



COLEGIO DE POSTGRADUADOS

INSTITUCION DE ENSEÑANZA E INVESTIGACION EN CIENCIAS AGRÍCOLAS

CAMPUS MONTECILLO

POSTGRADO DE RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD

GENETICA

APTITUD COMBINATORIA GENERAL Y ESPECÍFICA EN LÍNEAS DE MAÍZ DE CALIDAD PROTEÍNICA (QPM) PARA VALLES ALTOS

HUGO JESÚS ALCÁNTAR LUGO

T E S I S
PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE :

MAESTRO EN CIENCIAS

MONTECILLO, TEXCOCO, EDO. DE MEXICO

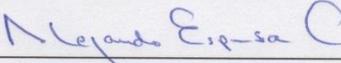
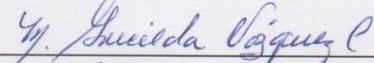
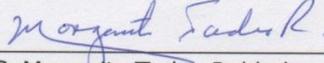
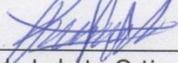
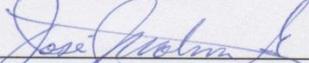
2015

La presente tesis titulada: Aptitud combinatoria general y específica en líneas de maíz de calidad proteínica (QPM) para Valles Altos.

realizada por el alumno: Hugo Jesús Alcántar Lugo 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. José Jesús García Zavala
DIRECTOR	 _____
	Dr. Alejandro Espinosa Calderón
ASESOR	 _____
	Dra. María Gricelda Vázquez Carrillo
ASESOR	 _____
	M.C. Margarita Tadeo Robledo
ASESOR	 _____
	Dr. Ricardo Lobato Ortiz
ASESOR	 _____
	Dr. José D. Molina Galán

Montecillo, Texcoco, Estado de México, Noviembre de 2015

**APTITUD COMBINATORIA GENERAL Y ESPECÍFICA EN LÍNEAS DE MAÍZ DE CALIDAD
PROTEÍCA (QPM) PARA VALLES ALTOS**

Hugo Jesús Alcántar Lugo, M.C.

Colegio de Postgraduados, 2015

RESUMEN

El objetivo de este trabajo fue identificar líneas de maíz de alta ACG y cruzas de alta ACE proclives a ser utilizadas como progenitores de híbridos o variedades sintéticas de calidad proteínica para Valles Altos; así como evaluar el efecto que tienen prácticas como el desespigado del progenitor hembra y permitan la optimización en la producción de semilla mejorada. El estudio se realizó en la FESC-UNAM y en el CEVAMEX-INIFAP, en el Estado de México, durante el ciclo P-V 2014, se evaluaron 36 genotipos resultantes de las cruzas de seis líneas de maíz QPM bajo un diseño de apareamiento dialélico 6x6 mediante el Método I de Griffing. En el primer ensayo se evaluó el efecto del desepigue en el rendimiento del grano, comparando plantas a las cuales se les removió la espiga manualmente antes de la antesis contra plantas sin remoción. En el segundo ensayo se estimaron los efectos de ACG de seis líneas y la AGE, efectos recíprocos de las cruzas directas y recíprocas para las variables rendimiento de grano y sus componentes, la altura de planta y mazorca, floraciones, peso en campo, número de mazorcas buenas, malas y totales; se calificó sanidad de planta, de mazorca y la cobertura; se construyó la estructura genética de las genotipos para poder identificar el valor de efectos aditivos y dominancia dentro de estas. Finalmente en el tercer ensayo se estimaron los efectos de ACG, ACE y efectos recíprocos en variables de calidad de grano como el % de proteína, lisina y triptófano así como el índice de calidad, índice de flotación, peso de cien

granos y el rendimiento identificando los mejores genotipos. El diseño de experimental consistió en bloques completos al azar y el análisis estadístico de los datos fue factorial, considerando como fuentes de variación: localidad, genotipo, tratamientos (cuando existieron), ACG, ACE, recíprocos y las interacciones entre estos, se utilizaron comparaciones de medias y pruebas de correlación cuando resulto necesario. Los resultados en el primer ensayo mostraron que el tratamiento con plantas desespigadas fueron significativamente superior al tratamiento de plantas con espiga en un 6.7% de ventaja. En el segundo ensayo las CML 525 y CML 528, registraron alta ACG, para la variable rendimiento no existió correlación entre el comportamiento per se de las líneas y la ACG. Con respecto a la ACE de las cruzas simples, se observó que las cruzas con alta ACE se conformaron por lo menos de una línea progenitora con efectos mayores de ACG, en la estructura genética se observó que los efectos de dominancia fueron de mayor valor que la suma de los efectos. En el tercer ensayo las líneas progenitoras que destacaron fue la CML528 por su buena ACG en el rendimiento y en el IC. La cruz 4x5 registró un buen IC, con granos de textura dura, en tanto que la cruz 1x5 (CML524xCML528) presento los niveles más altos de ACE en el IF, lis y trip, con un endospermo muy suave.

Palabras clave: ACG, ACE, QPM, efectos recíprocos y desespigamiento.

GENERAL AND SPECIFIC ABILITY COMBINING OF QUALITY PROTEIN MAIZE (QPM) OF HIGH VALLEYS

Hugo Jesús Alcántar Lugo, M.C.

Colegio de Postgraduados, 2015

ABSTRACT

The aim of this study was identify maize lines with high GCA and crosses with high SCA likely to be used as parents of hybrid or synthetic varieties of quality protein for high Valley; as well as assess the effect that have practices such as the detasseling of the female parent and enable the optimization in the production of improved seed. The study was conducted in FESC-UNAM and CEVAMEX-INIFAP, in the Edo. de Mexico, during the spring-summer 2014 cycle, assessed 36 genotypes resulting from crosses of six lines of QPM under a diallel mating design 6 x 6 Griffing method I. In the first work evaluated the effect of the detasseling on the grain yield, comparing plants removed tassel manually before anthesis versus plants without removal tassel. In the second work were estimated the effects of GCA of six lines and AGE, reciprocal effects of direct crosses and reciprocal for variables: grain yield and its components, the plant height and ear, anthesis days, number of ears good, bad and total weight; qualified health of plant, Cob and coverage; was built genetic structure of the genotypes to be able to identify the value of additive effects and dominance. Finally the third work the effects of GCA, SCA and reciprocal effects on variables of quality of grain as it's protein, lysine and tryptophan as well as the quality index, flotation index, 100-grain weight and performance by identifying the best genotypes were estimated. The experimental design was randomized complete block and the statistical analysis of the data was factorial, whereas as sources of variation: locality, genotype, treatment (when it existed), GCA, SCA, reciprocal and interactions, comparisons of means and correlation tests when I turned to be necessary. The results in the first work showed that treatment

with detasseling were significantly superior to the treatment of plants with tassel in a 6.7%. In the second work the CML 525 and 528 CML, recorded high GCA, for yield, no correlation between their per se performance and their GCA was observed. In the crosses with high SCA intervened at least one parent of high GCA and those crosses of low SCA had at least one parent of low GCA. The genetic structure of the crosses indicated that dominance effects were more valuable, so it must be exploited by hybridization. The best genotypes were CML 526 x CML 525, with 9029 kg ha⁻¹, and their reciprocal CML 525 x CML526, with 8948 kg ha⁻¹. In the third work the parental line CML528 showed high GCA performance yield and IC. CML 527 X CML 528 cross recorded a good IC, with grains of hard texture, while the cross (CML524xCML528) present the highest levels of SCA in the IF, lysine and tryptophan , with a very soft endosperm.

Key words: GCA, SCA, QPM, reciprocal effects y detasseling.

DEDICATORIAS

Hoy que Dios me permitió llegar hasta este lugar, no lo hace para que me quede aquí, lo hace para que desde aquí pueda ver cuál es mi siguiente meta y conquistarla.

A mis padres, a quienes jamás encontrare la forma de agradecer el cariño, comprensión, apoyo y confianza brindada en los momentos buenos y malos de mi vida, a mis hermanos Diego, Liliana, Benjamín, Pamela, Luis y a mi novia Margarita Galicia Romero hago este triunfo compartido, sólo esperando que comprendan que mis ideales y esfuerzos son inspirados en cada uno de ustedes. Con amor, agradecimiento y respeto Hugo Jesús.

AGRADECIMIENTOS

Especialmente a los Doctores Margarita Tadeo Robledo y Alejandro Espinosa Calderón por el apoyo, guía, disposición y por ser un ejemplo de dedicación y trabajo.

Al Dr. J. Jesús García Zavala por sus consejos, apoyo y por su buena costumbre de compartir el conocimiento, pero principalmente por brindarme su valiosa amistad.

A los miembros de mi consejo particular Dra. María Gricelda Vázquez Carrillo, Dr. Ricardo Lobato Ortiz y José D. Molina Galán.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), ya que gracias la beca puede realizar mis estudios.

Al Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica (PAPIIT) de la UNAM, clave IT201215 por el financiamiento que hizo posible la realización del trabajo aquí presentado.

A los catedráticos de programa de Genética Dr. Abel Muños Orozco, Dr. Amalio Santacruz Varela, Dr. Fernando Castillo y otros antes mencionados, por su dedicación y compromiso que tienen con nosotros, sus estudiantes, los cuales llegamos y nos vamos, pasamos por su mirada, sus bellas palabras y su actuar, pero dejan en nosotros su significativa huella de responsabilidad y buen desempeño, gracias por su labor tan valiosa que llevan adelante día a día sin desmayar, que Dios les dé siempre las fuerzas y sabiduría en todo lo que hagan.

A los todos compañeros del laboratorio de tecnología de semillas de FESC-UNAM, en especialmente a Beatriz Yáñez, Enrique Canales e Israel Arteaga.

A los compañeros del laboratorio de Calidad de Maíz de INIFAP-CEVAMEX, quienes realizan un trabajo muy importante.

A mis compañeros de Genética que juntos hemos vivido momentos memorables, Jorge Valenzuela, Benjamín Cervantes, Juan de Dios y todos los demás.

