

COLEGIO DE POSTGRADUADOS

INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS AGRÍCOLAS

CAMPUS MONTECILLO

POSTGRADO DE RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD

GENÉTICA

**VALORACIÓN DEL MEJORAMIENTO GENÉTICO
PARTICIPATIVO *IN SITU* EN POBLACIONES DE MAÍZ (*Zea
mays* L.) CRIOLLO EN EL SURESTE DEL ESTADO DE
MÉXICO.**

EDDIE ELY ZAMBRANO ZAMBRANO

T E S I S

PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE:

MAESTRO EN CIENCIAS

MONTECILLO, TEXCOCO, EDO. DE MEXICO


2013

La presente tesis titulada: **VALORACIÓN DEL MEJORAMIENTO GENÉTICO PARTICIPATIVO *IN SITU* EN POBLACIONES DE MAÍZ (*Zea mays*) CRIOLLO EN EL SURESTE DEL ESTADO DE MÉXICO**, realizada por el alumno: **EDDIE ELY ZAMBRANO ZAMBRANO**, bajo la dirección del Consejo Particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS
RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD
GENÉTICA

CONSEJO PARTICULAR

CONSEJERO



DR. FERNANDO CASTILLO GONZALEZ

ASESOR



DR. PORFIRIO RAMÍREZ VALLEJO

ASESOR



DR. JESUS GARCÍA ZAVALA

Montecillo, Texcoco, Estado de México, Febrero de 2013

AGRADECIMIENTOS

Al gobierno de Ecuador que a través del Instituto Nacional Autónomo de Investigaciones Agropecuarias (INIAP) ofreció el respaldado económico para mi formación profesional.

Al Colegio de Postgraduados y específicamente a los maestros del Postgrado de Recursos Genéticos y Productividad (PREGEP-Genética), por haberme compartido sus conocimientos.

Al Dr. Fernando Castillo González, mi consejero, por brindarme su apoyo, orientación y conocimientos durante mis estudios y en el desarrollo de investigación.

Al Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos (SINAREFI), SNICS, SAGARPA por ser parte del financiamiento para la realización de esta investigación. Y a Wallace Genetic Foundation y Mcknight por el apoyo económico en las partes iniciales de esta investigación.

A mi Consejo Particular: Dr. Porfirio Ramírez Vallejo y Dr. J. Jesús García Zavala, por sus asesorías, sugerencias y revisiones durante esta investigación.

Al Ing. Antonio Ramírez Hernández por su apoyo en la conducción del experimento y toma de datos en la fase de campo.

Al laboratorio de Marcadores Genéticos del CP y compañeros que lo conforman, por permitirme utilizar sus instalaciones para realizar el trabajo de laboratorio y por su apoyo.

A la Sra. Dalila, y al personal de Servicios Académicos, por su colaboración y orientación en los trámites administrativos.

Al personal de campo, quienes colaboraron en la fase experimental realizada en el Colegio.

A todos mis compañeros y amigos de Genética; Lore, Sandra, Ana, Esteli, Chio, Lupita, Cristian, Nery, Amado, Cesar y Héctor que con su amistad y apoyo contribuyeron a la realización de este objetivo tan importante en mi vida.

DEDICATORIA

A mi madre, a mi abuela

A mi hermosa esposa

A mi familia

Y a todos mis amigos y profesores del Colegio de Postgraduados

CONTENIDO GENERAL

ÍNDICE DE CUADRO	vii
ÍNDICE DE FIGURAS	viii
RESUMEN GENERAL	ix
SUMMARY	x
CAPÍTULO I. INTRODUCCIÓN GENERAL	1
JUSTIFICACIÓN	12
HIPÓTESIS	13
OBJETIVOS	13
BIBLIOGRAFÍA	14
CAPÍTULO II. AVANCE GENÉTICO EN POBLACIONES DE MAIZ BAJO SELECCIÓN MASAL PARTICIPATIVA	
RESUMEN	16
SUMMARY	17
INTRODUCCIÓN	18
MATERIALES Y MÉTODOS	21
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	24
CONCLUSIONES	32
BIBLIOGRAFÍA	33

CONTENIDO GENERAL

CAPÍTULO III. CONSERVACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES DE MAIZ NATIVO BAJO SELECCIÓN MASAL PARTICIPATIVA	
RESUMEN	35
SUMMARY	36
INTRODUCCIÓN	37
MATERIALES Y MÉTODOS	39
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	44
CONCLUSIONES	54
BIBLIOGRAFÍA	55
CAPÍTULO IV. DISCUSIÓN GENERAL	58
BIBLIOGRAFÍA	61

ÍNDICE DE CUADROS

CAPÍTULO II

Cuadro 1.	Poblaciones de maíces Chalqueños con sus respectivas versiones de selección. Montecillo, 2012 y Ayapango, Estado de México 2011 y 2012.....	21
Cuadro 2.	Variables registradas en campo en las unidades experimentales de maíz nativo Montecillo y Ayapango 2011 y 2012.....	23
Cuadro 3.	Rendimiento de Grano (RendGr) en ton.ha ⁻¹ para los 24 productores en estudio. Montecillo 2012 y Ayapango 2011 y 2012.....	26
Cuadro 4.	Ganancia genética por ciclo de selección masal participativa en tres grupos de maíz nativo del Sureste del Estado de México, Montecillo y Ayapango, Estado de México, 2011 y 2012.....	27

CAPÍTULO III

Cuadro 1.	Poblaciones de maíces Chalqueños del año 1997 con sus respectivos equivalentes con selección masal participativa. Montecillo, 2012.....	40
Cuadro 2.	Sistemas enzimáticos, tipo de gel y loci amplificados sobre coleóptilo de plántulas de 10 poblaciones de maíz nativo proveniente de ciclos de selección masal. Montecillo, 2012.....	41
Cuadro 3.	Sistemas enzimáticos, locus y número de alelos identificados en 10 poblaciones de maíz nativo sometidas a selección masal de manera participativa. Montecillo, 2012.....	44
Cuadro 4.	Diversidad genética estimada para 10 poblaciones de maíz nativo versus la población mejorada (Testigo). Montecillo, 2012.....	47
Cuadro 5.	Frecuencias alélicas para 17 loci de isoenzimas en poblaciones de maíz nativo y testigo. Montecillo, 2012.....	48

ÍNDICE DE FIGURAS

CAPÍTULO II

Figura 1.	Promedio de Rendimiento de Granos (RendGr) para los 24 productores en estudio. Montecillo 2012 y Ayapango 2011 y 2012.....	25
Figura 2.	Estimaciones de regresión lineal para rendimiento de grano en tres grupos de poblaciones de maíz nativo con ciclos de selección masal participativa, Montecillo y Ayapango, Estado de México 2011 y 2012.....	28
Figura 3.	Estimaciones de regresión lineal para altura de mazorca en tres grupos de poblaciones de maíz nativo con ciclos de selección masal participativa, Montecillo y Ayapango, Estado de México 2011 y 2012.....	29
Figura 4.	Estimaciones de regresión lineal para días a floración masculina en tres grupos de poblaciones de maíz nativo con ciclos de selección masal participativa, Montecillo y Ayapango, Estado de México 2011 y 2012.....	30
Figura 5.	Estimaciones de regresión lineal para pudrición de mazorca en tres grupos de poblaciones de maíz nativo con ciclos de selección masal participativa, Montecillo y Ayapango, Estado de México 2011 y 2012.....	31

CAPÍTULO III

Figura 1.	Distribución de las frecuencias alélicas para isoenzimas en 10 poblaciones de maíz nativo y 1 población mejorada. Montecillo, 2012.....	47
Figura 2.	Dispersión de las poblaciones nativas de maíz y el testigo en el plano determinado por los dos primeros componentes principales con base en las frecuencias alélicas de 17 loci isoenzimáticos. Montecillo, 2012.....	51
Figura 3.	Dendograma de 10 poblaciones de maíz nativo y 1 testigo, con base al análisis de conglomerados de las frecuencias alélicas. Montecillo, 2012 conclusiones.....	53

RESUMEN GENERAL

VALORACIÓN DEL MEJORAMIENTO GENÉTICO PARTICIPATIVO *IN SITU* EN POBLACIONES DE MAÍZ (*Zea mays*) CRIOLLO EN EL SURESTE DEL ESTADO DE MÉXICO

La selección de semilla es un proceso ancestral y cotidiano en el cultivo de poblaciones de maíz nativo (criollo); se ha planteado que mediante el fortalecimiento de ese proceso con elementos técnicos del mejoramiento genético se puede conservar la diversidad genética del maíz y acrecentar el potencial productivo. De aplicarse de manera generalizada, se impactaría en el minifundio y en más del 80% de la superficie cultivada con maíz en México (8.5 millones de hectáreas). En el área de Genética del Colegio de Postgraduados se ha practicado mejoramiento participativo desde 1995, mediante selección masal *in situ* en poblaciones de maíz nativo con agricultores del sureste del Estado de México. En las localidades de Montecillo y Ayapango, Estado de México, durante los ciclos agrícolas abril-diciembre del 2011 y 2012, se evaluaron agrónomicamente 63 poblaciones de maíz, que incluyen compuestos de ciclos de selección de 12 poblaciones, testigos comerciales y poblaciones nativas de colección reciente. Se planteó valorar el avance genético de la selección masal participativa en: rendimiento, altura de planta, tolerancia a pudrición de mazorca, duración del ciclo biológico, etc. Además, se evaluó el polimorfismo isoenzimático en una de las versiones iniciales y las más recientes de ciclos de selección en cinco poblaciones, con la finalidad de valorar el grado en que se ha conservado la diversidad genética dentro de poblaciones en el proceso de selección. Los resultados muestran avance genético favorable por la selección masal participativa *in situ* en los materiales criollos, para los atributos agrónomicos; además de la conservación de la diversidad genética de las poblaciones, en las frecuencias alélicas de isoenzimas. Esto respalda la factibilidad del desarrollo de la agricultura rural aplicando mejoramiento participativo *in situ* de manera consistente y estratégica, mejorando las economías agrícolas rurales, a su vez que se conserva la valiosa riqueza constituida por la diversidad del maíz nativo.

Palabras clave: *Zea mays*, riqueza genética, mejoramiento participativo, respuesta a la selección, polimorfismo isoenzimático.

SUMMARY

ASSESSMENT OF *IN SITU* PARTICIPATORY GENETIC IMPROVEMENT ON MAIZE NATIVE POPULATIONS (*Zea mays*) IN THE SOUTHEASTERN OF THE STATE OF MÉXICO

Seed selection has been an ancient and daily process in rural communities when cropping native maize populations (landraces); it has been recommended that this process can be strengthened with the addition of technical element of scientific genetic improvement, while pursuing genetic diversity conservation and enhancement of maize productivity. Of the area cropped with maize in Mexico (8.5 million hectares), more than 80% of it is under traditional farming with native maize seed. Participatory maize improvement has been practiced with farmers from the Southeastern of the State of Mexico, since 1995. 63 maize populations were field evaluated at Montecillo and Ayapango locations, State of Mexico, in April-December of 2011 and 2012 seasons; such entries were composites of *in situ* mass selection on 12 farmers populations, plus commercial checks and recently collected landraces; the purpose was estimate genetic gains due to selection on grain yield, plant height, days to male flowering and ear rot frequency, mainly. Besides, genetic diversity within populations was assessed on one early and the latest composite of five of those farmers populations, based on isozyme polymorphism, in order to estimate the degree of genetic diversity conservation due to participatory mass selection. Results showed favorable genetic gains for agronomic traits due to participatory *in situ* mass selection on the native maize populations, and genetic diversity of isozymic alleles showed appropriate conservation. These results may endorse the feasibility of traditional agriculture development by the way of applying participatory genetic improvement in a consistent and strategic approach, which may enhance rural economy, at the same time that the richness of maize genetic diversity is preserved.

Key words: *Zea mays*, genetic diversity, participatory genetic improvement, selection response, isoenzyme polymorphism.

CAPÍTULO I

INTRODUCCIÓN GENERAL

El maíz (*Zea mays* L.) es una planta gramínea anual originaria de América. Actualmente, es el cereal con mayor volumen de producción en el mundo, superando al trigo y al arroz. En la mayor parte de los países de América, el maíz constituye la base histórica de la alimentación regional y uno de los aspectos centrales de las culturas mesoamericanas y andinas.

El maíz, palabra de origen indio caribeño, significa literalmente “lo que sustenta la vida”. El maíz junto con el trigo y el arroz son los cereales más importantes del mundo; suministra elementos nutritivos a los seres humanos y a los animales y es una materia prima básica de la industria de transformación, con la que se producen almidón, aceite y proteínas, bebidas alcohólicas, edulcorantes alimenticios y, desde hace poco, combustible. La planta tierna, empleada como forraje, se ha utilizado con gran éxito en las ganaderías lácteas y cárnicas y, tras la recolección del grano, las hojas secas y la parte superior, incluidas las flores, aún se utilizan hoy en día como forraje de calidad relativamente buenas para alimentar a los rumiantes de muchos pequeños agricultores de los países en desarrollo. Los tallos erectos, que en algunas variedades son resistentes, se utilizan para construir cercas y muros duraderos (FAO, 1993).

Esta especie, es uno de los cultivos más importantes, desde el punto de vista social y económico en gran parte de las regiones templadas, subtropicales y tropicales del mundo, bajo las condiciones climáticas adecuadas o mediante el manejo adecuado.

El cultivo del maíz tuvo su origen con alta probabilidad, en Mesoamérica, especialmente en México, de donde se difundió hacia el norte hasta el Canadá y hacia el sur hasta la Argentina. La evidencia más antigua de la existencia del maíz, de unos 7000 años de antigüedad, ha sido encontrada por arqueólogos en el Valle de Tehuacán y en los Valles Centrales de Oaxaca (México), pero es posible que hubiese otros centros secundarios de origen en América. Este cereal era un artículo esencial en las civilizaciones Maya y Azteca y tuvo un importante papel en sus creencias religiosas,

festividades y nutrición; ambos pueblos incluso afirmaban que la carne y la sangre estaban formadas por maíz.

La supervivencia del maíz más antiguo y su difusión se debió a los seres humanos, quienes recogieron las semillas para posteriormente plantarlas. A finales del siglo XV, tras el descubrimiento del continente americano por Cristóbal Colón, el grano fue introducido en Europa a través de España. Se difundió entonces por los lugares de clima más cálido del Mediterráneo y posteriormente a Europa septentrional (FAO, 1993).

Mangelsdorf y Reeves (1939) han hecho notar que el maíz se cultiva en todas las regiones del mundo aptas para actividades agrícolas y que se cosecha en algún lugar del planeta todos los meses del año. Crece desde los 58° de latitud norte en el Canadá y Rusia hasta los 40° de latitud sur en el hemisferio meridional. Se cultiva en regiones por debajo del nivel del mar en la llanura del Caspio y a más de 4 000 metros de altura en los Andes peruanos.

Pese a la gran diversidad de sus formas, al parecer todos los tipos principales de maíz conocidos hoy en día, clasificados como *Zea mays* L., eran cultivados ya por las poblaciones autóctonas cuando se descubrió el continente americano. Por otro lado, los indicios recogidos mediante estudios de botánica, genética y citología apuntan a un antecesor común de todos los tipos existentes de maíz. La mayoría de los investigadores aceptan la hipótesis que plantea que este cereal se desarrolló a partir de la domesticación del teocintle (*Zea mays ssp.*), (Kato *et al.*, 2009; Doebley y Iltis, 1980), planta anual que posiblemente sea lo más cercano al maíz. Otros creen, en cambio, que se originó a partir de un maíz silvestre, hoy en día desaparecido. La tesis de la proximidad entre el teocintle y el maíz se basa en que ambos tienen 10 cromosomas y son homólogos o parcialmente homólogos (FAO, 1993).

En diferentes regiones maiceras de México, tal como es el caso de la región suroriental del Estado de México, se encuentran poblaciones de teocintle en forma natural, las cuales antes de la floración son semejantes al maíz, a tal grado que es

difícil de diferenciarlos, y es hasta la emisión de los órganos reproductivos cuando se puede observar la ausencia en el teocintle de la típica mazorca de maíz (Reyes, 1990).

Ha habido introgresión (retrocruzamiento reiterado) entre teocintle y el maíz, y sigue habiéndola hoy en día en algunas zonas de México y Guatemala, donde el teocintle puede crecer en los cultivos de maíz. Galinat (1977) señala que siguen siendo viables esencialmente dos de las diversas hipótesis sobre el origen del maíz: la primera es que el teocintle actual es el antecesor silvestre del maíz, y/o un tipo primitivo de teocintle es el antecesor silvestre común del maíz y del teocintle; la segunda es que una forma desaparecida de maíz tunicado fue el antecesor del maíz, y el teocintle fue, en cambio, una forma mutante de dicho grano tunicado.

En cualquier caso, la mayoría de las variedades modernas del maíz proceden de material obtenido en el sur de los Estados Unidos, México y América Central y del Sur (FAO, 1993).

Para México, el maíz no es sólo un bien comercial sino que constituye una expresión de relaciones que han permitido a las comunidades y los pueblos rurales de México su subsistencia. Durante más de 300 generaciones, las comunidades rurales e indígenas mexicanas han sido los guardianes de los nichos ecológicos generando múltiples variantes de este cereal. Este hecho es trascendental en la historia y la cultura de los mexicanos y un legado para la humanidad (Castañeda, 2011).

A nivel mundial, se reconoce que México es un centro de diversidad del maíz, lo cual es el resultado de millones de campesinos y grupo étnicos, quienes durante miles de años lograron la domesticación del maíz y que año con año realizan selección e intercambio continuo de sus semillas, con la finalidad de obtener un grano con mejores propiedades que permita satisfacer sus necesidades.

Existen infinidad de variantes de maíces nativos, también llamados en algunas regiones criollos, con características diferentes. Esto permite que el cultivo se adapte a diferentes ambientes de la República. De esta manera, encontramos el cultivo en zonas de intenso calor como en el estado de Sinaloa o en regiones totalmente distintas como en el Estado de México, con clima templado. Cada uno de estos maíces tiene

cualidades propias que se distinguen por su adaptación, además de variantes por el color de los granos y su diferente tamaño y formas de la mazorca y grano.

Por toda esta abundancia de variedades, México se circunscribe en el mundo como un ente pluri-social y cultural, en donde las diversas manifestaciones religiosas y sociales del maíz se encuentran presentes a diario. Cabe destacar, que a pesar de que el cultivo del maíz es parte de nuestra cultura, en ciertas regiones los maíces criollos (nativos) se cultivan en menor proporción, por diversos problemas (Castañeda, 2011). Ciertamente, la conservación de las especies de maíz en México se ha visto amenazada por la sustitución de variedades nativas por otras mejoradas; en algunas regiones han desaparecido razas como la Celaya y Tabloncillo en el Bajío y Los Llanos de Jalisco. Así mismo, también se ha contribuido en la pérdida y conservación del maíz nativo por la expansión e intensificación de cambios en los cultivos, por la posible contaminación con semillas genéticamente modificadas, recientemente, así como por causas socioeconómicas como la migración de poblaciones campesinas y falta de apoyos a la producción como se ha mencionado (Castañeda, 2011).

