasma de: Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), Universidad Autónoma Chapingo (UACH), Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) y del Colegio de Postgraduados (CP).

### **Sitios experimentales y ciclos de cultivo**

Se establecieron dos experimentos en primavera-verano 2010, el primero de ellos en el Campo Experimental del Instituto Tecnológico de Roque, Guanajuato (20° 34' 55'' latitud norte, 100° 49' 33'' longitud oeste, altitud de 1 766 m) y el segundo en el Rancho los Paredones, Cd. Guzmán, Jalisco (19° 43' 09'' latitud norte, 103° 29' 57'' longitud oeste, altitud de 1 515 m), ambos con riego.

### **Diseño y unidad experimental**

Los experimentos se establecieron bajo un diseño experimental en bloques incompletos 9 x 10, con dos repeticiones, en que se incluyeron las 88 accesiones. La unidad experimental consistió de dos surcos de 5 m de longitud y 0.85 m de ancho. Se sembraron tres semillas por mata a 0.5 m de separación, seis semanas después de la siembra se aclareo para dejar dos plantas por mata para una densidad de población de 47 000 plantas ha<sup>-1</sup> (Rocandio-Rodríguez *et al.*, 2014).

### **Caracteres medidos**

De cada parcela se etiquetaron al azar cinco plantas con competencia completa y se midieron 30 variables siguiendo para cada variable los procedimientos indicados por Sánchez *et al.* (1993).

Caracteres vegetativos y fenológicos: en la etapa final del desarrollo vegetativo (cuando aparece la última hoja en el ápice de la planta), la altura de planta (AP), altura a la mazorca (AMz), longitud de la hoja de la mazorca (LHMz) y ancho de la hoja de la mazorca (AHMz), estos expresados en cm, número de hojas totales (HojP), hojas arriba de la mazorca (HAMz) y de hijuelos por planta (HijP). En la etapa de floración se registraron los días a floración femenina (FF) y masculina (FM), días después de la siembra, la primera cuando 50% de las plantas de la unidad experimental presentó estigmas expuestos y la segunda cuando 50% de las plantas presentaron emisión de polen, sincronía floral (SF, FF-FM) y la relación AMz/AP.

Caracteres de la espiga: una semana después de la anthesis se midió la longitud total de la espiga (LE), del pedúnculo (LPE), de la rama central (LRCE, eje central a partir del punto de inserción de la rama lateral más alta), y del tramo ramificado (LTRE), estas variables se midieron en cm, también se evaluó el número de ramas primarias (RPE), y la relación LTRE/LE.

Caracteres de la mazorca: se midió (cm) la longitud (LMz), diámetro (DMz, en el centro de la mazorca), longitud del pedúnculo (LPMz), diámetro de olote (DO) y número de hileras (HMz), también se estimó la relación LMz/DMz.

Caracteres de grano: las mazorcas se desgranaron en forma individual y de la parte central se tomó una muestra de 10 granos por mazorca para medir el ancho (AGr), longitud (LGr), espesor (EGr) las tres variables en mm y relación AGr/LGr, se tomó otra muestra de 100 granos, para medir el peso (P100Gr, g), volumen (V100Gr, cm<sup>3</sup>) y el coeficiente de desgrane en porcentaje (CD=[(peso del grano) x (100)/peso total de la mazorca]).

### **Análisis estadístico**

Se aplicó un análisis de varianza a través de localidades. Se estimaron los componentes de varianza para genotipos ( $\sigma^2_{\text{gen}}$ ), localidades ( $\sigma^2_{\text{loc}}$ ) y su interacción ( $\sigma^2_{\text{gen} \times \text{loc}}$ ) y con ello se estimó el coeficiente de repetibilidad  $r = [\sigma^2_{\text{gen}} / (\sigma^2_{\text{loc}} + \sigma^2_{\text{gen} \times \text{loc}})]$ , el cual se utilizó para realizar una selección de variables, se tomó como criterio aceptar los caracteres con  $r \geq 3$  (Goodman y Paterniani, 1969). Las variables seleccionadas se utilizaron para realizar los análisis que a continuación se describen.