CONTENIDO

RESUMEN	iii
ABSTRAC	iii
DEDICATORIAS	v
AGRADECIMIENTOS	v
ÍNDICE DE CUADROS	viii
ÍNDICE DE FIGURAS	ix
INTRODUCCIÓN GENERAL	1
CAPÍTULO I. DESESPIGAMIENTO Y SU EFECTO EN CRUZAS SIMPLES DE MAÍZ DE CALIDAD PROTEÍNICA PARA VALLES ALTOS	3
RESUMEN	3
ABSTRACT	4
INTRODUCCIÓN	5
MATERIALES Y MÉTODOS	8
RESULTADOS	11
CONCLUSIONES	21
AGRADECIMIENTOS	21
LITERATURA CITADA	22
CAPÍTULO II. APTITUD COMBINATORIA GENERAL Y ESPECÍFICA EN LÍNEAS DE MAÍCES (QPM) DE VALLES ALTOS	26
RESUMEN	26
ABSTRAC	28
INTRODUCCIÓN	29
MATERIALES Y MÉTODOS	32

RESULTADOS Y DISCUSIÓN	35
CONCLUSIONES	44
AGRADECIMIENTOS	45
LITERATURA CITADA	45
CAPITULO III. APTITUD COMBINATORIA GENERAL Y ESPECÍFICA EN VARIABLES DE CALIDAD DE GRANO DE MAÍCES QPM DE VALLES ALTOS ¹	49
RESUMEN	49
ABSTRACT	50
INTRODUCCIÓN	51
MATERIALES Y MÉTODOS	53
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	56
CONCLUSIONES	56
LITERATURA CITADA	65
ANEXOS	70
CONCLUSIONES GENERALES	71
LITERATURA CITADA	73

LISTA DE CUADROS

CAPÍTULO I

Cuadro 1.	Cuadrados medios y significancia estadística de ocho variables evaluadas en 15 cruzas simples de maíz de calidad proteínica para valles altos. Ciclo primavera-verano 2014.	12
Cuadro 2.	Comparación de medias entre ambientes para diez variables, considerando el promedio de los tratamientos con y sin panoja, en quince cruzas simples de maíz QPM evaluadas en el ciclo primavera-verano 2014.	13
Cuadro 3.	Comparación de medias entre los tratamientos con y sin panoja para nueve variables, considerando el promedio de dos ambientes, de quince cruzas simples de maíz QPM evaluadas en el ciclo primavera-verano 2014.	14
Cuadro 4.	Comparación de medias entre quince cruzas simples para ocho variables, en promedio de dos ambientes y de dos tratamientos con y sin espiga, evaluadas en el ciclo primavera - verano 2014.	16

CAPÍTULO II

Cuadro 2.	Cuadrados medios y significancia estadística de nueve variables evaluadas en 36 cruzas simples dialélicas de maíces de calidad proteínica de Valles Altos. Ciclo primavera -verano 2014.	37
Cuadro 2.	Efectos de aptitud combinatoria general de seis líneas de maíz de calidad proteínica, para nueve variables, en el ciclo primavera verano 2014.	38
Cuadro 3.	Efectos de aptitud combinatoria específica para 15 cruzas simples dialélicas de seis líneas de maíz de calidad proteínica para nueve variables, en ciclo primavera verano 2014.	40
Cuadro 4.	. Estructura del valor genético de las 30 cruzas simples de seis líneas de maíz QPM para la variable rendimiento de grano (kg ha ⁻¹). Ciclo primavera verano 2014.	42
Cuadro 5.	Efectos recíprocos para 15 cruzas simples de seis líneas de maíz QPM para nueve variables. Ciclo primavera-verano 2014.	44

CAPÍTULO III

Cuadro 3.	Cuadrados medios y significancia estadística de diversas variables en evaluadas, para 36 genotipos (cruzas simples directas, cruzas simples recíprocas y líneas progenitoras) en un análisis dialélico en maíces de calidad proteínica (QPM) en Valles Altos. Ciclo primavera-verano 2014. FESC, UNAM, Cuautitlán Izcalli, México.	57
Cuadro 2.	Estimación de aptitud combinatoria general (ACG) para seis líneas de maíces de calidad proteínica (QPM), para las seis variables de calidad de grano, en ciclo primavera-verano 2014. FESC, UNAM, Cuautitlán Izcalli, México.	58
Cuadro 3.	Estimación de aptitud combinatoria específica (ACE) y significancia estadística para 15 cruzas simples dialélicas de maíces de calidad proteínica (QPM) para las seis variables de calidad de grano en ciclo primavera-verano 2014. . FESC, UNAM, Cuautitlán Izcalli, México.	60
Cuadro 4.	Estimación de efectos recíprocos para 15 cruzas simples de maíces de calidad proteínica (QPM), para las seis variables de calidad de grano en ciclo primavera-verano 2014. . FESC, UNAM, Cuautitlán Izcalli, México.	61
Cuadro 5.	Valor medio observado para 15 cruzas directas y 15 recíprocas para las variables: dureza, índice de calidad, porcentaje de triptófano lisina. En el ciclo agrícola primavera verano 2014. . FESC, UNAM, Cuautitlán Izcalli, México.	62
Cuadro 6.	Prueba de coeficientes de correlación Pearson al $\alpha=5\%$ para diez variables en 37 genotipos de maíz de calidad proteína en Valles Altos. Ciclo primavera verano 2014.	64

ANEXOS

Cuadro 4.	Comparación de medias entre 30 cruzas simples F1, para seis variables de rasgos de calidad de grano, evaluadas en el ciclo primavera-verano 2014.	70
-----------	---	----

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO II

- Figura 5. Correlación entre los efectos ACG y la media de rendimiento de seis líneas de calidad proteínica para Valles Altos, en el ciclo primavera verano 2014. 39

CAPÍTULO III

- Figura 6. Correlaciona entre dureza y rendimiento de 37 genotipos de maices para valles altos en el ciclo agricola 2014. 64

INTRODUCCIÓN GENERAL

México es centro de origen, domesticación y diversificación el maíz (*Zea mays* L.) gracias, en gran medida, a los grupos de pobladores originarios, los cuales han tenido por miles de años la relación más estrecha de la que se tenga registro, entre el ser humano y una especie vegetal, desarrollando unas 60 razas diferentes, las cuales tienen adaptación a un amplio rango de condiciones climáticas y son aprovechadas en su totalidad en una gran variedad de usos. Específicamente hablando del uso culinario, el maíz da lugar a cientos de platillos y preparados distintos, siendo la tortilla el más conocido y empleado, pues es la base de la alimentación de millones de mexicanos.

En años recientes, la FAO registró que se produjeron en el mundo mil millones toneladas de maíz, con lo cual esta especie se ubicó como el cereal de mayor producción en el planeta, seguido del arroz y el trigo (FAOSTAT, 2015). En el año 2014, en México se sembraron casi siete y medio millones hectáreas con maíz, que produjeron más de 23 millones de toneladas según el SIAP (2015), que lo colocaron como el cultivo de mayor importancia en el país. De estos 23 millones alrededor de 12 millones se consumieron en forma de tortilla (López, 2003) lo cual equivale un consumo diario per capita de 328 g que cubren solo el 65% de las exigencias de energía y 55% de los requerimientos de proteínas de los consumidores. (Vázquez et al 2004).

Pese a lo anterior cada año se recurre a la importación, aproximadamente de siete millones de toneladas de grano entero de maíz y de tres millones de toneladas de grano quebrado de maíz, lo que significa una tercera parte del consumo nacional del grano. El desarrollo de variedades mejoradas de maíz, ya sean híbridos o variedades sintéticas, es una alternativa que ayudará a elevar los niveles de producción en Valles Altos y, si los materiales además son de calidad proteínica, al mismo tiempo contribuirían a mejorar la dieta de la población, de ahí la urgencia de generar este tipo de variedades. Para ello, se requiere la identificación de los mejores progenitores

mediante la evaluación de líneas prometedoras; una forma en la que los fitomejoradores tradicionalmente lo han hecho, es mediante el uso de diseños de apareamiento, como lo son las cruzas dialélicas propuestas por Griffing (1956), estas cruzas permiten conocer los efectos de Aptitud Combinatoria General (ACG) de las líneas y los efectos de Aptitud Combinatoria Específica (ACE) de las cruzas.

La poca disponibilidad de variedades mejoradas de maíz con calidad proteínica para Valles Altos, señala la necesidad de generar variedades mejoradas, además de recomendar prácticas que permitan la optimización de la producción de esta semilla (como el desespigado). Para lo anterior, se requiere identificar a los mejores progenitores contemplando su comportamiento en campo, así como los rasgos de calidad de grano para la formación de híbridos y tengan buena aceptación por los agricultores y el grano cumpla con las necesidades de la industria de la masa y la tortilla y la harina nixtamalizada.

CAPÍTULO I. DESESPIGAMIENTO Y SU EFECTO EN CRUZAS SIMPLES DE MAÍZ DE CALIDAD PROTEÍNICA PARA VALLES ALTOS¹

DETASSELING EFFECT IN SINGLE CROSSES OF QUALITY PROTEIN MAIZE FOR THE HIGH VALLEYS OF MEXICO

Hugo Jesús Alcántar-Lugo¹, Alejandro Espinosa-Calderón², Margarita Tadeo-Robledo³, *J. Jesús García-Zavala⁴, Maria Gricelda Vázquez-Carrillo⁵

¹ (HJAL) Colegio de postgraduados, Campus Montecillo. alcantar.hugo@colpos.mx

² (AEC) Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Valle de México (CEVAMEX, INIFAP). espinoale@yahoo.com.mx

³ (MTR) Ingeniería Agrícola, Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, Universidad Nacional Autónoma de México. tadeorobledo@yahoo.com

⁴ (JJGZ) Genética, Colegio de Postgraduados, Montecillo, México, zavala@colpos.mx. Carretera México-Texcoco Km. 36.5, Montecillo, Texcoco. C.P. 56230, Estado de México, §Autor para correspondencia.

⁵ (MGVC) Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Valle de México (CEVAMEX, INIFAP). gricelda_vazquez@yahoo.com

RESUMEN

El maíz (*Zea mays* L.) es el componente principal de la dieta de la mayoría de los mexicanos, pese a lo anterior, tiene un contenido pobre de aminoácidos esenciales como lisina y triptófano. Sin embargo, en México se tienen pocos híbridos y variedades, así como estudios, del maíz de alta calidad proteínica (QPM). En este trabajo se tuvo como objetivo evaluar la respuesta de 15 cruza simples de maíz QPM a la remoción de la espiga en el rendimiento de grano y en otras variables. El trabajo se llevó a cabo durante el ciclo primavera verano de 2014 en dos localidades de Valles Altos, en el Estado de México. Los 15 materiales, a los cuales se les aplicó dos tratamientos: con y sin espiga, fueron evaluados bajo un diseño experimental de bloques completos al azar con seis

¹ Artículo en revisión en la revista Ecosistemas y recursos agropecuarios UJAT, 5 de noviembre del 2015.

repeticiones. El análisis estadístico de los datos fue factorial, considerando como fuentes de variación: localidad, genotipo y tratamientos, así como las interacciones entre estas. Se hicieron comparaciones de medias utilizando la prueba de Tukey al 0.05 de significancia para localidades, genotipos y desespigamiento. Se encontró alta significancia ($P < 0.01$) entre localidades y también entre genotipos para todas las variables evaluadas, mientras que entre desespigamiento (con y sin espiga) hubo significancia para rendimiento de grano. El Rancho Almaraz de la Facultad de Estudios Superiores de la UNAM (FES-UNAM), en Cuautitlán, Edo. de México, fue el mejor ambiente de producción para todas las variables, en comparación con el Campo Experimental Valle de Mexico (CEVAMEX), en Coatlinchán, Edo. de México. En cuanto a la respuesta al desespigamiento, la media de rendimiento para este tratamiento fue de 6824 Kg ha⁻¹, mientras que para el testigo fue de 6396 Kg ha⁻¹, siendo estadística y numéricamente superior el primero en 6.7% sobre el segundo. El genotipo más productivo fue CML525xCML526, con 9349 Kg ha⁻¹, seguido por CML526xCML528, CML524xCML526, CML527xCML528 y CML524xCML527, los cuales conformaron el mismo grupo de significancia estadística y, por lo tanto, con base en sus buenas características, son proclives a combinarse con otras líneas para formar híbridos de tres líneas que se evalúen en Valles Altos.

