



COLEGIO DE POSTGRADUADOS
INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS AGRÍCOLAS

CAMPUS VERACRUZ
POSTGRADO EN AGROECOSISTEMAS TROPICALES

**ANÁLISIS DIALÉLICO PARA RENDIMIENTO EN LÍNEAS DE MAÍZ CON ALTA
CALIDAD DE PROTEÍNA**

PABLO ANDRÉS MEZA

TESIS

PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL

PARA OBTENER EL GRADO DE:

MAESTRO EN CIENCIAS

MANLIO FABIO ALTAMIRANO, VERACRUZ

2010

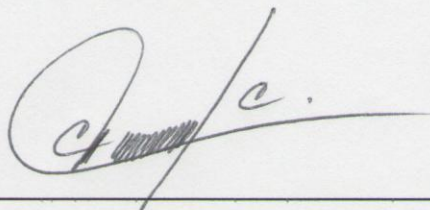
La presente tesis, titulada: **Análisis dialéctico para rendimiento en líneas de maíz con alta calidad de proteína**, realizada por el alumno: **Pablo Andrés Meza**, bajo la dirección del Consejo Particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS

AGROECOSISTEMAS TROPICALES

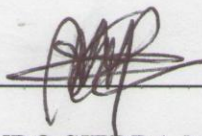
CONSEJO PARTICULAR

CONSEJERO



DR. CATALINO JORGE LÓPEZ COLLADO

ASESOR



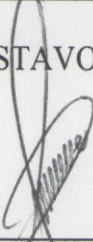
DR. MAURO SIERRA MACÍAS

ASESOR



DR. GUSTAVO LÓPEZ ROMERO

ASESOR



DR. OTTO RAÚL LEYVA OVALLE

ANÁLISIS DIALÉLICO PARA RENDIMIENTO EN LÍNEAS DE MAÍZ CON ALTA
CALIDAD DE PROTEÍNA

Pablo Andrés Meza, M.C.

Colegio de Postgraduados, 2010

Durante el ciclo agrícola primavera-verano 2008, se establecieron en el Campo Experimental Cotaxtla, Veracruz, México, dos ensayos, 1) evaluación y selección de líneas con base en su comportamiento *per se* y 2) evaluación y selección de cruzas dialélicas, con base en su aptitud combinatoria general (ACG), aptitud combinatoria específica (ACE) y heterosis. El diseño fue un alfa látice 4x8 y 16x8 con dos repeticiones. Los resultados muestran un grupo de líneas con alta calidad de proteína, con buen comportamiento *per se*, como: (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-959 (VS-536), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-960 (VS-536), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-952 (VS-536-) y (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-953 (VS-536), similares a las líneas de referencia LT-155-289 y LT-157-291 de grano normal. En la evaluación y selección de cruzas dialélicas, los resultados indican que existen líneas con buena ACG como: LRB-14RC2-1-1, LT-154RC2-1-2, LT-155RC2-1-1, VS-536RC2-1-1, VS-536RC2-1-1, CML-264Q y CML-159. Las cruzas LT155RC2-1-1xVS536RC2-1-1, CABGRC2-1-3xD-539RC2-1-1 y D-539RC2-1-1xCML-159 mostraron los mayores efectos de ACE. El mayor grado de heterosis con relación al promedio de los progenitores se obtuvo con la craza (LT-155xCML-144) F₂xLT-155RC2-1-2xFAM. V-537C-1-2 (4x16) con 350.2 % y un rendimiento de 4.6 t ha⁻¹. El grupo de líneas que forman al sintético-1 y sintético-5 superaron un 55 y 49 % con mas lisina y 106 y 73 % mas triptófano en relación al testigo normal, indicando que las líneas evaluadas tienen alta calidad de proteína.

Palabras clave: *Zea mays* L., selección *per se*, cruzas, aptitud combinatoria, proteína.

DIALLEL ANALYSIS FOR YIELD IN MAIZE LINES WITH HIGH QUALITY PROTEIN

M.Sc. Pablo Andrés Meza

Colegio de Postgraduados, 2010

During the crop season Spring-Summer 2008, two trials were carried out in the Experimental field of Cotaxtla, Veracruz, México, 1) evaluation and selection of lines based on their yield performance *per se* and 2) evaluation and selection of diallelic crosses, based on their general combining ability (ACG) and specific combining ability (ACE). An experimental alpha design with a 4x8 and 16x8 lattice arrangement with two replications was used. The results show a group of lines with high quality of protein with good performance *per se* as (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-959 (VS-536), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-960 (VS-536), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-952 (VS-536) y (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-953 (VS-536), similar to the reference lines with normal grain LT-155-289 y LT-157-291. In relation with the evaluation and selection of diallelic crosses, the results indicate that there were lines with good ACG as: LRB-14RC2-1-1, LT-154RC2-1-2, LT-155RC2-1-1, VS-536RC2-1-1, VS-536RC2-1-1, CML-264Q y CML-159. On the other hand, the combination LT155RC2-1-1xVS536RC2-1-1, CABGRC2-1-3xD-539RC2-1-1 y D-539RC2-1-1xCML-159 showed greater effects of ACE. The greatest degree of heterosis in relation to the medium parent was obtained with the cross (LT-155xCML-144) F₂xLT-155RC2-1-2xFAM.V-537C-1-2 (4x16) with 350.2 % and a yield of 4.6 t ha⁻¹. The group of lines forming the synthetic-1 and synthetic-5 showed an increasing of 55 and 49 % more lysine and 106 and 73 % more tryptophan compared with the control, indicating that the evaluated lines have high-quality protein.

Index words: *Zea mays* L, selection *per se*, cross, combining ability, protein.

DEDICATORIA

A Dios por haberme dado la oportunidad de crecer en una familia, la cual me dio valores y principios para luchar y enfrentar esta vida.

A mis padres Lorenzo Andrés Isabel, Ernestina Pacheco Silverio y Casto Andrés Pacheco, por sus esfuerzos y desvelos constantes para mi superación.

A Ileana Aguilar Ortega mi mayor anhelo, con todo mi amor la mitad de esta tesis es tuya, gracias por quererme, confiar en mí y tenerme paciencia que Dios siempre te bendiga.

A las personas integrantes del Comité Particular, por sus esfuerzos, conocimientos, experiencias y observaciones reunidos en este escrito.

A mis hermanos: Yolanda, Ivett e Iván, gracias por compartir un poco de ustedes cuando estuvimos juntos.

A mis tíos: Beatriz, Javier, Lorenzo, Esperanza, Francisco, Elvira, Graciela, Raquel, Aida, Javier Benítez y Gaspar Andrés Pacheco, gracias por que en algún momento estuvimos juntos y me ayudaron a ser mejor persona.

A mis primos: Amado, Manuel, David, Francisco, José Miguel, Felipe, Julissa, Antonio, Mary, Aimee, Andrea, Alma, Nelly, Erna, Vilma, Javier, Elvis, por que alguna vez soñamos juntos.

A la familia Ortega, en especial a la tía Bertha, Beto, Mino y Enedina, quienes fueron los primeros en brindarme su apoyo y amistad sin ninguna condición.

A la familia Aguilar Rodríguez, quienes me abrieron las puertas y me dieron la oportunidad de ser parte de la familia.

A mi primer sobrinito, para que este logro te sirva de ejemplo en tu camino por la vida.

Sinceramente: Pablo Andrés Meza

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) por el financiamiento otorgado para mis estudios de Maestría y al Fideicomiso Revocable de Administración e inversión No. 167304, por el financiamiento parcial en el proyecto de investigación de tesis.

Al Colegio de Postgraduados en su Programa: Agroecosistemas Tropicales, por todos los recursos humanos e infraestructura invertidos en mi formación.

Al Campo Experimental Cotaxtla perteneciente al INIFAP-CIRGOC, por los terrenos experimentales para el establecimiento del presente trabajo de investigación.

Al Dr. Catalino Jorge López Collado, por fungir como consejero en mi estancia en el Colegio, compartir su experiencia y sus atinadas observaciones en la revisión del presente manuscrito.

Al Dr. Mauro Sierra Macías, asesor del presente manuscrito por compartir su amistad, experiencia y conocimientos depositados en la presente tesis.

Al Dr. Gustavo López Romero, por formar parte del comité, compartir sus conocimientos, experiencia y atinadas observaciones del presente trabajo de investigación.

Al Dr. Otto Raúl Leyva Ovalle, por formar parte del comité, plasmar en el presente trabajo toda su experiencia y conocimiento así como su amistad en forma desinteresada.

Al M.C. Artemio Palafox Caballero, encargado del área de transferencia de tecnología, por sus conocimientos, experiencia, amistad y sus observaciones otorgadas para el presente manuscrito.

Al Ing. Flavio A. Rodríguez Montalvo, encargado del área de producción de semillas, por compartir su experiencia, conocimientos y amistad de manera desinteresada.

A la C. Enedina Pacheco Valenzuela, por su amistad y ayuda durante mi estancia en el Programa de maíz.

A los profesores del Programa en Agroecosistemas Tropicales del Colegio de Postgraduados. Campus Veracruz, por sus experiencias y conocimientos otorgados en mi formación profesional.

A mi generación Otoño-2008: Amparo, Rafaela, Lupita, Lluvia, Iván, Gervasio, Ismael, Héctor e Itzel, por correr juntos esta meta que hoy culmina.

Al personal investigador del Campo Experimental Cotaxtla a: Francisco Ugalde, Gustavo Rodríguez, Antonio Reynolds, Hugo Tosquy, Ernesto Salinas, Isaac Meneses y el Químico Andrés por compartir sus experiencias conocimientos y amistad de manera desinteresada.

Al personal de campo del INIFAP, Rufino, Nayo, Simón, Mechillo, Angelillo, Honorato, Tereson, Mora, Gilberto y Toño.

A la Ing. Irma Ceja y C.P. Lucí Vásquez, por sus consejos y su amistad de manera desinteresada.

CONTENIDO

	Página
INTRODUCCIÓN GENERAL	1
1. Objetivos.....	3
2. Hipótesis	3
3. Revisión de literatura.....	4
3.1. Importancia del maíz.....	4
3.2. Producción de maíz y su demanda.....	4
3.3. Maíz de alta calidad proteínica	5
3.4. Consumo de maíces de alta calidad proteínica para disminuir la desnutrición	7
4. Literatura citada.....	8
CAPITULO I. EVALUACIÓN <i>per se</i> DE LÍNEAS DE MAÍZ NORMAL Y CON ALTA CALIDAD DE PROTEÍNA	11
1.1. Introducción.....	13
1.2. Materiales y métodos.....	15
1.3. Resultados y discusión.....	18
1.3.1. Rendimiento y características agronómicas.....	19
1.4. Conclusiones.....	22
1.5. Literatura citada.....	23
CAPITULO II. ANÁLISIS DIALÉLICO PARA RENDIMIENTO EN LÍNEAS DE MAÍZ CON ALTA CALIDAD DE PROTEÍNA	26
2.1. Introducción.....	28
2.2. Materiales y métodos.....	30
2.2.1. Localización geográfica.....	30
2.2.2. Desarrollo del experimento.....	30
2.2.3. Calidad proteínica	32
2.2.4. Análisis estadístico.....	32
2.2.5. Diseño genético.....	32
2.3. Resultados y discusión.....	33
2.3.1. Análisis estadístico.....	33
2.3.2. Diseño genético.....	35
2.3.3. Calidad proteínica	41
2.4. Conclusiones.....	42
2.5. Literatura citada.....	42
CONCLUSIONES GENERALES	45

LISTA DE CUADROS

	Página
Cuadro 1.1 Fuente de origen y genealogía de líneas de maíz normal y convertido a alta calidad de proteína (QPM). Primavera-Verano 2008.....	16
Cuadro 1.2 Significancia para tratamientos, coeficiente de variación, valores medios y eficiencia relativa de líneas de maíz normal y convertido a alta calidad de proteína. Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.....	18
Cuadro 1.3 Rendimiento <i>per se</i> y características agronómicas de líneas de maíz normal y convertidas a alta calidad de proteína. Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.....	20
Cuadro 2.1 Fuente de origen y genealogía de líneas de maíz con alta calidad de proteína que participaron en el dialelo. Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.....	31
Cuadro 2.2 Significancia para tratamientos, coeficientes de variación, valores medios y eficiencia relativa de líneas de maíz normal y con alta calidad de proteína. Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.....	34
Cuadro 2.3 Significancia para tratamientos, coeficientes de variación, valores medios y eficiencia relativa de cruzas de maíz normal y con alta calidad de proteína. Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.....	35
Cuadro 2.4 Cuadrados medios y significancia del análisis dialélico para rendimiento de grano (t ha ⁻¹) en líneas de maíz con alta calidad de proteína. Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.....	36
Cuadro 2.5 Cuadrados medios y significancia para la estimación global de A.C.G y A.C.E, en líneas de maíz con alta calidad de proteína. Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.....	36
Cuadro 2.6 Efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE) de 120 cruzas y 16 progenitores, aplicando el método IV, modelo I de Griffing (1956b) modificado por Reyes (1985), Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.....	39
Cuadro 2.7 Cruza simple, rendimiento de grano (RG) t ha ⁻¹ , heterosis con base al promedio de los progenitores (Hx) y al mejor progenitor (Hμ). Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.....	40
Cuadro 2.8 Contenido promedio de lisina y triptófano en líneas de maíz con alta calidad de proteína que participaron en el dialelo. Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.....	41

INTRODUCCIÓN GENERAL

El maíz (*Zea mays* L.), es el cultivo alimenticio más importante en México, cada año se siembran mas de 7.7 millones de ha, lo que representa el 60 % de la producción total de granos; aporta el 59 % (1.3 kilocalorías) de la energía necesaria y 39 % (29 g) de la proteína requerida por el humano (Espinosa *et al.*, 2008), sin embargo, el contenido proteico del grano, es deficiente en lisina y triptófano, aminoácidos esenciales para el crecimiento y desarrollo de todos los animales (Sierra *et al.*, 2001).