Se aplicó un análisis de componentes principales con base en la matriz de correlaciones, se graficó la dispersión de las accesiones en el plano determinado por los dos primeros componentes biplot, (Arellano *et al.*, 2014) y un análisis de conglomerados en el que se utilizó el coeficiente de distancia euclidianas y el método de agrupamiento de la media aritmética no ponderada (UPGMA).

La elección del corte del dendrograma se basó en la comparación visual de los agrupamientos obtenidos en el análisis de componentes principales, el cual se basó en correlaciones significativas ( $\alpha \leq 0.05$ ) además, de que el análisis de repetibilidad asegura el uso de variables uniformes con mayor variabilidad para la formación de grupos; con esta información, la decisión del corte fue establecida por el investigador el cual requirió del conocimiento del material vegetal estudiado y de una adecuada base de supuestos que ayudan en la definición de grupos y las distancias de similitud (Núñez-Colín *et al.*, 2004). Se utilizaron los paquetes estadísticos statistical analysis system (SAS) versión 9.3 para Windows (SAS Institute, 2002) y NTSYSpc versión 2.21 h (Rohlf, 2009).

## **Resultados y discusión**

### **Análisis de varianza**

El análisis de varianza combinado de los 88 genotipos a través de localidades identificó diferencias estadísticas significativas en la totalidad de las variables evaluadas, lo que indica la presencia de amplia diversidad genética entre las accesiones de las 10 razas de maíz estudiadas (Cuadro 1).

Estos resultados concuerdan con los reportados por Herrera *et al.* (2000); Chávez-Servia *et al.* (2011); Hortelano *et al.* (2012) y quienes señalan que las diferencias estadísticas entre maíces nativos es un indicador de diversidad genética en ellos para el carácter bajo análisis.

**Cuadro 1. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado a través de localidades, para 30 caracteres morfológicos.**

Variable	Fuente de variación					Media	CV (%)
	Loc	Rep/Loc	Gen	Gen x Loc	Error		
gl	1	2	89	89	178		
FF	2992.9**	253.25**	642.86**	67.26*	49.26	83.61	8
FM	1886.04**	396.01**	665.69**	71.27*	52.07	82.33	9
SF	513.61**	8.62 <sup>NS</sup>	8.03**	6.48**	3.2	5.08	35
HijP	0.53*	0.05 <sup>NS</sup>	0.3**	0.17*	0.12	0.44	80
AP	25959.3**	579 <sup>NS</sup>	10527.57**	1041.71**	389.92	245.95	8
AMz	88304.13**	204.75 <sup>NS</sup>	8360.16**	922.63**	280.96	146.38	11
AMz/AP	0.59**	0 <sup>NS</sup>	0.01**	0 <sup>NS</sup>	0	0.58	7
HojP	235.38**	10.13**	15.62**	1.7**	0.96	13.87	7
HojAMz	72.63**	0.36 <sup>NS</sup>	1.27**	0.26**	0.16	5.34	8
LHMz	7758.08**	114.25 <sup>NS</sup>	484.15**	57.41 <sup>NS</sup>	51.66	95.57	8
AHMz	0.09 <sup>NS</sup>	1.74*	4.11**	0.86**	0.54	8.5	9
LE	246.18**	14.41 <sup>NS</sup>	70.7**	22.36 <sup>NS</sup>	17.35	43.6	10
LTRE	711.07**	1.19 <sup>NS</sup>	29.72**	7.92**	5.12	14.48	16
LTRE/LE	0.23**	0 <sup>NS</sup>	0.01**	0**	0	0.33	18
LPE	24.08 <sup>NS</sup>	11.56 <sup>NS</sup>	30.66**	11.87 <sup>NS</sup>	10.89	25.71	13
LRCE	130.3**	8.99 <sup>NS</sup>	40.98**	21.47 <sup>NS</sup>	16.62	29.37	14
RPE	409.17**	1.24 <sup>NS</sup>	40.49**	12.01 <sup>NS</sup>	9.07	15.46	19
LMz	38.12**	1.23 <sup>NS</sup>	24.49**	3.54**	1.84	18.32	7
DMz	0.53*	0.01 <sup>NS</sup>	0.61**	0.11*	0.08	4.56	6
LMZ/DMz	0.15 <sup>NS</sup>	0.01 <sup>NS</sup>	1.35**	0.34*	0.25	4.07	12
HMz	53.38**	0.31 <sup>NS</sup>	17.04**	2.02**	0.99	12.36	8
LPMz	2220.95**	19.93 <sup>NS</sup>	37.72**	16.57**	9.77	14.42	22
DO	0 <sup>NS</sup>	0 <sup>NS</sup>	0.3**	0.06*	0.04	2.42	9
LGr	15.57**	0.25 <sup>NS</sup>	4.92**	0.73 <sup>NS</sup>	0.62	12.55	6
AGr	11.26**	0.25 <sup>NS</sup>	7.81**	0.55*	0.36	9.74	6
AGr/LGr	0.21**	0 <sup>NS</sup>	0.05**	0 <sup>NS</sup>	0	0.78	11
EGr	4.01**	0.18 <sup>NS</sup>	1.02**	0.22*	0.15	4.72	8
P100Gr	2026.79**	0.26 <sup>NS</sup>	375.02**	55.35**	31.37	42.04	13
V100Gr	8120.2**	35.73 <sup>NS</sup>	979.02**	136.31**	72.99	65.03	13
CD	323.88**	43.13 <sup>NS</sup>	49.75**	24.82 <sup>NS</sup>	22.13	83.77	6