Palabras clave: *Zea mays*, calidad proteínica, desespigamiento, hibridación, rendimiento, maíz QPM.

ABSTRACT

Maize (*Zea mays* L.) is the main component of the diet of most Mexicans, yet this species is deficient in essential amino acids such as lysine and tryptophan. Despite this, in Mexico there are few hybrids and varieties, as well as studies, about high quality protein maize (QPM). This work aimed to evaluate the response of 15 single crosses of QPM maize to the removal of the tassel on grain yield and other variables. This work was carried out during the spring-summer cycle of 2014 at two

locations in High Valleys, in the State of Mexico. The fifteen materials, to which we applied two treatments, with and without tassel, were evaluated under a randomized complete block design with six replications. Statistical analysis of data was factorial, considering as sources of variation: location, genotype and treatment as well as the interactions between them. Mean comparisons were made by the Tukey test at 0.05 significance for locations, genotypes and detasseling. It was found significance ($P < 0.01$) between locations and between genotypes for all variables, while among detasseling (with and without tassel) there was significance for grain yield. The Rancho Almaraz of the School of Higher Studies of the UNAM (FES-UNAM) in Cuautitlán, State of México was the best environment for all traits compared to the Research Station of the Valley of Mexico (CEVAMEX) in Coatlinchán, State of Mexico. As for the response to detasseling, the average grain yield for this treatment was 6824 kg ha^{-1} and for the check was 6396 kg ha^{-1} , being the first superior to the second in about 6.7%. The most productive genotype was CML525xCML526, with 9349 kg ha^{-1} , followed by CML526xCML528, CML524xCML526, CML527xCML528 and CML524xCML527, which all formed the same group of statistical significance and, therefore, based on their good features, they are likely to be combined with other inbred lines to form three-way hybrids to be evaluated in High Valleys.

Keywords: *Zea mays*, quality protein, detasseling, hybridization, grain yield, QPM maize.

INTRODUCCIÓN

El despanojado, o desespigamiento, es una práctica generalizada para la producción y el mantenimiento de la calidad genética de semillas híbridas de maíz (*Zea mays* L.) cuando no se usan líneas androestériles. En esta actividad se remueven físicamente las espigas del progenitor hembra, con el objetivo de que su polen no autopolinice a las plantas del mismo progenitor hembra y contamine con ello la pureza genética del híbrido; es decir, al final la fecundación debe ocurrir sólo con el polen del progenitor macho, como fue concebido en el proceso de mejoramiento del híbrido del cual se produce semilla.

En diversos estudios, la eliminación de la espiga en maíz ha causado un efecto positivo en el aumento del rendimiento de grano. El desespigamiento puede aumentar el rendimiento debido a que mejora la intercepción de luz por el tejido subyacente fotosintéticamente activo, por lo que habrá una translocación más favorable de fotosintatos hacia el grano (Hunter *et al.* 1969) y (Mostert y Marais, 1982) citados por Wilhelm (1995). Así mismo, Leonard y Kisselbach (1932) fueron pioneros en plantear que el aumento en el rendimiento de grano, cuando se remueve la espiga en el maíz, puede explicarse porque los nutrientes y energía destinados a la producción de polen se desvían en otras direcciones, principalmente hacia el llenado de grano en la mazorca, y lo comprobaron al registrar un aumento de 15% en rendimiento de grano en plantas desespigadas en comparación con el testigo con espiga.

Por otro lado, las plantas de maíz bajo polinización libre tienen la posibilidad de generar como progenie la combinación de familias de auto-hermanos (en una frecuencia muy baja), medios hermanos, y hermanos completos; entonces, la eliminación de la espiga también elimina la posibilidad de que la progenie esté conformada por una pequeña porción de familias de auto-hermanos, favoreciendo una reducción de los índices de depresión endogámica. También, los efectos de heterosis residual, por la cruce de individuos heterocigotes en la población desespigada, son más altos, en comparación con los de una variedad de polinización libre. Al respecto, se ha registrado un aumento en rendimiento de un 7.8% en comparación con el testigo con espiga, según Macchi *et al.* (2010). Aunque este efecto puede ser mínimo, cuando ocurre autoincompatibilidad gametofítica y un porcentaje de autopolinización en el maíz menor al 5%.

El uso de semilla nativa de maíz en México es de 75%, y el restante 25% procede de semilla de variedades mejoradas; en contraste, en los Valles Altos de México se siembra maíz únicamente con 6% de semilla mejorada (Tadeo *et al.* 2015), por lo que los Valles Altos referidos se ubican en el

tercer lugar en cuanto al potencial mercado para semillas mejoradas en México, siendo la limitante para avanzar hacia un mayor empleo de semilla mejoradas, el potencial productivo. Se necesitan pues, materiales de semillas mejoradas que produzcan rendimientos estables en condiciones climáticas inciertas (Donnet *et al.* 2012).

Los maíces de calidad proteínica QPM (Quality Protein Maize), son materiales con varias mutaciones naturales en los genes, que confieren mayores niveles de lisina y triptófano. Estos genes fueron identificados en las décadas de 1960 y 1970: *opaco-2 (o2)*, *harinoso-2 (fl2)*, *opaco-7 (o7)*, *opaco-6 (o6)* y *harinoso-3 (fl3)* (Vivek *et al.* 2008). Los maíces sin estas mutaciones (maíces normales) son deficientes en estos aminoácidos esenciales para la nutrición humana y de otros animales monogástricos domésticos.

La poca disponibilidad de variedades mejoradas de maíz con calidad proteínica para Valles Altos, señala la necesidad de generar este tipo de variedades, además de recomendar prácticas que ayuden a optimizar la producción de esta semilla. Para lo anterior, se requiere identificar a los mejores progenitores para híbridos simples, trilineales, y dobles. En el caso específico de híbridos trilineales y dobles, conviene verificar si las cruzas simples progenitoras hembra responden adecuadamente al desespigue, lo que es relevante, ya que de estas cruzas simples hembra se obtendrá la semilla del híbrido trilineal y doble.

A finales de los años noventa, el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), en colaboración con el CIMMYT (Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo), promovieron el uso extensivo de los maíces QPM, logrando en el ciclo primavera verano del año 2000, el establecimiento de 70 mil hectáreas de semilla comercial; además, generaron información técnica para multiplicación de semillas, para su manejo agronómico, definieron áreas de adaptación óptima, fechas de siembra, coincidencia a floración, relación hembra:macho, forma

correcta de desespigue, densidad de población, y fertilización para más de 30 híbridos, variedades y variedades de polinización libre, incluso algunos materiales de maíz amarillo y otros para el uso forrajero (Espinosa *et al.* 2003).

El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto que tuvo el desespigamiento en el rendimiento de semilla de 15 cruzas simples de maíz con calidad proteínica. Se busca que las mejores cruzas simples sean utilizadas en programas de mejoramiento genético de maíz como progenitores hembras, para que participen en la formación de variedades mejoradas (QPM), las que podrían ser híbridos trilineales, pues estos son los materiales utilizados en la región, o bien variedades sintéticas.

MATERIALES Y MÉTODOS

La investigación se llevó a cabo en el ciclo agrícola primavera-verano de 2014, en dos localidades del Estado de México. Un primer experimento se estableció en parcelas experimentales de la FES Cuautitlán, Campus 4 de la UNAM (FESC-UNAM), en el municipio de Cuautitlán Izcalli, y un segundo en el CEVAMEX-INIFAP, en el municipio de Coatlinchán. Ambas localidades se encuentran ubicadas en el estado de México dentro de Valles Altos (2200 a 2600 msnm).

Los materiales genéticos utilizados fueron todas las cruzas directas posibles entre seis líneas de alta calidad proteínica (QPM): CML 524, CML 525, CML 526, CML 527, CML 528 y CML 529, dando como resultado 15 cruzas simples, las cuales fueron: CML 525 x CML 526, CML 526 x CML 528, CML 524 x CML 526, CML 527 x CML 528, CML 524 x CML 527, CML 525 x CML 527, CML 524 x CML 528, CML 526 x CML 529, CML 525 x CML 528, CML 525 x CML 529, CML 527 x CML 529, CML 524 x CML 529, CML 528 x CML 529, CML 524 x CML 525, y CML 526 x CML 527. La semilla de las 15 cruzas fue obtenida en el ciclo agrícola primavera verano de 2013 en la FESC-UNAM y en el CEVAMEX, por lo que se considera semilla prácticamente nueva.

Los quince genotipos con desespigamiento se establecieron bajo un diseño experimental de bloques completos al azar con seis repeticiones. Se dejó un referente sin desespigar, el cual se consideró como testigo.

Los terrenos donde se ubicaron los ensayos se prepararon mecánicamente, dando un barbecho, rastreo, cruza y surcado a 80 cm. Se fertilizó conforme a la fórmula 80-40-00, recomendada para la región. El fertilizante se aplicó en presiembra en una sola oportunidad, y se usó como fuente de nitrógeno urea (46% de N), y de fósforo Fosfato Diamónico (18-46-00).

El experimento se estableció en punta de riego, y la humedad necesaria durante el resto del ciclo vegetativo procedió del temporal. El tamaño de la parcela útil fue de un surco de cinco metros de largo y 80 cm de ancho. La siembra fue el 14 de junio del 2014 en la FES-Cuautitlán, y una semana después en el CEVAMEX-Coatlinchán. Esta se efectuó de forma manual a tapa pie (arrastrando tierra con el pie para tapar la semilla), depositando tres semillas por mata cada 50 cm; posteriormente se hizo un aclareo de plantas para tener una densidad de población de 65,000 plantas ha⁻¹.