A pesar de las agresiones a la cultura del maíz, ésta no se refiere solamente a una semilla y su forma de cultivarla, sino a una larga lista de centenarias dinámicas familiares y comunitarias de siembra, cosecha, intercambio de jornales, preparación de alimentos, celebración de fiestas, para mencionar solamente algunas. Por lo tanto, la racionalidad productiva no está dictada puramente por lo económico, sino ante todo por un complejo entramado de costumbres, conocimientos, gustos y necesidades subjetivas. Se ha modificado la cultura del maíz y la tortilla, más no ha desaparecido.

En este proceso de cambios, más de tres millones de familias campesinas se encuentran conservando la diversidad del maíz, en especial son las mujeres quienes además de seleccionar la semilla durante la cosecha para ser sembrada en el siguiente periodo, han sido las transmisoras de los conocimientos ancestrales para utilizar en decenas de formas este grano (Castañeda, 2011).

Lo expresado líneas arriba se confirma cuando se comprueba que el maíz tiene la capacidad para utilizarse con diferentes fines. Destacan los granos blancos para la producción de tortillas, el amarillo que ha sido desairado para elaborar tortillas, a pesar

de su buena calidad, se destina tan solo para alimentación animal, el maíz morado para antojitos, los maíces rojos se utilizan para fines ceremoniales en algunas poblaciones. No hay que dejar de mencionar el maíz Cacahuacintle para producir pozole o los elotes tiernos, el maíz para la elaboración de tamales, palomitas, totopos, atoles, pinole, panecillos y otros alimentos. El uso de la hoja de mazorca (totomoxtle) para la preparación de tamales. De una plaga del maíz, el huitlacoche - *Ustilago maydis* - se ha enriquecido la cocina, ya que se utiliza en varios guisos o el gusano elotero que también es comestible (Castañeda, 2011).

El maíz representa uno de los aportes más valiosos de México y a la seguridad alimentaria mundial; además de ser uno de los alimentos básicos, para el pueblo mexicano. México produce el 2.7% de maíz en el mundo (23 millones de toneladas en el 2010), siendo el 4° productor a nivel global, detrás de Estados Unidos, China, Brasil (AGRODER, 2012).

El rendimiento promedio por hectárea es de 3.2 toneladas (lugar 78 de 164 países que producen este grano en el mundo). El promedio mundial es de 5.2 ton/ha.

México es el mercado más grande de maíz en el mundo para consumo humano, representando el 11% del consumo mundial. Cada mexicano consume, en promedio, 123 Kg de maíz anualmente, cifra muy superior al promedio mundial (16.8 Kg *per capital*) (AGRODER, 2012).

A pesar de que en México la producción de este cereal es importante, existen diferentes eventos que alteran la productividad, pero principalmente factores como; cultivos en condiciones ambientales no favorables, utilización de variedades con bajo potencial productivo, escaso uso de insumos, y la incidencia de plagas y enfermedades, entre otros. Debido a lo anterior, anualmente se presentan pérdidas en la producción, por lo que entre otros aspectos, se han desarrollados diversos programas de mejoramiento de maíz para resolver estos problemas buscando mayor producción (Briones, 2007).

Existen dos tipos de productores de maíz; El primer grupo, donde se encuentra la mayoría (92 % de los productores) que posee predios menores a cinco hectáreas y

aportan el 56.4 % de la producción total; en general más de la mitad de su producción se destina al autoconsumo 52 %, y sus rendimientos fluctúan entre 1.3 y 1.8 toneladas por hectárea.

El segundo grupo solo está constituido por el 7.9 % de los productores, con predios arriba de cinco hectáreas por productor y aportan el 43.6 % de la producción; sus predios presentan mejores condiciones ambientales para el cultivo, por lo que sus rendimientos son mejores y únicamente destinan el 13.55 % de su producción al autoconsumo.

El 56% de la producción nacional se produce en la modalidad de temporal, del cual el 94% (12.50 millones de ton.) corresponde a producción del ciclo primavera – verano; cabe resaltar que el 72.3% de la producción total de maíz se produce en estos ciclos.

Los precios de este grano desde el año 2000 hasta el 2012 presentan una tendencia alcista al incrementarse 152%, al pasar de 1495.52 pesos en el año 2000 a 3764.09 pesos/tonelada en el año 2012. (Financiera Rural, 2009).

En el año 2011 la Secretaría de Economía del Gobierno Federal de México detectó que el precio de la tonelada de maíz por parte del comercializador llega hasta 5000 pesos la tonelada; este precio se debió a las pérdidas de los cultivos de maíz en Sinaloa por la presencia de heladas. Pasó de estar en 3710 pesos en diciembre del 2010 a 5050 pesos en febrero del 2011 (Milenio.com, 2011).

El cuanto al mejoramiento genético en México, Fuente *et al.* (1990), citado por (Moreno, 2011) mencionan que el mejoramiento genético del maíz sobre bases científicas en México se inicia en 1941; después en 1943, una de las primeras actividades de la Oficina de Estudios Especiales fue la colecta sistemática de los maíces nativos, su evaluación y detección de los más sobresalientes. En principio, las variedades que se distribuyeron fueron simplemente las nativas seleccionadas (V-10, V-21, V-107, V-103, entre otras); un segundo paso fue la liberación de unas pocas “variedades sintéticas” y pronto empezaron a liberar híbridos de cruza doble; Velázquez

y Arellano (1993) mencionan que durante esa etapa se obtuvieron 10 variedades mejoradas, principalmente para siembras de riego de la Mesa Central de México.

En diciembre de 1960 se fusionó el Instituto de Investigaciones Agrícolas y la Oficina de Estudios Especiales, para establecer el Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (INIA), y hasta 1968 los investigadores de este instituto trabajaron en actividades de generación de sintéticos e híbridos de cruce doble, destinados de preferencia a zonas de riego y buen temporal y con estudios de selección contra enfermedades (*Sphacelotheca*, *Helminthosporium*, virus del achaparramiento y pudriciones de mazorca).

Arellano (1985) menciona que el mejoramiento genético del maíz en la Mesa Central ha logrado aportar 30 variedades mejoradas durante un periodo de 36 años. El potencial máximo de rendimiento de los maíces mejorados con respecto del maíz criollo es de 127 % en el caso de los híbridos de riego, de 90 % en los híbridos de temporal y de 36 % en las variedades de polinización libre; sin embargo, a pesar de que el potencial de rendimiento de los maíces mejorados sugiere amplias posibilidades para elevar la producción a costos bajos, los hechos indican que el empleo de semillas mejoradas en la Mesa Central es dramáticamente bajo (3%), no obstante el tiempo, los esfuerzos y el dinamismo del mejoramiento realizado en 40 años.

Es importante señalar que las variedades mejoradas pueden ser muy productivas para ciertos propósitos, aunque en muchos casos no son adecuadas para ciertas regiones de bajo uso de insumos, presentando incluso más desventajas que la semilla tradicional local. Entre sus limitaciones resalta la dependencia de agroquímicos e insumos que pueden afectar el ambiente y la salud rural; y su falta de adaptación e inferior calidad nutricional en comparación con las variedades locales. Adicionalmente puede causar la pérdida y desplazamiento de las variedades y técnicas tradicionales y afectar a la seguridad alimentaria de este sector.

Según Thompson, citado por (González, 2002), los pequeños agricultores a menudo siembran más de una variedad criolla (nativa) con el fin de aprovechar diferentes características, como mayor rendimiento, resistencia a plagas o tallos más

fuerzas, de modo que diferentes variedades satisfacen diferentes necesidades. Generalmente y de forma ancestral, también emplean semillas almacenadas de la última cosecha para dar continuidad a sus siembras. Aparentemente los indígenas latinoamericanos tuvieron especial cuidado con la selección de las mazorcas que utilizarían como fuente de semillas en la siguiente temporada, la que dio origen a muchas variedades nuevas de buena adaptación y amplia aceptación local.

Según Caballero (citado por González, 2002), menciona que el uso de variedades mejoradas de cultivos como el maíz, constituye un aporte muy importante para el incremento potencial de la productividad de medianos y grandes productores. Sin embargo, existen limitaciones para transferir esta tecnología a productores de pequeña escala, debido a la falta de adaptación de variedades mejoradas a sus sistemas de producción caracterizados por suelos de baja productividad, patrones erráticos de precipitación y bajo usos de insumos y maquinaria. Adicionalmente, las variedades criollas (nativas) utilizadas por estos pequeños productores han sido seleccionadas por su adaptación a condiciones agroecológicas y a preferencias de usos, consumos y comercialización locales, por lo que poseen ventajas que limitan la adopción de las mejoradas.

Como en el caso del germoplasma mejorado, experiencias de los últimos 30 años han demostrado que en muchas situaciones las tecnologías agrícolas modernas no están adaptadas a las condiciones de países en desarrollo. Adicionalmente, han resaltado el valor del conocimiento local y el potencial que este ofrece para el desarrollo en diversas áreas de regiones específicas.

El mejoramiento de cultivo no es nuevo. Durante siglos los pequeños agricultores han seleccionado y cruzados sus plantas en un esfuerzo para producir más y mejores alimentos.

Los primeros mejoradores fueron pequeños agricultores que mantuvieron la diversidad genética durante los procesos continuos de selección natural y humana, que han contribuido a la domesticación y evolución del maíz como se conoce en la

actualidad. Este cumple requisitos particulares de los agricultores, mostrando grandes diferencias como la preferencia del grano entre otras características.

Independientemente de la especie y del carácter a mejorar, las técnicas de mejoramiento tradicional o convencional típicamente involucran la mezcla de miles de genes a lo largo de varios años, y muchas generaciones de evaluación y selección de plantas hasta alcanzar una característica deseada (González, 2002)

El modelo convencional de investigación y desarrollo supone un flujo lineal de tecnología e información, desde los centros de excelencia científico a través de extensionistas, a los agricultores y otros usuarios, como recipientes pasivos. Con frecuencia, este enfoque ha generado resultados en investigaciones de alta calidad pero irrelevante para los agricultores, y/o tecnologías inapropiadas que han sido poco utilizadas (Graham, 2000).

Tradicionalmente, el fitomejoramiento convencional ha formado parte de este modelo, pues el pequeño agricultor sólo ha participado en las últimas fases del proceso como evaluador para determinar si las variedades generadas se adaptan a sus requerimientos. El mejoramiento participativo pretende involucrar al agricultor y a los otros actores de manera horizontal y vertical, desde fases más tempranas en el proceso de selección.

El propósito es lograr junto con los agricultores, un concepto de producción segura en lugar de maximizada; mediante metodologías generadas por el mejoramiento tradicional y adaptado para su aplicación *in situ* por ellos mismos, para mayor aceptación posible de las variedades desarrolladas.

Según Ortega (1993), entre los logros y aspectos relevantes de los proyectos de mejoramiento participativo se destaca que este ha despertado considerablemente interés tanto en campesinos innovadores como en agrónomos y biólogos; y que han servido para el entrenamiento de una alta cantidad de profesionales en estas áreas. De igual manera muchos agricultores que han adoptado estas metodologías han vivido el desarrollo de sus cultivos.

Los agricultores han jugado un papel muy importante en la selección de semilla, y aunque se practica de manera tradicional, esto se puede hacer de manera más eficiente, mediante la aplicación de los mismos criterios de selección que ellos aplican sobre mazorca y semilla en el lugar de almacenaje, pero ahora en el campo al momento de la cosecha. Se ha adaptado la selección masal estratificada a las condiciones de los cultivos tradicionales y practicados *in situ* de manera participativa con el productor desde 1995 en México. Esta metodología estratifica el área de cultivo en sublotes con el fin de controlar los efectos ambientales y hacer la selección de campo, permitiendo ampliar los criterios de selección a atributos de la planta. Estos criterios de selección consideran además un buen tamaño, sanidad de mazorca y grano, buena sanidad, porte y vigor de la planta (Briones, 2007).

En cuanto a sanidad de mazorca, permite eliminar todas las mazorcas que presenten cualquier nivel visible de daño de pudrición, al momento de la selección; de esta forma en los ciclos avanzados de las poblaciones mejoradas, al momento de la cosecha se aprecia de manera visual una menor frecuencia de mazorcas podridas, resultando atribuido el tipo de selección realizada. Estas observaciones hacen suponer que la manera en que se ha practicado la selección, además de mejorar rendimiento, puede generarse ganancias en el nivel de resistencia genética a pudrición de la mazorca (Briones, 2007).

La selección masal es una selección artificial que se lleva a cabo para obtener mejores fenotipos y genotipo de plantas cultivadas, en la que en cada generación se seleccionan aquellas con mejores características (Molina, 1981).

El primer paso en la mejora de una variedad es la selección de los tipos de interés y la eliminación de los tipos no deseables. Esto se puede hacer por corte o arranque de las plantas no seleccionadas en las primeras fases de desarrollo, o bien se pueden mantener todas las plantas, e ir identificando los tipos prometedores durante todo el ciclo vegetativo, y cuando llega la madurez, cosechar sólo las plantas que interesen. La selección masal implica la selección de las mejores plantas de la variedad (selección individual) y la reunión o mezcla de toda la semilla que producen en conjunto.

Una forma más refinada de la selección masal es cosechar las mejores plantas separadamente y cultivarlas como líneas puras para compararlas entre sí. Una vez evaluadas, las líneas puras superiores y similares se mezclaran para mejorar una variedad ya establecida (Molina, 1981).

En muchos casos, la selección masal es el primer paso en la mejora de las variedades autóctonas. Aplicando este método, las características que han hecho que la variedad autóctona tenga éxito, se mantendrán y obviamente todos los defectos se eliminarán. Cuando se quiere introducir un nuevo cultivo en un área, la mejora inicial del mismo comienza por la realización de una selección masal.

Actualmente, se hace selección masal para mantener las características de las variedades establecidas. Por regla general, esto implica la cosecha de alrededor de 200 plantas típicas de la variedad. El número de plantas debe ser grande para preservar la identidad y la variabilidad original de la variedad. Estas plantas se cultivan en hileras y las que no son típicas de la variedad se destruyen antes de que florezcan. Las restantes se cosechan en masa. Este proceso se repite tantas veces como sea necesario a fin de mantener las características de la variedad.

González y Carballo (1979), mencionan que, generalmente, para seleccionar su semilla los agricultores escogen en el granero las mejores mazorcas y utilizan sólo los granos mejor formados en la parte media de ésta. Esta práctica permite obtener la semilla más grande y mejor formada; sin embargo, se puede ganar más si la selección se inicia en el campo durante la floración, y se continúa hasta el momento de la cosecha, ya que así se tendrá la oportunidad de eliminar plantas enfermas y detectar aquéllas que sean verdaderamente productivas. De esta forma es posible mejorar el rendimiento de la variedad que se acostumbra sembrar, sobre todo cuando no es un híbrido ni una variedad mejorada. Si esto se hace durante varios años, se puede ir ganando productividad y calidad en forma gradual.

JUSTIFICACIÓN

El maíz representa uno de los aportes a la seguridad alimentaria más valiosos de México y mundial, ya que se ha convertido en sustento permanente de múltiples grupos campesinos y urbanos, en el alimento barato de millones de trabajadores asalariados urbanos, y en materia prima estratégica de la ganadería mundial y la industria de alimentos.

Pero actualmente en México, la baja productividad se debe principalmente a factores como el cultivo bajo condiciones ambientales no favorables, utilización de variedades con bajo potencial productivo, escaso uso de insumos, manejo y a la incidencia de plagas y enfermedades, entre otros. Debido a lo anterior, anualmente se presentan pérdidas en la producción, por lo que entre otros aspectos, se han desarrollado diversos programas de mejoramiento de maíz para resolver estos problemas buscando, mayor producción (Briones, 2007).

Según Caballero (citado por González, 2002), el uso de variedades mejoradas de cultivos como el maíz en México, constituye un aporte muy importante para el incremento potencial de la productividad de medianos y grandes productores. Sin embargo, existen limitaciones para transferir esta tecnología a productores de pequeña escala, debido a la falta de adaptación de variedades mejoradas a sus sistemas de producción, caracterizados por suelos de baja productividad, patrones variados de precipitación, y bajo usos de insumos y maquinaria. Adicionalmente las variedades criollas utilizadas por estos pequeños productores han sido seleccionadas por su adaptación a condiciones agroecológicas y a preferencias de usos, consumos y comercialización locales, por lo que poseen ventajas que limitan la adopción de las mejoradas.

Por esta razón, es necesario trabajar en estrategias y metodologías que desarrollen procesos de mejoramiento genético participativo aplicables a las variedades nativas o criollas de maíz en México, como una alternativa de conservación,

potencialización y aprovechamiento de estos recursos, así como también de desarrollo de las economías de los campesinos.

HIPÓTESIS

La amplia diversidad de maíz criollo en México, su limitada producción, y la falta de adaptabilidad de materiales mejorados (híbridos) a las diferentes ecologías rurales, han sido los antecedentes más relevantes para seguir con los estudios del mejoramiento participativo *in situ* que lleva a cabo el Colegio de Postgraduados junto a campesinos y agricultores de diferentes ciclos de selección masal.

En esta investigación se plantea como hipótesis, que los ciclos continuos de selección masal participativa aportan con la conservación y avance genético de los materiales criollos o nativos, mejorando sus características agronómicas y morfológicas como; rendimientos, calidad de granos, morfología de planta, resistencia a enfermedades, etc.

OBJETIVOS

GENERAL

Valorar el avance del mejoramiento genético *in situ* de maíz criollo (nativo) en poblaciones provenientes de ciclos de selección masal participativo en el Sureste del Estado de México.

ESPECÍFICOS

Evaluar morfológica y agronómicamente poblaciones de maíz criollo provenientes de ciclos de selección masal participativa en el Sureste del Estado de México y estimar el avance del mejoramiento *in situ*.

Valorar la conservación de diversidad genética mediante caracteres isoenzimáticos en las poblaciones con ciclos de selección masal participativa.

BIBLIOGRAFÍA

- Arellano V., J. L. 1985.** Problemática de la producción de maíz y logros en su mejoramiento genético en la Mesa Central de México. Rev. Chapingo. Vol. 9 (43-44): 19-30.
- AGRODER, 2012.** Producción del Maíz, México, 2010. Comparativo Regional de Rendimientos de maíz. Consultado el 19 de Diciembre del 2012. www.agroder.com
- Briones, D. 2007.** Resistencia a pudrición de mazorcas en poblaciones de maíz bajo mejoramiento participativo en el altiplano de México. Tesis de Maestría en Ciencias. Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo. Texcoco, Edo de México. 64p.
- Castañeda, J. 2011.** Una visión sobre la importancia de la diversidad del maíz en México. (Consultado el 12 de Abril del 2011). <http://www.sjsocial.org/crt/articulos/762castaneda.htm>
- Doebley J. F and H. H. Iltis. 1980.** Taxonomy of *zea (Gramineae)*. I. A subgeneric classification with key to taxa. Amer. Jour. Bot. 67(6): 982-993.
- FAO (Organización de las Naciones Unidas para la agricultura y la alimentación) 1993.** El maíz en la nutrición humana. Roma. 1993.
- FAO. 1996.** Informe sobre el estado de los recursos fitogenéticos en el mundo. Conferencia Técnica Internacional sobre los Recursos Fitogenéticos, Leipzig, Alemania, 17 -23 de Junio 1996. Roma Italia. 75 p.
- FAO (Organización de las Naciones Unidas para la agricultura y la alimentación) 2005.** Cifras referidas a la producción de maíz. (Consultado el 15 de Abril del 2011). <http://faostat.fao.org/faostat/from?collection=production.Crops.Primary&Domain=Production&servlet>.
- Financiera Rural. 2009.** Monografía del Maíz. Dirección General Adjunta de Planeación Estratégica y análisis Sectorial. Estados Unidos Mexicanos. Marzo del 2007.
- Galinat, W. C. 1992.** Evolution of corn. Adv. Agron. 47:203-231.
- González, F. 2002.** Desarrollo de poblaciones para el mejoramiento participativo de variedades criollas de maíz (*Zea mays* L.). Tesis de licenciatura. Zamorano, Honduras, 40 p.
- González H., V. A. y A. Carballo C. 1979.** Maíces en el Valle de México y la región Tlalmanalco-Amecameca-Juchitepec. INIA. SARH. Circular CIAMEC No. 113. Chapingo, México. 16 p.
- Graham, T. 2000.** Bibliografía sobre investigación participativa en el CIP. INIAP/CIP, Quito, Ecuador. 73 p.