\*, \*\*, <sup>NS</sup>= diferencia significativa  $\alpha= 0.05$ ,  $\alpha= 0.01$ , no significativa, respectivamente; gl= grados de libertad. Loc= localidades; Rep/Loc= repeticiones anidadas en localidades; Gen= genotipos; Gen  $\times$  Loc= interacción genotipo por localidad.

En la interacción genotipos por localidad, 70% del total de las variables fueron estadísticamente significativas, indicativo de que al menos una de las accesiones presentó una respuesta diferencial en los caracteres al cambiar de localidad, estos resultados concuerdan con los reportados por Rocandio-Rodríguez *et al.* (2014).

### Selección de variables

El análisis de repetibilidad ( $r$ ) mostró diferencias muy marcadas, con valores entre 0.09 y 11.78 para los caracteres estudiados y del total de ellos, 16 presentaron un valor de  $r \geq 3$ , el 63% de éstos corresponde a caracteres de mazorca (Cuadro 2), lo que está en concordancia con lo reportado por Hortelano *et al.* (2012).

**Cuadro 2. Estimadores de los componentes de varianza y valor de repetibilidad ( $r$ ).**

Variable	$\sigma^2_{\text{Gen} \times \text{Loc}}$	$\sigma^2_{\text{Gen}}$	$\sigma^2_{\text{Loc}}$	$r$
Floración femenina (FF)	9	143.9	15.12	5.97
Floración masculina (FM)	9.6	148.6	8.17	8.36
Sincronía floral (SF)	1.64	0.39	2.79	0.09
Hijuelos por planta (HijP)	0.02	0.03	0	1.24
Altura de planta (AP)	325.9	2371.46	137.38	5.12
Altura de mazorca (AMz)	320.83	1859.38	485.88	2.3
Relación AMz/AP	0	0	0	1.17
Hojas totales por planta (HojP)	0.37	3.48	1.25	2.15
Hojas arriba de la mazorca (HAMz)	0.05	0.25	0.4	0.57
Longitud de la hoja de la mazorca (LHMz)	482.67	2541.86	4009.55	0.57
Ancho de la hoja de la mazorca (AHMz)	0.16	0.81	-0.01	5.32
longitud total de la espiga (le)	2.51	12.08	1.26	3.21
longitud del tramo ramificado de la espiga (ltre)	1.4	5.45	3.93	1.02
Relación LTRE/LE	0	0	0	0.65
Longitud del pedúnculo de la espiga (LPE)	0.49	4.7	0.06	8.52
Longitud de la rama central de la espiga (LRCE)	2.42	4.88	0.65	1.59
Ramas primarias de la espiga (RPE)	1.47	7.12	2.25	1.91
Largo de mazorca (LMz)	0.85	5.24	0.2	5.02
Diámetro de mazorca (DMz)	0.02	0.12	0	6.08
Relación LMz/DMz	0.04	0.25	0	5.75
Hileras por mazorca (HMz)	0.52	3.75	0.29	4.65
Longitud del pedúnculo de la mazorca (LPMz)	3.4	5.29	12.19	0.34
Diámetro del olote (DO)	0.01	0.06	0	7.53
Largo de grano (LGr)	0.05	1.05	0.08	7.63
Ancho de grano (AGr)	0.09	1.82	0.06	11.78
Relación Agr/LGr	0	0.01	0	5.22
Espesor de GRAno (EGr)	0.04	0.2	0.02	3.47
Peso de 100 granos (P100Gr)	11.99	79.92	11.13	3.46
Volumen de 100 granos (V100Gr)	31.66	210.9	44.56	2.77
Grano con respecto a la mazorca (%GrMz)	1.34	6.23	1.54	2.16