En México, la desnutrición afecta a 43 % de la población infantil, lo cual se encuentra estrechamente relacionado con la pobreza extrema, discriminación y aislamiento geográfico de los pueblos indígenas. Las consecuencias directas de la desnutrición a nivel productivo, son los bajos niveles de escolaridad y dificultades para el aprendizaje (CEPAL, 2006). Una alternativa en los países donde el cultivo de maíz es de gran relevancia, es promover programas con los llamados maíces de alta calidad proteínica ó Quality Protein Maize (QPM), que ayuden en la reducción de rezagos en salud, aprendizaje y productividad.

Los maíces de alta calidad de proteína, contienen hasta 100 % más lisina y triptófano que los maíces normales y su calidad proteínica, es similar al de la leche (Bressani, 1994). En México, debido a la demanda de variedades de grano con calidad, el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), en colaboración con el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), han implementado programas genotécnicos para generar germoplasma de maíz QPM, que incluyen técnicas de mejoramiento convencional

mediante retrocruzas o cruzas genealógicas entre germoplasma de maíz normal y donadores de maíz QPM (Vivek *et al.*, 2008).

Además de conocer el método adecuado para convertir maíces normales a QPM, es importante conocer su capacidad combinatoria, su comportamiento *per se* para rendimiento y características agronómicas, que permita encontrar líneas con características deseables, que puedan ser útiles en futuros programas genotécnicos. El programa de maíz del Campo Experimental Cotaxtla (CECot) del INIFAP, ha desarrollado un grupo de líneas (S₄) con amplia diversidad genética y aptitud combinatoria, componentes importantes para obtener altos valores de heterosis en la formación de híbridos de maíz. Por ello, es importante seleccionar a los progenitores, que al ser cruzados produzcan buenas combinaciones híbridas, con adaptación y facilidad de manejo en la producción de su semilla, de manera que sea factible y rentable para las empresas encargadas de la multiplicación de semillas (Sierra *et al.*, 1991).

En este trabajo de investigación, se presentan los resultados experimentales más relevantes obtenidos durante el ciclo primavera-verano 2008 en relación a los maíces QPM, con especial énfasis en la selección de líneas de maíz con alta calidad de proteína con base en su comportamiento *per se*, aptitud combinatoria general (ACG), aptitud combinatoria específica (ACE) y heterosis, para la formación de cruzas simples, analizando un poco de la problemática y las perspectivas de uso extensivo de estos maíces en nuestro país.

1. OBJETIVOS

Objetivo general

- Seleccionar líneas de maíz con alta calidad de proteína con base en su comportamiento *per se*, aptitud combinatoria general (ACG), aptitud combinatoria específica (ACE) y heterosis, para la formación de cruzas simples.

Objetivos particulares

- Determinar el rendimiento de grano y características agronómicas de las líneas y sus cruzas simples.
- Estimar los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) de líneas de maíz y aptitud combinatoria específica (ACE) y heterosis de sus cruzas simples.
- Formar sintéticos con las mejores líneas y determinar la calidad proteínica con base en los contenidos de lisina y triptófano.

2. HIPÓTESIS

Hipótesis general

- El uso de líneas de maíz con alta calidad de proteína, buena aptitud combinatoria general (ACG), permitirá la formación de cruzas simples superiores con alta aptitud combinatoria específica (ACE) y heterosis.

Hipótesis particulares

- El cruzamiento con líneas de maíz que presenten buena aptitud combinatoria general (ACG) dará lugar a cruzas de mayor rendimiento.
- Los efectos de aptitud combinatoria específica (ACE) y heterosis serán significativos cuando menos en una craza simple.
- Existen líneas de maíz con alta calidad de proteína y con rendimientos similares a los maíces normales.

3. REVISIÓN DE LITERATURA

3.1. Importancia del maíz

El componente principal en la dieta de millones de personas en el mundo es el maíz; su uso principal es el consumo directo como: tortillas, tamales, pinole, tostadas, pozole, atole y totopos (Vidal *et al.*, 2008), pero este uso puede cambiar de un país a otro. En este contexto, el maíz es pilar en la alimentación, ya que se calcula un consumo de 209.8 kilogramos *per cápita* (Pradilla *et al.*, 1991).

Los países en desarrollo que cultivan maíz, dedican la mayor parte de sus tierras a este cultivo y su producción esta dirigida principalmente al consumo humano, mientras que los países desarrollados dedican su producción a la industria y a la alimentación de animales (Morales *et al.*, 2003). En las zonas rurales del territorio mexicano, los hombres pueden consumir cerca de 600 g de maíz, las mujeres alrededor de 400 g y los niños entre 64 a 120 g por día, aportando el 59 % (1.3 kilocalorías) de la energía necesaria y el 39 % (29 g) de la proteína requerida por el cuerpo humano (Chávez *et al.*, 1990; Espinosa *et al.*, 2008).

3.2. Producción de maíz y su demanda

En el mundo se producen anualmente 792 millones de t de maíz, en casi 160 millones de ha. Los principales países productores son: Estados Unidos, China, Brasil, Argentina, India y México, que en su conjunto aportan más del 81 % en volumen de grano, del total mundial. En México, 29.9 millones de ha son destinadas a la agricultura, de los cuales 5.3 (17.7 %) son de riego y 24.6 (82.3 %) son bajo condiciones de temporal (INEGI, 2007). En estas áreas, el maíz representa la componente más importante de la producción agrícola, sembradas en más de 7.7

millones de ha, con un rendimiento de 2.2 t ha^{-1} y un volumen de producción de 16.9 millones de t del total mundial (WASDE, 2009).

En lo que respecta a la región sur-sureste de México, se siembran anualmente 2.8 millones de ha con maíz, con un rendimiento medio de 2.3 t ha^{-1} , aportando 3.3 millones de t del total nacional. Específicamente en el estado de Veracruz, durante el 2009 se sembraron 586, 443 ha con maíz, con un rendimiento medio de 2.1 t ha^{-1} y una producción de 947, 541 t (SIAP, 2009).

Durante el 2009, Japón, México y Corea del Sur, fueron los países con el nivel de importación más elevado de maíz, con; 16.5, 7.7 y 7.1 millones de t, destacando a México como el segundo país en importar este grano (WASDE, 2009). Considerando una producción de 16.9 millones de t de maíz y una demanda anual de 23.1 millones de t, el déficit existente es de 6.2 millones de t. Este problema se vuelve cada vez mas grave, ya que México no produce todo el maíz que se necesita, por ello anualmente se tienen que importar de 5 a 7 millones de t de maíz, para cubrir la demanda interna.

3.3. Maíz de alta calidad proteínica

El origen del maíz de alta calidad proteínica, tuvo lugar con los estudios realizados por B. Mendel y B. Osborne en 1912, demostrando que los aminoácidos lisina y triptófano son componentes indispensables en la dieta de ratas jóvenes, utilizando la zeína del maíz, como única fuente de proteína en la dieta de estos animales. Con este tratamiento las ratas murieron por falta de lisina y triptófano, cuando se les agrego lisina y triptófano, las ratas ganaron peso (Mertz, 1994).

Mas tarde en 1960, un grupo de investigadores de la Universidad de Purdue, fundamentado en los estudios de Mendel y Osborne, buscaron fuentes naturales para mejorar la calidad proteínica del maíz, encontrando un gen mutante en los maíces, con contenidos de hasta 70 % mas lisina y 100 % mas triptófano que el maíz normal y el cual fue llamado *opaco* (Vázquez *et al.*, 2004). Sin embargo, el alto valor nutritivo de estos maíces, era acompañado por características agronómicas indeseables (textura suave, bajo peso, tolerantes a enfermedades y plagas de almacén) problemas que limitaron el avance de estas investigaciones (Sierra *et al.*, 2001).

En México, el CIMMYT mantuvo sus actividades de investigación sobre los maíces de alta calidad proteínica (Vasal, 2001). Para 1980, se realizó un reordenamiento sobre los esquemas de mejoramiento, dirigido a contrarrestar las características indeseables de los maíces opacos, conservando las deseables (Larkins *et al.*, 1994). De esta manera, se obtuvo por selección, un nuevo maíz opaco-2 (*o2o2*) modificado o Quality Protein Maize (QPM), este nuevo maíz, superó las deficiencias de textura del opaco original, resultando cristalino, con mayor densidad y conservando los altos niveles de lisina y triptófano (Vasal, 2000). En este sentido, el contenido medio de lisina presente en el maíz opaco-2 (*o2o2*) y el maíz normal, son en orden de 4.2, 2.6 %; y el contenido medio de triptófano es de 0.9 y 0.4 % (Mertz, 1994).

A partir de 1997, el INIFAP de México, en colaboración con el CIMMYT, inició trabajos de selección y derivación de líneas de maíz sobresalientes, con el gene opaco-2 (*o2o2*), para generar variedades e híbridos de alta calidad proteínica para las diferentes provincias agronómicas donde se cultiva maíz (Sierra *et al.*, 2006), como una alternativa para brindar una seguridad alimentaria

parcial a los consumidores pobres, cuando por razones económicas consumen una mayor cantidad de granos básicos.

3.4. Consumo de maíces de alta calidad proteínica para disminuir la desnutrición

La crisis alimentaria mundial caracterizada por dos etapas: la primera (2006/08) causada por el alza de los precios internacionales de los alimentos; y la segunda (2008/09), causada por la crisis financiera, ha afectado el ingreso de los hogares, reduciendo el acceso a alimentos y otros bienes básicos, aumentando la pobreza, el hambre y la desnutrición (FAO, 2009).

La desnutrición se define como un estado de mala salud derivado de un régimen alimentario inadecuado para generar la energía necesaria para realizar las actividades del quehacer diario (Morales *et al.*, 2003), se considera un estado patológico resultante de una dieta deficiente o de una mala asimilación de alimentos (FAO, 1999). La desnutrición en la niñez incrementa el riesgo de muerte, inhibe el desarrollo cognitivo y afecta el estado de salud de por vida (CEPAL, 2006). Por razones de aislamiento geográfico y culturales, los indígenas son los mas afectados por el hambre y la desnutrición (FIDA, 2006). Se estima que 857 millones de personas de países en desarrollo padecen desnutrición (FAO, 2009).

En México, existen 31 millones de personas con desnutrición, de los cuales 18 millones padecen desnutrición severa: se trata de 10 millones de indígenas y el resto es población urbana de escasos recursos (Espinosa *et al.*, 2008). En este contexto, el maíz de alta calidad proteínica se considera importante en la nutrición humana, por su alto contenido de proteína; sin embargo, para

lograr su uso extensivo es necesaria la participación de actores sociales de distintos niveles de decisión y la coordinación de instituciones para apoyar este tipo de programas.

4. LITERATURA CITADA

Bressani R. 1994. Opaque-2 corn in human nutrition and utilization. *In: Quality Protein Maize 1964-1994. Proceeding of the International Symposium on Quality Protein Maize.* Larkins, B. A. y Mertz, E. T. (eds). EMBRAPA-CNPMS. Brasil. Diciembre 1994. 41-63.

CEPAL. 2006. Desnutrición infantil en América Latina y el Caribe. Boletín de la infancia y adolescencia sobre el avance de los objetivos de desarrollo del milenio. Vitacura, Santiago de Chile. ISSN 1816-7527. 12 p.