Herrera C, B., F Castillo G., J Sánchez G.; J. M. Hernández C., R. A. Ortega P., and M. M. Goodman. 2004. Diversidad del maíz Chalqueño. Agrociencia, marzo-abril, año/vol.38, número 002. Colegio de Postgraduados. Texcoco, México. Pp. 191-206.

Kato Y., T.A., C. Mapes S., L. M. Mera O., J. A. Serratos H., R. A. Bye B. 2009. Origen y Diversificación del Maíz: Una Revisión Analítica. Universidad Nacional Autónoma de México. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. México, D.F. 116 p.

Mangelsdorf, P.C. and R.G. Reeves. 1939. The origin of Indian corn and its relatives. Texas Agricultural Experiment Station Bulletin No. 574. College Station, Texas. USA. 315 p.

Molina G., J. D. 1981. Selección masal visual estratificada. Colegio de Postgraduados. Chapingo, México. 35 p.

Moreno, V. 2011. Respuesta a la selección masal visual estratificada sobre poblaciones de maíz Chalqueño en condiciones de agricultura tradicional en el oriente del estado de México. Tesis de Maestría en Ciencias. Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo. Texcoco, Edo de México.

Ortega, P. 1993. Variación en maíz y cambios socioeconómicos en Chiapas, México 1946-1971. Tesis de Maestría en Ciencias. Colegio de Postgraduados, Centro de Botánica. Chapingo, México. 199p.

Reyes C., P. 1990. El maíz y su cultivo. AGT. Ed. S. A. México DF.460p.

Precio del maíz en México. 2011. Comercializadores del maíz aumentaron el precio. (Consultado el 22 de Abril del 2011).

<http://noticierostelevisa.esmas.com/nacional/264983/tortilleros-comercializadores-del-maiz-aumentaron-precio>

Velázquez y Arellano, 1993. Mejoramiento genético de maíz para Valles Altos y la región de transición de la Mesa Central de México, en: Logros de la Investigación Agrícola del Campo Experimental Valle de México. Chapingo, México. 42 p.

CAPÍTULO II

AVANCE GENÉTICO EN POBLACIONES DE MAÍZ BAJO SELECCIÓN MASAL PARTICIPATIVA

RESUMEN

Con la finalidad de evaluar el avance genético de diferentes ciclos de selección masal participativa *in situ* (SMP) en poblaciones de maíz nativo (*Zea mays* L.), realizada con agricultores del Sureste del Estado de México, se evaluaron 63 poblaciones de maíz en dos localidades: en el campo experimental del Colegio de Postgraduados en Montecillo, 2012, y en el Municipio de Ayapango, 2011 y 2012, ambas del Estado de México. El experimento uniforme se estableció bajo un diseño experimental de bloques completos al azar (DBCA) con cuatro repeticiones. En forma global para diez poblaciones de maíz tipo Chalqueño, se observó respuesta a la selección de 2.44% por ciclo para Rendimiento de Grano (RendGr), -0.54% para Altura de Mazorca (AlturaMz), 0.55% para Días a Floración Masculina (DFM) y -7.32% para el porcentaje de Pudrición de Mazorca (PudrMz). Para el grupo de dos poblaciones seleccionadas de maíz (FMH-Ancho) se presentaron respuestas de 3.52% por ciclo para RendGr, -0.51% para AlturaMz, 1.20% para DFM y -8.28% para el porcentaje de PudrMz por ciclo de selección. Y para el grupo de poblaciones de maíz de doble propósito (FMH-FG) se presentaron respuestas a la selección de 1.63% por ciclo para RendGr, -0.68% para AlturaMz, 0.30% para DFM y -8.84% para el porcentaje de PudrMz. El análisis de variación detectó diferencias altamente significativas entre ciclos de selección para las variables RendGr en el grupo Chalqueño y para la variable PudrMz en el grupo de FMH-FG, en las variables donde no se detectó diferencias significativas, se observó una tendencia numérica a la mejora al avanzar en los ciclos de selección.

Palabras clave: Respuesta a la selección, interacción, avance genético

GENETIC ADVANCE IN MAIZE POPULATIONS UNDER PARTICIPATIVE MASS SELECTION

SUMMARY

In order to evaluate the genetic advance of various cycles of participative mass selection *in situ* (SMP) in populations of native corn (*Zea mays* L.), carried out with producers in southwestern State of Mexico, 63 populations of maize were evaluated in two localities: in the *Colegio de Posgraduados'* experimental station located in Montecillos, in 2012, and in the Ayapango municipality in 2011 and 2012, both in the State of Mexico. The uniform experiment was established under an experimental design in complete random blocks (DCBA) with four repetitions. In an overall view, for ten maize populations of Chalqueño type, response to selection of 2.44% per cycle for Grain Yield (RenGr), 0.54% for Ear Height (AlturaMz), 0.55% for Male Flowering Days (DFM) and -7.32% for percentage of Ear Rot (PudrMz), was observed. For the group of two populations of wide corn (FMH-Ancho), values observed were: 3.52% per cycle for RendGr, 0.51% for AlturaMz, 1.20% for DFM and -8.28 for percentage of PudrMz, per selection cycle. And for the group of populations for double purpose (FMH-FG) values observed were: 1.63% per cycle for RendGr, -0.68% for AlturaMz, 0.30% for DFM, and -8.84% for percentage of PudrMz. Variation analysis detected highly significant differences between selection cycles for the variable RendGr in the Chalqueño group and for the variable PudrMz in the FMH-FG group, and in those variables where no significant differences were detected, a numeric tendency towards improvement was observed with the advance in selection cycles.

Key words: Response to selection, interaction, genetic advance

INTRODUCCIÓN

El maíz representa uno de los aportes a la seguridad alimentaria más valiosos de México y del mundo, ya que se ha convertido en sustento permanente de múltiples grupos campesinos y urbanos, y constituye la materia prima estratégica de la ganadería mundial y la industria de alimentos.

Este cereal en México no es solo un bien comercial, sino que constituye una expresión de relación que ha permitido a las comunidades rurales su subsistencia. En México, se cultiva tanto en sistemas agrícolas tradicionales como en condiciones agrícolas intensivas: En los sistemas tradicionales, el 85% del área cultivada que utiliza semilla nativa que durante más de 300 generaciones las comunidades indígenas y rurales mexicanas han generado y resguardado, mientras que en los sistemas intensivos, que constituyen un 15% del área cultivada, se siembra semilla mejorada, principalmente híbridos comerciales (Soleri y Cleveland, 2001; INEGI, 2007).

Es importante destacar, que a pesar de que el cultivo de maíz es parte de la cultura mexicana, en ciertas regiones los maíces nativos se cultivan en menos proporción por diversos problemas, que amenazan considerablemente con la pérdida de este recurso. La conservación de las especies de maíz se ha visto amenazada principalmente por la sustitución de variedades nativas por otras mejoradas, la expansión e intensificación de los cultivos, la contaminación con semillas genéticamente modificadas, así como causas socioeconómicas como la migración de los campesinos, el precio en el mercado y la falta de apoyo en la producción (Castañeda, 2012).

Actualmente, la producción y rendimientos de maíz nativo en muchos lugares rurales en México donde prevalece la agricultura tradicional se mantienen estancados, debido a la falta de apoyo en la transferencia de tecnología. Para conservar estos recursos y mejorarlos es necesario construir estrategias con base en el patrimonio genético de maíz que existe de las comunidades.

Louette (1994) señala que para lograr conservar y mejorar las características de las variedades criollas es necesaria la participación conjunta entre fitomejoradores y

campesinos. El papel de los fitomejoradores en este esquema consistiría en aplicar técnicas útiles para el mejoramiento de las variedades criollas con el entendimiento de selección de semillas aplicadas por los agricultores.

El fitomejoramiento participativo ha sido propuesto para servir tanto al agricultor, como a la conservación de la diversidad genética, aprovechando la riqueza genética de las variedades nativas que han sido seleccionadas y mejoradas por los propios agricultores de acuerdo a sus necesidades y condiciones agroecológicas, por muchas generaciones.

Existen varias técnicas del fitomejoramiento participativo, dentro de las cuales está la selección. Brauer (1979) define a la selección como el acto de escoger individuos que manifiesten cierto carácter expresado a un nivel determinado dentro de una población variable, perpetuándola por reproducción. Reconoce dos clases de selección: la natural como resultado directo de problemas de adaptación de ciertos individuos al medio ecológico al grado de afectar su capacidad reproductiva, y la artificial efectuada por el hombre de manera consistente. Márquez (1985) precisa que mediante la selección se da el aprovechamiento de los efectos genéticos aditivos.

Actualmente, en algunos casos se realiza mejoramiento participativo mediante selección masal, lo que ha aportado mucho con el desarrollo de estas investigaciones. Este método de mejoramiento es el más antiguo y simple utilizado en las plantas alógamas. Se puede decir que ha sido aplicado por el agricultor en su forma más sencilla al seleccionar su semilla para la siguiente siembra (Sprague, 1955; Ángeles, 1961; Brauer, 1969).

La selección masal es un procedimiento en el que se sub lotifica la parcela para tener homogeneidad ambiental dentro de cada fracción y elegir las mejores mazorcas (individuos con mayor capacidad productiva), en cada sub-lote se toma un número igual de semillas de cada mazorca seleccionada para hacer un compuesto balanceado para sembrar el siguiente ciclo; en cada ciclo se repite el mismo procedimiento (Molina, 1983; De la Loma, 1963; Sprague 1955).

La selección masal ha sido usada, por los agricultores en la domesticación de plantas cultivadas; por lo tanto, no puede haber duda de que la selección individual practicada por el hombre en el maíz primitivo, fue fundamentalmente visual (Molina, 1983).

Los avances de la genética, en general, y en especial de la cuantitativa han hecho posible mejorar en forma considerable la eficiencia de la selección masal tradicional. La estratificación del lote de selección y la cosecha de plantas con competencia completa son esencialmente, los elementos que constituyen tales modificaciones (Selección Masal Estratificada) (Gardner, 1961 y Molina, 1983). Con el fin de reducir la cantidad de trabajo se consideró una simplificación que consiste en seleccionar visualmente las mejores plantas de cada uno de los sublotes. A esta modificación se le ha dado el nombre de Selección Masal Visual Estratificada (SMVE) (Molina, 1983).

El uso de estas metodologías donde se integra la opinión y las actividades del técnico mejorador como la del agricultor se conoce como fitomejoramiento participativo, y han habido resultados interesantes que dan luz para resolver los problemas presentes en el agro rural mexicano, como son los bajos rendimientos y la aceptación de los productos nativos en el mercado y la agroindustria.

La presente investigación tiene como objetivo valorar el avance genético en la selección masal participativa en poblaciones de maíz nativo con varios ciclos de selección masal participativa *in situ*.

MATERIALES Y MÉTODOS

El material experimental consistió de 58 poblaciones de maíz nativo provenientes del sureste del Estado de México, que en su mayor parte son del tipo Chalqueño. Se tomaron los compuestos de varios ciclos de selección masal participativa junto a los de los agricultores y el equipo investigadores del Colegio de Postgraduado del área de Genética; además, se incluyeron 5 materiales mejorados con la intención de comparar el comportamiento de estos materiales versus a las poblaciones nativas mencionadas anteriormente (Cuadro 1).

Cuadro 1. Poblaciones de maíces Chalqueño con sus respectivas versiones de selección. Montecillo 2012 y Ayapango 2011 y 2012.

POBLACIÓN	TIPO	AÑOS DE SELECCIÓN U ORIGEN DE SEMILLA
Marcelino Cadena (Mont)	Chalqueño crema	2004, 2006, 2008, 2010
Marcelino Cadena Mtnz	Chalqueño crema	2004, 2006, 2008, 2010
Eufasio Ramirez Mdza	Chalqueño crema	2005, 2007, 2008, 2010
Pedro Hernández Glez	Chalqueño crema	2003, 2005, 2009, 2010
Enrique Hernández Glez	Chalqueño crema	2005, 2007, 2008, 2010
Pedro Cruz Linares	Chalqueño crema	2006, 2008, 2010
Santos Altamirano	Chalqueño palomo	2004, 2005, 2006, 2007
Ignacio Rosas Flores	Chalqueño palomo	2003, 2005, 2007, 2010
Luis Flores	Chalqueño amarillo	2005, 2007, 2010
Manuel Montes de Oca	Chalqueño azul	2005, 2007, 2008, 2010
Ancho FMH (A. Santos G)	Ancho	2005, 2006, 2007, 2009, 2010
Ancho FMH (Palemon)	Ancho	2008, 2009
Pobn Plan Alta (SNP)	Chalqueño - arrocillo	2008, 2009, 2010
FMH Macho Ayap	(Chalqueño) - (Chalqueño arrocillo)	2005, 2008, 2009, 2010
FMH Macho Mont	(Chalqueño) - (Chalqueño arrocillo)	2002, 2005, 2010
Montaña x Híbrido	mejorado	2010
Pinto (T. Juan)	mejorado	2010
San Miguel	mejorado	2010
H-40	mejorado	2010
Promesa	mejorado	2010
Raúl Padilla García	Colecta	2009
Vicente Galicia Flores	Colecta	2009
Francisca Rodrz Gonzáles	Colecta	2009
Epifanio de la Rosa Neri	Colecta	2009

La evaluación en campo se realizó en los ciclos agrícolas abril-diciembre del 2011 y 2012, en dos localidades; Montecillo y Ayapango, ambas en el Estado de México. En el 2011 se perdió el experimento establecido en Montecillo por daño de Gallina ciega (*Anomala cincta* Say).

En Montecillo (19° 29' LN y 98° 54' LO, a altitud de 2250 msnm), prevalece clima templado sub-húmedo con temperaturas media anual entre 14° y 18° centígrados y con una precipitación promedio anual de 650 mm. La localidad de Ayapango, Estado de México (19° 10' LN y 98° 45' LO, a altitud de 2450 msnm), presenta clima sub-húmedo con lluvias en verano, su temperatura media anual oscila entre 12° y 18° centígrados y con una precipitación que va de los 800 a 900 mm. (Estación Agrometeorológica Campus Montecillo, 2011).

Se sembraron ensayos uniformes en los dos ambientes Montecillo y Ayapango, con base en un diseño de bloques al azar, y cuatro repeticiones. Los experimentos se condujeron en condiciones de temporal en Ayapango, y con base en las prácticas culturales de los agricultores en tiempo y forma. La parcela experimental estuvo constituida por dos surcos de 5.0 m de largo y 0.8 m de ancho. Se sembraron tres semillas cada 0.5 m, y después de cuatro a cinco semanas se dejaron dos plantas por mata, la densidad de población aproximada fue de 50000 plantas ha. El cultivo se fertilizó con la dosis 120N₂-80P₂O₅-00K₂O₅, 40 días después de siembra. Las plagas y enfermedades no se controlaron y el control de malezas se hizo en forma mecánica y manual, para ello se eliminó principalmente el "Chayotillo" ó "tatana" (*Sicyios deppei*) y el teocintle o "acece" (*Zea mays mexicana* raza Chalco).

Durante el desarrollo de los experimentos se registraran las siguientes variables
Cuadro 2.

Cuadro 2. Variables registradas en campo en las unidades experimentales de maíz nativo Montecillo y Ayapango 2011 y 2012.

Descriptor	Unidades	Descripción
Altura de planta (AP)	cm	De la base de la planta en el suelo a la primera ramificación de la espiga.
Altura de mazorca (AM)	cm	Tomada desde la superficie del suelo hasta el nudo de la mazorca principal
Días a floración masculina (DFM)	días	Desde la siembra hasta emisión de polen en el 50 % de las plantas
Días a floración femenina (DFF)	días	Desde la siembra hasta la aparición del jilote en el 50 % de las plantas
Plantas acamadas de tallo (PAT)	#	Número de plantas que presentan el tallo quebrado abajo de la posición de la mazorca
Plantas acamadas de raíz (PAR)	#	Número de plantas que se inclinan a más de 40° con respecto a la vertical desde su base en cada parcela
Humedad de grano (H)	%	Se determinó el porcentaje de humedad
Longitud de mazorca (LMZ)	cm	Longitud promedio de cuatro mazorcas bien formadas
Diámetro de mazorca (DMZ)	cm	Tomado en la parte central de la mazorca, promedio de cuatro mazorcas bien formadas.
Número de hileras (NH)	#	Promedio en la muestra de cuatro mazorcas bien formadas
Número de granos por hilera (NGH)	#	Promedio de grano por hilera desde la base hasta la punta de la mazorca, en la muestra de cuatro mazorcas bien formadas
Ancho de grano (AG)	mm	Promedio de diez granos en cada una de las cuatro mazorcas tomados de la parte media de la mazorca
Diámetro de olote (DO)	cm	Promedio de cuatro olotes tomando como referencia la parte central
Peso seco de la muestra (PSM)	gr	Peso de la muestra.
Rendimiento de grano (RGr)	ton/ha	El peso de mazorcas cosechadas por parcela, se pondera por a proporción de grano en la mazorca y se expresa en ton/ha a la humedad de equilibrio bajo condiciones ambientales

Los análisis estadísticos se realizaron con el programa SAS v.8.1 (SAS, 2000) con el cual se efectuaron los correspondientes Análisis de Varianza por localidad y combinado a través de localidades, para cada uno de los caracteres cuantificados bajo

el Diseño de Bloques Completos al Azar; las comparación de medias se realizó con base en Tukey ($p \leq 0.05$) en tratamientos. Para estimar el avance debido a la selección se aplicó el análisis de regresión lineal simple para estimar la respuesta a la selección por año; se reporta la respuesta a la selección por grupo de poblaciones: Grupo Chalqueño que se conforman de poblaciones de maíz tipo Chalqueño originarias de colectas iniciadas de 1995 hasta 2001 en varios municipios del Estado de México, y que fueron seleccionadas en cada ciclo por los agricultores por presentar plantas sobresalientes, El Grupo Medios Hermanos Ancho (FMH-Ancho) es un maíz proveniente de compuestos balanceados de material colectado en 1996 en los Estados de México, Morelos y Guerrero, hechas en altitudes entre 1200-1500 msnm y de interés por su buen precio en el mercado y que lo productores están interesados en adaptarlo a la región. El Grupo de poblaciones nativas de Familias de Medios Hermanos (FMH-Macho) provienen de colectas realizadas en 1997 en el Estado de México y Puebla, que se construyeron por el interés de los productores por el forraje.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Comportamiento Agronómico y Morfológico General

Los análisis de varianza combinado a través de localidades presentaron diferencias altamente significativas (Tukey, $p \leq 0.01$) entre localidades, entre poblaciones y para la interacción localidad por población. El rendimiento de Grano (RendGr) más alto fue de 4.8870 ton/ha para la localidad de Ayapango 2012 (Ay2012), 4.8823 ton/ha para Montecillo 2012 (Mo2012) y 2.1672 ton/ha para Ayapango 2011 (Ay2011).