Para el control de malezas se efectuaron aplicaciones de herbicida un día después de la siembra, utilizando una mezcla de 2 L de Hierbamina® y 3 kg de Gesaprim® calibre 90, por hectárea; se efectuó una segunda aplicación a los 40 días después de la siembra, con una mezcla de 2 L de Sansón® 4 SC más 1 L de Hierbamina® más 2 kg de Gesaprim® calibre 90, por hectárea.

La remoción física de la inflorescencia masculina fue hecha manualmente en el momento de aparición de la espiga, el cual está comprendido dentro del periodo de aparición de la hoja bandera y la pre-antesis, y se tuvo la precaución de no lastimar a la planta ni arrancar hojas cercanas. También se tomaron datos en campo como altura de planta, altura de mazorca y floración femenina.

Las plantas en los experimentos se cosecharon manualmente el 4 de diciembre del 2014 en la localidad FES-Cuautitlán, y el 15 del mismo mes en el CEVAMEX- Coatlinchán. Se tomaron datos de peso de campo, número total de mazorcas, y número de mazorcas buenas y malas. También se calificó la sanidad de planta, de mazorca y la cobertura de ésta. Las muestras de cada unidad experimental se llevaron al laboratorio donde se les tomó datos de las variables: peso volumétrico, peso de 200 granos, longitud de mazorca, hileras por mazorca, granos por hilera, diámetro de mazorca y diámetro de olote. Todas estas variables fueron tomadas según el manual de manejo de ensayos e informe de datos para el programa de ensayos internacionales de maíz del CIMMYT (CIMMYT, 1985). En este caso el rendimiento se obtuvo mediante la fórmula: $R = (\text{Peso de campo} \times \% \text{ de materia seca} \times \% \text{ de grano} \times \text{factor de conversión}) / 8\ 600$

Donde el peso de campo se refiere a todas las mazorcas pesadas en la cosecha por unidad experimental, incluyendo a las mazorcas malas o dañadas; el porcentaje de materia seca se obtuvo de una muestra de cinco mazorcas cosechadas; el porcentaje de grano se obtuvo del cociente del peso de la muestra de cinco mazorcas sin olote y el peso de la muestra de 5 mazorcas con olote, multiplicado por 100; el factor de conversión para obtener el rendimiento por hectárea se obtiene al dividir 10, 000 m² sobre el tamaño de la parcela útil en m², y todo se divide entre 8,600, que es la constante para estimar el rendimiento con una humedad comercial al 14%.

El análisis estadístico de los datos se realizó de forma factorial, considerando como fuentes de variación o factores: localidades, genotipos y tratamientos (desespigados y testigo sin desespigar), así como las interacciones entre los factores principales: localidad x genotipo, genotipo x desespigado, localidad x desespigado y la triple interacción genotipo x localidad x desespigado. Se realizó una comparación de medias por el método del Tukey con una probabilidad de 0.05 de

significancia, para las localidades, el tratamiento de desespigue, y para los genotipos en cada una de las variables mencionadas anteriormente.

RESULTADOS

El análisis de varianza detectó alta significancia ($P < 0.01$) entre localidades y también entre genotipos para todas las variables evaluadas. Entre los tratamientos de plantas desespigadas y plantas sin desespigar hubo significancia estadística para las variables rendimiento, diámetro de mazorca y de olote (Cuadro 1).

La interacción localidad por genotipo para la mayor parte de las variables fue altamente significativa, excepto para diámetro de olote, donde solamente resultó significativa, mientras que para las variables diámetro de mazorca y número de hileras no hubo significancia estadística. Las interacciones localidad x desespigado y genotipo x localidad x desespigado resultaron significativas únicamente para la variable peso de 200 granos, en cambio para ninguna de las otras variables en estas interacciones hubo significancia.

Con respecto al rendimiento de grano, éste tuvo una media general de 6609 kg ha^{-1} . El coeficiente de variación para esta variable fue de 23.97%, el cual se considera aceptable, dadas las condiciones de humedad de secano en las cuales se manejaron los experimentos, con sólo el riego de siembra. Este efecto ambiental afectó la expresión del rendimiento, el cual queda dentro de localidad, pero también influyó la expresión de los materiales genéticos (genotipo), y la interacción de éstos con el ambiente, además de la remoción de la espiga o no (Cuadro 1).

Cuadro 7. Cuadrados medios y significancia estadística de ocho variables evaluadas en 15 cruza simples de maíz de calidad proteínica para valles altos. Ciclo primavera-verano 2014.

VARIABLES								
FACTOR DE VARIACIÓN	Rendimiento Kg ha ⁻¹	Peso volumétrico kg/ HL	Peso de 200 granos (g)	Longitud de mazorca (cm)	Hileras por Mazorca	Granos por hilera	Diámetro de mazorca (cm)	Diámetro de olote (cm)
Localidad	681106266 **	71543.4 **	23216.3 **	443.33 **	34.84 **	1055.75 **	32.52 **	7.54 **
Repetición	2769301 NS	2182.15 *	3.34 NS	5.83 *	1.433 NS	38.49 *	0.016 NS	0.081 *
Genotipo	87071635 **	4410.1 **	553.8 **	78.347 **	29.79 **	306.78 **	1.88 **	0.28 **
Desespigamiento	16484775 *	950.62 NS	44.80 NS	3.54 NS	0.90 NS	6.69 NS	0.30 *	0.24 *
LOC*GEN	11153318 **	4421.5 **	177.31 **	6.7h41 **	1.83 NS	23.93 **	0.069 NS	0.057 *
GEN*DES	1516592 NS	498.69 NS	38.8 NS	0.996 NS	0.811 NS	5.40 NS	0.027 NS	0.019 NS
LOC*DES	863063 NS	311.7 NS	268.667 *	2.45 NS	0.178 NS	13.19 NS	0.005 NS	0.008 NS
GEN*LOC*DES	1287066 NS	143.4 NS	78.87 *	2.340 NS	1.350 NS	13.60 NS	0.034 NS	0.017 NS
C.V.	23.97	2.85	9.27	9.58	7.124	10.22	4.58	5.45
Media	6609	726.26	59.197	13.33	15.52	26.87	4.49	2.55

S: significancia estadística al 0.01 de probabilidad (**), al 0.05 de probabilidad (*); CV: Coeficiente de variación (%), NS: No significativo.

La comparación de medias entre los dos ambientes de producción FES Cuautitlán UNAM y INIFAP-CEVAMEX en Santa Lucía, Coatlinchán, indicó que el mejor ambiente producción fue la FES-UNAM, ya que para todas las variables evaluadas ésta fue superior, ubicando sus medias en distintos grupos de significancia estadística, pero en todos los casos los valores de las variables fueron estadísticamente más altos para la FES-UNAM. Respecto al promedio de rendimiento por localidad, éste fue de 7985 Kg ha⁻¹ en Cuautitlán y de 5234 Kg ha⁻¹ en Coatlinchán, con una diferencia mínima significativa de 329 Kg ha⁻¹. Cabe aclarar que en esta expresión del rendimiento medio en Coatlinchán, buena parte pudo deberse al efecto negativo de una granizada ocurrida en el mes de agosto en el CEVAMEX, en una etapa previa a la floración, y aunque las plantas se repusieron algo al lograr exponer dos o tres hojas que aún faltaban por salir, la afectación, por los

resultados obtenidos, se aprecia que fue muy importante. Por otro lado, la floración femenina fue de 84.7 días en la localidad FES-Cuautitlán y de 82.4 en el CEVAMEX, indicando que el ciclo vegetativo se alargó tres días en la primera localidad, por lo que los promedios se ubicaron en distintos grupos de significancia estadística (Cuadro 2).

Cuadro 8. Comparación de medias entre ambientes para diez variables, considerando el promedio de los tratamientos con y sin panoja, en quince cruces simples de maíz QPM evaluadas en el ciclo primavera-verano 2014.

Localidad	Variables									
	Rendimiento Kg ha ⁻¹	Mazorcas Totales	Peso volumétrico kg/ HL	Peso de 200 granos (g)	Longitud de mazorca (cm)	Hileras por Mazorca	Granos por hilera	Diámetro de mazorca (cm)	Diámetro de olote (cm)	Floración Femenina (días)
FESC UNAM	7985 a	10.5 a	712 b	67.2 a	14.4 a	15.8 a	28.5 a	4.8 a	2.7 a	84.7 a
CEVAMEX	5234 b	9.8 b	740 a	51.2 b	12.2 b	15.2 b	25.2 b	4.2 b	2.4 b	82.4 b
DSH (0.05)	329	0.6	4.3	1.1	0.3	0.2	0.6	0.04	0.03	0.45

Medias con la misma letra dentro de la columna no son estadísticamente diferentes (Tukey, 0.05).

Al comparar las medias que resultaron del tratamiento donde a la planta se le removió la espiga en pre-antesis, contra un testigo sin desespigar, se encontró que para la variable rendimiento se tuvieron promedios de 6824 Kg ha⁻¹ y 6396Kg ha⁻¹, respectivamente, con una diferencia en favor del tratamiento de plantas desespigadas de 428 Kg ha⁻¹, equivalente al 6.7% sobre el testigo, lo cual fue suficiente para ubicarlos en diferente grupo de significancia estadística, siendo la diferencia significativa honesta (DSH 0.05) de 328.63 Kg ha⁻¹. De igual forma, las variables diámetro de mazorca y de olote se vieron favorecidas con el tratamiento de plantas desespigadas.

Cuadro 9. Comparación de medias entre los tratamientos con y sin panoja para nueve variables, considerando el promedio de dos ambientes, de quince cruza simples de maíz QPM evaluadas en el ciclo primavera-verano 2014.

Tratamientos	Variables								
	Rendimiento Kg ha ⁻¹	Mazorcas Totales	Peso volumétrico kg/ HL	Peso de 200 granos (g)	Longitud de mazorca (cm)	Hileras por Mazorca	Granos por hilera	Diámetro de mazorca (cm)	Diámetro de olote (cm)
Con espiga	6396 b	10.4 a	727.89 a	58.84 a	13.23 a	15.47 a	26.74 a	4.46 b	2.52 b
Desespigado	6824 a	9.7 b	724.64 a	59.55 a	13.43 a	15.57 a	27.01 a	4.52 a	2.57 a
DSH (0.05)	329	0.65	4.3	1.14	0.26	0.23	0.57	0.043	0.027

Medias con la misma letra dentro de la columna no son estadísticamente diferentes (Tukey, 0.05).