$\sigma^2_{\text{Gen}}$ = componente de varianza para genotipos;  $\sigma^2_{\text{Loc}}$ = para localidades;  $\sigma^2_{\text{Gen} \times \text{Loc}}$ = para interacción entre genotipos y localidades y  $r$ = coeficiente de repetibilidad.

Los caracteres con  $r \geq 3$  corresponden en su mayoría a descriptores reproductivos, los cuales son menos afectados por los factores ambientales, en este sentido, dichos caracteres reflejan alta variabilidad genética y contribuyen de mejor manera a su explicación (González *et al.*, 2013; Rocandio-Rodríguez *et al.*, 2014).

### Análisis de componentes principales

El análisis de componentes principales, indicó que los primeros cinco componentes explican 88% del total de la variación observada y los dos primeros cerca 60% (datos no mostrados). Ferraz *et al.* (2013) mencionan que una alta proporción explicada con un bajo número de componentes, permite mejor interpretación de la variación y estudios realizados con caracteres relacionados con rendimiento en maíz, demuestran que los modelos que involucran los gráficos biplot son útiles para determinar la intensidad y la naturaleza de las poblaciones de maíz nativo bajo determinadas condiciones ambientales (Martínez-Sánchez *et al.*, 2016).

Las variables que presentaron mayores valores absolutos en los coeficientes de los vectores propios de los dos primeros componentes, y que determinan de manera relevante la dispersión racial, así como la formación de grupos fueron: para el componente uno FM, LMz, AGr y P100Gr y para el componente dos AHMz, HMz, AGr/LGr y EGr (Cuadro 3).

**Cuadro 3. Vectores propios asociados a los dos primeros componentes principales del análisis de 16 variables, en 88 accesiones tipo de 10 razas de maíz.**

Variable	Vector propio	
	CP-1	CP-2
Días a floración femenina (FF)	0.298	0.242
Días a floración masculina (FM)	0.301	0.223
Altura de planta (AP)	0.27	0.268
Ancho de la hoja de la mazorca (AHMz)	0.23	0.343
Longitud de la espiga (LE)	0.296	0.069
Longitud del pedúnculo de la espiga (LPE)	-0.021	-0.105
Longitud de la mazorca (LMz)	0.346	0.033
Diámetro de la mazorca (DMz)	0.086	0.321
Relación LMz/DMz	0.277	-0.157
Número de hileras de la mazorca ((HMz)	-0.262	0.333
Diámetro del olote (DO)	0.136	0.189
Longitud de grano (LGr)	0.103	0.295
Ancho de grano (AGr)	0.331	-0.226
Relación AGr/LGr	0.246	-0.387
Espesor del grano (EGr)	0.187	-0.316
Peso de 100 granos (P100Gr)	0.316	-0.155

La dispersión de las accesiones de acuerdo con los dos primeros componentes principales permite diferenciar los siguientes cuatro grupos (Figura 1): grupo I: integrado por 100% de las accesiones de la raza Bofo, 57% Zamorano Amarillo, 43% Tablilla de Ocho y 17% de Elotes Occidentales, que comparten características morfológicas relacionadas con LPE (26.97 cm), EGr (5.01 mm), AGr (10.9 mm), P100Gr (49.46 g) y las relaciones LMz/DMz (4.62) y AGr/LGr (0.9).



de germoplasma, al igual que el resto de las razas en este grupo y aun cuando tienen cierta semejanza con la raza Celaya, sus características sugieren que constituyen grupos genéticos diferentes, los cuales requieren ser estudiados con mayor profundidad, esto concuerda con Hernández y Alanís (1970); Sánchez y Goodman (1992).