El bajo rendimiento en Ay2011 se debió a condiciones ambientales adversas (periodo extenso de sequía).

Entre poblaciones hubo diferencia altamente significativa para Rendimiento de Grano (RendGr), presentando valores de 6.3794 ton/ha para Montaña x Híbrido, 5.6814 ton/ha para Promesa (Materiales mejorados), 5.4639 ton/ha para FMH Macho Mont (Material con ciclo de selección masal participativa), etc. El menor valor promedio se presentó para las poblaciones de Epifanio de la Rosa, con 2.6888 ton/ha en RendGr (Colecta 2009), (Cuadro 3).

En la Figura 1 se observa que las poblaciones de maíz nativo con ciclos de selección masal participativa (3,6,7,8,9,11,12,13,14,15,16,18,19 y 20) presentaron rendimiento de grano superior a las poblaciones (17, 21, 22 y 23) que fueron usadas por los agricultores en el año 2009. Lo que indica que el proceso de mejoramiento con selección masal participativa incrementa los rendimientos por la mejora participativa.

Comparando las poblaciones con ciclos de selección masal participativa versus mejoradas, se observa que las poblaciones 1 y 2, que corresponde a Montaña x Híbrido y Promesa, con promedios de 6.3794 y 5.6814 ton.ha⁻¹, respectivamente, superó en poco a la población nativa con ciclos de selección masal participativa FMH Macho Mont, con promedio de 5.4639 ton.ha⁻¹, PobnPtaAlta (SNP) con 4.9452 ton.ha⁻¹ y FMH Macho Ayap con 4.7086 ton.ha⁻¹.

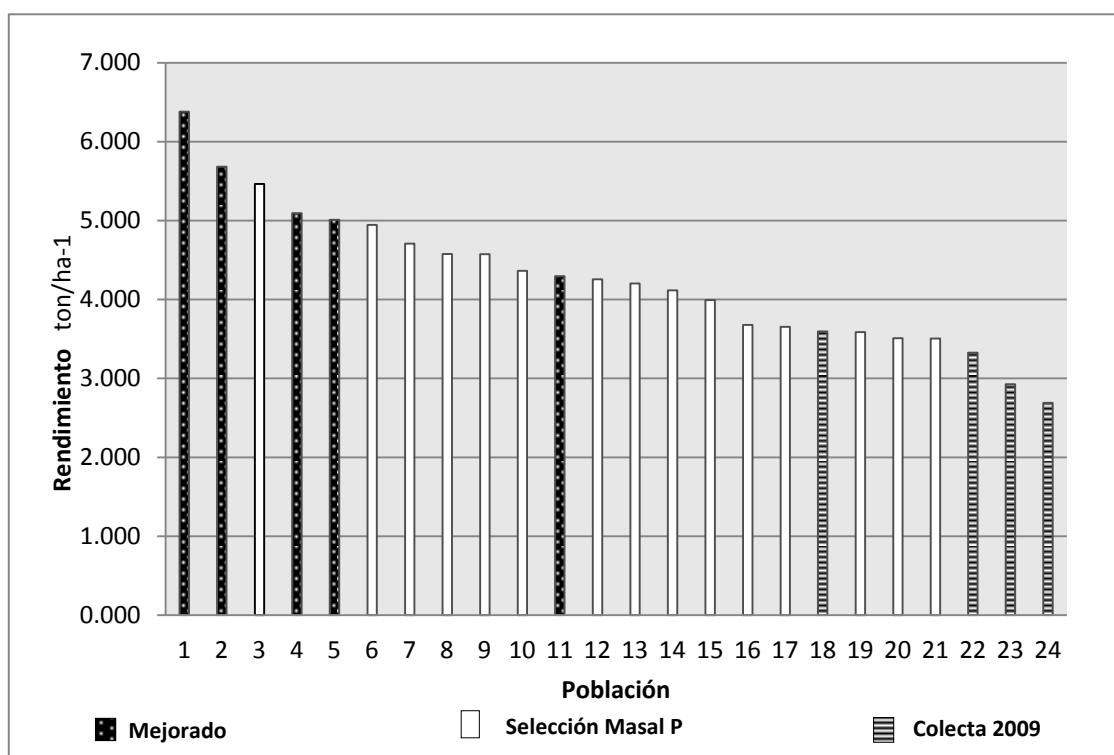


Figura 1. Promedio de Rendimiento de Granos (RendGr) para los 24 productores en estudio. Montecillo 2012 y Ayapango 2011y 2012.

Cuadro 3. Rendimiento de Grano (RendGr) en ton.ha⁻¹ para los 24 productores en estudio. Montecillo 2012 y Ayapango 2011 y 2012.

No.	Población	RendGr (ton.ha ⁻¹)
1	Mont x Hibr	6.379
2	Promesa	5.681
3	FMH Macho Mont	5.464
4	Pinto	5.093
5	H-40	5.009
6	Pobn PlaAlta (SNP)	4.945
7	FMH Macho Ayap	4.709
8	Ancho FMH (Palemon)	4.576
9	Marcelino Cadena Mtnz	4.575
10	Pedro Hernández	4.364
11	San Miguel	4.295
12	Luis Flores	4.257
13	Ancho FMH (Santos)	4.204
14	Marcelino Cadena Mont	4.117
15	Eufrasio Ramirez	3.993
16	Enrique Herndz	3.678
17	Manuel Mont Oca	3.653
18	Raul Padilla (C-2009)	3.595
19	Santos Altam	3.587
20	Ignacio R Flores	3.510
21	Isidro Cruz L	3.506
22	Francisca Rdrgz (C-2009)	3.325
23	Vicente G Flores (C-2009)	2.925
24	Epifanio dl Rosa (C-2009)	2.689

3,6,7,8,9,10,12,13,14,15,16,17,19,20 y 21 son promedios de varios ciclos de selección

Las poblaciones nativas con ciclos de selección participativa presentaron rendimientos que compiten con las poblaciones mejoradas y a su vez superaron a las poblaciones de uso cotidiano del agricultor.

Respuesta a la selección

Para conocer el avance genético en las poblaciones nativas con ciclos de selección masal participativa en estudio, se hizo un análisis de regresión lineal sobre los años de selección considerando de manera global 3 grupos: a) Las poblaciones nativas de maíz del tipo Chalqueño, b) Las poblaciones nativas provenientes de

Familias de Medios Hermanos Forraje y Grano (FMH-FG), c) El grupo de poblaciones nativas de Familia de Medios Hermanos Ancho (FMH-Ancho).

El grupo FMH-Ancho produjo ganancias importantes para tres de los cuatro caracteres evaluados promedio de las 3 localidades de evaluación; Rendimiento de grano (RendGr), Altura de mazorca (AlturaMz), Días a la floración masculina (DFM) y Pudrición de mazorca (PudrMz) (Cuadro 4).

Cuadro 4. Ganancia genética por ciclo de selección masal participativa en tres grupos de maíz nativo del Sureste del Estado de México, Montecillo y Ayapango, Estado de México, 2011 y 2012.

	RendGr	AlturaMz	DFM	PudrMz
Chalqueño	2.18%	-0.44%	0.16%	-4.84%
	84.5 Kg/ha/año	-0.70 cm/año	0.17 días/año	-1.13 % mzpd/año
FMH-Ancho	3.52%	-0.51%	1.20%	-8.28%
	173 Kg/ha/año	-0.85 cm/año	1.29 días/año	-1.41 % mzpd/año
FMH-FG	1.63%	-0.68%	0.30%	-8.84%
	83.1 Kg/ha/año	-1.13 cm/año	0.32 días/año	-1,76 % mzpd/año

El grupo FMH-Ancho presentó un avance genético para RendGr de 3.52% por ciclo de selección, que equivaldría en este análisis a 173.0 Kg/ha/año. Para el grupo Chalqueño se tuvo un avance genético de 2.18%, equivalente a 84.5 Kg/ha/año. Y para el grupo FMH-FG se logró un avance de 1.64% igual a 83.37 Kg/ha/año (Cuadro 4 y Figura 4).

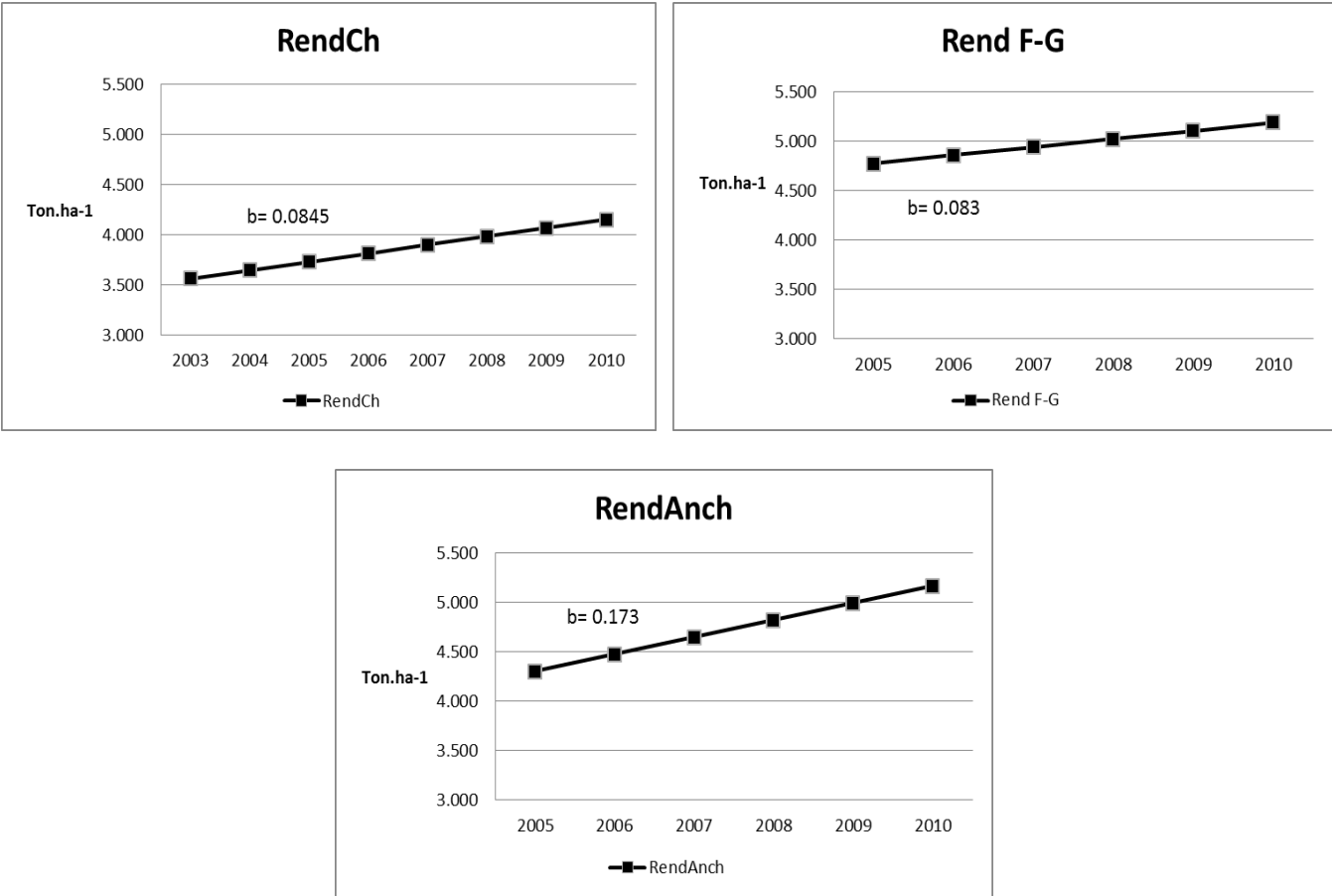


Figura 2. Estimaciones de regresión lineal para rendimiento de grano en tres grupos de poblaciones de maíz nativo con ciclos de selección masal participativa, Montecillo y Ayapango, Estado de México 2011 y 2012.

Para la AlturaMz, los tres grupos presentaron una tendencia levemente negativa en su avance genético, presentando valores de -0.68% para el grupo FMH-FG, -0.51% para el grupo FMH-Ancho, y -0.44% para el grupo Chalqueño. Indicando que mediante la selección masal participativa se tiende a reducir la altura de mazorcas de las poblaciones a lo largo de los ciclos de selección, atributo positivo para el mejoramiento (Figura 3).

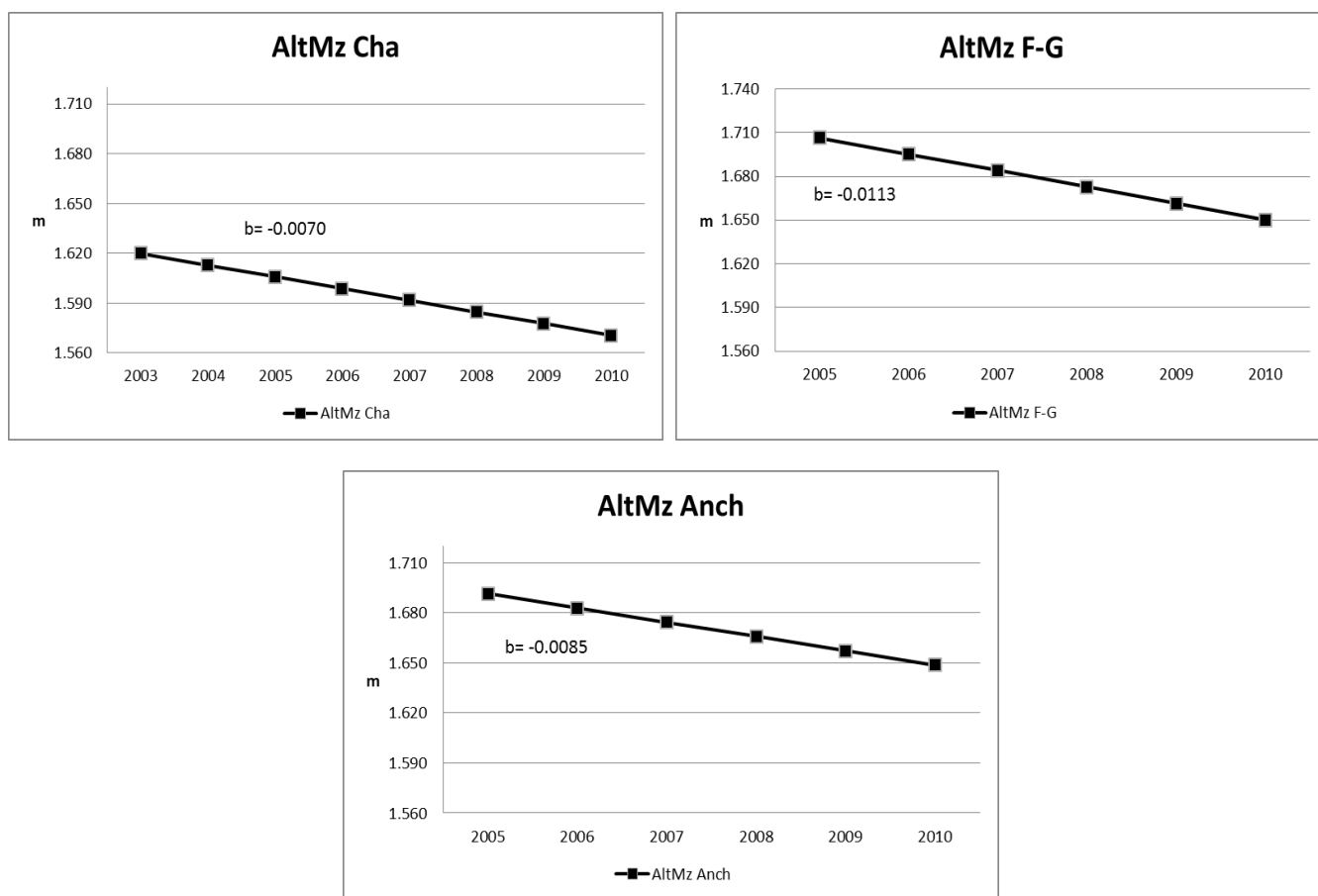


Figura 3. Estimaciones de regresión lineal para altura de mazorca en tres grupos de poblaciones de maíz nativo con ciclos de selección masal participativa, Montecillo y Ayapango, Estado de México 2011 y 2012.

Para la variable DFM los valores mostraron una tendencia levemente positiva en los tres grupos, de 1.20%, 0.30% y 0.16% para los grupos FMH-Ancho, FMH-FG y Chalqueño, respectivamente; lo cual en principio es un resultado poco deseable tanto desde el punto de vista del mejoramiento genético como agronómico. La no significancia en los 3 grupos nos indican que los ciclos de selección masal participativa no modificaron en forma significativa este carácter y que se ha mantenido a lo largo de los ciclos de selección (Figura 4). No obstante, en el grupo de poblaciones del tipo Chalqueño el incremento fue notoriamente menor, y es el grupo que ha sido trabajado desde el año 1996; la pendiente indicaría que se estaría incrementando el periodo

siembra-floración en un día cada seis años; es poco, pero es conveniente atender este carácter a la baja.