Por otro lado, las variables peso volumétrico, peso de 200 granos, longitud de mazorca, hileras por mazorca y granos por hilera no resultaron diferentes estadísticamente bajo la prueba de Tukey al 0.05, y solamente la variable número de mazorcas totales fue mayor en el testigo, lo que pudo haber influido en que el tratamiento de plantas desespigadas no mostrara un mayor valor de rendimiento con respecto al testigo (Cuadro 3).

La comparación de medias entre los 15 genotipos (cruzas simples) para rendimiento de semilla detectó seis grupos de significancia estadística. En el Cuadro 4 se presentan las comparaciones de mayor a menor rendimiento (kg ha⁻¹). La cruza CML 525 x CML 526, con 9349 kg ha⁻¹ fue la más productiva, y fue seguida por CML 526 x CML 528, CML 524 x CML 526, CML 527 x CML 528, y CML 524 x CML 527, con 8751, 8658, 8425, y 7892 Kg ha⁻¹, respectivamente; todas ellas integraron el primer grupo de significancia. En todos estos casos, las cruza simples podrían ser usadas como progenitores hembra de híbridos trilineales o como probadores para formarlos, para lo cual se debe plantear su combinación con otras líneas progenitoras de calidad proteínica (QPM), con las cuales se obtenga buena heterosis.

La diferencia mínima significativa del rendimiento fue de 1564 kg ha⁻¹. El rango de variación de los rendimientos medios para los 15 genotipos fue de los 9349 hasta los 2054 kilogramos por hectárea, siendo la cruce simple CML 526 x CML 527 la que registró el peor comportamiento para todas las variables evaluadas, excepto en peso volumétrico.

La cruce simple CML 526 x CML 528 ocupó la segunda posición para rendimiento de semilla, y también destacó en peso volumétrico, longitud de mazorca y granos por hilera, siendo uno de los genotipos de mejor comportamiento, por lo que puede ser un progenitor adecuado para formar híbridos trilineales. Esta cruce simple se tiene planeado combinarla en los siguientes ciclos con otras líneas QPM que estén alejadas en su base germoplásmica, para dar oportunidad de encontrar heterosis. De esta manera podrían generarse diferentes híbridos trilineales QPM con adaptación a Valles Altos, los cuales se evaluarían posteriormente.

Para peso de doscientos granos, el mejor genotipo fue la cruce CML 524 x CML 527, con un peso de 67.1 gramos y una DSH de 5.4 gramos. Para el número de hileras por mazorca, los genotipos CML 525 x CML 528 y CML 524 x CML 525 tuvieron el mejor promedio, casi diecisiete hileras por mazorca.

Cuadro 10. Comparación de medias entre quince cruzas simples para ocho variables, en promedio de dos ambientes y de dos tratamientos con y sin espiga, evaluadas en el ciclo primavera - verano 2014.

VARIABLES								
Genotipo	Rendimiento Kg ha ⁻¹	Peso volumétrico o kg/ HL	Peso de 200 granos (g)	Longitud de mazorca (cm)	Hileras por Mazorca	Granos por hilera	Diámetro de mazorca (cm)	Diámetro de olote (cm)
CML 525 x CML 526	9349 a	741 ab	64.0 ab	15.0 bc	16.2 abc	28.6 b	4.7 ab	2.6 abc
CML 526 x CML 528	8751 ab	751 a	59.7 bcd	15.4 a	15.5 bcd	31.8 a	4.5 cde	2.5 bcde
CML 524 x CML 526	8658 ab	732 abcd	64.5 ab	14.3 abc	16.2 abc	27.7 b	4.7 ab	2.7 ab
CML 527 x CML 528	8426 ab	740 ab	62.3 abc	15.4 a	14.6 d	32.0 a	4.5 bcd	2.4 e
CML 524 x CML 527	7892 ab	712 def	67.1 a	14.1 bcd	15.9 abc	28.7 b	4.8 a	2.6 abcd
CML 525 x CML 527	7731 bc	718 cdef	65.1 a	14.8 abc	16.1 abc	28.1b	4.8 a	2.6 abc
CML 524 x CML 528	6315 cd	723 bcdef	57.9 cd	12.8 ef	16.5 ab	26.6 bc	4.4 ed	2.5 de
CML 526 x CML 529	6257 cd	728 bcd	56.4 de	13.7 cde	14.6 d	27.3 bc	4.4 de	2.6 abcde
CML 525 x CML 528	6104 d	727 bcde	52.5 ef	13.6 cde	16.9 a	26.7 bc	4.5 cde	2.7 ab
CML 525 x CML 529	6100 d	722 bcdef	57.0 cde	12.8 def	16.0 abc	25.0 cd	4.6 abc	2.7 a
CML 527 x CML 529	6046 d	707 ef	59.7 bcd	12.8 ef	14.8 d	27.3 bc	4.3 de	2.5 abcde
CML 524 x CML 529	5437 d	713 def	56.7 de	12.7 ef	14.7 d	26.0 bc	4.3 de	2.4 e
CML 528 x CML 529	5130 d	704 f	57.4 cde	12.6 ef	15.2 cd	27.5 bc	4.3 e	2.5 cde
CML 524 x CML 525	4892 d	737 abc	58.2 cd	11.8 f	16.9 a	22.4 d	4.5 cde	2.5 cde
CML 526 x CML 527	2054 e	735 abc	49.6 f	8.2 g	12.7 e	17.1 e	3.7 f	2.3 f
DSH (0.05)	1564	20	5.4	1.3	1.1	2.7	0.2	0.1

Medias con la misma letra dentro de la columna no son estadísticamente diferentes (Tukey, 0.05).

DISCUSIÓN

Al respecto de los resultados anteriores, se puede comentar que el factor ambiental tuvo una marcada influencia en el comportamiento de los genotipos, en parte como ya se mencionó, la incidencia de una severa granizada el 20 de agosto propició que los días a floración a partir de la siembra, en la localidad FESC-UNAM rondaran entre los 85 días para la floración femenina y 83 para la masculina; en el CEVAMEX-INIFAP la floración ocurrió entre 80 días para la masculina y 82 días para la masculina. Esto indica que en la FESC el ciclo fenológico ocurrió con normalidad, pero en el CEVAMEX, como respuesta al daño por la granizada, al parecer se adelantó la floración unos días; lo que pudo influir en la expresión del rendimiento de ambas localidades. Por otra parte, las condiciones de textura del suelo fueron más favorables en la FESC-UNAM, ya que sus suelos retienen mayor humedad y tienen mayor contenido de materia orgánica; en contraste, el suelo del CEVAMEX es más arenoso y menos fértil, lo que sumado a los factores anteriormente mencionados, como se señaló, el evento de granizo, cuando la planta se encontraba en etapa de crecimiento vegetativo, pero antes de la aparición de las últimas tres hojas, dañó considerablemente las hojas ya expuestas, por lo que la actividad fotosintética fue afectada. Esto explica por qué una localidad fue superior a la otra en todas las variables.

Con respecto a la remoción física de la inflorescencia masculina en maíz, ésta ha sido el objeto de estudio en diversos trabajos; si bien, se trata de una práctica generalizada en la producción de semilla híbrida cuando no se usan líneas androestériles, es muy variable su repuesta en los genotipos (Coutiño *et al.* 2007; Espinosa *et al.* 2010; Moreira *et al.* 2010), la cual es dependiente del material genético usado y de la interacción de éste con el ambiente. La remoción de espiga ha mostrado desde una respuesta muy favorable en el aumento de rendimiento, un aumento moderado, la no diferencia entre sin y con espiga, hasta una respuesta negativa en algunos estudios, pero

siendo el desespigue en la gran mayoría de los casos una práctica beneficiosa (Coutiño *et al.* 2007; Espinosa *et al.* 2010; Moreira *et al.* 2010).

En Valles Altos del centro del país, Tadeo *et al.* (2013) evaluaron el efecto de la eliminación de espiga y diferentes números de hojas en dos cruzas simples progenitoras de los híbridos trilineales “H-49” y “H-47” en sus versiones androestéril y fértil; los rendimientos en kg ha⁻¹ fueron: 7658 para el testigo, 7945 para el material desespigado, 7689 para el material desespigado más una hoja, y 7684 para el tratamiento desespigado más dos hojas, siendo el tratamiento sin espiga el de mayor rendimiento, superando al testigo por 287 kg. No obstante, la diferencia solo fue numérica, ya que todos los tratamientos estuvieron dentro del mismo grupo de significancia estadística, es decir, no existió diferencia significativa. También en los Valles Altos, Virgen *et al.* (2014) evaluaron el efecto de la eliminación de la espiga sobre la productividad y calidad de semilla de cruzas simples progenitoras de híbridos de maíz, encontrando que la eliminación de la espiga aumentó 6.31 % el rendimiento y disminuyó en 10.5 % el porcentaje de semilla chica, en comparación con el testigo con espiga, aunque tampoco encontraron significancia entre los tratamientos.

En otro estudio se evaluó el efecto de desespigar las plantas sobre el rendimiento en líneas de maíz; los tratamientos evaluados fueron: testigo con espiga, la eliminación sólo de espiga, y la eliminación de espiga junto con la remoción de números diferentes de hojas. Resultó que no hubo diferencia estadística en rendimiento entre el testigo con espiga y el material sin espiga; pero sí la hubo entre el testigo con espiga y los tratamientos sin espiga más la remoción de diferente número de hojas. Se concluyó que la remoción de hojas afecta la capacidad fotosintética, la capacidad para interceptar la luz y el N de la planta, lo que contribuye a la reducción del rendimiento de grano (Wilhelm *et al.* 1995).

En las investigaciones anteriores no se encontró significancia entre los testigos y el material desespigado, únicamente diferencias numéricas, pero siempre en favor de la práctica de remoción de espiga. En el presente estudio se encontró que existió significancia entre el tratamiento sin espiga, el cual rindió 6824 kg ha⁻¹, y su contraparte con espiga, que rindió 6396 kg ha⁻¹, siendo el primero superior por 6.7% sobre el segundo. Este aumento en rendimiento puede considerarse moderado, pero sustancial. Resultados semejantes obtuvieron Macchi *et al.* (2010), quienes a una población de maíz nativo del estado de Coahuila cruzada con una población experimental mejorada le aplicaron dos métodos de producción, uno desespigando las plantas contra otro de polinización libre sin desespigar. Encontraron una diferencia significativa entre los promedios de rendimiento de los tratamientos de 7.8 %, siendo esta favorable al tratamiento de plantas desespigadas.

También existen antecedentes de mayores ganancias en rendimiento, como las obtenidas en investigaciones hechas en Valles Altos por Espinosa *et al.* (2010), quienes estudiaron el efecto del desespigue en el híbrido de maíz H-49 en sus versiones fértil y androestéril, sin o con la eliminación de diferente número de hojas, encontrándose que la eliminación de la espiga aumentó el rendimiento en 114.3% y en 107.4% en la versión fértil y androestéril, respectivamente, esto con respecto al testigo con espiga. Por otra parte, la eliminación de más de tres hojas (5, 6, 7 y 8 hojas) afectó negativamente el rendimiento de grano.