Grupo III: lo integran 92% de las accesiones de Dulce de Jalisco, 33% de Serrano de Jalisco, 28% de Tablilla de Ocho, 14% de Coscomatepec, 6% de Celaya y 4% de Elotes Occidentales. En general son las poblaciones más precoces, bajos en altura de planta y de mazorca, tamaño reducido de espiga, de mazorca y de grano (72.57 días a FF, 71.51 días a FM, 194.95 cm de AP, 13.45 HMz, 7.38 cm del AHMz, 39.03 cm de LE, 25.52 cm de LPE, 15.68 cm de LMz, 36.19 g en P100Gr, 4.45 cm de DMz, 11.55 mm de LGr, 8.95 mm del AGr y 4.88 mm del EGr), el grupo se ubica preponderantemente en el tercer cuadrante de la Figura 1; es decir, las accesiones presentan en general valores negativos de los dos primeros componentes principales.

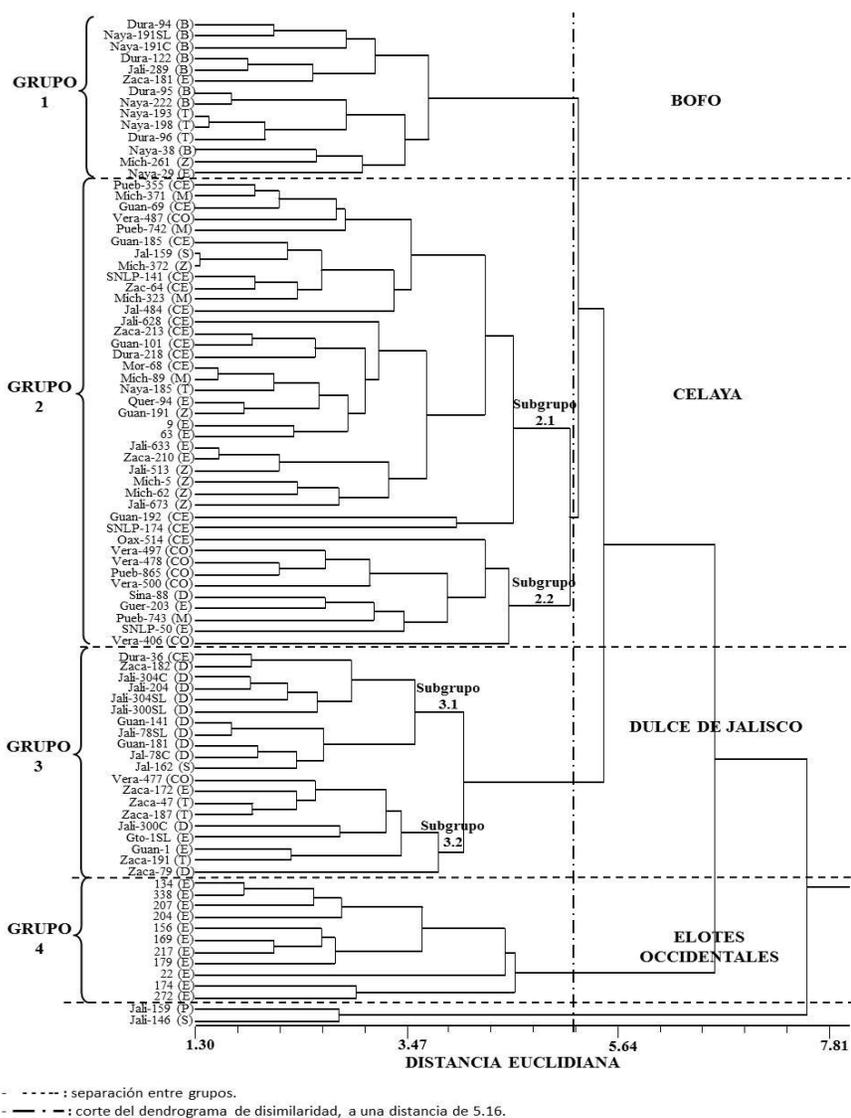
Grupo IV: integrado por 48% de las accesiones de Elotes Occidentales las cuales se caracterizan por ser tardías FF y FM (106.45, 106.68 días), con mazorcas y espigas grandes (LMz, 21.1 cm; LE, 49.07 cm), grano pesado (P100Gr, 57.96 g) y LMz/DMz de 4.6, que indica mazorcas esbeltas propias para su consumo en fresco.