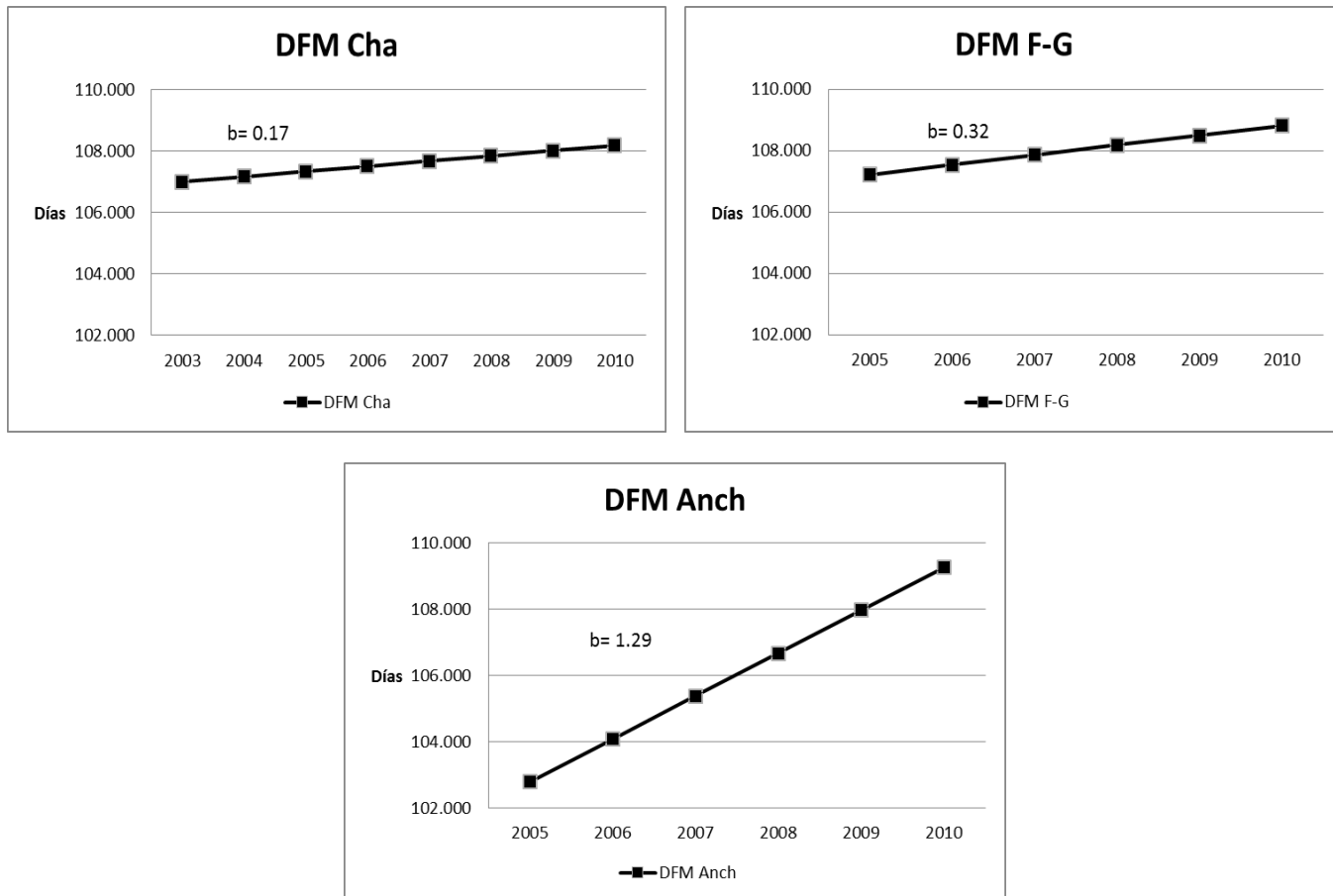


Figura 4. Estimaciones de regresión lineal para días a floración masculina en tres grupos de poblaciones de maíz nativo con ciclos de selección masal participativa, Montecillo y Ayapango, Estado de México 2011 y 2012.

Molina (1983) menciona que para la obtención de plantas con alturas de mazorca y días de floración adecuados, se debe realizar una selección efectiva en cada parcela para mantener la precocidad de la población en el mismo nivel que las poblaciones originales.

Para el porcentaje de mazorcas con pudrición (PudrMz), se tuvo una tendencia negativa significativa para el grupo FMH-FG, que presenta un valor de -8.84% de

avance genético por cada ciclo, porcentaje importante ante la respuesta que busca el fitomejorador en cuanto a sanidad de sus cosechas. Para el grupo FMH-Ancho la respuesta fue de -8.28% y para el grupo Chalqueño -4.82% lo que indica que con cada año de selección el porcentaje de pudrición de mazorca se disminuye (Figura 5).

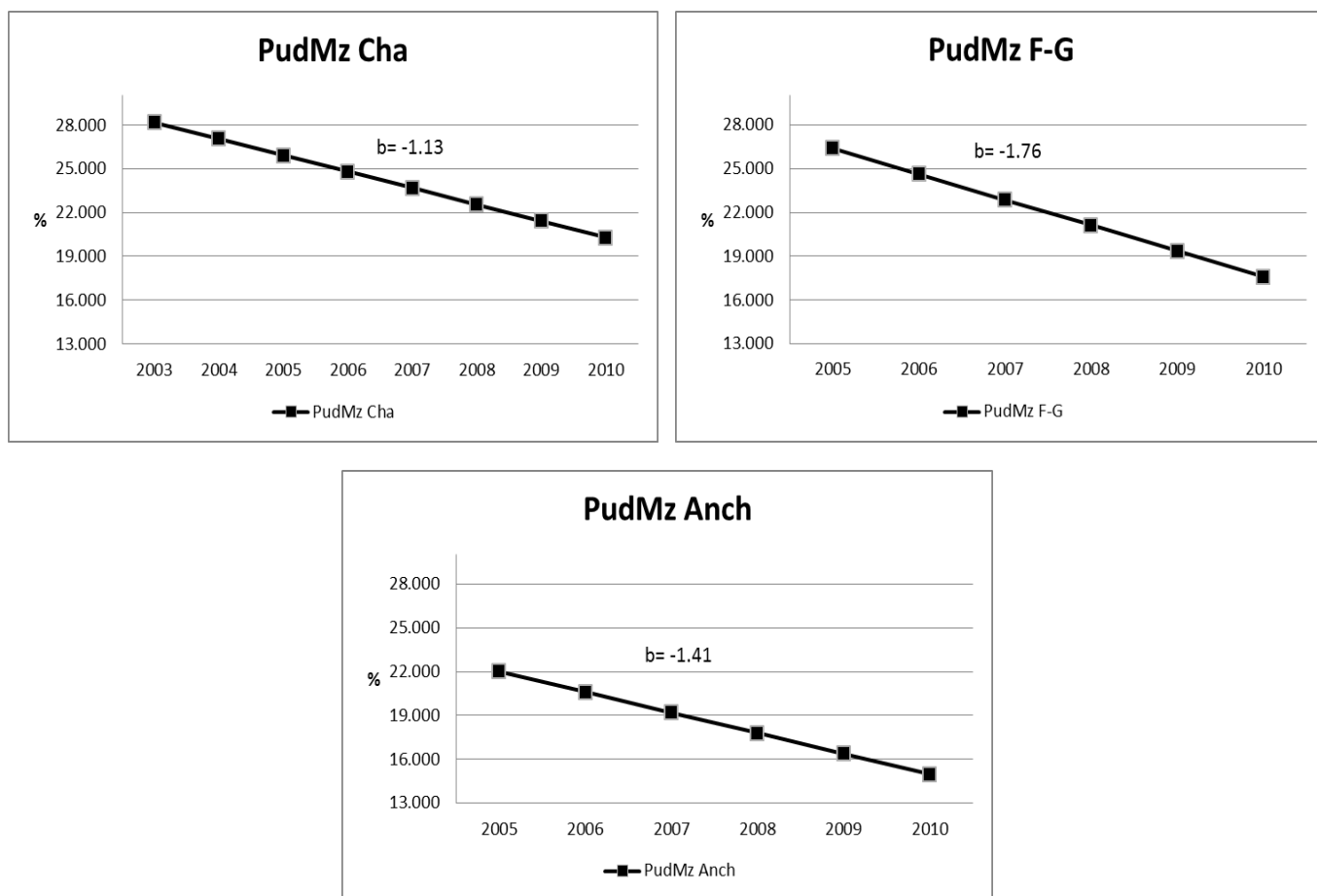


Figura 5. Estimaciones de regresión lineal para pudrición de mazorca en tres grupos de poblaciones de maíz nativo con ciclos de selección masal participativa, Montecillo y Ayapango, Estado de México 2011 y 2012.

CONCLUSIONES

La selección masal participativa *In situ* (SMP) fue efectiva para rendimiento. De los tres grupos de maíces nativos con SMP se presentó el mayor incremento en Rendimiento de Grano (RendGr) para las poblaciones de FMH-Macho, seguido de las poblaciones de Chalqueño debido a la selección. Para la variable Pudrición de mazorca (PudrMz) el proceso de selección fue efectiva, aminorando el porcentaje de pudrición de mazorca en los tres grupos, al igual que la variable Altura de mazorca (AlturaMz). Para Días de floración masculina (DFM), su avance fue ligeramente positivo, lo cual debe atenderse para mantener la fenología original.

De acuerdo con el comportamiento observado a través de los ciclos de selección masal participativa *in situ* y los valores del avance genético, se puede considerar que las poblaciones nativas con SMP obtuvieron una respuesta favorable durante los años de selección, indicando que es factible aumentar el potencial productivo de las poblaciones, o mejorar ciertas características de conveniencia agrícola, como es altura de mazorca, días de floración, pudrición de mazorca, etc., ruta correcta para fortalecer el aprovechamiento del uso, manejo y conservación de su diversidad, aportando con mejoramiento de la producción de maíz y minimizando el riesgo de la inseguridad alimentaria en México.

BIBLIOGRAFÍA

AGRODER, 2012. Producción del Maíz, México, 2010. Comparativo Regional de Rendimientos de maíz. Consultado el 19 de diciembre del 2012. www.agroder.com

Brauer H., O. 1979. Fitogenética Aplicada. Ed. LIMUSA. México, D.F. 518 p.

Castañeda Z., Y. 2012. Una visión sobre la importancia de la diversidad del maíz en México. Departamento de Sociología, Universidad Autónoma Metropolitana. México. <http://www.sjsocial.org/crt/articulos/762castaneda.htm>

Estación Agrometeorológica. Campus Montecillo (2011). [En línea] Consultado en septiembre de 2012. <http://www.cm.colpos.mx/meteoro/>.

Gardner, C. O. 1961. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. CropSci. 1:241-245.

Graham, T. 2000. Bibliografía sobre investigación participativa en el CIP. INIAP/CIP, Quito, Ecuador. 73 p.

Herrera C, B., F. Castillo G., J. Sánchez G.; J. M. Hernández C., R. A. Ortega P., y M. M. Goodman. 2004. Diversidad del maíz Chalqueño. Agrociencia, 38(2):191-206.

Instituto Nacional de Estadísticas y Geográficas (INEGI). 2010. Anuario de Estadística por Entidad Federativa www.inegi.gob.mx, noviembre 2011.

Louette D. and M. Smale. 1996. Genetic Diversity and Maize Seed Management in a Traditional Mexican Community: Implications for In Situ Conservation of Maize. NRG papers 96-03. CIMMYT. México, D.F. 21p.

Louette D, and M. Smale. 2000. Farmers' seed selection practices and traditional maize varieties in Cuzalapa, Mexico. Euphytica 113:25-41.

Márquez S., F. 1985. Genotecnia Vegetal. Vol. 1. Métodos, Teorías, Resultados. Ed. AGT. Editor, S.A. México D.F. 357 p.

Martínez Z., G., J.D. Molina G., F. Castillo G y M. Livera M. 2000. Magnitud y linealidad de la respuesta a la selección masal de maíz en función de los ambientes de selección y evaluación. Agrociencia. 34(2): 429-436.

Molina G., J. D. 1983. Selección masal visual estratificada del maíz. CP, Folleto 134 C.2. Colegio de Postgraduados. Chapingo, México. 35 p.

Ortega P., R., J. J. Sánchez G., F. Castillo G. y J. M. Hernández C. 1991. Estado actual de los estudios sobre maíces nativos de México. In: Avances en el Estudio de los Recursos Filogenéticos de México. R. Ortega P., G. Palomino H., F. Castillo G., V. A. González H., y M. Livera M. (eds). Sociedad Mexicana de Fitogenética (SOMEFI). México. pp: 161-185.

SAS Institute, 1985. SAS User's Guide: Statistics. Version 5 ed. Cary, NC.

Smith, M.E., F. Castillo & F. Gómez. 2001. Participatory plant breeding with maize in Mexico and Honduras. Mexico. Euphytica 122:551-567.

Soleri D. and D. A. Cleveland. 2001. Farmers' genetic perceptions regarding their crop populations: An example with maize in the Central Valleys of Oaxaca, México. Economic Botany 55: 106-128.

Sprague, G. F. 1955. Corn and Corn Improvement. Academic Press Inc. New York. N.Y. 669p.

CAPÍTULO III

CONSERVACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES DE MAÍZ NATIVO BAJO SELECCIÓN MASAL PARTICIPATIVA

RESUMEN

Ante la necesidad de potenciar el desarrollo de la agricultura de pequeña escala conservando la diversidad genética de maíz nativo (*Zea mays* L.), pero obteniendo mejores rendimientos, se ha venido trabajando desde hace décadas con el mejoramiento participativo, obteniéndose ganancias importantes en el rendimiento. El presente trabajo tuvo como objetivo valorar la conservación de la diversidad genética en poblaciones de maíz nativo con ciclos avanzados de selección masal participativa mediante caracteres isoenzimáticos. El estudio se realizó en el Laboratorio de Marcadores Genéticos del Colegio de Postgraduados en cinco pares de poblaciones de maíz, cada par conformado por una población con ciclos iniciales de selección masal vs. población con al menos 10 años de selección. De los 11 sistemas isoenzimáticos analizados, se obtuvo un número total de 63 alelos en 17 loci de los 11 sistemas isoenzimáticos, con un promedio de 3.7 alelos por locus. Comparando las poblaciones iniciales con su equivalente seleccionada se observó 91.76% de loci polimórficos con un número de alelos observados por locus de 2.858 para las poblaciones iniciales, mientras que en las poblaciones con ciclos avanzados los valores fueron de 88.24% de loci polimórficos y 2.729 alelos por locus. La heterocigosis esperada en las poblaciones con selección participativa fue de 38.1%, y en las poblaciones iniciales fue de 40.6%. El análisis de componentes principales separó los pares de poblaciones nativas (poblaciones iniciales y poblaciones con ciclos de selección), formando grupos claramente definidos de maíz, lo que responde a la hipótesis de que ocurre conservación de la diversidad genética en el mejoramiento participativo del maíz.

Palabras claves: *Zea mays* L. diversidad genética, selección masal, componentes principales, loci polimórficos.

GENETIC DIVERSITY CONSERVATION IN MAIZE POPULATIONS UNDER MASS PARTICIPATIVE SELECTION

SUMMARY

Due to the need for the development of small-scale agriculture under criteria for native-maize (*Zea mays* L.) genetic-diversity conservation, as well as for the development of better yields, participative improvement has been worked on, getting important achievements in yield gains. This work aimed at the evaluation of genetic-diversity conservation in native-maize populations with advanced cycles of mass participative selection through isoenzymatic polymorphism. The analysis was carried out in the Laboratorio de Marcadores Genéticos (Genetic Markers Laboratory) in the Colegio de Postgraduados (Postgraduate College) in five maize-population pairs, each pair formed by an initial-cycle population of mass selection versus a population with at least ten years of mass participative selection. Of the 11 analyzed isoenzymatic systems, a total number of 63 alleles was detected in 17 loci in the 11 isoenzymatic systems with an average of 3.7 alleles per locus. By comparing the initial populations with their counterparts, a 91.76% of polymorphic loci along with 2.858 alleles per locus were observed in the initial populations, while in the populations with advanced cycles, values were 88.24% of polymorphic loci and 2.729 alleles per locus. The expected heterozygosis was 38.1% in populations with participative selection, and 40.6% in the initial populations. The analysis of main components separated the native-population pairs (initial populations and those with selection cycles), forming clearly defined maize groups, a fact that favors the hypothesis about the genetic-diversity conservation with participative improvement.

Key words: *Zea mays*, genetic diversity, mass selection, main components, polymorphic loci.

INTRODUCCIÓN

Los procesos por los que la diversidad genética es mantenida a través del tiempo en los sistemas agrícolas tradicionales, han determinado la generación de poblaciones de maíz (*Zea mays* L.) que se han adaptado a las condiciones ecológicas del lugar donde se han desarrollado, y éstas difieren en su reacción a enfermedades y plagas con respecto a las poblaciones de otras condiciones ecológicas. Estos sistemas de producción constituyen una gran reserva genética, y su estudio permite la identificación de poblaciones representativas para la integración de colecciones centrales (Mohammadi y Prasanna, 2003), con lo que se pueden desarrollar estudios más detallados para plantear formas efectivas de utilización del germoplasma y su sostenibilidad.

La amplia diversidad genética de maíz en México, constituida por sus poblaciones nativas, es aprovechada para el consumo humano directo en diversas maneras, como tortillas, tamales, tlacoyos, pinole y elotes; además, este acervo genético presenta potencial para la extracción industrial de pigmentos y para la elaboración de frituras (Arellano *et al.*, 2003). Aún algunos parásitos de la planta, como el hongo *Ustilago maydis*, son factibles de aprovechamiento para consumo humano. Adicionalmente, las estructuras vegetativas de la planta se pueden aprovechar como alimento de ganado, con fines ornamentales o para la construcción de cercas y techos.

De casi 300 razas de maíz reconocidas en América Latina, menos de 10 % están representadas en forma importante en los programas de mejoramiento genético en el mundo (Goodman, 1991). En México, la inmensa riqueza contenida en sus poblaciones nativas de maíz representa posibilidades inmensas para la selección y recombinación de recursos genéticos de maíz en diferentes regiones, y para la solución de diversos problemas del cultivo en el país (Ortega, 1985).

Por otra parte, se ha planteado que es de gran importancia impulsar la conservación de los recursos genéticos nativos de maíz, que en términos históricos se ha realizado por parte de los agricultores, tanto por lo que representa en la producción de alimentos (85% de la superficie cultivada con maíz en México), como la materia

prima para el desarrollo agrícola con base en los maíces criollos, así como para la generación de maíces mejorados en el futuro (Ortega y Castillo, 2000).

Para el estudio de la diversidad se ha usado información morfológica y procedencia geográfica, del polimorfismo de marcadores bioquímicos (isoenzimas) y, recientemente de marcadores genéticos basados en ADN (Mohammadi y Prasana, 2003).

La utilidad de los marcadores moleculares, además de mapeo genómico, caracterización de germoplasma o herramientas para asistir al mejoramiento genético, es que permiten el análisis de frecuencias alélicas de poblaciones para estudios de diversidad y su dinámica (Labate, 2000).

En el caso de maíz, en los últimos años se ha empleado otros marcadores para el estudio de su diversidad genética y su evolución, entre los que incluyen a las isoenzimas, las proteínas de reserva de la semilla, RFLP's (Polimorfismo de la Longitud de Fragmentos de Restricción), microsatelites y RAPD's (ADN Polimórfico Amplificado al Azar). Los dos primeros siendo proteínas son marcadores fenotípicos, y algunos los han llamado marcadores bioquímicos para distinguirlos de los marcadores de ADN, que son marcadores genotípicos (Gepts, 1994).

Las isoenzimas en particular, son el resultado de la expresión genética que ocurre espontáneamente en la naturaleza (Acquaah, 1992); son formas moleculares distintas polimórficas de enzimas comunes en organismos, que comparten una actividad catalítica común, y son específicas a los tejidos y a las células.

Las isoenzimas pueden ser más eficientes que los descriptores morfológicos, pues permiten distinguir homocigotes y heterocigotes por presentar codominancia (Ramírez, 2003).

Entre las ventajas de las isoenzimas se menciona la simplicidad del protocolo de laboratorio, mínima cantidad del material en estudio, costo moderado, cobertura del genoma de 10 a 20 o más loci por especie, y ausencia de epístasis e influencias ambientales. Dado que la expresión alélica es codominante, es posible hacer comparaciones entre especies y entre poblaciones de una misma especie, y detectar la presencia de híbridos e introgresión de genes (Paredes y Gepts, 1995).

Entre los estimadores de diversidad más comunes se encuentra el porcentaje de loci polimórficos, el número de alelos por locus, el número de alelos efectivos por locus y la frecuencia de heterocigotos por locus, una media de diversidad genética equivalente al índice de diversidad de especies de Shannon (Hamrick, 1998).