En otro trabajo, Ruiz (1988) midió la respuesta de tres genotipos de maíz a la remoción de espiga y obtuvo incrementos en el rendimiento promedio de grano en un 50% con respecto al maíz con espiga. Este aumento lo atribuyó a que en la remoción de la panoja antes de la maduración del polen, los fotosintatos que deberían ser demandados para la producción de polen, se canalizan principalmente a la mazorca.

En Chiapas se llevó a cabo un trabajo con cuatro razas nativas de maíz: Tuxpeño, Tehua, Comiteco y Olotón, donde las medias de rendimiento registradas fueron de 3691 kg ha⁻¹ para los materiales desespigados, y de 3325 kg ha⁻¹ para los testigos con espiga, observándose un incremento del 11% (Coutiño *et al.* 2007).

El desespigue en este trabajo no solo incrementó el rendimiento, sino que inclusive resultó benéfico para las variables: peso de 200 granos, longitud de mazorca, hileras por mazorca y granos por hilera, aunque la diferencia solo fue numérica, pero para las variables diámetro de mazorca, diámetro de olote sí hubo significancia a favor de las plantas desespigadas. Esto indica que el desespigue influye positivamente en diversas características, como lo reportan Moreira *et al.* (2010), quienes encontraron un aumento significativo en el rendimiento y en el número de elotes por hectárea en maíz baby corn, o como Virgen *et al.* (2014), quienes obtuvieron una disminución de 10.5% de semilla chica en el tratamiento de plantas desespigadas con respecto al testigo sin desespigar. Esto se tradujo en una semilla más vigorosa.

De las 15 cruzas simples de calidad proteínica evaluadas, la mayoría presentaron una respuesta aceptable al desespigue, siendo la cruz CML 525 x CML 526 la de mejor rendimiento, con 9349 kg ha⁻¹, seguida por las cruzas CML 526 x CML 528, CML 524 x CML 526, CML 527 x CML 528, CML 524 x CML 527, las cuales formaron el mismo grupo de significancia estadística, como se mencionó. Estas cruzas son factibles de usarse, con base en su rendimiento, como progenitores hembra de híbridos trilineales QPM, o como probadores de otras líneas para formarlos, en un programa de mejoramiento genético de maíces con calidad proteínica para Valles Altos. El rendimiento de las cruzas simples señaladas indica un buen potencial de producción, pero estas cruzas simples no podrían aprovecharse *per se* para su uso comercial, ya que sus líneas progenitoras tienen limitada productividad de semilla, que no alcanza los niveles para ser redituable su uso en cruzas simples

comerciales, lo que ya ha sido reportado en trabajos sobre niveles de producción de líneas (Pérez-López *et al.* 2014).

CONCLUSIONES

El tratamiento con plantas desespigadas presentó una media de 6824 kg ha⁻¹ y fue significativamente superior al tratamiento de plantas con espiga, que rindió 6396 kg ha⁻¹; la diferencia representó 428 kg ha⁻¹ más y fue equivalente al 6.7% de ventaja del tratamiento sin espigas. Por otro lado, el mejor ambiente de producción fue la FESC-UNAM para todas las variables, en comparación con el CEVAMEX, donde se tuvo un efecto ambiental desfavorable. En cuanto a los genotipos, la crusa simple más productiva fue CML525xCML526, con 9349 kg ha⁻¹, seguida por CML526xCML528, CML524xCML526, CML527xCML528 y CML524xCML527, las que formaron el mismo grupo de significancia estadística. Por sus características, estas cruzas podrían utilizarse para combinarse con otras líneas QPM para formar híbridos de tres líneas de calidad proteínica para Valles Altos.

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) y al Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica (PAPIIT) de la UNAM, clave IT201215 por el financiamiento que hizo posible la realización del trabajo aquí presentado.

LITERATURA CITADA

CIMMYT (1995) Manejo de los ensayos e informe de los datos para el Programa de Ensayos Internacionales de Maíz del CIMMYT. D.F. México, 20 p.

Coutiño EB, Torres MB, Velázquez AJF (2007) Evaluación del desespigue en el rendimiento de grano de maíces (*Zea mays* L.) criollos de Chiapas. Quehacer Científico en Chiapas 1 (3): 26-31.

Donnet L, López D, Arista J, Carrión F, Hernández V, González A (2012) El potencial de mercado de semillas mejoradas de maíz en México. CIMMYT. D.F. México. 21 p.

Espinosa CA, Gómez N, Sierra M, Betanzos E, Caballero F, Coutiño B, Palafox A, Rodríguez F, García A, Cano O (2003) Tecnología y producción de semillas de híbridos y variedades sobresalientes de maíz de calidad proteínica (QPM) en México. Agronomía mesoamericana 14 (2): 223-228.

Espinosa CA, Tadeo RM, Meza GLD, Arteaga E, Matías BD, Valdivia BR, Sierra MM, Gómez MN, Palafox CN, Zamudio GB (2010) Eliminación de espiga y hojas en un híbrido de maíz androestéril y fértil. Universidad y ciencia trópico húmedo 26 (3): 215-224.

Hunter RB, Daynard TB, Hume DJ, Tanner JW, Curtis JD, Kannenberg LW (1969) Effect of tassel removal on grain yield of corn (*Zea mays* L). Crop Science 9: 405-406.

Leonard WH, Kisselbach TA (1932) The effect of the removal of tassel on the yield of corn. Journal Amer. Soc. Agron. 24: 515-516.

- Macchi LG, Rincón SF, Ruiz TNA, Castillo GF (2010) Selección y mantenimiento de poblaciones. Una perspectiva para la conservación in situ de la diversidad genética del maíz. Revista Fitotecnia Mexicana 33 (4): 43-47.
- Moreira JN, Silva PSL, Silvia KMB, Dombroski JLD, Castro RS (2010) Effect of detasseling on baby corn, green ear and grain yield of two maize hybrids. Horticultura Brasileira 28: 406-411.
- Mostert AJ, Marais JN (1982) The effect of detasseling on the yield of irrigated maize. Crop Production 11: 163-167.
- Pérez LFJ, Lobato OR, García ZJJ, Molina GJD, López RJJ, Cervantes ST (2014) Líneas homocigóticas de maíz de alto rendimiento como progenitoras de híbridos de cruce simple. Agrociencia 48 (4): 425-437.
- Ruiz CE (1988) Respuesta de tres genotipos de maíz (*Zea mays, L.*) al desespigamiento y densidad de población. Tesis de maestría en ciencias. UANL, Facultad de Agronomía. Nuevo Leon, México.
- Tadeo RM, Espinosa CA, Trejo PV, Arteaga EI, Canales IE, Turrent FA, Sierra MM, Valdivia BR, Gómez MNO, Palafox CA Zamudio GB (2013) Eliminación de espiga y hojas en progenitores androestériles y fértiles de los híbridos trilineales de maíz 'H-47' Y 'H-49' Revista Fitotecnia Mexicana, 36(3): 245-250.
- Tadeo RM, Zamudio GB, Espinosa CA, Turrent FA, Cárdenas MAL, López LC, Arteaga EI, Valdivia BR (2015) Rendimiento de maíces nativos e híbridos en diferente fecha de siembra y sus unidades calor, Rev. Mexicana de Ciencias Agrícolas, 6 (1): 33-43.

Virgen VJ, Zepeda BR, Arellano VJL, Ávila PMA, Rojas MI, Gámez VAJ (2014) Desespigamiento en cruza simple progenitoras de híbridos de maíz para de Valles Altos. Segundo congreso nacional de ciencia y tecnología agropecuaria, Memoria científica, primera edición, Sociedad Mexicana de Ciencia y Tecnología Agropecuaria A.C, Celaya, Guanajuato, México. 905-915 982 p.

Vivek BS, Krivanek AF, Palacios RN, Twumasi AS, Diallo AO (2008) Mejoramiento de maíz con calidad de proteína (QPM): Protocolos para generar variedades QPM. CIMMYT, D.F, México, 56 p.

Wilhelm WJ, Johnson BE, Schepers JS, (1995) Yield, Quality, and Nitrogen Use of Inbred Corn with Varying Numbers of Leaves Removed during Detasseling. Crop Science 35: 209-212

CAPÍTULO II. APTITUD COMBINATORIA GENERAL Y ESPECÍFICA EN LÍNEAS DE MAÍCES (QPM) DE VALLES ALTOS

GENERAL AND SPECIFIC COMBINING ABILITY IN MAIZE LINES (QPM) OF HIGH VALLEY'S

Hugo Jesús Alcántar Lugo¹, Alejandro Espinosa Calderón², J. Jesús García Zavala³ §, Margarita Tadeo Robledo⁴, Ricardo Lobato Ortiz⁵ y Maria Gricelda Carrillo Vázquez⁶

¹ (HJAL) Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo. Carretera México-Texcoco Km. 36.5, Montecillo, Texcoco, C.P. 56230, Estado de México. alcantar.hugo@colpos.mx,

² (AEC) Campo Experimental Valle de México, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, (CEVAMEX, INIFAP). Km 13.5 Carretera Los Reyes – Texcoco, C.P. 56250, Coatlinchán, Estado de México, México. Tel: 01 800 088 2222 IP 85328, 85363.

espinoale@yahoo.com.mx

³ (JJGZ) Genética, Colegio de postgraduados, Campus Montecillo, Carretera México-Texcoco Km. 36.5, Montecillo, Texcoco, C.P. 56230, Estado de México. Tel (595) 952 0200 Ext. 1585.

zavala@colpos.mx, §Autor para correspondencia.