La raza Palomero de Jalisco no se integró en ninguna agrupación, debido a la baja representatividad de accesiones que hubo en el estudio; estos resultados concuerdan con los reportados por Vega-Álvarez *et al.* (2017), quienes mencionan que poco número de accesiones en estudios de diferenciación de grupos en maíz, puede afectar la formación de éstos.

Análisis de conglomerados. En el dendrograma (Figura 2) se aprecia una diferenciación continua de menor a mayor distancia euclidiana entre accesiones y grupos. Al respecto, Orozco-Ramírez *et al.* (2016) reportan que las razas de maíz se agrupan en un continuo con respecto a una zona geográfica, variación ambiental, caracteres morfológicos y la relación con el origen social de las razas de maíz en el sur de México.

La diversidad que se encontró en este análisis, se manifiesta en cuatro grupos a partir de una distancia euclidiana de 5.16, que coinciden entre 68 y 100% con las tendencias de agrupamientos en el análisis de componentes principales (Figura 1), lo que confirma que las razas mejor definidas son para el grupo uno Bofo, para el dos, Celaya con el resto de las razas en pequeños grupos o bajo un continuo; para el tres Dulce de Jalisco y para el cuatro Elotes Occidentales. Perales *et al.*, (2005) y mencionan que usando características morfológicas que están bajo la selección de agricultores, se ha demostrado que las poblaciones de maíz se mantienen a distintas escalas regionales mucho más pequeñas; así mismo, Wellhausen *et al.* (1952) y más tarde Vega-Álvarez *et al.* (2017) mencionan que estudios basados en características morfológicas indican que algunas de las variedades locales surgen de la hibridación de otras razas, previamente existentes.

Resultados similares a los de esta investigación son reportados por Rocandio-Rodríguez *et al.* (2014), en un estudio de caracterización morfológica y agronómica de siete razas de maíz de los Valles Altos de México, donde confirmaron que los agrupamientos e interrelaciones raciales son más precisos que otros estudios, debido a los amplios tamaños de muestra utilizados.



**Figura 2. Dendrograma de 88 accesiones de 10 razas de maíz, construido con el método UPGMA usando distancias euclidianas considerando 16 variables morfológicas. B= Bofo; CE= Celaya; CO= Coscomatepec; D= Dulce de Jalisco; E= Elotes Occidentales; M= Mushito; P= Palomero de Jalisco; S= Serrano de Jalisco; T= Tablilla de Ocho; Z= Zamorano Amarillo.**

## Conclusiones

Existe una alta diversidad fenotípica para los caracteres evaluados en las accesiones de las diez razas de maíz estudiadas. La representación de las accesiones tipo se confirmó en la diferenciación de las razas Bofo, Celaya, Elotes Occidentales y Dulce de Jalisco, mientras que Coscomatepec, Mushito y Zamorano Amarillo, tienden a agruparse en pequeños conglomerados a manera de un continuo. Serrano de Jalisco, Palomero de Jalisco, Tablilla de Ocho, no se definen en ninguna agrupación, por lo que es necesario profundizar en este tipo de estudios para estas razas con un mayor número de accesiones y con estrategias adicionales como los marcadores moleculares.