Trabajos sobre la diversidad del maíz y teocintle (*Zea spp.*) por Doebley y Iltis, (1980) y por Sánchez G.J.J. (2000) son ejemplos de muchos trabajos que han empleado el uso de isoenzimas.

En 1995 se inició un proceso de mejoramiento genético por selección masal de manera participativa con agricultores del Sureste del Estado de México (Smith *et al*, 2001), con respuestas favorables para rendimiento de grano y otros atributos agronómicos. Se plantea que se puede conservar la diversidad genética y a la vez lograr mejoras de la productividad y calidad agronómica.

El presente estudio se llevó a cabo con el objetivo de evaluar el grado de conservación de la diversidad genética, mediante el polimorfismo de isoenzimas que existe entre poblaciones de maíz nativo (*poblaciones iniciales*), versus sus últimas poblaciones equivalentes (*con más de 10 ciclos de selección masal participativa*). La finalidad fue valorar el grado en que las poblaciones de maíz nativo con varios ciclos de selección masal han mantenido sus alelos y características heterocigóticas, para validar que sí se puede hacer mejoramiento sin afectar los recursos genéticos que tienen los maíces nativos o criollos.

MATERIALES Y MÉTODOS

El análisis electroforético se realizó con base en el protocolo del Laboratorio de Marcadores Genéticos (LAMAGE) del Programa de Genética del Colegio de Postgraduados, localizado en Montecillo, Estado de México, en el año 2012, basado en los procedimientos descritos por Stuber *et al.* (1988). El proceso comprende los pasos siguientes: 1) extracción de la muestra; 2) preparación de geles de almidón; 3) corrimiento electroforético; 4) revelado de isoenzimas; 5) la documentación (fotografiado y empaquetado de zimogramas); y 6) interpretación de zimogramas.

Se utilizaron cinco pares de poblaciones representativas de maíz nativo, de la raza Chalqueño, originales del Sureste del Estado de México, colectadas entre las

latitudes 19°06'01.99" a 19°14'21.89" N; longitud 98°52'57.89" a 98°48'14.63" O y altitudes entre 2264 a 2541 msnm. Cinco de estas poblaciones corresponden al año 1997, donde 4 de ellas (Col-6538, Col-6524, Col-6525, Col-6542) son de semillas del tercer ciclo de selección, y la población Col-6780 del primer ciclo de selección. Las 5 poblaciones restantes son equivalentes a las poblaciones de 1997 y tienen un mínimo de 10 años selección masal participativa respectivamente (Cuadro 1).

Cabe señalar que en la selección practicada a las poblaciones de maíz nativo se procuró seleccionar 250 mazorcas en una superficie de al menos ¼ de hectárea, y los criterios de selección fueron: arquitectura de planta, altura de la planta, plantas erectas sin acame, tallo vigoroso, días de floración masculina y femenina, composición de la mazorca, sanidad de mazorca, buena conformación de mazorca, grano grande, número de granos por hilera, número de hileras, etc.

Cuadro 1. Poblaciones de maíces Chalqueños del año 1997 con sus respectivos equivalentes con selección masal participativa. Montecillo, 2012.

POBLACIÓN	AÑOS DE SELECCIÓN	TIPO	COLECTA
Santos Altamirano	1997	Chalqueño palomo	Col-6538
Santos Altamirano	2007		
Marcelino Cadena	1997	Chalqueño crema	Col-6780
Marcelino Cadena	2011		
Manuel Montes de Oca	1997	Chalqueño azul	Col-6524
Manuel Montes de Oca	2011		
Francisco Gonzales	1997	Chalqueño crema	Col-6525
Francisco Gonzales	2011		
Isidro Cruz	1997	Chalqueño crema	Col-6542
Isidro Cruz	2010		

Se utilizaron 50 individuos por cada población para el análisis electroforético. Las semillas utilizadas de cada población fueron previamente lavadas y desinfectadas con unas gotas de fungicida (Metacaptan, en concentración de 10 gramos por litro de agua); se colocaron en una charola de germinación y se incubaron en una estufa (Modelo E 82 v. c. a 127-Hz 60) a temperatura constante (25°C) en condiciones de oscuridad, durante cinco días y con suficiente humedad. Después del corrimiento, la tinción se realizó para cada sistema isoenzimático con base en el protocolo específico (Stuber *et al.*, 1988).

Como testigo se usó al híbrido de cruce simple R12xR35, generado por R.H. Moll Y C. O. Stuber en la Universidad Estatal de Carolina del Norte (NCSU) (Sánchez *et al.*, 2000).

Se analizaron 13 isoenzimas; en 11 se obtuvo buena resolución para distinguir las bandas y medir su migración. Los análisis de isoenzimas se realizaron en tres sistemas electroforéticos (Cuadro 2).

Cuadro 2. Sistemas enzimáticos, tipo de gel y loci amplificados sobre coleóptilo de plántulas de 10 poblaciones de maíz nativo proveniente de ciclos de selección masal. Montecillo, 2012.

ENZIMA	CLAVE	GEL SISTEMA	LOCI
Fosfatasa ácida	ACP	B	ACP-1, ACP-4
Catalasa	CAT	C	CAT
Esterasa	EST	C	EST-1, EST-2
Glucosidasa	GLU	B	GLU
Isocitrato deshidrogenasa	IDH	D	IDH-A, IDH-B
Malato deshidrogenasa	MDH	B	MDH-D, MDH-E
Málica	ME	B	ME
6-Fosfogluconato deshidrogenasa	PGD	D	PGD-A, PGD-B
Fosfoglucomutasa	PGM	D	PGM-A, PGM-B
Fosfato isomerasa	PHI	B	PHI
Shikimato deshidrogenasa	SAD	D	SAD

Las plántulas seleccionadas se lavaron, se utilizaron 1 cm de diámetro de coleóptilo; los tejidos se colocaron en tubos Eppendorf® de 1.5 ml con 100 µl de solución de extracción, los que fueron macerados por tres segundos con un taladro eléctrico adaptado con una punta plástica, para luego agregarles 50 µl de solución extractora y conservarlos en hielo. Los tubos con la muestra macerada se centrifugaron por 20 minutos a 14000 rpm y a 4°C (Centrífuga marca Beckman GS-15R); al final del ciclo se extrajo el sobrenadante con una micropipeta y se colocó en tubos Eppendorf® de 0.5 mL para mantenerlos en el congelador a -28°C.

Para la electroforesis se utilizaron los sistemas B, C y D con las soluciones buffer preparadas con base en el protocolo del laboratorio. Para la preparación del gel tipo C, se colocaron 250 ml de solución buffer en un matraz de un litro y calentado en el horno microondas por cuatro minutos hasta ebullición; la solución caliente se vació en otro

matraz que contenía 100 ml de solución buffer con 14 g de azúcar refinada, 32 g de almidón (Sigma COD 4501) y 10 g de almidón (Sigma COD 5651), que fue nuevamente calentado en microondas por dos minutos, al final de los cuales se vertió el contenido sobre los moldes previamente nivelados. Para la preparación de los geles tipo B y D, se colocaron respectivamente 350 ml de solución buffer en un matraz de un litro, que fue calentado en el horno de microondas por cuatro minutos hasta punto de ebullición; la solución caliente se vació sobre otro matraz que contenía 100 ml de solución buffer con 14 g de azúcar refinada, 42 g de almidón (Sigma COD 4501) y 20 g de almidón (Sigma COD 5651), que fue nuevamente calentado en microondas por dos minutos, al final de los cuales se vertió su contenido sobre los moldes previamente esterilizados y nivelados. En ambos casos los moldes con el gel se dejaron enfriar a temperatura ambiente por una hora, se cubrieron con película auto adherible y se dejaron en reposo a temperatura ambiente por 12 horas. Antes de cargar las muestras se mantuvieron los moldes en refrigeración a 4°C por 20 minutos.

Previo al cargado de las muestras en los geles, los tubos con las enzimas fueron descongeladas en el refrigerador a 4°C por 30 minutos. Se trabajaron muestras de coleóptilo de 50 individuos de cada población; en cada gel se evaluaron 25 individuos y se colocó a (R12xR35) como testigo a los extremos del gel y entre las muestras del material, el cual pertenece a una población de maíz mejorado ya analizado y estandarizado para la lectura de isoenzimas. En los extremos de los geles se colocaron dos tirillas de azul de bromofenol para observar el avance de la electroforesis. Para la colocación de las muestras con las enzimas se utilizaron tirillas de papel filtro No. 4 de 12 mm de largo por 2 mm de ancho, sumergidas en el extracto isoenzimático.

Los geles con las muestras se colocaron en el refrigerador en sus respectivas cámaras de corrimiento electroforético que contenían 350 ml de buffer electrodo del tipo del gel usado. Dado que el movimiento de las enzimas ocurre en dirección negativo a positivo, el ánodo (-) y el cátodo (+) fueron conectados de acuerdo a la ubicación de las muestras. Se colocó una bolsa de agua con hielo sobre los geles, para evitar el sobrecalentamiento, y se calibraron las fuentes de poder a 240 y 140 voltios para los geles B, C y D, respectivamente. Los tiempos de corrimiento fueron de 4 a 5 horas en el sistema C y de 5 a 6 horas en el sistema B y D. Una vez que se observó la llegada de

las columnas de azul de bromofenol al extremo positivo de los geles, se desconectaron y se procedió al rebanado de los geles; se obtuvieron de 4 a 6 rebanadas por molde, las que fueron colocadas en diferentes cajas, según la enzima a revelar. El proceso de tinción fue específico para cada tipo de enzima y se trabajó con los reactivos de acuerdo con los protocolos (Stuber *et al.*, 1988).

Cada enzima tuvo diferente tiempo y ambiente de revelado, en la forma siguiente: 1 hora en estufa para PGM y PHI; 12 horas para ACP, ME, SAD, GLU, EST, IDH, MDH, PGD; 10 min en ambiente para CAT; y 2 h 4°C. Luego del revelado, los geles se lavaron con agua corriente y se mantuvieron en solución fijadora por un día, se volvieron a lavar los geles y se les colocó en glicerol por otro día, para luego proceder a empaquetarlos con papel celofán natural sobre placas de vidrio. Se dejó secar las placas por 3 días y se terminó etiquetando los zimogramas para fotografiarlos.

La lectura de los bandeos isoenzimáticos se realizó colocando los zimogramas sobre una lámpara luminosa de luz blanca que permitió una mejor identificación de las bandas propias de la expresión de los alelos en cada uno de los loci. La nomenclatura de cada locus fue dada con base en el código de la enzima y su número ordinal correspondiente, y dentro de ellos a cada alelo se le asignó la categoría que le correspondió de acuerdo a su desplazamiento. Se partió de los alelos más frecuentes, a los que se les asignó diferentes categorías, de acuerdo a la ubicación de la banda del otro alelo en cada locus. Los datos fueron tabulados en una hoja electrónica; los valores asignados para cada alelo fueron reemplazados por las primeras letras del alfabeto; y se juntaron los alelos para la identificación de cada locus en cada individuo estudiado.

Las frecuencias alélicas y las distancias genéticas de los grupos poblacionales y de las poblaciones individuales, se analizaron en los programas POPGENE (Yeh y Yang, 1999) y SAS (SAS, 2000), respectivamente. Previamente los datos en nomenclatura alfabética, se guardaron en formato TXT delimitado por tabulaciones, para ser trabajados con estos programas (González, 2012). Como indicadores de la variabilidad genética de las poblaciones se usó el porcentaje de polimorfismo y el número de alelos por locus. Con las frecuencias alélicas calculadas para cada población y sin estandarizar los datos, con las distancias genéticas y euclidianas, con el método del ligamiento promedio (UPGMA) se realizó el análisis de conglomerados.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Del análisis de diversidad genética mediante isoenzimas en las 10 poblaciones se obtuvieron los siguientes resultados: De los 11 sistemas isoenzimáticos analizados para todas las poblaciones, se identificaron 17 locus en común, (ACP-1, ACP-4, CAT, EST-1, EST-2, GLU, IDH-A, IDH-B, MDH-D, MDH-E, ME, PGD-A, PGD-B, PGM-A, PGM-B, PHI, SAD), siendo el loci MDH-D del tipo monomórfico (que presenta un alelo), los loci EST-2, IDH-A, IDH-B, MDH-E y PGM-B del tipo dimórfico (que presentan dos alelos), y el resto de loci fueron del tipo polimórficos (más de dos alelos) para todas las poblaciones, los loci más representativos en este análisis fueron ACP-4 y GLU ya que presentaron mayor número de alelos en todas las poblaciones nativas (Cuadro 3).

Cuadro 3. Sistemas enzimáticos, locus y número de alelos identificados en 10 poblaciones de maíz nativo sometidas a selección masal de manera participativa. Montecillo, 2012.

Locus	Francisco Gonzalez		Isidro Cruz		Manuel M de Oca		Marcelino Cadena		Santos Altamirano		R12xR35
	1997	2011	1997	2011	1997	2011	1997	2011	1997	2007	
ACP-1	3	3	3	3	3	4	3	3	4	4	1
ACP-4	6	5	5	5	6	6	5	5	6	4	2
CAT	1	2	4	2	3	3	3	2	2	1	1
EST-1	3	3	4	4	3	4	4	4	3	3	2
EST-2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	1
GLU	6	6	6	6	6	6	6	7	7	5	2
IDH-A	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	1
IDH-B	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
MDH-D	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
MDH-E	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
ME	3	3	4	4	4	3	4	4	3	2	1
PGD-A	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	2
PGD-B	3	1	1	1	3	1	2	1	3	3	1
PGM-A	2	3	2	3	2	2	2	3	2	2	2
PGM-B	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	1
PHI	4	2	2	3	3	2	3	2	2	3	1
SAD	3	2	3	2	3	4	2	3	3	3	1
Total de alelos	48	44	48	47	50	49	48	48	49	44	24

La diversidad puede ser evaluada con diferentes tipos de datos, pero los más adecuado son los marcadores genéticos codominantes, ya que permiten analizar los datos desde el punto de vista genético; es decir, en términos de loci y alelos. Los índices que permiten evaluar la diversidad son; el número total de alelos en población, el número medio de alelos por locus, el número medio de alelos por locus polimórficos (Gonzales-Andrés, 2001).

Para la mayoría de poblaciones nativas se obtuvieron 15 loci polimórficos y 2 monomórficos con excepción de las poblaciones Manuel Montes de Oca (MMO-1997), Marcelino Cadena (MC-1997), Santos Altamirano (SA-1997 y SA-2007) que presentaron 16 loci polimórficos y 1 monomórfico respectivamente. La población R12xR35 (Testigo), que corresponde a maíz híbrido de cruce simple, obtuvo 7 loci dimórficos y 10 loci monomórficos.

Las poblaciones correspondientes a Francisco Gonzáles (FG-1997 y FG-2011) presentaron un total de 48 y 44 alelos, respectivamente, contenidos en 15 loci polimórficos y 2 monomórficos cada una; esto representó el 88% de polimorfismo para ambas poblaciones, con una media de 2.82 y 2.58 alelos por loci. Para las poblaciones correspondientes a Isidro Cruz (IC-1997 y IC-2011) se obtuvo un total de alelos de 48 y 47, respectivamente, contenidos en 15 loci polimórficos y 2 monomórficos, lo que representó el 88.24% de polimorfismo en ambas poblaciones, con una media de 2.82 y 2.76 alelos observados por loci en cada población.

Las poblaciones de Manuel Montes de Oca (MMO-1997 y MMO-2011) presentaron un total de 50 y 49 alelos, respectivamente, con una media de 2.94 y 2.88 alelos por loci, representados en los 16 loci polimórficos y 1 monomórfico para la población MMO-1997, indicando un 94.12% de polimorfismo. Y para la población MMO-2011 se encontró 15 polimórficos y 2 monomórficos, con un 88.24% de polimorfismo.

Para las poblaciones correspondientes a Marcelino Cadena (MC-1997 y MC-2011) se obtuvo un total de 48 alelos para cada una de las poblaciones, con 16 loci polimórficos y 1 monomórfico, indicando un 94.12% de polimorfismo para la población MC-1997 con una media de 2.82 alelos por loci. Para la población MC-2011 se obtuvo 15 loci polimórficos y 1 monomórfico, con una media de 2.82 alelos observados por loci, representando un 88.24% de polimorfismo. Las poblaciones de Santos Altamirano (SA-1997 y SA-2007) obtuvieron un total de 49 y 44 alelos, respectivamente, representando un 94.12 y 88.24% de polimorfismo; ambas poblaciones presentaron 16 loci polimórficos y 1 monomórfico con una media de alelos de 2.88 y 2.59 alelos por loci para cada una. La población testigo R12xR35 obtuvo un total 23 alelos en 7 loci dimórficos y 10 loci monomórficos, lo que representó el 41.18% de loci polimórficos, con

una media de 1.41 alelos observados por loci, siendo éstos valores menores a los reportados en las poblaciones nativas.

La alta presencia de loci polimórficos y alelos por locus polimórficos en las poblaciones nativas iniciales y en sus respectivos equivalentes (últimas selecciones), revela la presencia de características heterocigóticas de estas poblaciones nativas, lo que indica que la aplicación de ciclos de selección masal de forma participativa no afecta en gran parte su heterocigosidad genética a los largo de los ciclos de selección. Esto corrobora que el proceso repetitivo de selección de poblaciones constituido por plantas muy heterogéneas no necesariamente disminuye la cualidad heterocigótica de las poblaciones y va en relación directa con la presión de selección aplicada a lo largo de los ciclos. En contraste, la población testigo R12xR35 tuvo baja presencia de loci polimórficos y número de alelos por locus polimórficos, indicando que este material ha pasado por varios ciclos generacionales de autofecundación, proceso típico de mejoramiento convencional que forma líneas puras en varias generaciones y donde no existirá variación debido a que ha alcanzado la homocigosis (caracteres uniformes). (Molina, 1992).

En el Cuadro 4 se observa que la riqueza alélica de las poblaciones de maíz nativo por número de alelos y por locus fluctúa entre 2.58 a 2.94; porcentaje de loci polimórficos entre 88.24% a 94.12% y una heterocigosis esperada que fue de 0.3689 a 0.4302. A diferencia del testigo que presentó 1.41 alelo por locus, 41.18% de loci polimórficos y heterocigosis esperada de 0.1786; menos de la mitad de los valores reportados para las poblaciones nativas.

Cuadro 4. Diversidad genética estimada para 10 poblaciones de maíz nativo versus la población mejorada (Testigo). Montecillo, 2012.

POBLACIÓN	# DE ALELOS OBSERVADOS / LOCUS	% DE LOCI POLIMOFICOS	HETEROCIGOSIS ESPERADA
FG-1997	2.8235	88.24	0.4156
FG-2011	2.5882	88.24	0.3875
IC-1997	2.8235	88.24	0.3901
IC-2010	2.7647	88.24	0.3649
MMO-1997	2.9412	94.12	0.4302
MMO-2011	2.8824	88.24	0.4117
MC-1997	2.8235	94.12	0.3603
MC-2011	2.8235	88.24	0.3689
SA-1997	2.8824	94.12	0.4339
SA-2007	2.5882	88.24	0.3718
TESTIGO	1.4118	41.18	0.1786

En el Figura 1, se observa la diversidad alélica entre las poblaciones originales y sus versiones mejoradas de ciclos de selección masal participativa, a diferencia de la población testigo (R12xR35), en donde se nota claramente la uniformidad en las frecuencias alélicas, característicos de poblaciones mejoradas (híbridos).