Chávez V, A, C Martínez y H Martínez. 1990. El impacto de la desnutrición en el desarrollo individual y colectivo. Frecuencia y efecto de la desnutrición en el desarrollo y funcionamiento humano. Un método para su detección a nivel mundial. Instituto Nacional de Nutrición Salvador Zubiran. México. 12 p.

Espinosa C, A, J Ortiz C, A Ramírez F, N O Gómez M y A Martínez G. 1998. Estabilidad y comportamiento de líneas *per se* y cruzas de maíz en la producción de semilla. *Agricultura Técnica en México* 24 (1): 27-36.

FAO. 1999. Inseguridad alimentaria: la población se ve obligada a convivir con el hambre y teme morir de inanición. El estado de la inseguridad alimentaria en el mundo. Documento Técnico. Roma. 34 p.

FAO. 2009. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Panorama de la seguridad alimentaria y nutricional en América Latina y el Caribe: una nueva agenda de políticas públicas para superar la crisis alimentaria. Oficina Regional para América Latina y el Caribe. 74 p.

FIDA. 2006. IFAD'S Engagement With Indigenous Peoples. Executive Board-Eighty- eighth Session. Rome, 13-14 September 2006. 12 p.

INEGI. 2007. VIII Censo Agrícola, Ganadero y Forestal 2007. Síntesis metodológica. Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática. <http://www.inegi.org.mx/> (acceso el 05/03/2010).

- Larkins B, A. 1994. Opaque-2 modifiers. *In: Quality Protein Maize 1964-1994. Proceeding of the International Symposium on Quality Protein Maize.* Larkins, B. A. y Mertz, E. T. (eds). EMBRAPA-CNPMS. Brasil. Diciembre 1994. pp: 133-148.
- Mertz E, T. 1994. Thirty years of Opaque-2 maize. *In: Quality Protein Maize 1964-1994. Proceeding of the International Symposium on Quality Protein Maize.* Larkins, B. A. y Mertz, E. T. (eds). EMBRAPA-CNPMS. Brasil. Diciembre 1994. pp: 1-9.
- Morales G, M, L Jiménez S, A Turrent F, H Bourges R, H Díaz C, S Infante G y T Galomo R. 2003. Consumo de maíz de alta calidad proteínica en familias con altos niveles de desnutrición. INIFAP. CIRPAS. Campo Experimental Valles Centrales de Oaxaca. Libro Técnico Núm. 2. Oaxaca, México. 160 p.
- Pradilla A, G, D Harpstead D, D Sarria, F Linares A y C Francis A. 1991. El maíz de alta calidad proteínica y la nutrición humana. *In: Simposio Internacional Cimmyt-Purdue.* Limusa, D. F. México. 569 p.
- SIAP. 2009. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. Secretaria de Agricultura, Ganadería y Desarrollo Rural (SAGARPA). México, D. F. http://www.siap.gob.mx/index.php?option=com_wrapper&view=wrapper&Itemid=214 (acceso el 27/04/2010).
- Sierra M, M, A Palafox C, E N Becerra L, H Córdoba O, F A Rodríguez M, R Zetina L, A Zambada M y R Rodríguez R. 2006. Transferencia de germoplasma sobresaliente de maíz con alta calidad de proteína a productores del estado de Veracruz-México. INIFAP-CIMMYT-CIDA-QPM. 17 p.
- Sierra M, M, A Palafox C, O Cano R, F A Rodríguez M, A Espinosa C, A Turrent F, N Gómez M, H Córdoba O, N Vergara A, R Avendaño S, J A Sandoval R, S Barrón R, J Romero M, F Caballero H, M González C, y E Betanzos M. 2001. Descripción varietal de H-519C, H-553C y V-537C, Maíces con alta calidad de proteína para el trópico húmedo de México. INIFAP. CIRGOC. Campo Experimental Cotaxtla. Folleto Técnico Núm. 30. Veracruz, México. 21 p.
- Sierra M, M, R E Preciado O, A J Alcázar J, y F A Rodríguez M. 1991. Selección de líneas por su rendimiento y adaptación con base en un patrón heterotico conocido. *In: Memoria de la XXXVII Reunión Anual del PCCMCA.* Panamá, Panamá. pp: 109-116.
- Vasal K, S. 2000. The quality protein maize story. Food and nutrition bulletin. The United Nations University. 21:2. 445-450.

- Vasal K, S. 2001. High Quality Protein Corn. *In: Specialty corns*. Hallauer A. R (ed). CRC Press USA. pp: 85-129.
- Vázquez C, M G, M Morales G, y E Rendón P. 2004. Tortillas elaboradas con maíz de alta calidad proteínica. INIFAP. CIRCE. Campo Experimental Valle de México. Folleto Técnico Núm. 18. México. 20 p.
- Vidal V A, M, G Vázquez C, B Coutiño E, A Ortega C, J L Ramírez D, R Valdivia B, M J Guerrero H, F J Caro V, y O Cota A. 2008. Calidad proteínica en colectas de maíces criollos de la sierra de Nayarit, México. *Revista Fitotécnica Mexicana* 31 (3): 15-21.
- Vivek B, S, A Krivanek F, N Palacios-Rojas, S Twumasi-Afriyie y A Diallo O. 2008. Mejoramiento de maíz con calidad de proteína (QPM): Protocolos para generar variedades QPM. México, D.F.: CIMMYT. 56 p.
- WASDE. 2009. World Agricultural Supply and Demand Estimates. Approved by the World Agricultural. United States Department of Agriculture. ISSN: 1554-9089. <http://www.usda.mannlib.cornell.edu/> (acceso el 05/02/2010).

CAPITULO I. EVALUACIÓN *per se* DE LÍNEAS DE MAÍZ NORMAL Y CON ALTA CALIDAD DE PROTEÍNA

RESUMEN

El propósito del mejoramiento genético es desarrollar variedades de plantas que se adecúen a las necesidades del hombre. El objetivo de este estudio fue seleccionar líneas de maíz (*Zea mays* L.) con alta calidad de proteína, con base en su comportamiento *per se* para rendimiento y características agronómicas. Durante el ciclo agrícola Primavera-Verano 2008, se estableció un ensayo en terrenos del Campo Experimental Cotaxtla, Veracruz, México. El material genético consistió de 32 líneas de maíz; 24 líneas fueron de grano blanco convertidas a alta calidad de proteína, 6 líneas de grano blanco normal y 2 líneas de grano amarillo normal usadas como testigos. El diseño fue un alfa látice 4 x 8 con dos repeticiones. Las parcelas consistieron de un surco (5 m de largo y 80 cm de ancho) depositando dos semillas cada 20 cm y se aclaró a una planta por mata (62500 plantas ha⁻¹). Se registraron las principales variables durante el desarrollo del cultivo y al momento de la cosecha. Los resultados muestran un grupo de líneas con alta calidad de proteína, con buen comportamiento *per se* y excelentes características agronómicas como: (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-959 (VS-536), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-960 (VS-536), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-952 (VS-536-), y (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-953 (VS-536), similar al de las líneas de referencia LT-155-289 y LT-157-291 de grano normal, que pueden ser usados en futuros programas de fitomejoramiento para la formación de híbridos y/o sintéticos, al observar que existe alta variabilidad genética entre y dentro de grupos de líneas.

Palabras clave: *Zea mays* L., selección *per se*, líneas endogámicas.

ABSTRACT

The objective of this study is to select inbred lines of maize (*Zea mays* L.) with high quality of protein, based on their *per se* performance for yield and agronomic characteristics. During the crop season of Spring-Summer 2008, a trial was established in the experimental field of Cotaxtla, Veracruz, México. The evaluated germplasm consisted of 32 lines of corn; 24 lines of white maize converted to high quality of protein in kernels, 6 lines of white normal grain and 2 lines of yellow grain corn as checks. The alpha design was a 4 x 8 lattice arrangement with two replications was used. The plots consisted of one row of 5 m long and 80 cm wide. Two seeds were planted every 20 cm and only one plant per hill was kept (62 500 plants ha⁻¹). During the crop development and the harvest time some were recorded parameters. The results showed a group of lines with high quality of protein with good performance *per se* and excellent agronomic characteristics including: (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-959 (VS-536), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-960 (VS-536), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-952 (VS-536-) and (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-953 (VS-536). These lines had a similar performance to that one of the reference lines LT-155-289 and LT-157-291 of normal grain, which can be used in future breeding programs for hybrid and / or synthetic formation, given that there is a high genetic variability between and within groups of lines.

Index words: *Zea mays* L., selection *per se*, inbreds, high protein

1.1. INTRODUCCIÓN

Durante el 2009, en México se sembraron 6.30 millones de ha con maíz, en las que se obtuvo un rendimiento promedio de 3.49 t ha^{-1} , obteniendo un volumen de producción de 22 millones de t (WASDE, 2009). En la franja tropical del estado de Veracruz, se sembraron 586 443 ha de maíz durante los ciclos primavera-verano y otoño-invierno del 2009, con un rendimiento promedio de 3.33 t ha^{-1} y un volumen de producción de 947 541 t (SIAP, 2009).

En países desarrollados la proteína que consumen los habitantes es de origen animal; entre el 60 y 70 % y menos del 20 % es obtenida de los cereales, y en países de escasos recursos la proporción suele ser a la inversa (Vivek *et al.*, 2008). En México, 31 millones de personas presentan algún grado de desnutrición y 18 millones sufren desnutrición severa, situación que es importante en el sureste del país (Sierra *et al.*, 2008). En esta región existen zonas rurales donde la gente de pocos recursos obtiene la mayor parte de las proteínas a partir de los cereales, principalmente el maíz (Krivanek *et al.*, 2007). Esta dependencia del maíz como fuente de proteína pone a la gente más pobre en riesgo de presentar deficiencia proteínica, debido a la ausencia de dos aminoácidos, lisina y triptófano, esenciales para las funciones de crecimiento y desarrollo humano (Sierra *et al.*, 2001).

A partir de 1997, el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) de México, en colaboración con el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), inició trabajos de selección y derivación de líneas sobresalientes de las poblaciones del CIMMYT con el gene *opaco-2 (o2o2)*, generando nuevas líneas de maíz con alta

calidad de proteína (QPM) por su mayor contenido de Lisina y Triptófano (Sierra *et al.*, 2006), como una alternativa para brindar una seguridad alimentaria parcial a los consumidores pobres, cuando por razones económicas consumen una mayor cantidad de granos básicos.

En todo programa de mejoramiento genético, además de conocer la aptitud combinatoria general y específica de las líneas progenitoras, es importante conocer su comportamiento *per se* para rendimiento y sus características agronómicas deseables, como la adaptación y facilidad de manejo en la producción de semilla, de manera que la producción de semilla sea factible y rentable para las empresas encargadas de la multiplicación de semillas. El programa de maíz del Campo Experimental Cotaxtla (CECot), perteneciente al INIFAP, cuenta con un grupo de líneas (S₄) con amplia diversidad genética y aptitud combinatoria, estos muy importantes para la formación de híbridos. Por lo anterior, es importante seleccionar a los progenitores, que al ser cruzados produzcan buenas combinaciones híbridas, para ello es necesario discriminarlos con base en su comportamiento *per se* (Sierra *et al.*, 1991). En este sentido, el valor de una línea puede determinarse mediante dos aspectos principales: las características *per se* de las líneas, en las que se considera su rendimiento, su adaptación y su producción de semilla, y la aptitud combinatoria general (ACG), el cual es la capacidad que presenta una línea para combinarse o cruzarse con otras y dar los mejores promedios (Rojas y Sprague, 1952). La diversidad genética y aptitud combinatoria son componentes importantes para obtener altos valores de heterosis en la formación de híbridos de maíz, sin embargo, también es importante considerar el comportamiento *per se* de la línea y la aptitud combinatoria específica (ACE) (Vega y Bejarano, 1975). El objetivo de este estudio fue seleccionar líneas de maíz con alta calidad de proteína, con base en su comportamiento *per se* para rendimiento y características agronómicas.

1.2. MATERIALES Y MÉTODOS

El estudio se condujo en el Campo Experimental Cotaxtla (INIFAP) en la región del sotavento de la zona centro del estado de Veracruz (18° 56' N, 96° 11' O y 15 m de altitud), caracterizado por un clima AW₁ (w); precipitación media anual menor a 1400 mm, que se distribuye de junio a noviembre y una época seca que comprende de diciembre a mayo (García, 1981).