⁴ (MTR) Ingeniería Agrícola, Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, Universidad Nacional Autónoma de México. Carretera Cuautitlán - Teoloyucán, Km 2.5, Cuautitlán Izcalli, Estado de México, C.P. 54714. tadeorobledo@yahoo.com

⁵ (RLO) Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo. Carretera México-Texcoco Km. 36.5, Montecillo, Texcoco. C.P. 56230, Estado de México. rlobato@colpos.mx

⁶ (MGVC) Campo Experimental Valle de México, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, (CEVAMEX, INIFAP). Km 13.5 Carretera Los Reyes – Texcoco. C.P. 56 250, Coatlinchán, Estado de México. gricelda_vazquez@yahoo.com

RESUMEN

El objetivo de este trabajo fue identificar líneas de maíz (*Zea mays* L.) de alta ACG y cruzas de alta ACE proclives a ser utilizadas como progenitores de híbridos o variedades sintéticas de calidad proteínica para Valles Altos. El estudio se realizó en la FESC-UNAM y en el CEVAMEX-INIFAP, en el Estado de México, durante el ciclo P-V 2014, evaluándose 36 genotipos resultantes de la cruce de

seis líneas de maíz QPM bajo un diseño dialélico 6x6 con el Método I de Griffing. Se midieron el rendimiento de grano y sus componentes, la altura de planta y mazorca, floraciones, peso en campo, número de mazorcas buenas, malas y totales; se calificó sanidad de planta, de mazorca y la cobertura. Se realizó un ANOVA de los datos y se estimaron los efectos de ACG, ACE y efectos recíprocos para construir la estructura genética de las cruzas y poder identificar el valor de efectos aditivos y dominancia. Se encontró significancia ($p \leq 0.01$) para todas las variables entre localidades, entre genotipos, y en la ACG y ACE. Los efectos mayores de ACG los tuvieron las líneas CML 525 y CML 528, mientras que los más bajos y negativos resultaron en las líneas CML 524 y CML 529, y no hubo correlación entre su comportamiento *per se*. En las cruzas con alta ACE intervino al menos una línea progenitora de alta ACG, y en las cruzas de baja ACE por lo menos una de sus líneas progenitoras fue de baja ACG. La estructura genética de las cruzas indicó que los efectos de dominancia fueron de mayor valor, por lo que deben explotarse mediante la hibridación. Los mejores genotipos fueron CML 526 x CML 525, con **9029 kg ha⁻¹**, y su recíproca CML 525 x CML 526, con **8948 kg ha⁻¹** exhibiendo valores altos y consistentes para rendimiento de grano, y al menos una de sus líneas progenitoras fue de alta ACG y registraron el mayor valor de ACE, donde predominaron los efectos de dominancia. Sus valores de efectos recíprocos fueron moderados y las ubican como una excelente craza factible de ser usada como craza progenitora de cualquier tipo de híbrido.

Palabras clave: Zea mays, efectos recíprocos, efectos aditivos y no aditivos, hibridación, rendimiento.

ABSTRAC

The aim of this study was to identify lines and crosses of maize (*Zea mays* L.) of high GCA and SCA to be used as parents of hybrids or synthetic varieties of high quality protein for the High Valleys of Mexico. The study was conducted in the FESC-UNAM and the CEVAMEX-INIFAP, in the State of Mexico, during the 2014 spring-summer cycle, evaluating 36 genotypes resulting from the crossing of six QPM lines under a 6x6 diallel design with the Method I of Griffing. Grain yield and its components were measured as well as plant and ear height, days to silking, field weight, number of good, bad and total ears; plant health, ears and ear coverage. ANOVA of the data was performed and the effects of GCA, SCA and reciprocal effects were estimated to build the genetic structure of the crosses and to identify the value of additive effects and dominance. Significance ($p < 0.01$) for all variables between locations, between genotypes, and for the GCA and SCA was found. CML 525 and CML 528 lines had the major effects of GCA, while the lowest and negatives ones were observed in the CML 524 and CML 529 lines, and no correlation between their *per se* performance and their GCA was observed. In the crosses with high SCA intervened at least one parent of high GCA and those crosses of low SCA had at least one parent of low GCA. The genetic structure of the crosses indicated that dominance effects were more valuable, so it must be exploited by hybridization. The best genotypes were CML 526 x CML 525, with 9029 kg ha⁻¹, and their reciprocal CML 525 x CML 526, with 8948 kg ha⁻¹. These exhibited high and consistent values for grain yield, and at least one of their parents was of high GCA and had the highest value of SCA where dominance effects predominated. Their values of reciprocal effects were moderate and located as an excellent cross feasible to be used as parent of crosses to form QPM maize hybrids.

Keywords: *Zea mays*, reciprocal effects, additive and non-additive, hybridization, yield performance.

INTRODUCCIÓN

En el territorio que hoy es México, se originó, domesticó y diversificó el maíz (*Zea mays* L.) gracias, en gran medida, a los grupos de pobladores originarios, los cuales tuvieron y tienen la relación más estrecha de la que se tenga registro entre el ser humano y una especie vegetal, desarrollando unas 60 razas diferentes, las cuales tienen adaptación a un amplio rango de condiciones climáticas y son aprovechadas en su totalidad en una gran variedad de usos. Específicamente hablando del uso culinario, el maíz da lugar a cientos de platillos y preparados distintos, siendo la tortilla el más conocido y empleado, pues es la base de la alimentación de millones de mexicanos.

En el año 2014, en México se sembraron 7,426,412 hectáreas de maíz, que produjeron 23,273,256 toneladas según el SIAP (2015), que lo colocaron como el cultivo de mayor importancia en el país. En años recientes, la FAO registró que se produjeron en el mundo 1, 018,111,958 toneladas de maíz, con lo cual esta especie se ubica como el cereal de mayor producción en el planeta, seguido del arroz y el trigo (FAOSTAT, 2015). Por la cantidad que se consume para la alimentación humana, el maíz en México es la principal fuente de energía, proteínas, almidones, fibra, y varias vitaminas en la dieta media aparente; el consumo humano directo de maíz es de poco más de 12 millones de toneladas métricas por año, que corresponde a unos 300 gramos diarios per cápita en zonas rurales y unos 180 g diarios en zonas urbanas (Bourgues, 2013).

A pesar de lo anterior, el maíz no es la fuente más recomendable para cubrir las necesidades de proteínas en la dieta humana, debido a sus bajas concentraciones de aminoácidos esenciales en la nutrición, como la lisina y el triptófano. El valor biológico de la proteína es estimado con base en la proporción promedio de la proteína absorbida, que el cuerpo retiene y se destina a su mantenimiento y crecimiento (el valor biológico está estrechamente ligado a la calidad de la proteína).

Los maíces de calidad proteínica contienen mutaciones que alteran la composición proteínica de la porción del endospermo del grano, y casi duplican las concentraciones de lisina y triptófano de los maíces que no cuentan con estas mutaciones (Viviek *et al.*, 2008), haciendo de los maíces de calidad proteínica una valiosa opción para mejorar la dieta de millones de personas.

Por otro lado, los actuales programas de mejoramiento genético no solo deben enfocarse al aumento de rendimiento en grano, sino también deben tomar en cuenta otras características deseables para el cultivo, como la calidad de grano, la producción de forraje, la resistencia a factores bióticos y abióticos indeseables, así como considerar si las nuevas variedades resuelven las necesidades y responden a las expectativas de los agricultores, con lo cual se evita que sean rechazadas.

Del 100% de la superficie que se siembra de maíz en México, en un 25% se emplea semilla procedente de variedades mejoradas, y el 75% restante corresponde a semilla de variedades nativas; esta situación se agrava para los Valles Altos de México, donde sólo se siembra 6% con semilla mejorada (Tadeo *et al.*, 2015).

El desarrollo de variedades mejoradas de maíz, ya sean híbridos o variedades sintéticas, es una alternativa que ayudará a elevar los niveles de producción en Valles Altos y, si los materiales además son de calidad proteínica, al mismo tiempo contribuirían a mejorar la dieta de la población, de ahí la urgencia de generar este tipo de variedades. Para ello, se requiere la identificación de los mejores progenitores mediante la evaluación de líneas prometedoras; una forma en la que los fitomejoradores tradicionalmente lo han hecho, es mediante el uso de diseños de apareamiento, como lo son las cruzas dialélicas propuestas por Griffing (1956), estas cruzas permiten conocer los efectos de Aptitud Combinatoria General (ACG) de las líneas y los efectos de Aptitud Combinatoria Específica (ACE) de las cruzas.

Las aptitudes combinatorias, tanto general como la específica, fueron definidas por Sprague y Tatum (1942). La primera se define como el comportamiento promedio de una línea en sus combinaciones híbridas, mientras que la segunda designa aquellos casos en que ciertas combinaciones híbridas se desvían y lo hacen mejor o peor sobre la base de los resultados medios de las líneas involucradas. Esta información es valiosa para el fitomejorador en el establecimiento de un programa de mejoramiento genético, ya sea para la hibridación o para la selección recurrente, dependiendo de los resultados.

Con base en estos conceptos, en 1956 Griffing desarrolló cuatro diseños de apareamiento dialélicos entre líneas. En estos diseños se efectúan todas las combinaciones posibles entre un conjunto de líneas diferentes; así, estos diseños pueden componerse por las cruzas directas, recíprocas y progenitores, como el Modelo I, o solamente de algunos de estos componentes, como en los otros tres modelos; los diseños son de gran utilidad en la obtención de información genética, como los efectos de ACG, ACE, efectos recíprocos, y varianzas.

De la misma manera, el efecto promedio o aditivo de un gen, es un valor que refleja el efecto particular de un gen medido a través de sus combinaciones posibles con todos los genes de la población para el mismo locus, y se puede definir como la desviación con respecto a la media de la población del promedio de los valores genotípicos de todos los individuos que resultan de unir dicho gen con todos los genes de la población para el mismo locus, y se considera a este efecto como la base genética de la ACG, y de forma similar, el efecto de interacción entre los alelos de los genotipos de la población provocan desviaciones de dominancia que salen del esquema aditivo, y son la base de la ACE (Molina, 1992).

El objetivo de este trabajo fue identificar líneas de alta ACG, así como identificar las cruzas con la mejor ACE, proclives a ser utilizadas como progenitores de híbridos trilineales o variedades

sintéticas de calidad proteínica para Valles Altos, así como establecer la relación que guarda el comportamiento *per se* de las líneas con la ACG y determinar qué efectos tuvieron mayor peso en la expresión de los genotipos, si los efectos de dominancia o los efectos aditivos.

MATERIALES Y MÉTODOS

El **material genético** consistió de seis líneas endogámicas de maíces de calidad proteínica: CML 524, CML 525, CML 526, CML 527, CML 528, y CML 529, las cuales se cruzaron en forma directa y recíproca en un diseño dialélico, conforme al Modelo I de Griffing.

En el ciclo agrícola primavera-verano 2013, se obtuvieron 36 cruzas simples posibles, de las cuales 15 fueron directas, 15 fueron recíprocas, y seis fueron autocruzas o progenitores. En el ciclo agrícola primavera-verano 2014 se evaluaron en campo las 30 cruzas simples más los progenitores.

La evaluación de los 36 genotipos se realizó en dos localidades clasificadas dentro de Valles Altos, de 2200 a 2600 msnm, pertenecientes al Estado de México. La primera fue la Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, Campus 4 de la Universidad Nacional Autónoma de México (FESC-UNAM), en el municipio de Cuautitlán Izcalli, y la segunda el Campo Experimental Valle de México del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (CEVAMEX-INIFAP), ubicado en Santa Lucía de Prías, municipio de Coatlichán.