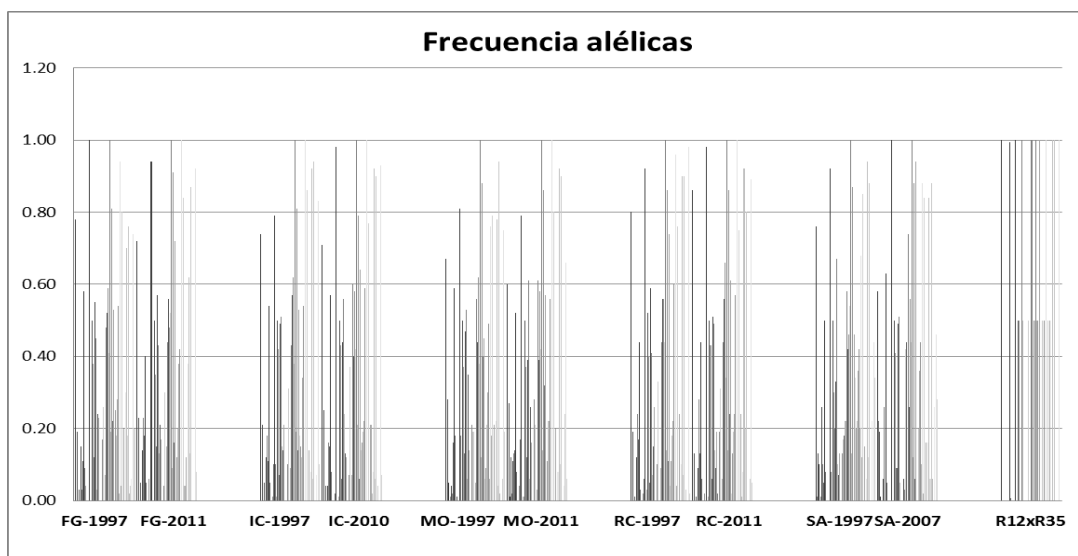


Figura 1. Distribución de las frecuencias alélicas para isoenzimas en 10 poblaciones de maíz nativo y 1 población mejorada. Montecillo, 2012.

Las frecuencias alélicas estimadas para 17 loci de isoenzimas en 10 poblaciones nativas y una población testigo (mejorada) se observa en el Anexo1. Se detectaron 63 alelos en total con un promedio por locus de 3.7 alelos; además de comportamiento

distinto para las enzimas en las diferentes poblaciones, y contrasta la diversidad de las poblaciones nativas en comparación con la homogeneidad de las frecuencias alélicas del testigo.

Cuadro 5. Frecuencias alélicas para 17 loci de isoenzimas en poblaciones de maíz nativo y testigo. Montecillo, 2012.

Alelos	POBLACIONES										
	FG-1997	FG-2011	IC-1997	IC-2010	MMO-1997	MMO-2011	MC-1997	MC-2011	SA-1997	SA-2007	TESTIGO
ACP-1B	0.780	0.720	0.740	0.710	0.670	0.600	0.800	0.860	0.760	0.580	1.000
ACP-1C	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.220	0.000
ACP-1D	0.190	0.230	0.210	0.250	0.280	0.270	0.190	0.130	0.130	0.190	0.000
ACP-1E	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.010	0.000	0.000	0.100	0.010	0.000
ACP-1F	0.030	0.050	0.050	0.040	0.000	0.120	0.010	0.010	0.000	0.000	0.000
ACP-4A	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.020	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000
ACP-4B	0.150	0.140	0.120	0.040	0.040	0.110	0.120	0.090	0.260	0.060	0.000
ACP-4C	0.030	0.230	0.180	0.160	0.020	0.130	0.240	0.280	0.100	0.260	0.000
ACP-4D	0.110	0.180	0.110	0.150	0.160	0.140	0.170	0.130	0.050	0.000	0.000
ACP-4E	0.580	0.400	0.540	0.570	0.590	0.520	0.440	0.440	0.500	0.630	1.000
ACP-4F	0.090	0.050	0.050	0.080	0.180	0.080	0.030	0.060	0.080	0.050	0.000
ACP-4G	0.040	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
CAT-A	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
CAT-B	0.000	0.060	0.010	0.000	0.000	0.040	0.020	0.020	0.000	0.000	0.000
CAT-C	0.000	0.000	0.100	0.020	0.000	0.170	0.060	0.000	0.000	0.000	0.000
CAT-D	1.000	0.940	0.790	0.980	0.810	0.790	0.920	0.980	0.920	1.000	1.000
CAT-E	0.000	0.000	0.100	0.000	0.180	0.000	0.000	0.000	0.080	0.000	0.000
EST-1A	0.000	0.000	0.010	0.010	0.000	0.010	0.030	0.010	0.000	0.000	0.000
EST-1B	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.520	0.500	0.500	0.500	0.500
EST-1C	0.380	0.350	0.420	0.430	0.370	0.370	0.400	0.430	0.300	0.410	0.500
EST-1D	0.120	0.150	0.070	0.060	0.130	0.120	0.050	0.060	0.200	0.090	0.000
EST-2A	0.550	0.570	0.490	0.440	0.470	0.390	0.590	0.510	0.330	0.490	0.000
EST-2B	0.450	0.430	0.510	0.560	0.530	0.610	0.410	0.490	0.670	0.510	1.000
GLU-A	0.030	0.130	0.150	0.240	0.060	0.060	0.070	0.140	0.100	0.050	0.500
GLU-B	0.240	0.210	0.140	0.130	0.350	0.260	0.150	0.090	0.070	0.000	0.000
GLU-C	0.230	0.170	0.210	0.120	0.140	0.160	0.260	0.190	0.130	0.000	0.000
GLU-D	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000	0.000
GLU-E	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.060	0.000
GLU-F	0.170	0.040	0.100	0.070	0.210	0.280	0.100	0.190	0.130	0.030	0.000
GLU-G	0.260	0.300	0.310	0.370	0.190	0.210	0.330	0.310	0.170	0.420	0.500
GLU-H	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.180	0.440	0.000
GLU-I	0.070	0.150	0.090	0.070	0.050	0.030	0.090	0.060	0.220	0.000	0.000
IDH-AA	0.480	0.440	0.430	0.600	0.560	0.610	0.440	0.440	0.580	0.740	1.000
IDH-AB	0.520	0.560	0.570	0.400	0.440	0.390	0.560	0.560	0.420	0.260	0.000
IDH-BA	0.590	0.480	0.620	0.580	0.620	0.580	0.560	0.660	0.460	0.560	0.500
IDH-BB	0.410	0.520	0.380	0.420	0.380	0.420	0.440	0.340	0.540	0.440	0.500
MDH-DA	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
MDH-EA	0.190	0.090	0.190	0.210	0.120	0.140	0.140	0.140	0.130	0.120	0.500
MDH-EB	0.810	0.910	0.810	0.790	0.880	0.860	0.860	0.860	0.870	0.880	0.500

Continuación....

Alelos	POBLACIONES										
	FG-1997	FG-2011	IC-1997	IC-2010	MMO-1997	MMO-2011	MC-1997	MC-2011	SA-1997	SA-2007	TESTIGO
ME-A	0.220	0.160	0.140	0.060	0.400	0.320	0.110	0.240	0.000	0.060	0.000
ME-B	0.530	0.720	0.530	0.640	0.450	0.570	0.740	0.610	0.460	0.940	1.000
ME-C	0.000	0.000	0.180	0.140	0.060	0.000	0.040	0.020	0.340	0.000	0.000
ME-D	0.250	0.120	0.150	0.160	0.090	0.110	0.110	0.130	0.200	0.000	0.000
PGD-AA	0.180	0.200	0.120	0.190	0.210	0.220	0.180	0.190	0.220	0.200	0.500
PGD-AB	0.280	0.380	0.340	0.220	0.300	0.220	0.220	0.240	0.360	0.360	0.000
PGD-AC	0.540	0.420	0.540	0.590	0.490	0.560	0.600	0.570	0.420	0.440	0.500
PGD-BA	0.020	0.000	0.000	0.000	0.060	0.000	0.000	0.000	0.200	0.100	0.000
PGD-BB	0.940	1.000	1.000	1.000	0.760	1.000	0.960	1.000	0.680	0.880	1.000
PGD-BC	0.040	0.000	0.000	0.000	0.180	0.000	0.040	0.000	0.120	0.020	0.000
PGM-AA	0.800	0.840	0.860	0.770	0.790	0.800	0.760	0.750	0.850	0.840	0.500
PGM-AB	0.000	0.040	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
PGM-AC	0.200	0.120	0.140	0.210	0.210	0.200	0.240	0.240	0.150	0.160	0.500
PGM-AD	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000
PGM-BA	0.300	0.380	0.080	0.080	0.220	0.080	0.100	0.080	0.060	0.160	0.000
PGM-BB	0.700	0.620	0.920	0.920	0.780	0.920	0.900	0.920	0.940	0.840	1.000
PHI-A	0.180	0.130	0.060	0.060	0.040	0.100	0.070	0.200	0.120	0.060	0.000
PHI-B	0.760	0.870	0.940	0.900	0.940	0.900	0.900	0.800	0.880	0.880	1.000
PHI-C	0.020	0.000	0.000	0.000	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.060	0.000
PHI-D	0.040	0.000	0.000	0.040	0.000	0.000	0.030	0.000	0.000	0.000	0.000
SAD-A	0.060	0.000	0.070	0.000	0.000	0.040	0.000	0.000	0.220	0.260	0.000
SAD-B	0.000	0.000	0.000	0.000	0.060	0.240	0.000	0.060	0.000	0.000	0.000
SAD-C	0.740	0.920	0.830	0.930	0.750	0.660	0.980	0.890	0.440	0.460	1.000
SAD-D	0.200	0.080	0.100	0.070	0.190	0.060	0.020	0.050	0.340	0.280	0.000

Con respecto al número de alelos para cada locus, en forma ascendente, se detectaron 9 alelos en el locus GLU, 7 alelos para ACP-4, 5 alelos para ACP-1 y CAT, 4 alelos para EST-1, ME, PGM-A, PHI y SAD, 3 alelos para PGD-A y PGD-B, 2 alelos para EST-2, IDH-A, IDH-B, MDH-E, PGM-B, y 1 alelo para MDH-D.

Los alelos que destacaron por su alta frecuencia fueron: ACP-4E con 99.3%, CAT-D con 98%, SAD-C con 98%, y en PGD-BB con 96%. A nivel de grupos de poblaciones (poblaciones con el mismo origen) se observó que la frecuencia más alta fue para la población R12xR35 que presentó 99.3%; cabe recalcar que esta población fue la testigo, seguido de 98% en las poblaciones RC-2011, RC-1997 y IC-2010, 96% para la población RC-1997 y 94% para las poblaciones FG-2011 y SAD-2007.

Doebly *et al.* (1985) mencionan que las poblaciones nativas han evolucionado y cambiado en diferentes proporciones sus frecuencias genéticas, debido a la combinación de varios factores como la selección natural, la deriva genética, diferente presión de selección artificial en los sitios de los cultivos a lo largo del tiempo, desplazamiento a nuevos ambientes y a los aislamientos reproductivos.

La presencia de alelos con baja frecuencia puede deberse a los procesos que tienen y han tenido los agricultores en el mejoramiento y selección de sus cultivos, lo que ha permitido su evolución de acuerdo con las necesidades del agricultor, resultando en la aparición de nuevas formas alélicas en las poblaciones.

En maíz se ha señalado la fijación de algunos alelos como el PGD2-5, que en este estudio correspondería al PGD-BB, con una frecuencia de 92% para las 10 poblaciones de maíz nativo. Este alelo también se ha detectado en maíces de diferentes orígenes. Goodman y Stuber (1983), mencionan que encontraron en razas latinoamericanas este alelo con frecuencias de 99.3%, 98.1%, 98.7%, 99.4% y 99.1% en razas de Bolivia, Brasil, Chile, El Salvador, México y Perú, respectivamente. Hortelano (2006), observó una frecuencia de 94.5% en maíces nativos del Valle de Puebla, mientras que López-Romero (2005) encontró una frecuencia del 100% en maíces de Oaxaca, al igual que Mijangos (2005) en maíces nativos de la sierra de Tarasca de Michoacán.

En las poblaciones de este estudio, otro alelo cercano a la fijación fue el MDH-EB, con un porcentaje de 85.3% en las 10 poblaciones, mientras que para el loci MDH-DA en estas diez poblaciones se presentó la fijación.

De los 63 alelos presentes en el cuadro de frecuencias de los 11 sistemas enzimáticos, puede observarse que en la población mejorada R12xR35, 39 de estos alelos están ausentes, 10 han llegado a su fijación como 100% de frecuencias alélicas (ACP-1B, CAT-D, GLU-A, IDH-AA, MDH-DA, ME-B, PGD-BB, PGM-BB, PHI-B, SAD-D), y 12 están en el 50% de fijación (EST-1B, EST-1C, EST-2B, GLU-6, IDH-BA, IDH-BB, MDH-EA, MDH-EB, PGD-AA, PDG-AC, PGM-AA y PGM-AC). Lo anterior es característico en poblaciones endogámicas, donde el avance de la homocigosis causado por autofecundaciones y presión de selección altas dirigidas a caracteres agronómicos deseables causan condiciones homocigóticas de genes en un determinado sitio (locus). En contraste, las poblaciones nativas en este estudio presentaron particularidades que las distinguieron del testigo, como fue la riqueza genética, exhibiendo 63 alelos, mientras que el testigo presentó 23 alelos.

Por otro lado, con las frecuencias alélicas de las poblaciones se realizó el análisis de componentes principales. Los dos primeros componentes explicaron 49% de la variabilidad (Figura 2); el CP1 explicó el 30.3% de la variación total, y el CP2 el 18.7%

de dicha variación. El primer componente está altamente correlacionado con los alelos MDH-EB, PGM-AA, EST-2A, PGD-AB, ACP-1D, EST-1D, mientras que el CP2 tuvo aporte de la variabilidad proveniente de los sistemas enzimáticos PGD-AC, ACP-4D, EST-1A, GLU-C.

Al representar en una gráfica de dos dimensiones determinadas por los dos primeros componentes mediante la matriz de covarianza (Figura 2), se observó un grupo grande que se ubicó en el primer y cuarto cuadrante, perteneciente a las poblaciones nativas, mientras que el testigo, se ubicó en forma distante en el tercer cuadrante. Dentro del grupo de las poblaciones nativas se observó la separación de las poblaciones SA-1997 y SA-2007, que corresponden a tipo de maíz Chalqueño tipo Palomo, del subgrupo conformado de las poblaciones FG-1997, FG-2011, IC-1997, IC-2010, RC-1997, RC-2011, que por su relación morfológica formaron el grupo de los Chalqueños Crema, y las poblaciones MMO-1997 y MMO-2011 que corresponden al Chalqueño azul.

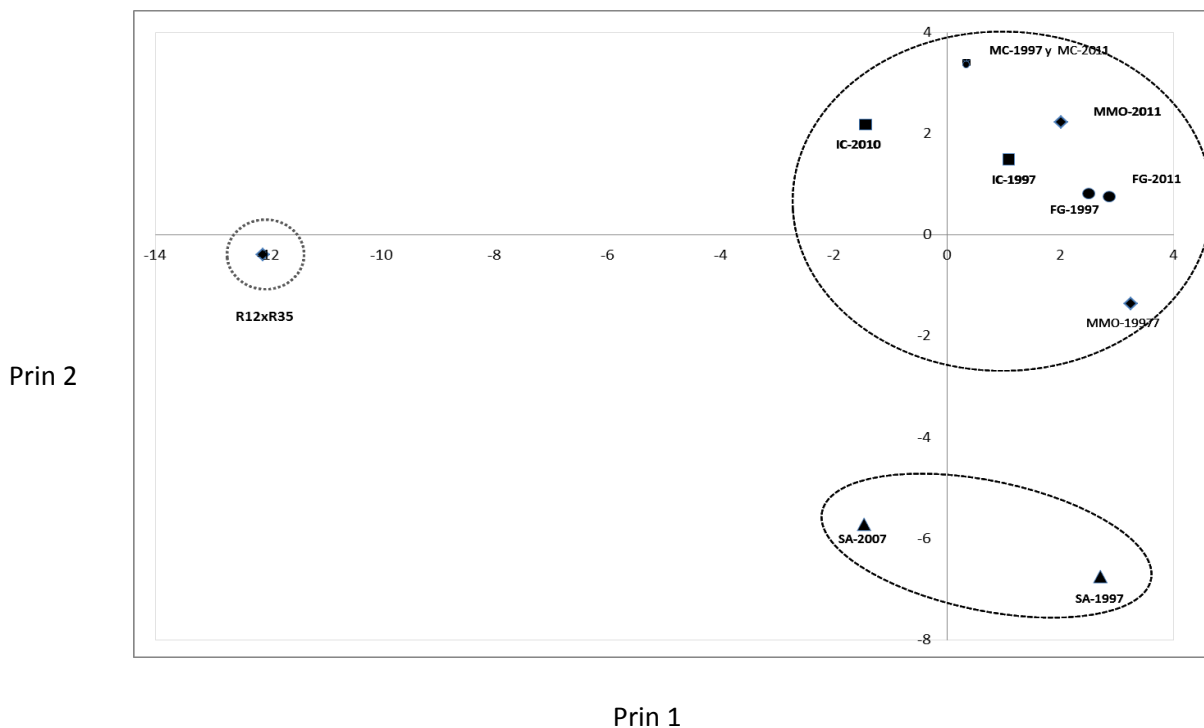


Figura 2. Dispersión de las poblaciones nativas de maíz y el testigo en el plano determinado por los dos primeros componentes principales con base en las frecuencias alélicas de 17 loci isoenzimáticos. Montecillo, 2012.

En el análisis de conglomerados, efectuado con las frecuencias de los alelos isoenzimáticos, se obtuvieron 5 grupos (Figura 3); cada una de las poblaciones de maíz nativo (colección original) se agrupó con su equivalente (población ciclos de selección masal participativa), lo que indicó que después de más de 10 ciclos de selección masal participativa dirigidos específicamente a caracteres agronómicos deseables, se ha mantenido su identidad genética, además de conservar su diversidad genética.

En los Grupos 1 y 2 se agruparon a una distancia euclidiana menor de 0.6 las poblaciones FG-1997 y FG-2011, IC-1997 y IC-2010 y RC-1997 y RC-2011, que corresponden a poblaciones de maíz Chalqueño Crema. Esto implica que estas poblaciones mantuvieron su alta relación de diversidad genética después de más de 10 años o ciclos de selección.

También se puede señalar que las poblaciones RC-1997 y RC-2011 en comparación de las demás poblaciones, se unieron a una distancia euclidiana menor de 0.4, que es la mínima reportada en el dendograma, lo que podría indicar que de acuerdo con las distancias observada, esta población ha conservado de mejor manera sus frecuencias génicas durante los años de mejoramiento masal participativo.

En el Grupo 3 se ubicaron las poblaciones MMO-1997 y MMO-2011, que corresponden al tipo de maíz Chalqueño azul, y que se unieron a los Grupos 1 y 2 a una distancia de alrededor de 0.7, conformando el Grupo de maíz Chalqueño Crema.