## Literatura citada

- Anderson, E. and Cutler, H. C. 1942. Races of *Zea mays* L. Their recognition and classification. *Annals of the Missouri Botanical Garden*. 29:69-88. doi:10.2307/2394331.
- Ángeles, G. E.; Ortiz, T. E.; López, P. A. y López, R. G. 2010. Caracterización y rendimiento de poblaciones de maíz nativas de Molcaxac, Puebla. *Rev. Fitotec. Mex.* 33:287-296.
- Arellano, V. J. L.; Rojas M., I.; Gutiérrez H., G. F. 2014. Variedades de maíz azul Chalqueño seleccionadas por múltiples caracteres y estabilidad del rendimiento. *Rev. Mex. Cienc. Agríc.* 5:1469-1480.
- Bellon, M. R.; Barrientos, P. A. F.; Colunga, G. M. P.; Perales, H.; Reyes, A. J. A.; Rosales, S. R. y Zizumbo, V. D. 2009. Diversidad y conservación de recursos genéticos en plantas cultivadas. *In: capital natural de México. Vol. II: estado de conservación y tendencias de cambio. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). México, DF. 355-382 pp.*
- Bretting, P. K. and Goodman, M. M. 1989. Karyotypical variation in Mesoamerican races of maize and its systematic significance. *Econ. Bot.* 43:107-124. doi.org/10.1007/BF02859330.
- Castillo, G. F. 1993. La variabilidad genética y el mejoramiento genético de los cultivos. *Ciencia.* 44:69-79.
- Chávez, S. J. L.; Diego, F. P. y Carrillo, R. J. C. 2011. Complejos raciales de poblaciones de maíz evaluadas en San Martín Huemelulpan, Oaxaca. *Rev. Soc. Cult. Des. Sust. Ra Ximhá* 7:107-115.
- CONABIO. 2013. La diversidad biológica de México: maíces-razas de maíz. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). México. <http://www.biodiversidad.gob.mx/usuarios/maices/razas2012.html>.
- Ferraz, T. Y.; Permy, A. N. y Acosta, R. R. 2013. Evaluación de accesiones de maíz (*Zea mays* L.) en condiciones de sequía en dos zonas edafoclimáticas del municipio Gibara, provincia Holguín. *Evaluación morfoagronómica y estudios de la interacción genotipo x ambiente. Cultivos Tropicales.* 34:24-30.
- González, C. M. E.; Palacios, R. N.; Espinoza, B. A. y Bedoya, S. C. A. 2013. Diversidad genética en maíces nativos mexicanos tropicales. *Rev. Fitotec. Mex.* 36:239-338.
- Goodman, M. M. and Paterniani, E. 1969. The races of maize: III. Choices of appropriate characters for racial classification. *Econ. Bot.* 23:265-273.
- Hernández, X. E. y Alanís, F. G. 1970. Estudio morfológico de cinco nuevas razas de maíz de la Sierra Madre Occidental de México. *Implicaciones filogenéticas y fitogeográficas. Agrociencia* 5:3-30.
- Herrera, C. B. E.; Castillo, G. F.; Sánchez, G. J. J.; Ortega, P. R. y Goodman, M. M. 2000. Caracteres morfológicos para valorar la diversidad entre poblaciones de maíz en una región: caso la raza Chalqueño. *Rev. Fitotec. Mex.* 23:355-354.
- Herrera, C. B. E.; Castillo, G. F.; Sánchez, G. J. J.; Hernández, C. J. M.; Ortega, P. R. y Goodman, M. M. 2004. Diversidad de maíz Chalqueño. *Agrociencia.* 38:191-206.
- Hortelano, S. R. R.; Gil, M. A.; Santacruz, V. A.; Miranda, C. S. y Córdova, T. L. 2008. Diversidad morfológica de maíces nativos del Valle de Puebla. *Agric. Téc. Méx.* 34:189-200.
- Hortelano, S. R. R.; Gil, M. A.; Santacruz, V. A.; López, S. H.; López, P. A. y Miranda, C. S. 2012. Diversidad fenotípica de maíces nativos del altiplano centro-oriente del estado de Puebla, México. *Rev. Fitotec. Mex.* 35:97-109.