Para el ciclo primavera-verano 2008, se condujo la evaluación y selección de 32 líneas con base en su comportamiento *per se* para rendimiento y características agronómicas. 24 líneas fueron de grano blanco convertidas a alta calidad de proteína (QPM), 6 líneas de grano normal usado como testigos y 2 líneas de grano normal fueron amarillas. Las 32 líneas provinieron de varias fuentes de germoplasma y tuvieron diferente origen en su formación (Cuadro 1.1).

El diseño fue un alfa látice 4 x 8 con dos repeticiones. La siembra se hizo en parcelas de 1 surco (5 m de largo y 80 cm de ancho) depositando dos semillas cada 20 cm y se aclaró a una planta por mata (62500 plantas ha⁻¹). La fórmula de fertilización fue 161N-46P-00K con urea y superfosfato de calcio triple como fuente N y P. La primera aplicación fue en los primeros 10 días después de la siembra (dds) con todo el fósforo y la mitad del nitrógeno; el resto del nitrógeno a los 30 dds.

Cuadro 1.1. Fuente de origen y genealogía de líneas de maíz normal y convertido a alta calidad de proteína (QPM). Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.

No.	Genealogía	Fuente de origen
1	(LRB-14xCML-144)LRB-14RC2-1-1-352 (LRB-14)	Líneas de maíz convertidas a alta calidad de proteína
2	(CABGxCML-144)CABGRC2-1-3-943 (CABG)	
3	(LT-154xCML-144)F2xLT-154RC2-1-2-947 (LT-154)	
4	(LT-155xCML-144)F2xLT-155RC2-1-1-948 (LT-155)	
5	(LT-155xCML-144)F2xLT-155RC2-1-1-378 (LT-155)	
6	(CABGxCML-144)CABGRC2-1-1-425A (CABG)	
7	(D-539xCML-144)F2xD-539RC2-1-1-988 (D-539)	
8	(VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-952 (VS-536-)	
9	(VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-953 (VS-536)	
10	(VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-959 (VS-536)	Líneas recicladas de V-537C, variedad de uso comercial, de alta calidad de proteína.
11	(VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-960 (VS-536)	
12	FAM. V-537C-1-2-941 (V-537C)	
13	FAM. V-537C-1-2-942 (V-537C)	
14	FAM. V-537C-974 (V-537C)	
15	FAM. V-537C-985 (V-537C)	Líneas de maíz de grano normal usados como testigos.
16	LT-154-284 (NORMAL)	
17	LT-155-289 (NORMAL)	
18	LT-156-290 (NORMAL)	
19	LT-157-291 (NORMAL)	
20	CLRY-015-818 (NORMAL)	
21	CLRY-017-819 (NORMAL)	
22	CML-273Q-296	Líneas derivadas de poblaciones del CIMMYT, normales y con el gene opaco-2 (<i>o2o2</i>).
23	CML-264Q-997	
24	CML-159-998	
25	CML-491-999	
26	CML-150-1000	
27	CML-176-302	
28	CML-144-287	
29	CML-159	
30	CML-491	
31	RCWQ-50-301	
32	CML-142-308	

Los caracteres evaluados para cada genotipo fueron: días a floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca, aspecto y sanidad de mazorca, calificados en una escala de 1 a 5, donde 1 es la mejor expresión, plantas vigorosas y sanas, mazorcas bien formadas y sin

podrición, 5 es para las plantas y mazorcas enfermas y mal formadas, porcentaje de acame, porcentaje de mala cobertura de mazorca, porcentaje de plantas con la enfermedad de achaparramiento. En la cosecha se contó el número de mazorcas cosechadas, se calculó el porcentaje de mazorcas podridas, y se registró el peso de campo. El rendimiento de grano se obtuvo en $t\ ha^{-1}$, ajustado al 14 % de humedad.

A partir de los datos generados en campo, se realizó el análisis de varianza con base en el diseño de látice usando el modelo propuesto por Barreto (1999) como sigue:

$$Y_{ijk} = \mu + R_i + (B/R)_{ij} + T_k + E_{ijk}$$

donde, Y_{ijk} : efecto de la i -ésima repetición del j -ésimo bloque, del k -ésimo tratamiento; μ : media general; R_i : efecto de la i -ésima repetición; $(B/R)_{ij}$: efecto del j -ésimo bloque, dentro de la i -ésima repetición; T_k : efecto de k -ésimo tratamiento; E_{ijk} : efecto del error experimental.

Para comparar las medias entre tratamientos se aplicó la diferencia mínima significativa (DMS).

$$DMS = t(g, l\ error) \sqrt{2S^2/n}$$

donde, $t(g, l\ error)$: valor de t en tablas con los grados de libertad del error; S^2 : varianza o cuadrado medio del error; n : numero de valores para calcular el promedio.

1.3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el cuadro 1.2, se presenta la significancia para tratamientos, coeficiente de variación, valores medios y eficiencia relativa de las líneas de maíz evaluadas. Se detectó diferencia significativa ($p \leq 0.01$) para ocho variables, y con diferencia significativa ($p \leq 0.05$) para cinco variables. Lo cual era de esperarse debido principalmente a la gran variación que existe con respecto al origen del material genético estudiado. Los coeficientes de variación presentan valores que demuestran confiabilidad en los resultados (Reyes, 1985); sin embargo, el porcentaje de severidad de daño por achaparramiento presentó un coeficiente de variación de 209.8 %, debido a la gran incidencia que se tuvo por la enfermedad. Este dato abre una posibilidad para seleccionar líneas que presenten resistencia a esta enfermedad (Águiluz *et al.*, 1995).

Cuadro 1.2. Significancia para tratamientos, coeficiente de variación, valores medios y eficiencia relativa de líneas de maíz normal y convertido a alta calidad de proteína. Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.

F.V.	RG [†] t ha ⁻¹	Altura ^{††}		Floración ^{†††}		Aspecto [¶]		Sanidad ^{¶¶}		% ^{¶¶¶}			
		pl	mz	m	f	pl	mz	pl	mz	cob	pod	acha	aca
CM	2.2**	529.2NS	261.5NS	9.6**	11.6**	0.3**	0.8**	0.3**	0.4**	1.7NS	2.6NS	49.9NS	4.6**
CV	18.4	7.1	9.3	1.2	1.4	18.3	19.2	18.9	20.9	78.3	34.5	209.8	39.6
PROM	2.8	164	83	56	57	2.2	2.5	2.2	2.3	1.9	3.4	3.8	2.6
REFF	1.3	1.0	1.7	0.8	0.7	1.0	0.9	0.9	0.8	0.7	1.2	0.9	1.8

* $p \leq 0.05$; ** $p \leq 0.01$; NS: no significativo; [†] Rendimiento de grano; ^{††} Altura de planta y mazorca; ^{†††} Días a floración masculina y femenina; [¶] Aspecto de planta y mazorca; ^{¶¶} Sanidad en planta y mazorca; ^{¶¶¶} % de cobertura, mazorcas podridas, plantas con achaparramiento y acame; CM: cuadrados medios; CV: coeficiente de variación; PROM: valores medios; REFF: eficiencia relativa.

La eficiencia relativa del modelo alfa látice, con el diseño bloques al azar, mostró en la mayoría de los casos valores mayores a 1.0, indicando que la varianza del error es atribuida a los efectos de bloques, mostrando eficiencia en la evaluación de estas líneas (CIMMYT, 1999).

1.3.1. Rendimiento y características agronómicas

En el Cuadro 1.3, se muestra el comportamiento *per se* para rendimiento y características agronómicas de las líneas evaluadas. Puede observarse un grupo de 6 líneas estadísticamente superiores ($p \leq 0.01$), las cuales fueron LT-155-289 (NORMAL), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-959 (VS-536), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-960 (VS-536), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-952 (VS-536-), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-953 (VS-536) y LT-157-291 (NORMAL); con rendimientos experimentales de 5.4, 5.2, 4.3, 4.3, 4.1, 4.1 t ha⁻¹ respectivamente.

Se observa que el grupo de líneas recicladas de VS-536xV-537C mantuvieron alto rendimiento *per se* arriba de las 4 t ha⁻¹, lo cual indica que existen líneas de maíz con alta calidad de proteína con rendimientos estadísticamente similares a las líneas LT-155-289 y LT-157-291 de grano normal usadas como testigos en este ensayo. Inicialmente los maíces opaco-2 (*o2o2*), pesaban de 15 a 20 % menos que el maíz de grano normal y eran susceptibles a varias enfermedades (Vivek *et al.*, 2008). Con los resultados estadísticos obtenidos se observa que estas nuevas líneas de maíz, además de competir en rendimiento con las líneas de grano normal, presentan alta calidad de proteína, mostrando ventajas ante los maíces de grano normal. El intervalo de rendimiento de las líneas evaluadas fue amplio de 0.66 a 5.44 t ha⁻¹, a pesar de existir alta endogamia.

Cuadro 1.3. Rendimiento *per se* y características agronómicas de líneas de maíz normal y convertidas a alta calidad de proteína. Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.

No	Genealogía	RG [†] t ha ⁻¹	flor ^{††}		Aspecto [‡]		Sanidad ^{¶¶}		% ^{¶¶¶}
			m	f	pl	mz	pl	mz	achap
22	LT-155-289 (normal)	5.44*	52	52	2.2*	1.5*	2.0*	2.0*	3.8**
8	VS-536-959	5.16*	54	54	1.5*	1.5*	1.5*	1.5*	2.0*
9	VS-536-960	4.31**	54	54	1.5*	1.5*	1.8*	1.5*	1.7*
6	VS-536-952	4.28**	56	56	2.0*	1.5*	2.0*	1.5*	3.6**
7	VS-536-953	4.12**	54	54	1.7*	2.0*	2.0*	2.0*	2.7*
24	LT-157-291 (normal)	4.01**	54	54	1.8*	2.5*	2.0*	2.8*	5.0
30	CML-142-308	3.55	56	56	2.0*	1.5*	2.0*	1.5*	2.9*
4	LT-155-948	3.51	54	54	2.0*	2.0*	1.8*	2.0*	1.7*
25	CML-176-302	3.43	57**	57	1.3*	2.8**	1.5*	2.5*	4.3
2	CABG-943	3.32	55	55	1.5*	2.0*	1.5*	2.0*	2.4*
11	D-539-988	3.20	54	54	2.0*	2.3*	1.8*	2.5*	2.3*
10	LT-156-425	3.19	57**	57	2.3*	2.8**	2.0*	2.8*	4.5
13	CML-264Q-997	3.08	56	56	1.3*	3.0	1.5*	3.3**	4.7
19	V-537C-974	2.85	57**	57	2.3*	2.5*	2.3*	2.5*	2.6*
20	V-537C-985	2.82	52	53	2.3*	2.0*	2.0*	2.0*	1.0*
5	LT-155-378	2.81	54	54	2.5	2.0*	2.0*	2.0*	2.1*
23	LT-156-290 (normal)	2.72	59*	59*	2.0*	2.3*	2.0*	2.5*	4.8
3	LT-154-947	2.69	52	53	2.5	3.0	2.0*	2.0*	3.2*
21	LT-154-284 (normal)	2.63	59*	60*	2.5	2.0*	2.8**	2.0*	4.5
28	CML-491	2.59	59*	60*	2.5	2.8**	2.5*	2.3*	3.5**
15	CML-491-999	2.48	59*	60*	2.2*	2.3*	2.8**	2.3*	2.3*
17	V-537C-941	2.45	55	55	2.8	3.8	3.0**	3.3**	3.4**
14	CML-159-998	2.37	59*	60*	2.5	2.8**	2.3*	2.3*	3.9**
1	LRB-14-352	2.22	59*	60*	1.8*	2.8**	1.8*	2.8*	1.0*
18	V-537C-942	2.02	54	54	2.3*	2.5*	2.5*	2.8*	6.3
29	RCWQ50-301	1.94	59*	60*	2.5	3.0	2.0*	2.3*	1.7*
16	CML-150-1000	1.84	58*	58**	2.8	4.0	2.8**	4.0	1.0*
12	CML-273Q-296	1.38	59*	59*	3.0	4.5	3.0**	3.5**	1.7*
31	CLRYO15-818 (normal)	1.12	58*	59*	2.5	3.3	2.8**	2.0*	2.8*
27	CML-159	0.98	59*	60*	2.5	3.0	2.5*	3.0*	3.4**
32	CLRYO17-819 (normal)	0.94	59*	60*	2.5	3.3	2.5*	2.0*	3.6**
26	CML-144-287	0.66	59*	60*	2.8	3.0	2.5*	2.0*	1.0*
	Promedio	2.82	56	57	2.2	2.5	2.2	2.3	3.0
	CV (%)	18.36	1.16	1.38	18.3	19.2	18.9	20.9	62.74
	REFF	1.32	0.79	0.74	1.02	0.92	0.97	0.8	0.73

* $p \leq 0.05$; ** $p \leq 0.01$; † Rendimiento de grano; †† Días a floración masculina y femenina; ‡ Aspecto en planta y mazorca; ¶¶ Sanidad en planta y mazorca; ¶¶¶ % de plantas con achaparramiento; PROM: valores medios; CV: coeficiente de variación; REFF: eficiencia relativa.