En el Grupo 4 se agruparon las poblaciones SA-1997 y SA-2007, que corresponden al maíz Chalqueño tipo Palomo, que a diferencia de los demás grupos de poblaciones de maíz nativo fue el que presentó una distancia euclidiana mayor, aproximadamente 0.9, indicando que esta población es la que más ha sufrido cambios en los años de mejoramiento.

El Grupo 5 lo formó la población Testigo R12xR35, cuyos progenitores son resultados de generaciones de autofecundaciones y presión de selección alta y sucesiva, esta población es la que más alejada está con respecto a las poblaciones nativas a una distancia euclidiana de 1.67, lo que indica su origen genético diferente (híbrido de cruce simple), acentuado por la homogeneidad.

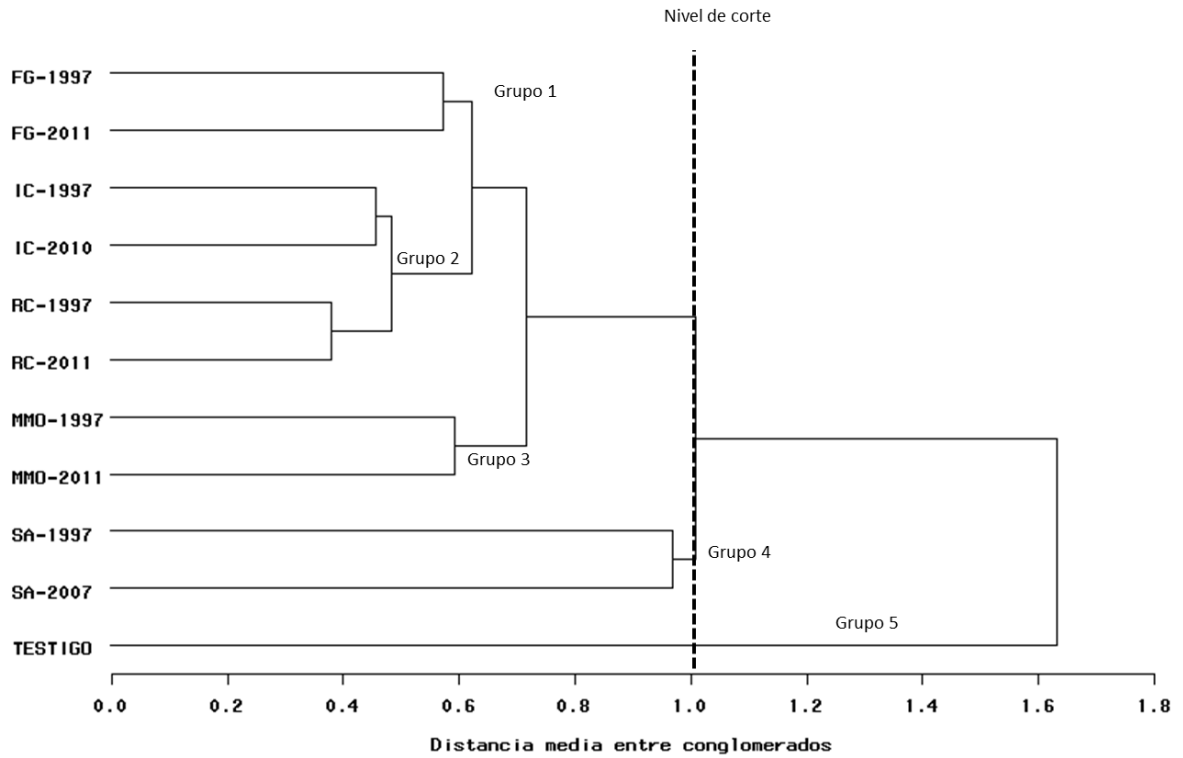


Figura 3. Dendrograma de 10 poblaciones de maíz nativo y 1 testigo, con base al análisis de conglomerados de las frecuencias alélicas. Montecillo, 2012 conclusiones.

CONCLUSIONES

Con base en los resultados obtenidos en los análisis de diversidad genética mediante isoenzimas en poblaciones de maíz nativo original y mejorado, se pueden establecer las siguientes conclusiones:

De los cinco pares de poblaciones de maíz nativo estudiadas (poblaciones iniciales y poblaciones con ciclos de mejoramiento masal participativo) se identificaron 63 alelos en 17 loci de 11 sistemas isoenzimáticos, presentando variabilidad en las frecuencias alélicas en cada una de las poblaciones y dentro de los grupos de poblaciones.

En forma general, al comparar las poblaciones iniciales de maíz nativo versus aquellas con ciclos avanzados de selección masal participativa, se presentó diversidad genética en ambos grupos de poblaciones, tanto en el porcentaje de loci polimórficos 91.76% como en número de alelos observados por locus 2.858, en promedios de las cinco poblaciones iniciales de maíz nativo (FG-1997, IC-1997, MMO-1997, MC-1997 y SA-1007), mientras que en las poblaciones (FG-2011, IC-2010, MMO-2011, MC-2011 y SA-2001) los valores fueron de 88.24% de loci polimórficos y 2.729 alelos por locus. El híbrido (R12xR35) testigo, presentó 41.18% de loci polimórficos y 1.4118 alelos por locus.

La heterocigosis esperada en las poblaciones con selección participativa fue de 0.381 (38.1%), y en las poblaciones iniciales fue de 0.406 (40.6%). Esto indica que genéticamente las poblaciones con ciclos de selección aquí estudiadas han mantenido gran parte de la variación genética original a lo largo de las selecciones aplicadas, lo que indica que la diversidad genética se ha mantenido a través del proceso de selección masal.

La distribución de las poblaciones en el análisis de componentes principales y de conglomerados, reveló clara separación genética de los pares de poblaciones nativas (poblaciones iniciales y poblaciones con ciclos de selección), formando grupos claramente definidos de Maíz Chalqueño crema, Chalqueño azul y Chalqueño Palomo.

BIBLIOGRAFÍA

Acquaah G. 1992. Practical Protein Electrophoresis for Genetic Reserarch. Langston University. Discorides press. Langston, Oklahoma. 131 p.

Anderson E., and C. Cutler. 1942. Races of Zea mays: I. Their recognition and classification. Ann. Mol. Bot. Gard. 29:69-89.

Alvarado G., López H., Santacruz A., Muñoz A., Valadez E., Gutiérrez Ma. A., Gil A., López P., 2010. Diversidad del maíz nativo en la región Libres-Mazapiltepec, Puebla y Huamantla, Tlaxcala. Fitotecnia Mexicana.

Arellano, V. J. L., C, Tut C., A. María R., Y. Salinas M. y O. S. Tabeada G. 2003. Maíz azul de los Valles Altos de México. I. Rendimiento de grano y caracteres agronómicos. Rev. Fitotec. Mex. 26:101-107.

Castillo G., F. 1993. La variabilidad genética y el mejoramiento genético de los cultivos. In: Ciencia. Revista de la Academia de la Investigación Científica. México No. especial. pp:69-79.

Castillo-Gonzalez, F., P. Ramirez-Vallejo, R. Ortega-Paczka, M.M. Goodman and C.O. Qualset (2010). Maize genetic diversity in Mexico: Role of participatory landrace improvement in a comprehensive conservation strategy. Symposium: Participatory Plant Breeding for Food Security and Conservation of Agrobiodiversity. Long Beach, Calif., Crop Science Society of America.

Doebley J. F and H. H. Iltis. 1980. Taxonomy of zea (Gramineae). I. A subgeneric classification with key to taxa. Amer. Jour. Bot. 67(6): 982-993.

Doebley, J. F., M. M. Goodman and C. W. Stuber. 1985. Isozyme variation in races of Maize from Mexico. Am. J. Bot. 72: 629-639.

Gepts P. 1994. Análisis moleculares del proceso de domesticación en plantas; el ejemplo del frijol común (*Phaseolus vulgaris*). En 11° Congreso Latinoamericano de Genética (área vegetal) y XV Congreso de Fitogenética. Monterrey, Nuevo León, México. Septiembre 25-30. SOMEFI. Chapingo, México. pp 4-28.

Goodman, M. M. and C.W. Stuber. 1983. Races of maize. VI. Isozyme variation among races of maize in Bolivia. Maydica 28(2):169-187.

Goodman, M. M. 1991. Retos y perspectivas para el fitomejoramiento futuro: uso del germoplasma y de la genética molecular. Revista Fitotecnia Mexicana 14:11-22.

Goodman, M. M. and C.W. Stuber. 1983. Races of maize. VI. Isozyme variation among races of maize in Bolivia. Maydica 28(2):169-187.

González, A. 2012. Guía rápida del programa POPGENE. Ver 1.32. Curso Intensivo de Postgrado. UACH, México. 14 p.

González-Andrés, F. y J.M. Pita 2001. Conservación y caracterización de Recursos Fitogenéticos. Publicación INEA. Valladolid, España. 279p.

González, G. M., P. Ramírez V., F. Castillo G., M. M. Goodman, J. J. Sánchez G., y A. Ramírez H. 2007. Valoración de la diversidad en poblaciones nativas de maíz raza Chalqueño en el municipio de Ayapango, México. Revista Fitotecnia Mexicana.

Hamrick, J. L. 1998. Isozymes and the analysis of genetic structure in plant populations. In: Isozymes in plant biology. D. E. Soltis and P. S. Soltis (eds.). Dioscorides Press. Portland, Oregon, USA. 268p.

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.

Labate, J. A. 2000. Software for population genetic analysis of molecular marker data. CropScience 40:1521-1528.

López, R. G.; Santacruz, V. A.; Muñoz, O. A.; Castillo, G. F.; Córdova, T. L. y Vaquera, H. H. 2009. Perfil isoenzimático de maíces nativos del Istmo de Tehuantepec, Oaxaca, México. II. Variación dentro de grupos. Rev. Fitotec. Mex. 30:177-188.

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, Michoacán, Mexico and the Chalqueño complex. Genet. Res. Crop Evol. 54:309-325.

Mohammadi, S. A. and B. M. Prasanna. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants salient statistical tools and considerations. CropScience 43:1235-1248.

Molina G., J. D. 1992. Introducción a la genética de poblaciones y cuantitativa. AGT. Editor S. A. México, DF. 349p.

Ortega, P. R. 1985. Recursos genéticos para el mejoramiento del maíz en México. Primera parte: Análisis general. Boletín de intercambio técnico y científico de la SOMEFI. Germen 3:19-36.

Ortega P. R., J. J. Sánchez G., F. Castillo G. y J. M. Hernández C. 1991. Estado actual de los estudios sobre maíces nativos de México. In: Avances en el Estudio de los Recursos Filogenéticos de México. Ortega P R, G Palomino H, F Castillo G, V A González H, M Livera M (eds). Sociedad Mexicana de Fitogenética (SOMEFI). México. pp:161-185.

Paredes M, P Gepts (1995). Extensive introgression of Middle American germplasm into Chilean common bean. Genetic Resources and Crop Evolution. 42:29-41.

Ramírez H. 2003. Uso de isoenzimas en la caracterización de germoplasma vegetal. Facultad de Ciencias Agrícolas, Departamento de Agricultura. Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira. Vol. 1. No.1. Palmira, Colombia.

Sánchez G., J .J., M. M. Goodman, and C. W. Stuber. 2000a. Isozymatic and morphological diversity in the races of maize of Mexico. *Econ. Bot.* 54:43-59.

Smith, M.E., F. Castillo & F. Gómez. 2001. Participatory plant breeding with maize in Mexico and Honduras. *Euphytica* 122:551-567.

Stuber, C.W., J.F. Wendel, M.M. Goodman and J.S.C. Smith. 1988. Techniques and scoring procedures for starch gel electrophoresis of enzymes from maize (*Zea mays* L.). *North Carolina Agric. Res. Ser. Tech. Bull.* 286. North Carolina State University. Raleigh, NC. 87 p.

Yeh C F, R C Yang. 1999. Population Genetic Analysis (POPGENE Ver. 1.32): Quick user guide. University of Alberta, Edmonton Canada. 29 pp.

CAPÍTULO IV

DISCUSIÓN GENERAL

De acuerdo con los resultados obtenidos, se puede indicar que la diversidad genética del maíz se mantiene en gran medida durante el proceso de evolución bajo domesticación que realizan más de dos millones de productores tradicionales, que en México siembran más de seis millones de hectáreas. Ante el doble reto de conservar la diversidad genética, al mismo tiempo que se desarrolla el cultivo para la mejor producción de alimentos, se ha planteado desde hace décadas el uso del mejoramiento participativo sobre poblaciones nativas. Esto implica considerar los procesos tradicionales de selección de semilla (buenas mazorcas y semilla en tamaño y sanidad) y agregar esquemas de mejoramiento genético de semillas factibles de ser adoptados por los productores, tal como la selección masal estratificando los lotes para control de efectos ambientales, y seleccionar en campo para agregar criterios de selección sobre el tipo de planta e intensificar sobre sanidad y tamaño de mazorca y semilla, de acuerdo con los usos que el agricultor le da al producto (Smith *et al*, 2001).

También se ha recomendado que el futuro de la producción de alimentos se basará en el desarrollo de la agricultura de pequeña escala (minifundios) (Ostron, 2009; Turrent, 2009).

En 1995 se inició la selección participativa con cinco productores sobre sus poblaciones nativas de maíz en el Sureste del Estado de México, y en años posteriores se han agregado otras poblaciones. Por selección masal las ganancias en rendimiento y sanidad son lentas, pero al paso de más de 10 años la acumulación es efectiva e importante (Castillo *et al*, 2010).

Con la interrogante planteada de que tanto la selección masal participativa *in situ* aporta al avance genético en poblaciones de maíz nativo, se pudo observar en esta investigación que las poblaciones nativas con selección masal participativa obtuvieron una respuesta favorable durante los años de selección, lo que se observa en la Figura 1 del Capítulo II, donde las poblaciones con selección masal participativa compiten en

rendimiento con las poblaciones de maíz mejorado (híbridos), alcanzando valores en rendimiento de grano de 3.60 a 5.46 ton/ha, mientras que las poblaciones mejoradas reportaron valores 5.0 a 6.38 ton/ha.

Comparando las poblaciones nativas de uso cotidiano del agricultor, que poseen rendimientos de 2.69 a 3.59 ton/ha con las poblaciones con selección masal participativa, se pudo observar que estas últimas las superan significativamente, cualidad agronómica importante que confirma el avance genético que pueden tener los maíces nativos si se aplica técnicas de mejoramiento participativo (Cuadro 3, Figura 1) del Capítulo II.

Evaluando mediante un análisis de regresión lineal los ciclos de selección masal participativa para las poblaciones nativas se pudo observar que en la variables rendimiento de grano hubo un incremento de 2.44 % en el avance genético por ciclo de selección. La característica altura de mazorca presentó una tendencia negativa de -0.54% en su avance genético, lo que indica que la altura de mazorca va disminuyendo 0.87 cm por ciclo de selección. Para la variable días a floración masculina existió una tendencia levemente positiva con un valor de 0.55%, característica indeseable desde el punto de vista del mejoramiento, ya que implica un incremento del periodo de siembra-floración (Capitulo II, Cuadro 4).

Se recomienda que para mantener la precocidad de la población en el mismo nivel que las poblaciones originales, es necesario realizar una selección efectiva en cada parcela (selección de mazorcas maduras) (Molina, 1983).

En cuanto a pudrición de mazorca, existió un valor de -7.11% de avance genético por cada ciclo de selección, indicando que el porcentaje de mazorca podridas va disminuyendo cada año (Capitulo II, Cuadro 4).

De acuerdo con lo observado, se puede considerar que los ciclos de selección masal participativa aportan favorablemente al avance genético de las poblaciones nativas, alcanzando productividad y calidad en forma gradual.

Para responder a la pregunta sobre la conservación de la diversidad genética en el mejoramiento participativo, con los cinco pares de poblaciones: versión en los inicios de la selección vs. sus contrapartes después de al menos 10 años (generaciones) de selección, se observó 63 alelos para 17 loci, con promedio por locus de 3,7 (Capítulo III, Cuadro 5), lo que significa que la diversidad genética es importante, semejante a lo observado por Sánchez *et al.* (2000) y Gonzales (2001).

Por otra parte, al separar por poblaciones, el número total de alelos varió entre 44 y 50, porque hubo alelos específicos para las poblaciones (Capítulo III, Cuadro 3). En términos de conservación, esto indica que las estrategias a construir deben considerar al involucramiento de “muchas” poblaciones en los complejos que se han integrado por regiones (Anderson, 1942; Herrera *et al.*, 2004), para conservar alelos, que aunque en baja frecuencia, son constituyentes que pueden ser importantes en la dinámica histórica de cambios en el orden antropológico y ecológico (cambio climático).

La conservación de la diversidad de las poblaciones y su determinación alélica, ha sido consistente en términos generales (Cuadro 4, Figura 1 y 2) del Capítulo III. En virtud de que se ha tratado de mantener tamaños de población suficientes (al menos 250 individuos / mazorca) seleccionadas e integración de compuestos balanceados.

El avance de la selección mediante la comparación de los compuestos seleccionados con poblaciones colectadas en años recientes es superior al 30% (Castillo *et al.*, 2010), lo que sumado a la conservación de la diversidad que se muestra en el Cuadro 3 y 4 y Figuras 1 y 2 del Capítulo III, permite asegurar que la selección masal participativa como una modificación del proceso histórico de evolución bajo domesticación puede aportar al desarrollo de la agricultura en el minifundio, al incrementar el potencial de rendimientos, además de solventar problemas como acame y sanidad de grano, garantizando el mantenimiento de la diversidad genética.

BIBLIOGRAFÍA

Anderson E., and C. Cutler. 1942. Races of *Zea mays*: I. Their recognition and classification. *Ann. Mol. Bot. Gard.* 29:69-89.

Castillo-Gonzalez, F., P. Ramirez-Vallejo, R. Ortega-Paczka, M.M. Goodman and C.O. Qualset (2010). Maize genetic diversity in Mexico: Role of participatory landrace improvement in a comprehensive conservation strategy. Symposium: Participatory Plant Breeding for Food Security and Conservation of Agrobiodiversity. Long Beach, Calif., Crop Science Society of America.

Herrera C. B. E., F. Castillo G., J. J. Sánchez G., J. M. Hernández C., R. Ortega P. y M. M. Goodman. 2004. Diversidad del maíz Chalqueño. *Agrociencia* 38:191-206.

González-Andrés. F. y J.M. Pita 2001. Conservación y caracterización de Recursos Fitogenéticos. Publicación INEA. Valladolid, España. 279p.

Molina G., J. D. 1992. Introducción a la genética de poblaciones y cuantitativa. AGT. Editor S. A. México, DF. 349p.

Ostrom, E. 2009. A General Framework for Analyzing the Sustainability of Social-Ecological Systems, *Science*, 325(5939), 419–422.

Sánchez G., J .J., M. M. Goodman, and C. W. Stuber. 2000a. Isozymatic and morphological diversity in the races of maize of Mexico. *Econ. Bot.* 54:43-59.

Smith, M.E., F. Castillo & F. Gómez. 2001. Participatory plant breeding with maize in Mexico and Honduras. *Mexico. Euphytica* 122:551-567.

Turrent F., A. 2009. El potencial productivo de maíz. *Ciencias* 92-93: 126-129.