

EVALUACIÓN DE MAÍCES PRECOCES E INTERMEDIOS EN VALLES ALTOS CENTRALES DE MÉXICO. I. POBLACIONES SOBRESALIENTES

EVALUATION OF EARLY AND INTERMEDIATE CORN VARIETIES IN CENTRAL HIGH VALLEYS OF MEXICO. I. OUTSTANDING POPULATIONS

Felipe Nava Peralta¹, José Apolinar Mejía Contreras¹, Fernando Castillo González¹ y José Domingo Molina Galán¹

RESUMEN

Considerando que para iniciar un programa de mejoramiento genético de maíz (*Zea mays* L.) es indispensable seleccionar las fuentes germoplásmicas de mayor variabilidad genética para generar alternativas que determinen la dirección del programa, el propósito de esta investigación fue utilizar la variabilidad genética de algunas fuentes germoplásmicas para dar inicio a un programa de mejoramiento genético. Fueron sembradas 121 poblaciones en Metepec, Tecámac, Montecillo y Chapingo del estado de México en 1993, bajo el diseño látice simple duplicado por la localidad. Se realizaron análisis de varianza por localidad y combinado de días a floración masculina, femenina y rendimiento. Se hizo la comparación de promedios mediante la prueba de Tukey ($p \leq 0.05$), y la interacción genotipo-ambiente para cada variedad se estudió utilizando parámetros de estabilidad. Los resultados mostraron diferencias altamente significativas entre localidades, variedades, variedades x localidades y la interacción variedades x ambientes (lineal), permitiendo la selección de las variedades sobresalientes: Mex-38, Mex-495, Mex-581, Cr. de Almoloya de Juárez, Cr. de Acambay, Cr. de Mezquital SM-14 sequía, Cr. de Jiquipilco, Cr. de Santiago Yече, Hgo-86, Mich-21, Compuesto de Amplia Base Genética, Población de Amplia Base Genética, Pue-502, Pue-375, Pue-382 y Tlax-278, para iniciar un programa de mejoramiento genético. También se detectaron las variedades siguientes: Gto-124, Cafime SM 13 sequía, Pue-449, Pue-501, Pue-522, Dgo-159, Pue-451 e Hgo-80, para ambientes con potencial restringido.

Palabras clave adicionales: *Zea mays* L., variedades, fuente germoplásmica, mejoramiento genético.

SUMMARY

Considering that to begin a program of genetic improvement of corn (*Zea mays* L.), it is essential select the germoplasmic sources of major genetic variability to generate

alternatives that determine the direction of the program, the purpose of this investigation was to use the genetic variability of some germoplasmic sources to begin a genetic improvement program 121 populations were sowed in Metepec, Tecamac, Montecillo and Chapingo of the state of Mexico in 1993, under a lattice simple duplicate design for locality. Analysis of variance were carried out for location and combined of days to male and female flowering and yield. Comparison of means were made using the procedure by Tukey ($p \leq 0.05$), and the interaction genotype-environment was studied utilizing parameters of stability. The results showed highly significant differences among locations, varieties, varieties x locations and the interaction varieties x locations (lineal), permitting the selection of the best varieties: Mex-38, Mex-495, Mex-581, Landrace of Almoloya de Juarez, Landrace of Acambay, Landrace of Mezquital SM-14 drought, Landrace of Jiquipilco, Landrace of Santiago Yече, Hgo-86, Mich-21, Compound of Wide Genetic Base, Population of Wide Genetic Base, Pue-502, Pue-375, Pue-382 and Tlax-278, to begin a program of genetic improvement. Also, the following varieties were detected: Gto-124, Cafime SM-13 drought, Pue-449, Pue-501, Pue-522, Dgo-159, Pue-451 and Hgo-80 for environments with restricted potential.

Additional index words: *Zea mays* L., varieties, germoplasmic pool, plant breeding.