En este sentido, al iniciar un programa de formación de híbridos o sintéticos con este grupo sobresaliente, se esperaría un buen comportamiento al combinar estos progenitores, dado por el efecto heterótico de cruzar progenitores de alta divergencia genética, como lo indican Reyes (1985) y Sierra *et al.* (2005). Este resultado confirma los obtenidos por Sierra *et al.* (2005), al estudiar un grupo de líneas y sus probadores, derivadas de un Compuesto de Amplia Base Genética (CABG) y líneas provenientes del CIMMYT demostrando que existe divergencia genética entre los diferentes grupos de líneas evaluadas y que al encontrar líneas que registren buen comportamiento *per se*, permite una mejor expectativa de uso por las ventajas que ofrece desde el punto de vista de su producción de semilla (Sierra *et al.*, 2000). Benítez (1997), menciona que cuando se realiza la formación de híbridos de cruce simple, la selección de líneas *per se* es un proceso importante en programas de hibridación y en la formación de variedades sintéticas.

La concentración de medias (Cuadro 1.3), muestran que dos de las líneas evaluadas (VS-536xV-537C) VS-536RC2-1-1-959 (VS-536) y (VS-536xV-537C) VS-536RC2-1-1-960 (VS-536), provenientes del grupo de líneas recicladas de VS-536xV-537C, además de presentar alto rendimiento, presentan las mejores características agronómicas, lo que indica que son arquetipos con posibilidades para la formación de híbridos en el trópico.

Se destacan las líneas (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-959 (VS-536), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-960 (VS-536), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-953 (VS-536) y LT-157-291 (NORMAL), los cuales presentan buena sincronía con 54 días a floración, lo que es muy importante para su mantenimiento *per se* y en cruzamientos desde el punto de vista de su

producción de semilla; reduciendo la probabilidad de contaminación y garantizando la pureza genética (Espinosa *et al.*, 1998).

Sólo el aspecto de mazorca presentó valores que van de 1.5 a 4.5, lo que indica que se ha avanzado en el mejoramiento para algunas características. No se registran valores altos para porcentaje de planta por la enfermedad de achaparramiento, lo que indica que el germoplasma evaluado se adapta perfectamente a las condiciones del trópico húmedo, en virtud de que el origen de la mayoría de las líneas evaluadas proviene de la raza tuxpeño, que tuvo su origen bajo las condiciones del trópico; en la mayoría de los casos son líneas avanzadas provenientes de varias fuentes de germoplasma (Reyes, 1985; Espinosa *et al.*, 1998; Sierra *et al.*, 2005). En este sentido, la selección *per se* puede ser utilizada previo a la prueba de ACG, tratando de seleccionar líneas tempranas con características agronómicas deseables, que permitan su manejo rentable durante la producción de semilla de híbridos de cruzas simples.

1.4. CONCLUSIONES

Se obtuvo un grupo de líneas con alta calidad de proteína, con buen comportamiento *per se* y características agronómicas como: (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-959 (VS-536), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-960 (VS-536), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-952 (VS-536-), (VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1-953 (VS-536), similares a las líneas de referencia LT-155-289 y LT-157-291, de grano normal. Se tienen posibilidades de encontrar combinaciones híbridas al observar que existe alta variabilidad genética entre y dentro de grupos de líneas. El método de selección *per se*, permite encontrar líneas tempranas con características deseables que puedan ser útiles en futuros programas de fitomejoramiento.

1.5. LITERATURA CITADA

- Águiluz A, E Navarro, F Guerra, H Córdova O y A Oyervides. 1995. Evaluación de cuatro ciclos de selección para resistencia al achaparramiento del maíz en la población 73. *Agronomía Mesoamericana* 6 (1): 88-92.
- Barreto H, J. 1999. Alpha, programa para crear y analizar diseños Alpha (0.1) látice. Manual de usuario para Fieldbook 5.1/7.1 y Alfa. México, D. F. CIMMYT. pp: 38-48.
- Benítez R I. 1997. Selección recurrente en líneas con diferente nivel de endogamia. I. Prueba *per se* de líneas. *Revista Fitotecnia Mexicana* 20 (1): 29-43.
- CIMMYT (Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo). 1999. Manual de usuario para Fieldbook 5.1/7.1 y Alfa. México, D. F. CIMMYT. 49 p.
- Espinosa C A, J Ortiz C, A Ramírez F, N O Gómez M y A Martínez G. 1998. Estabilidad y comportamiento de líneas *per se* y cruzas de maíz en la producción de semilla. *Agricultura Técnica en México* 24 (1): 27-36.
- García E. 1981. Modificaciones al Sistema de Clasificación Climática de Köppen. Instituto de Geografía. UNAM. México, D.F. 245 p.
- Krivanek A F, H Groote D, N Gunaratna S, A Diallo O y D Friesen. 2007. Breeding and Disseminating Quality Protein Maize (QPM) for Africa. *African Journal of Biotechnology*. México, D. F. CIMMYT. 10 p.
- Preciado R E, O, H Córdova O, A Terrón, E Cervantes, E Betanzos, A Ortega C, N O Gómez M, C Reyes, H Vallejo, y M Erazo. 2001. Adaptación y rendimiento de híbridos de alta calidad de proteína en regiones tropicales y subtropicales de México. *Agronomía Mesoamericana* 12 (1) 33-40.
- Reyes C P. 1985. Fitogenotecnia básica y aplicada. A. G. T. D. F, México. 460 p.
- Reyes C P. 1990. Diseños experimentales aplicados. Trillas, D. F, México. 347 p.
- Rojas B A y G Sprague F. 1952. A comparison of variance components in corn yield trials III. *Agronomy Journal* 44: 462-466.

- SIAP. 2009. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. Secretaria de Agricultura, Ganadería y Desarrollo Rural (SAGARPA). México, D. F. http://www.siap.gob.mx/index.php?option=com_wrapper&view=wrapper&Itemid=214 (acceso el 27/04/2010).
- Sierra M M, A Palafox C, A Espinoza C, F Caballero H, F A Rodríguez M, S Barrón F y R Valdivia B. 2005. Adaptabilidad de híbridos triples de maíz y de sus progenitores para la región tropical del sureste mexicano. *Agronomía Mesoamericana* 16 (1): 13-18.
- Sierra M M, A Palafox C, E N Becerra L, H Córdoba O, F A Rodríguez M, R Zetina L, A Zambada M y R Rodríguez R. 2006. Transferencia de germoplasma sobresaliente de maíz con alta calidad de proteína a productores del estado de Veracruz-México. INIFAP-CIMMYT-CIDA-QPM. 17 p.
- Sierra M M, A Palafox C, F A Rodríguez M, A Espinosa C, G Vázquez C, A Zambada M, R Rodríguez R y S Barrón F. 2008. H-564C, híbrido de maíz con alta calidad de proteína para el trópico húmedo de México. INIFAP. CIRGOC. Campo Experimental Cotaxtla. Desplegable Técnica Núm. 6. Veracruz, México.
- Sierra M M, A Palafox C, O Cano R, F A Rodríguez M, A Espinosa C, A Turrent F, N O Gómez M, H Córdoba O, N Vergara A, R Avendaño S, J A Sandoval R, S Barrón F, J Romero M, F Caballero H, M González C y E Betanzos M. 2001. Descripción varietal de H-519C, H-553C y V-537C, Maíces con alta calidad de proteína para el trópico húmedo de México. INIFAP. CIRGOC. Campo Experimental Cotaxtla. Folleto Técnico Núm. 30. Veracruz, México. 21 p.
- Sierra M M, F Márquez S, R Valdivia B, O Cano R y F A Rodríguez M. 2000. Aptitud combinatoria general y específica de líneas tropicales de maíz usando probadores. *Agronomía Mesoamericana* 11 (1): 103-112.
- Sierra M M, R E Preciado O, A J Alcázar J y F A Rodríguez M. 1991. Selección de líneas por su rendimiento y adaptación con base en un patrón heterotico conocido. *In: Memoria de la XXXVII Reunión Anual del PCCMCA*. Panamá, Panamá. pp: 109-116.
- Vega U y A Bejarano. 1975. Estudio de la capacidad combinatoria en líneas de maíz (*Zea mays* L.) a través de cruzamientos dialélicos. CENIAP-FONAIAP, Maracay, Venezuela. pp: 1-16.
- Vivek B S, A Krivanek F, N Palacios-Rojas, S Twumasi-Afryie y A Diallo O. 2008. Mejoramiento de maíz con calidad de proteína (QPM): Protocolos para generar variedades QPM. México, D.F.: CIMMYT. 56 p.

WASDE. 2009. World Agricultural Supply and Demand Estimates. Approved by the World Agricultural. United States Department of Agriculture. ISSN: 1554-9089. <http://www.usda.mannlib.cornell.edu/> (acceso el 05/02/2010).

CAPITULO II. ANÁLISIS DIALÉLICO PARA RENDIMIENTO EN LÍNEAS DE MAÍZ CON ALTA CALIDAD DE PROTEÍNA

RESUMEN

En todo programa genotécnico por hibridación en maíz (*Zea mays* L.) es importante un método confiable y eficiente que permita seleccionar las mejores líneas de maíz. El objetivo de este estudio fue seleccionar líneas de maíz con alta calidad de proteína, con base en su comportamiento *per se*, efectos de aptitud combinatoria general (ACG), aptitud combinatoria específica (ACE) y heterosis, para la formación de cruzas simples. Durante el ciclo primavera-verano 2008, se formaron y evaluaron 120 cruzas simples con la combinación de 16 líneas de maíz de grano blanco de alta calidad de proteína. Para estimar los efectos de ACG y ACE se usó el método IV, modelo I del dialélico de Griffing, en un diseño bloques al azar con dos repeticiones. Entre los resultados se observó que existen líneas con buena ACG: LRB-14RC2-1-1, LT-154RC2-1-2, LT-155RC2-1-1, VS-536RC2-1-1, VS-536RC2-1-1, CML-264Q y CML-159. Las cruzas LT155RC2-1-1xVS536RC2-1-1, CABGRC2-1-3xD-539RC2-1-1 y D-539RC2-1-1xCML-159 mostraron los mayores efectos de ACE. El mayor grado de heterosis se obtuvo con la crusa (LT-155xCML-144) F₂xLT-155RC2-1-2xFAM. V-537C-1-2 (4x16), con 350.2 % y un rendimiento de 4.6 t ha⁻¹. Las líneas que forman al sintético-1 y sintético-5 superan en 55 y 49 % con más lisina y 106 y 73 % más triptófano al testigo normal, indicando que las líneas evaluadas tienen alta calidad de proteína y son nutricionalmente aceptables. El análisis de los resultados sugiere que el método de selección basado en su comportamiento *per se*, ACG y ACE, ha sido efectivo para hacer una preselección antes de usar las líneas en futuros programas genotécnicos por hibridación.

Palabras clave: *Zea mays* L., selección *per se*, cruzas, aptitud combinatoria, proteína.

ABSTRACT

The objective of this study is to select inbred lines of maize (*Zea mays* L.) with high quality of protein, based on their *per se* performance, general combining ability (ACG), specific combining ability (ACE) and heterosis, for simple cross formation. During the Spring-Summer 2008, were evaluated the formation of 120 single crosses with the combination of 16 lines of white grain maize with high quality of protein. To estimate the effects of ACG and ACE, the method of Griffing diallel IV (1956b) modified by Reyes (1985), was used in a randomized block design with two replications. The results indicated that the overall estimate for ACG and ACE were not detected because there were differences in related lines, however there were lines with good ACG as: LRB-14RC2-1-1, LT-154RC2-1-2, LT-155RC2-1-1, VS-536RC2-1-1, VS-536RC2-1-1, CML-264Q and CML-159. On the other hand crosses like LT155RC2-1-1xVS536RC2-1-1, CABGRC2-1-3xD-539RC2-1-1 and D-539RC2-1-1xCML-159 showed greater effects of ACE. The greater degree of heterosis in relation to the parent medium, was obtained with the cross (LT-154xCML-144)F2xLT-154RC2-1-2x(CABGxCML-144)CABGRC2-1-3 (2x11) with 350.2 % and a yield of 4.6 t ha⁻¹, respect to the better parent heterosis, the cross which better performance were: (LT-154xCML-144)F2xLT-154RC2-1-2x(CABGxCML-144)CABGRC2-1-3 (2x11) with 298.3 % and performance 6.1 t ha⁻¹. The group of lines forming the synthetic-1 and synthetic-5 showed a 55 and 49 % more lysine and 106 and 73 % more tryptophan compared with normal control, indicating that the evaluated lines had a high-quality protein and were nutritionally acceptable. The selections methods *per se* behavior-based, ACG and ACE were useful to do a preselection before to use those lines in futures hibridation program

Index words: *Zea mays* L., selection *per se*, cross, combining ability, protein.