- Martínez, S. J.; Espinosa, P. N. y Villegas, A. Y. 2016. Interacción genotipoambiente en poblaciones de maíz nativo de Chiapas. *Rev. Mex. Agroecos.* 3:38-48.
- Matsuoka, Y.; Vigouroux, Y.; Goodman, M. M.; Sánchez, G. J.; Buckler, E. and Doebley, J. 2002. A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America.* 99:6080-6084. <https://doi.org/10.1073/pnas.052125199>.
- Mijangos, C. J. O.; Corona, T. T.; Espinosa, V. D.; Muñoz, O. A.; Romero, P. J. and Santacruz, V. A. 2007. Differentiation among maize (*Zea mays* L.) landraces from the Tarasca Mountain Chain, Michoacan, Mexico and the *Chalqueño* complex. *Genetic Res. Crop Evol.* 54:309-325. DOI 10.1007/s10722-005-4775-y.
- Núñez, C. C. A.; Rodríguez, P. J. E.; Nieto, A. R. y Barrientos, P. A. F. 2004. Construcción de dendrogramas de taxonomía numérica mediante el coeficiente de distancia  $\chi^2$ : una revisión. *Rev. Chapingo Ser. Hortic.* 10:229-237.
- Orozco, R. Q.; Ross, I. J.; Santacruz, V. A. and Brush, S. 2016. Maize diversity associated with social origin and environmental variation in Southern Mexico. *Heredity.* 116:477-484. DOI: 10.1038 / hdy.2016.10.
- Ortega, P. A. 1979. Reestudio de las razas mexicanas de maíz. Informe Anual. Campo Agrícola Experimental de la Mesa Central. INIA, Chapingo, México.
- Rocandio, R. M.; Santacruz, V. A.; Córdova, T. L.; López, S. H.; Castillo, G. F. y Lobato, O. R.; Ortega, P. R. 2014. Caracterización morfológica y agronómica de siete razas de maíz de los Valles Altos de México. *Rev. Fitotec. Mex.* 37:351-361.
- Rohlf, F. J. 2009. NTSYSpc: numerical taxonomy system. Version 2.21h. Exeter Software: Setauket: New York.
- Sánchez, G. J. J. and Goodman, M. M. 1992. Relationships among the Mexican races of maize. *Econ. Bot.* 46:72-85. DOI 10.1007/BF02985256.
- Sánchez, G. J. J.; Goodman, M. M. and Rawlings, O. 1993. Appropriate characters for racial classification in maize. *Econ. Bot.* 47:44-59. <https://doi.org/10.1007/BF02862205>.
- Sánchez, G. J. J.; Goodman, M. M. and Stuber, C. W. 2000. Isozymatic and morphological diversity in the races of maize of Mexico. *Econ. Bot.* 54:43-59. <https://doi.org/10.1007/BF02866599>.
- SAS Institute. 2002. The SAS<sup>®</sup> System for Windows<sup>®</sup> (Version 9.3). Statistical Analysis System Institute Inc. Cary, NC. USA. 4424 p.
- Vega, A. I.; Santacruz, V. A.; Rocandio, R. M.; Córdova, T. L.; López, S. H.; Muñoz, O. A. and Hernández, B. A. 2017. Genetic diversity and structure of native maize races from Northwestern Mexico. *Pesquisa Agropecuária Brasileira.* 52:1023-1032. DOI: 10.1590 / S0100-204X2017001100008.
- Vielle, C. J. P. and Padilla, J. 2009. The Mexican landraces: description, classification and diversity. *In: Bennetzen, J. L. and Hake, S. C. (Ed.). Handbook of maize: its biology.* New York: Springer. 543-561 p. DOI: 10.1007/978-0-387-79418-1-27.
- Wellhausen, E. J.; Roberts, L. M. y Hernández, X. E. 1952. Razas de maíz en México. Su origen, características y distribución. Oficina de Estudios Especiales. Secretaría de Agricultura y Ganadería. México, D F. Folleto técnico núm. 5. 237 p.