2.1. INTRODUCCIÓN

En el mundo se sembraron 160 millones de ha con maíz, con una producción de 792 millones de t en el 2009. Del grano producido, México aportó 16.9 millones de t en casi 7.7 millones de ha. Respecto a la región sur-sureste de México, se siembran anualmente 2.8 millones de ha con maíz, con un rendimiento medio de 2.3 t ha^{-1} , aportando 3.3 millones de t del total nacional (SIAP, 2009). En México el consumo de maíz *per cápita* es 209.8 kilogramos, que proporciona en promedio 37 y 46 % del requerimiento diario de proteína y energía requerida por el humano. La proteína de maíz contiene cantidades bajas de lisina y triptófano, aminoácidos esenciales para las funciones de crecimiento y desarrollo humano, por lo que no satisface el requerimiento de proteínas que el cuerpo humano necesita (Sierra *et al.*, 2001).

Desde 1997 el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) en colaboración con el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), inició trabajos de selección y derivación de líneas sobresalientes de las poblaciones del CIMMYT con el gene *opaque-2* (*o2o2*), generando nuevas líneas, variedades e híbridos de maíz con alta calidad de proteína (QPM), con mayor contenido de lisina y triptófano Sierra *et al.* (2006). El consumo de maíz QPM podría contribuir más eficientemente al combate de la desnutrición de 27 millones de habitantes en las zonas rurales y urbanas marginadas de México (FAO, 2009). Por ello es necesario mejorar la calidad del grano desarrollando programas de mejoramiento genético para obtener variedades con mayor contenido y calidad de proteína.

Conocer el tipo de acción génica que controla los caracteres de interés económico es básico para la planeación de un programa genotécnico. La importancia radica en contar con un grupo de líneas (progenitores) de maíz de amplia base genética, que al combinarse superen en calidad, rendimiento y características agronómicas a las variedades comerciales actualmente disponibles. Mediante la evaluación *per se* y aptitud combinatoria de los progenitores se puede lograr mayor eficiencia, pues permite seleccionar progenitores con un comportamiento promedio aceptable (Guillen-de la Cruz *et al.*, 2009). Para ello es necesario discriminarlas con base a su comportamiento *per se*, buena aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE) (Sierra *et al.*, 1991). Entre los métodos de análisis para estudiar la componente genética de un conjunto de progenitores se encuentran los diseños dialélicos propuestos por Griffing (1956b) que comprende todas las cruzas posibles entre varios progenitores, e identifica las combinaciones superiores y los mejores progenitores para diseñar los métodos de mejoramientos más eficientes (Gutiérrez *et al.*, 2002). Sprague y Tatum (1942) propusieron un método que incluye a las cruzas dialélicas y que originó los conceptos de ACG y ACE.

Por lo anterior, los objetivos de este estudio fueron: 1) seleccionar líneas con alta calidad de proteína con base en su comportamiento *per se* para la formación de cruzas simples; 2) identificar las mejores líneas por su aptitud combinatoria general (ACG), aptitud combinatoria específica (ACE) y heterosis de las cruzas superiores; 3) formar sintéticos con las mejores líneas y determinar la calidad proteínica con base en los contenidos de lisina y triptófano.

2.2. MATERIALES Y MÉTODOS

2.2.1. Localización geográfica

El estudio se condujo en el Campo Experimental Cotaxtla (INIFAP) en la región del sotavento de la zona centro del estado de Veracruz (18° 56´ N, 96° 11´ O y 15 m de altitud), caracterizado por un clima AW₁ (w); precipitación media anual menor a 1400 mm, que se distribuye de junio a noviembre y una época seca que comprende de diciembre a mayo (García, 1981).

2.2.2. Desarrollo del experimento

Durante el ciclo otoño-invierno 2007/08 se evaluaron y seleccionaron un grupo de líneas sobresalientes las cuales presentaron buenas características agronómicas y arquetípicas. En este mismo ciclo y en un lote aislado de polinización controlada se formaron las cruzas dialélicas usando las mejores líneas seleccionadas. Las cruzas y sus progenitores fueron evaluados durante el ciclo primavera-verano 2008.

En total se evaluaron 16 progenitores de maíz de grano blanco convertidas a alta calidad de proteína (QPM), con sus 120 cruzas dialélicas ($(n \times n - 1)/2$), así como de algunos testigos de grano normal (Cuadro 2.1). Para el ciclo primavera-verano 2008, se establecieron dos ensayos 1) evaluación y selección de líneas con base en su comportamiento *per se*; 2) evaluación y selección de cruzas dialélicas con base en su aptitud combinatoria general (ACG), aptitud combinatoria específica (ACE) y heterosis. El diseño para el primer ensayo fue un alfa látice 4 x 8 y 16 x 8 para el segundo, ambos con dos repeticiones. La siembra se hizo en parcelas de un surco (5 m de largo y 80 cm de ancho) depositando dos semillas cada 20 cm y se aclaró a una planta por mata

(62500 plantas ha⁻¹). La fórmula de fertilización fue 161N-46P-00K con urea y superfosfato de calcio triple como fuente N y P. La primera aplicación fue en los primeros 10 días después de la siembra (dds) con todo el fosforo y la mitad del nitrógeno; el resto del nitrógeno a los 30 dds.

Los caracteres evaluados para cada genotipo fueron: días a floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca, aspecto y sanidad de planta y mazorca, calificados en una escala de 1 a 5, donde 1 es la mejor expresión, plantas vigorosas y sanas, mazorcas bien formadas y sin pudrición, 5 es para las plantas y mazorcas enfermas y mal formadas, porcentaje de acame, porcentaje de mala cobertura de mazorca, porcentaje de plantas con la enfermedad de achaparramiento. En la cosecha se contó el número de mazorcas cosechadas, se calculó el porcentaje de mazorcas podridas, y se registró el peso de campo. El rendimiento de grano se obtuvo en t ha⁻¹, ajustado al 14 % de humedad.

Cuadro 2.1. Fuente de origen y genealogía de líneas de maíz con alta calidad de proteína que participaron en el dialelo. Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.

No.	Genealogía	Origen
1	(LRB-14XCML-144)LRB-14RC2-1-1	Líneas del programa de maíz del Campo Experimental Cotaxtla del INIFAP.
2	(LT-154XCML-144)F2XLT-154RC2-1-2	
3	(LT-155XCML-144)F2XLT-155RC2-1-1	
4	(LT-155XCML-144)F2XLT-155RC2-1-2	
5	(D-539XCML-144)F2XD-539RC2-1-1	
6	(VS-536XV-537C)VS-536RC2-1-1	Líneas recicladas de VS-536 variedad de uso comercial.
7	(VS-536XV-537C)VS-536RC2-1-2	
8	(VS-536XV-537C)VS-536RC2-1-3	
9	(VS-536XV-537C)VS-536RC2-1-4	
10	(CABGXCML-144)CABGRC2-1-1	Compuesto germoplásmico de amplia base genética (CABG).
11	(CABGXCML-144)CABGRC2-1-3	
12	CML-264Q	Líneas derivadas de poblaciones del CIMMYT normal y con el gene <i>opaco-2</i> (<i>o2o2</i>).
13	CML-159	
14	CML-491	
15	CML-150	Líneas recicladas de V-537C, variedad de uso comercial
16	FAM. V-537C-1-2	

2.2.3. Calidad proteínica

En la determinación proteínica de las líneas evaluadas se formaron cuatro sintéticos durante el ciclo otoño-invierno 2008/09 y cada sintético se formó como un compuesto mecánico (CM) de 16 líneas de maíz convertidas con alta calidad de proteína que participaron en el dialelo. Cada sintético se cosechó y se analizó en el Laboratorio de Maíz del INIFAP, Chapingo, México. Las muestras de grano entero se molieron, desengrasaron y se pusieron a peso constante; en ellas se cuantificó lisina y triptófano con el método colorimétrico de Tsai *et al.* (1975).

2.2.4. Análisis estadístico

Se obtuvieron los datos ajustados del análisis de varianza, corregidos en el diseño de látice propuesto por Barreto (1999) cuyo modelo estadístico es el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + R_i + (B/R)_{ij} + T_k + E_{ijk}$$

donde, Y_{ijk} : efecto de la i -ésima repetición del j -ésimo bloque, del k -ésimo tratamiento; μ : media general; R_i : efecto de la i -ésima repetición; $(B/R)_{ij}$: efecto del j -ésimo bloque, dentro de la i -ésima repetición; T_k : efecto de k -ésimo tratamiento; E_{ijk} : efecto del error experimental.

2.2.5. Diseño genético

Al obtener los datos ajustados del análisis de varianza, corregidos con base en el diseño de látice, se analizó el dialelo con la metodología de Griffing (1956b) modificado por Reyes (1985), cuyo modelo es:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + g_j + S_{ij} + C_{ijk}$$

donde, Y_{ijk} : valor fenotípico observado de la cruce con progenitores i y j en el bloque k ; μ : efecto común a todas las observaciones; g_i : efecto de la aptitud combinatoria general del

progenitor i ; S_{ij} : efecto de la aptitud combinatoria específica de la crucea (i, j); C_{ijk} : efecto ambiental aleatorio correspondiente a la observación (i, j, k).

El porcentaje de heterosis se calculó con base al promedio de dos progenitores (Hx) y respecto al mejor progenitor ($H\mu$) de acuerdo con las fórmulas propuestas por Griffing (1956b) modificado por Reyes (1985).

Para estimar la varianza global y particular para cada progenitor de la ACG y ACE, se utilizó la fórmula 1 para ACG y la fórmula 2 para ACE, mediante el modelo propuesto por Griffing (1956b) modificado por Reyes (1985).

2.3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

2.3.1. Análisis estadístico

En los Cuadros 2.2 y 2.3 se muestran los efectos que influyen en la expresión de los progenitores y sus cruces simples. En progenitores hubo diferencia significativa ($p \leq 0.01$) para ocho variables, y diferencia significativa ($p \leq 0.05$) para cinco variables. Se observa que sólo el porcentaje de achaparramiento en planta presenta inconsistencia debido a la diversidad genética de estos genotipos; sin embargo la mayoría registra valores bajos, lo cual sugiere una buena conducción de los experimentos (Reyes, 1985).

En el comportamiento *per se*, para rendimiento y características agronómicas, se obtuvo 2.8 t ha^{-1} como promedio general, planta relativamente baja, ciclo intermedio, con buen aspecto y

sanidad en planta y mazorca (Cuadro 2.2). Lo anterior se debió principalmente a que fueron conducidos en condiciones de temporal y que son líneas con un alto grado de endogamia, resultados similares a los reportados por Preciado *et al.* (2005).

Cuadro 2.2. Significancia para tratamientos, coeficiente de variación, valores medios y eficiencia relativa de líneas de maíz normal y con alta calidad de proteína. Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.

F.V.	RG [†] t ha ⁻¹	Altura ^{††}		Floración ^{†††}		Aspecto [¶]		Sanidad ^{¶¶}		% ^{¶¶¶}			
		pl	mz	m	f	pl	mz	pl	mz	cob	pod	acha	aca
CM	2.2**	529.2NS	261.5NS	9.6**	11.6**	0.3**	0.8**	0.3**	0.4**	1.7NS	2.6NS	49.9NS	4.6**
CV	18.4	7.1	9.3	1.2	1.4	18.3	19.2	18.9	20.9	78.3	34.5	209.8	39.6
PROM	2.8	164	83	56	57	2.2	2.5	2.2	2.3	1.9	3.4	3.8	2.6
REFF	1.3	1.0	1.7	0.8	0.7	1.0	0.9	0.9	0.8	0.7	1.2	0.9	1.8

* $p \leq 0.05$; ** $p \leq 0.01$; NS: no significativo; [†] Rendimiento de grano; ^{††} Altura de planta y mazorca; ^{†††} Días a floración masculina y femenina; [¶] Aspecto de planta y mazorca; ^{¶¶} Sanidad en planta y mazorca; ^{¶¶¶} % de cobertura, mazorcas podridas, plantas con achaparramiento y acame; CM: cuadrados medios; CV: coeficiente de variación; PROM: valores medios; REFF: eficiencia relativa.

En las cruza simples (Cuadro 2.3) se detectaron diferencias significativas ($p \leq 0.01$) para 11 variables, y significativas ($p \leq 0.05$) para dos variables. Este resultado confirma los obtenidos por Sierra *et al.* (2000) y Preciado *et al.* (2001), al identificar las mejores cruza formadas con las líneas sobresalientes, existiendo variabilidad genética. En el presente estudio se obtuvo un rendimiento promedio general de 5.0 t ha⁻¹ así como buen arquetipo de planta y mazorca, ciclo intermedio y bajos valores para aspecto y sanidad en planta y mazorca. Se puede inferir que estas cruza simples presentan un alto grado de heterosis o vigor híbrido producto de cruzar progenitores con relativa divergencia genética (Mendoza *et al.*, 2000; Preciado *et al.*, 2001). La eficiencia relativa del diseño en látice con respecto al de bloques al azar, presenta en su mayoría

valores mayores a la unidad (>1), indicando eficiencia en la evaluación de dichos materiales (Queme *et al.*, 1991; CIMMYT, 1999).

Cuadro 2.3. Significancia para tratamientos, coeficiente de variación, valores medios y eficiencia relativa de cruzas de maíz normal y con alta calidad de proteína. Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.

F.V.	RG [†] t ha ⁻¹	Altura ^{††}		Floración ^{†††}		Aspecto [¶]		Sanidad ^{¶¶}		% ^{¶¶¶}			
		pl	mz	m	f	pl	mz	pl	mz	cob	pod	acha	aca
CM	1.9**	543.4NS	252.8NS	3.4**	3.4**	0.2**	0.4**	0.2**	0.4**	3.0**	1.3**	1.8**	6.8**
CV	13.8	8.9	12.9	1.9	2.0	15.5	18.1	14.5	13.7	48.1	37.9	38.4	31.2
PROM	5.03	212	108	53	54	2.2	2.3	2.1	2.1	2.12	2.2	2.5	5.09
REFF	1.0	5.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.1	0.9	1.1	1.2

* $p \leq 0.05$; ** $p \leq 0.01$; NS: no significativo; [†] Rendimiento de grano; ^{††} Altura de planta y mazorca; ^{†††} Días a floración masculina y femenina; [¶] Aspecto de planta y mazorca; ^{¶¶} Sanidad en planta y mazorca; ^{¶¶¶} % de cobertura, mazorcas podridas, plantas con achaparramiento y acame; CM: cuadrados medios; CV: coeficiente de variación; PROM: valores medios; REFF: eficiencia relativa.

2.3.2. Diseño genético

El análisis de varianza para rendimiento (Cuadro 2.4) muestra los efectos genéticos que influyen en la expresión del material evaluado, hubo diferencias significativas ($p \leq 0.01$) en bloques y cruzas, cuyo valor osciló de 6.6 a 2.4 t ha⁻¹ (Cuadro 2.7). Así, Gutiérrez *et al.* (2002) mencionan que al incrementar la diversidad genética de las líneas aumentan las diferencias entre sus híbridos. Las fuentes de variación progenitores contra cruzas y entre progenitores no muestran diferencias significativas ($p \leq 0.05$) lo que indica que su variación genética es mínima (Cuadro 2.4). Pero también se puede interpretar como ausencia de efecto materno o cualquier otra influencia de la hembra (Reyes, 1985).

Cuadro 2.4. Cuadrados medios y significancia del análisis dialélico para rendimiento de grano (t ha⁻¹) en líneas de maíz con alta calidad de proteína. Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.

Fuente de variación	G.L	C.M	Fc
Bloques	1	36.89	24.59**
Cruzas	135	2.11	1.41*
Progenitores & Cruzas	1	2.74	1.83NS
Entre progenitores	15	2.20	1.47NS
Error	119	1.50	
Total	271		

* $p \leq 0.05$; ** $p \leq 0.01$; NS: no significativo; G.L: grados de libertad; CM: cuadrado medio.

En el análisis de varianza para determinar ACG y ACE de acuerdo con el método IV, modelo I de Griffing (1956b) modificado por Reyes (1985) que se presenta en el Cuadro 2.5, no se detectaron diferencias significativas ($p \leq 0.05$), ya que existen líneas emparentadas. Al respecto, Márquez (1988) menciona que si los cuadrados medios CM (ACE) no son significativos, el rendimiento de una crusa puede producirse utilizando los dos progenitores que tengan las más altas ACG.

Cuadro 2.5. Cuadrados medios y significancia para la estimación global de ACG y ACE, en líneas de maíz con alta calidad de proteína. Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.

Fuente de Variación	GL	C.M	Fc
Bloque	1	44.12	0.85 NS
ACG	15	1.89	0.04 NS
ACE	104	1.41	0.03 NS
Error	119	51.80	
Total	239		

* $p \leq 0.05$; ** $p \leq 0.01$, NS: no significativo; G.L: grados de libertad; CM: cuadrado medio.

En el Cuadro 2.6, con los valores medios del rendimiento de grano se obtuvieron los efectos de ACG y ACE, observándose que todos los progenitores presentaron efectos negativos en ACG,

pero solo los progenitores LRB-14RC2-1-1, LT-154RC2-1-2, LT-155RC2-1-1, VS-536RC2-1-1, VS-536RC2-1-1, FAM. V-537C, CML-264Q y CML-159 presentaron los efectos más altos, indicando que tienen una alta contribución en la expresión del rendimiento en sus respectivas progenies y que los efectos de tipo aditivos son importantes (Guillen-de la Cruz *et al.*, 2009). La importancia de la ACG en los progenitores LT-154RC2-1-2 y LT-155RC2-1-1 era de esperarse, debido a que son los progenitores del H-513, híbrido que mostró adaptación a las áreas tropicales de Veracruz y Chiapas. Al respecto, Sierra *et al.* (2000) sugieren que al detectarse efectos mayores de ACG, es factible explotar la proporción aditiva de la varianza genética disponible mediante la formación de sintéticos.

El rendimiento superior de las cruzas LT155RC2-1-1xVS536RC2-1-1 y CABGRC2-1-3xD-539RC2-1-1, D-539RC2-1-1xCML-159 (Cuadro 2.7) indica los mejores efectos de ACE; es decir la acción génica no aditiva está involucrada en las cruzas señaladas y el rendimiento de grano puede incrementarse mediante hibridación (Sierra *et al.*, 1991). Al respecto Guillen-de la Cruz *et al.* (2009), en ocho poblaciones tropicales de maíz en un sistema dialélico encontraron que las poblaciones 23 y 43 tuvieron los mayores efectos en ACG, en tanto que para ACE las cruzas VS 536xPob 32, Pob 22xPob 43, Pob 25xPob 49 y Pob 43xPob 49 mostraron los mayores efectos, sugiriendo que las poblaciones 23 y 43 tienen potencial para usarse en un programa de mejoramiento genético.

El grado de heterosis con relación al promedio de los progenitores (H_x) y al mejor progenitor (H_μ) se presentan en el Cuadro 2.7, donde se puede observar que el valor máximo y mínimo de heterosis con relación al promedio de los progenitores fueron de 350.2 y 2.9 %, que corresponden

a las cruzas (LT-155x CML-144) F₂xLT-155RC2-1-2xFAM. V-537C-1-2 (4x16) y (LRB-14x CML-144)LRB-14RC2-1-1x(VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-4 (1x9). En la heterosis referente al mejor progenitor, los valores máximo y mínimo fueron de 298.3 % para (LT-154x CML-144)F₂xLT-154RC2-1-2x(CABGx CML-144)CABGRC2-1-3 (2x11) y -21.2 % para CML-264Qx CML-150 (12x15). Vasal *et al.* (1996), consideran que el nivel deseable para el aprovechamiento de la heterosis en una craza es de cuando menos 20 %, la heterosis exhibida por las cruzas en el presente trabajo se encuentra por arriba del nivel mínimo recomendado, lo anterior indica que existe diversidad genética entre los grupos de progenitores.

Cuadro 2.6. Efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE) de 120 cruzas y 16 progenitores, aplicando el método IV, modelo I de Griffing (1956b) modificado por Reyes (1985), Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.

No.	Progenitores	Progenitores															
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	LRB-14RC2-1-1	-1.73	92.0	82.1	77.1	95.4	68.5	73.9	71.2	90.4	80.8	85.4	60.4	77.2	98.5	78.8	80.8
2	CABGRC2-1-3		-1.66	68.9	70.5	69.3	86.5	67.4	95.0	72.8	61.3	101.8	89.0	62.5	85.9	74.8	71.8
3	LT-154RC2-1-2			-1.70	92.4	97.3	76.1	87.2	86.5	84.7	93.9	82.0	75.8	77.9	84.7	90.2	91.4
4	LT-155RC2-1-1				-1.73	82.2	85.4	69.8	79.3	105.0	71.2	67.7	80.2	79.5	96.1	88.5	78.3
5	LT-155RC2-1-1					-1.73	68.4	84.7	83.2	83.4	88.6	77.0	78.9	89.7	81.9	84.1	83.2
6	VS-536RC2-1-1						-1.62	83.6	79.2	41.5	80.6	75.1	91.4	63.7	82.9	69.9	95.2
7	VS-536RC2-1-1							-1.69	88.3	99.0	85.4	80.5	83.8	94.6	70.0	86.3	81.6
8	VS-536RC2-1-1								-1.72	93.0	73.8	69.6	92.4	85.1	68.2	84.1	88.6
9	VS-536RC2-1-1									-1.72	82.5	79.1	85.2	82.5	61.0	97.3	82.5
10	CABGRC2-1-1										-1.71	86.2	88.2	76.9	81.4	79.6	85.7
11	D-539RC2-1-1											-1.72	81.6	100.1	80.6	80.8	71.2
12	CML-264Q												-1.70	85.9	70.0	81.5	83.7
13	CML-159													-1.73	83.1	82.1	78.8
14	CML-491														-1.73	85.8	64.1
15	CML-150															-1.67	85.3
16	FAM. V-537C																-1.73

Cuadro 2.7. Cruza simple, rendimiento de grano (RG) t ha⁻¹, heterosis con base al promedio de los progenitores (Hx) y al mejor progenitor (Hμ). Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.

Cruzas	RG	Hx	Hμ	Cruzas	RG	Hx	Hμ	Cruzas	RG	Hx	Hμ	Cruzas	RG	Hx	Hμ
4x9	6.60	97.5	28.7	6x14	5.50	28.3	2.6	5x16	5.10	166.8	128.6	2x15	4.60	99.1	74.1
11x13	6.60	72.9	60.8	11x12	5.50	92.7	85.4	6x8	5.10	10.2	9.4	4x16	4.60	350.2	298.3
7x9	6.35	46.4	5.3	1x2	5.45	62.4	43.2	3x12	5.05	40.3	30.9	5x6	4.60	76.4	22.1
1x14	6.25	91.0	62.1	8x15	5.45	97.1	46.3	4x6	5.05	104.2	38.2	4x10	4.55	163.1	106.7
9x15	6.25	61.0	14.4	12x15	5.45	78.5	48.0	5x14	5.05	187.2	135.3	10x13	4.55	93.7	72.0
3x5	6.20	103.3	47.0	15x16	5.45	194.0	128.8	8x13	5.05	33.4	19.5	5x11	4.50	131.7	80.5
2x8	6.15	45.6	20.2	9x12	5.40	46.7	20.2	10x11	5.05	91.0	81.6	5x12	4.50	3.9	-21.2
6x16	6.15	93.9	23.5	12x16	5.40	119.7	50.4	11x14	5.05	56.9	46.8	7x14	4.50	115.3	99.1
2x11	6.05	91.6	87.3	6x7	5.35	57.4	18.9	1x10	5.00	66.7	43.4	12x14	4.50	97.4	78.3
3x15	6.05	109.2	64.2	3x8	5.30	42.9	32.3	1x16	5.00	111.4	39.4	1x8	4.45	35.4	25.5
2x12	5.95	75.0	64.7	5x13	5.30	160.3	92.7	11x15	5.00	122.7	90.6	2x16	4.45	164.9	88.2
1x9	5.85	3.0	-10.5	10x16	5.30	167.5	93.0	4x5	4.95	244.2	257.7	8x11	4.45	44.0	21.0
4x14	5.85	125.5	79.1	1x3	5.25	5.6	5.7	4x12	4.95	125.5	66.3	8x10	4.40	54.1	24.3
8x9	5.85	26.4	17.9	5x15	5.25	115.2	91.5	1x4	4.90	149.9	76.3	8x14	4.35	40.0	11.5
8x12	5.85	21.2	5.2	6x10	5.25	82.2	47.7	1x7	4.90	100.7	59.9	2x3	4.30	56.2	37.9
1x5	5.80	89.6	37.1	13x15	5.25	105.0	65.3	1x13	4.90	25.2	20.9	2x4	4.25	181.2	116.7
7x10	5.80	133.6	112.9	3x9	5.20	17.1	1.9	5x10	4.90	220.1	159.2	6x11	4.25	35.2	14.2
3x4	5.75	73.0	22.1	3x14	5.20	77.8	50.9	7x16	4.90	310.0	215.0	6x13	4.25	20.6	8.6
7x15	5.75	104.8	100.6	7x11	5.20	130.6	100.8	10x14	4.90	84.2	81.3	6x15	4.25	58.4	18.1
8x16	5.70	115.1	36.6	7x12	5.20	113.7	80.1	10x15	4.90	170.5	142.2	2x13	4.20	30.5	18.8
10x12	5.70	58.0	44.9	9x10	5.20	43.4	9.9	1x15	4.85	64.6	29.2	11x16	4.15	140.6	68.2
2x14	5.65	96.9	88.5	9x13	5.20	34.3	13.2	4x13	4.85	134.4	69.1	2x7	4.10	157.4	128.9
3x16	5.65	121.9	46.4	9x16	5.20	77.2	9.5	4x8	4.80	58.5	6.9	14x16	4.05	225.9	137.3
4x15	5.65	157.8	121.5	13x14	5.20	58.6	38.8	9x11	4.80	12.5	-10.5	4x11	3.95	124.0	69.6
6x12	5.65	10.7	-3.5	14x15	5.15	118.3	98.1	13x16	4.75	122.3	49.3	1x6	3.90	43.2	33.4
7x13	5.65	67.1	36.9	1x11	5.10	46.9	32.2	3x6	4.70	48.1	38.0	9x14	3.85	72.6	30.8
12x13	5.65	27.4	23.0	2x6	5.10	6.7	-11.5	3x11	4.65	75.2	57.7	1x12	3.70	49.2	39.1
3x7	5.60	50.2	19.8	3x10	5.10	35.3	16.4	3x13	4.65	61.7	56.0	2x5	3.65	171.4	115.2
5x7	5.55	136.7	107.3	5x8	5.10	103.4	40.2	4x7	4.65	151.5	112.8	2x10	3.60	70.9	66.3
7x8	5.55	90.9	43.6	5x9	5.10	44.2	-4.2	2x9	4.60	46.1	14.2	6x9	2.40	10.1	2.1

2.3.3. Calidad proteínica

En el Cuadro 2.8 se muestran los valores de lisina y triptófano de los componentes del endospermo analizados en cuatro sintéticos formados con 16 líneas de maíz que han sido mejorados para calidad de proteína, los cuales participaron en el dialelo (Cuadro 1). Se observa que los valores más altos de lisina y triptófano se obtuvieron con el grupo de líneas que formaron al sintético-1 y sintético-5, con valores de lisina en orden de 0.390, 0.375 %, que superan en 55 y 49 % con mas lisina al testigo (Tuxpeño con endospermo normal); así mismo, en cuanto a los valores de triptófano sobresale el sintético-5 y el sintético-1 con valores de 0.113 y 0.095 % superando en un 106 y 73 % al testigo (Tuxpeño con endospermo normal). Lo anterior indica que los sintéticos 1 y 5 tienen alta calidad de proteína y son nutricionalmente aceptables, aunque su contenido proteico puede variar de acuerdo al genotipo, al impacto ambiental y al manejo agronómico de acuerdo con Sierra *et al.*, 2001 y Ortega *et al.*, 2001.

Cuadro 2.8. Contenido promedio de lisina y triptófano en líneas de maíz con alta calidad de proteína que participaron en el dialelo. Cotaxtla. Primavera-Verano 2008.

Genotipo	% Lisina	% Relativo	Genotipo	% Triptófano	% Relativo
Sintético 1	0.390	155	Sintético 5	0.113	206
Sintético 5	0.375	149	Sintético 1	0.095	173
Sintético 2	0.359	142	Sintético 4	0.093	169
Sintético 4	0.342	136	Sintético 2	0.089	162
Media general	0.367			0.098	
Tuxpeño (normal)*	0.252	100		0.055	100

*Vidal *et al.* (2008)

2.4. CONCLUSIONES

El análisis de los resultados, sugiere que el método de selección *per se* basado en el rendimiento y características agronómicas, ha sido efectiva para hacer una preselección antes de usar las líneas en cruzamientos específicos. El uso de los diseños dialélicos para la estimación de la ACG y ACE en líneas y cruza fue importante, las líneas que mostraron efectos altos de ACG fueron las mismas que mostraron un buen comportamiento *per se*, sin embargo, hubo líneas que mostraron un buen comportamiento *per se* y baja ACG, por lo tanto no es correcto usar el comportamiento *per se* como un indicador de su ACG. Las líneas que mostraron alta ACG indican que existe mayor acción aditiva de genes y que es factible la formación de sintéticos, mientras tanto, las cruza que mostraron altos efectos de ACE y niveles altos de heterosis, sugieren que la acción génica no aditiva está involucrada y que el rendimiento de grano puede incrementarse mediante hibridación. Con base en los contenidos de lisina y triptófano las líneas evaluadas tienen alta calidad de proteína y son nutricionalmente aceptables.

2.5. LITERATURA CITADA

- Barreto H, J. 1999. Alpha, programa para crear y analizar diseños Alpha (0.1) látice. Manual de usuario para Fieldbook 5.1/7.1 y Alfa. México, D. F. CIMMYT. pp: 38-48.
- CIMMYT (Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo). 1999. Manual de usuario para Fieldbook 5.1/7.1 y Alfa. México, D. F. CIMMYT. 49 p.
- FAO. 2009. Panorama de la seguridad alimentaria y nutricional en América Latina y el Caribe: una nueva agenda de políticas públicas para superar la crisis alimentaria. Oficina Regional para América Latina y el Caribe. 74 p.

- García E. 1981. Modificaciones al Sistema de Clasificación Climática de Köppen. Instituto de Geografía. UNAM. México, D.F. 245 p.
- Griffing B. 1956b. Concept and general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. *Australian J. Biol. Sci.* 9: 463-493.
- Guillen-de la Cruz P, E de la Cruz L, G Castañón N, R Osorio O, N P Brito M, A Lozano-del Rio, y U López N. 2009. Aptitud combinatoria general y específica de germoplasma tropical de maíz. *Tropical and Subtropical Agroecosystem* 10 (1): 101-107.
- Gutiérrez-del R, E, A Palomo G, A Espinoza B, y E De la Cruz L. 2002. Aptitud combinatoria y heterosis para rendimiento en líneas de maíz en la Comarca Lagunera, México. *Revista Fitotecnia Mexicana* (25): 271-277.
- Mendoza M, A López, S A Rodríguez, C de León, y D Jeffers. 2000. Separación de los efectos epistáticos, aditivos y dominantes en maíz, en México. *Agronomía Mesoamericana* 13 (1): 01-06.
- Ortega C, A, O Cota A, S K Vasal, E Villegas M, H Córdova O, M A Barreras S, J J Wong P, C A Reyes M, R E Preciado O, A Terrón I, y A Espinoza C. 2001. H-441C, H-442C y H-469C, híbridos de maíz de calidad proteínica mejorada para el Noreste y Subtrópico de México. Folleto Técnico No. 41. INIFAP. Centro de Investigación Regional del Noroeste. Campo Experimental Valle del Yaqui. Cd. Obregón, Sonora. 44 p.
- Preciado R E, O, A D Terrón I, N O Gómez M, y E I Robledo G. 2005. Componentes genéticos en poblaciones heteróticamente contrastantes de maíz de origen tropical y subtropical. *Agronomía Mesoamericana* 16 (2): 145-151.
- Preciado R E, O, H Córdova O, A Terrón, E Cervantes, E Betanzos, A Ortega C, N O Gómez M, C Reyes, H Vallejo, y M Erazo. 2001. Adaptación y rendimiento de híbridos de alta calidad de proteína en regiones tropicales y subtropicales de México. *Agronomía Mesoamericana* 12 (1) 33-40.
- Queme L, J L, L Bobadilla L, C Pérez R, y N Soto L. 1991. Aptitud combinatoria y predicción de híbridos de maíz (*Zea mays* L.) de grano amarillo a partir de cruza dialélicas, evaluadas en dos localidades de la zona baja de Guatemala, 1989. *Agronomía Mesoamericana* (2): 24-30.
- Reyes C, P. 1985. Fitogenotecnia básica y aplicada. A. G. T. D. F, México. 460 p.

- SIAP. 2009. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. Secretaria de Agricultura, Ganadería y Desarrollo Rural (SAGARPA). México, D. F. http://www.siap.gob.mx/index.php?option=com_wrapper&view=wrapper&Itemid=214 (acceso el 27/04/2010).
- Sierra M, M, A Palafox C, E N Becerra L, H Córdoba O, F A Rodríguez M, R Zetina L, A Zambada M y R Rodríguez R. 2006. Transferencia de germoplasma sobresaliente de maíz con alta calidad de proteína a productores del estado de Veracruz-México. INIFAP-CIMMYT-CIDA-QPM. 17 p.
- Sierra M, M, A Palafox C, O Cano R, F A Rodríguez M, A Espinosa C, A Turrent F, N Gómez M, H Córdoba O, N Vergara A, R Avendaño S, J A Sandoval R, S Barrón R, J Romero M, F Caballero H, M González C, y E Betanzos M. 2001. Descripción varietal de H-519C, H-553C y V-537C, Maíces con alta calidad de proteica para el trópico húmedo de México. INIFAP. CIRGOC. Campo Experimental Cotaxtla. Folleto Técnico Núm. 30. Veracruz, México. 21 p.
- Sierra M, M, F Márquez S, R Valdivia B, O Cano R, F A, y Rodríguez M. 2000. Aptitud combinatoria general y específica de líneas tropicales de maíz usando probadores. *Agronomía Mesoamericana* 11 (1): 103-112.
- Sierra M, M, R E Preciado O, A J Alcázar J, y F A Rodríguez M. 1991. Selección de líneas por su rendimiento y adaptación con base en un patrón heterotico conocido. *In: Memoria de la XXXVII Reunión Anual del PCCMCA*. Panamá, Panamá. pp: 109-116.
- Sprague G, F and A Tatum. 1942. General versus specific combining ability in single crosses of corn. *Journal American Society Agronomy* (34): 923-932.
- Tsai C, Y, A Dalby and R A Jones. 1975. Lysine and tryptophan increases during germination of Maize seed. *Cereal chemistry* (52): 356-360.
- Vasal K, y H Córdoba O. 1996. Heterosis en maíz: acelerando la tecnología de híbridos de dos progenitores para el mundo en desarrollo. *In: Memorias del curso internacional de actualización en fitomejoramiento y agricultura sustentable*. Buenavista Saltillo, Coah. pp: 32-54.
- Vidal V A, M, G Vázquez C, B Coutiño E, A Ortega C, J L Ramírez D, R Valdivia B, M J Guerrero H, F J Caro V, y O Cota A. 2008. Calidad proteínica en colectas de maíces criollos de la sierra de Nayarit, México. *Revista Fitotécnia Mexicana* 31 (3): 15-21.

CONCLUSIONES GENERALES

El uso de los diseños dialélicos para la estimación de la ACG y ACE en líneas y cruzas fue significativo, las líneas que presentaron altos efectos de ACG contienen mayor acción aditiva de genes y es factible la formación de sintéticos, mientras tanto las cruzas que mostraron altos efectos de ACE y niveles altos de heterosis, sugieren que la acción génica no aditiva está involucrada ó se desvía un tanto del modelo aditivo y que el rendimiento de grano puede incrementarse mediante hibridación. Con base en los contenidos de lisina y triptófano las líneas evaluadas tienen alta calidad de proteína y son nutricionalmente aceptables. Este maíz con alta calidad de proteína generado hasta el momento por el Programa de Mejoramiento de Maíz del Campo Experimental Cotaxtla, se considera importante en la nutrición humana por su alto contenido de proteína, rendimiento y excelentes características agronómicas y puede ser una alternativa para brindar una seguridad alimentaria parcial a los consumidores que dependen en mayor medida de este grano. Pero lo anterior no se puede consolidar sin la participación de actores sociales de distintos niveles de decisión y la coordinación de instituciones para lograr su uso extensivo y apoyar este tipo de programas.