Las parcelas de la evaluación fueron preparadas mecánicamente, con un barbecho, rastreo, cruza y surcado a 80 cm, y se fertilizó siguiendo las recomendaciones técnicas para la región, con 80N-40P-00K en una sola aplicación de presembrado. Como fuente de nitrógeno se usó urea (46% de N), y Fosfato Diamónico (18-46-00) como fuente de P. Para el control de malezas se aplicó herbicida un día después de la siembra, utilizando una mezcla de 2 L de Hierbamina® y 3 kg de Gesaprim® calibre 90 por hectárea; se efectuó una segunda aplicación a los 40 días después de la siembra,

con una mezcla de 2 L de Sansón® 4 SC más 1 L de Hierbamina® más 2 kg de Gesaprim® calibre 90 por hectárea.

La humedad necesaria para la germinación y la emergencia de plántulas provino de un riego rodado que se aplicó dos días después de la siembra, dejando que el terreno llegara a capacidad de campo. La humedad en el resto del ciclo vegetativo procedió del temporal. El tamaño de la parcela útil fue de un surco de cinco metros de largo por 80 cm de ancho.

La siembra de los materiales se realizó el 14 de junio del 2014 en la FESC-UNAM, y una semana después se hizo en el CEVAMEX-INIFAP. Esta se hizo manualmente a tapa pie, depositando tres semillas por mata cada 50 cm y arrastrando tierra del surco con el pie para taparlas; posteriormente las matas se aclararon para dejar una densidad de población de 65,000 plantas ha⁻¹.

El diseño del experimento fue de bloques completos al azar con tres repeticiones de los 36 genotipos del diseño dialélico y de dos testigos: el Tsíri PUMA y H-48 (Espinosa *et al.*, 2003), materiales recomendados para Valles Altos (González *et al.*, 2008). Los testigos no fueron considerados en las estimaciones de los componentes genéticos. Los ensayos fueron cosechados manualmente el 4 de diciembre del 2014 en la localidad FES-Cuautitlán y el 15 del mismo mes en el CEVAMEX-Coatlichán .

Se tomaron datos de altura de planta, altura de mazorca, floración femenina y masculina, peso de campo, número de mazorcas buenas, malas y totales; también se calificó sanidad de planta, de mazorca y la cobertura de ésta. Se tomaron muestras de mazorcas de cada unidad experimental y se llevaron al laboratorio, donde se registraron datos de peso de 200 granos, longitud de mazorca, hileras por mazorca, granos por hilera, diámetro de mazorca y diámetro de olote; todas estas variables fueron tomadas según el manual de manejo de ensayos e informe de datos para el

programa de ensayos internacionales de maíz del CIMMYT (CIMMYT, 1985). En este caso, el rendimiento se obtuvo mediante la fórmula: $R = (PC \times \%MS \times \%G \times \text{factor de conversión})/8,600$

Donde PC es el peso de campo y se refiere a todas las mazorcas pesadas en la cosecha por unidad experimental, incluyendo a las mazorcas malas o dañadas; el %MS es el porcentaje de materia seca, y se obtiene de una muestra de cinco mazorcas cosechadas; el %G es el porcentaje de grano, y se obtiene del cociente del peso de la muestra de cinco mazorcas sin olote y el peso de la muestra de 5 mazorcas con olote, multiplicado por 100; el factor de conversión para obtener el rendimiento por hectárea se obtiene al dividir 10,000 m² sobre el tamaño de la parcela útil en m², y todo se divide entre 8,600, que es la constante para estimar el rendimiento con una humedad comercial al 14%.

El análisis estadístico se realizó para las variables: rendimiento, altura de planta, altura de mazorca, días a floración masculina y femenina, cobertura de mazorca, peso de 200 semillas, longitud y diámetro de mazorca. Se consideraron las fuentes de variación: Localidad, repetición dentro de localidad, genotipo, ACG, ACE, efectos recíprocos, efectos maternos, efectos no maternos y las interacciones localidad x genotipo, ACG x localidad, ACE x localidad, efectos recíprocos x localidad, efectos maternos x localidad, y efectos no maternos por localidad. El análisis se realizó según el Modelo I de Griffing (1956), donde se consideran los progenitores (Y_{ii}) y las cruza directas (Y_{ij}) y recíprocas (Y_{ji}):

$$Y_{ijklc} = \mu + a_i + b_{kl} + v_{ij} + (av)_{ijl} + e_{ijklc}$$

Donde: $v_{ij} = g_i + g_j + s_{ij} + r_{ij}$, $(av)_{ijl} = (ag)_{il} + (ag)_{jl} + (as)_{ijl} + (ar)_{ijl}$, $r_{ij} = m_i + m_j + n_{ij}$, $(ar)_{ijl} = (am)_{il} + (am)_{jl} + (an)_{ijl}$

Y_{ijklc} = valor observado, μ = media de la población, a_i = efecto ambiental, b_{kl} = efecto de bloque o de repetición en cada ambiente, v_{ij} = efecto del híbrido, $(av)_{ijl}$ = interacción entre el ambiente y el híbrido, e_{ijklc} = efecto residual, g_i = efecto de ACG para el i-ésimo progenitor, g_j = efecto de ACG para el j-

ésimo progenitor, s_{ij} =efecto de ACE para el ij -ésimo híbrido, r_{ij} = efecto recíproco para el ij -ésimo o ji -ésimo híbrido, $(ar)_{ij}$ =interacción entre los efectos recíprocos para el ij -ésimo ó el ji -ésimo híbrido y ambientes, m_i = efectos maternos para la i -ésima línea progenitora.

La estimación de los efectos genéticos de ACG, ACE, y de efectos recíprocos, así como el análisis de varianza se realizaron mediante el programa computacional desarrollado por Zhang y Kang (2005), llamado DIALLEL-SAS05 para SAS System (SAS Institute, 2002).

Se construyó la estructura genética para cada una de las 15 cruzas directas y 15 cruzas recíprocas con el modelo $Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + r_{ij}$, donde pueden presentarse los siguientes casos: $g_i + g_j > s_{ij}$, $g_i + g_j = s_{ij}$, y $g_i + g_j < s_{ij}$, para inferir cuáles efectos tienen mayor peso en la expresión del fenotipo, si los efectos aditivos ($g_i + g_j$) o los efectos de dominancia (s_{ij}). Se realizó una prueba de correlación entre el comportamiento *per se* de las líneas y la ACG para la variable rendimiento mediante el coeficiente de correlación de Pearson al $\alpha=5\%$

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis de varianza detectó diferencias altamente significativas entre ambientes para todas las variables (Cuadro 1), corroborándose esto en la prueba de comparación de medias, donde se observó que el mejor ambiente de evaluación fue la localidad FES-UNAM Cuautitlán, pues los valores de las variables rendimiento y sus componentes, entre otras, tuvieron mejores valores que en el CEVAMEX-Coatlinchán (datos no incluidos).

Entre genotipos se tuvo alta significancia estadística para ocho de las nueve variables, excepto para altura de mazorca. Lo anterior se explica en el hecho de que seis de los 36 genotipos evaluados fueron líneas endogámicas, y los 30 restantes fueron cruzas simples, donde la expresión del fenotipo y del rendimiento y sus componentes fue contrastante, debido a los efectos de heterosis y de

depresión endogámica. Al respecto, Amiruzzaman *et al.* (2011) en un trabajo similar encontraron diferencias altamente significativas entre genotipos para todas las variables estudiadas, tanto cuantitativas como cualitativas, lo que indicó la existencia de suficiente variabilidad genética entre sus materiales.

El genotipo de mejor rendimiento fue el híbrido CML 527 X CML 524, con 9 161 kg ha⁻¹, y el de peor desempeño fue la línea CML 526, con 957 kg ha⁻¹, de modo que el mejor híbrido rindió casi diez veces más que la línea que exhibió menor rendimiento (Cuadro 4).

Los efectos genéticos de ACG y ACE resultaron altamente significativos para todas las variables, tal como lo encontrado por Manjarrez *et al.* (2014) en un trabajo similar. Pero los efectos recíprocos y no maternos tuvieron un comportamiento contrario, ya que únicamente registraron alta significancia en la variable rendimiento; y por último, los efectos maternos resultaron significativos para las variables rendimiento y altura de mazorca.

La interacción localidad por genotipo resultó significativa para rendimiento, floración masculina y femenina, longitud y diámetro de mazorca; y fue altamente significativa para las variables: altura de mazorca y cobertura de mazorca (Cuadro 1). La interacción ACG por localidad fue altamente significativa para las variables rendimiento, floración masculina, peso de 200 granos y longitud de mazorca, y solamente significativa para floración femenina y diámetro de mazorca (Cuadro 1). La interacción ACE por localidad fue significativa para rendimiento, peso de 200 granos, y altamente significativa para cobertura de mazorca. Para el resto de las variables no hubo significancia en esta interacción (Cuadro 1).

La interacción efectos recíprocos x localidad resultó significativa para diámetro de mazorca, mientras que efectos maternos x localidad fue altamente significativa para esta misma variable. En

los otros factores de variación no hubo significancia para ninguna variable (Cuadro 1). El rendimiento de grano fue la variable que resultó mayormente influenciada por las fuentes de variación, presentando en siete casos diferencias altamente significativas ($p \leq 0.01$) y en tres diferencias significativas ($p \leq 0.05$); dicha variable tuvo una R cuadrada alta 0.91%, un coeficiente de variación aceptable de 19.9%, que puede explicarse por lo heterogéneo de los genotipos y localidades, y una media general de 5634 kg ha⁻¹ (Cuadro 1).

Cuadro 1. Cuadros medios y significancia estadística de nueve variables evaluadas en 36 cruza simples dialélicas de maíces de calidad proteínica de Valles Altos. Ciclo primavera -verano 2014.

FACTOR DE VARIACIÓN	GI	VARIABLES								
		Rendimiento (Kg ha ⁻¹)	Floración masculina (días)	Floración femenina (días)	Altura de planta (cm)	Altura de mazorca (cm)	Cobertura de mazorca	Peso de 200 granos (g)	Longitud de mazorca (cm)	Diámetro de mazorca (cm)
LOCALIDAD	1	318822076 **	386.7 **	291.7 **	148785 **	12300 **	41.8 **	12818.9**	274.5 **	17.5**
REP (LOC)	4	1085994 NS	7.8 *	8.1 NS	2869.8 **	1749.4 **	1.4 NS	18.8 NS	7.1 **	0.03 NS
GENOTIPO	35	40922633 **	38.5 **	40.5 **	7440.3 **	1094.8 NS	8.2 **	445.9 **	43.8 **	1.6 **
ACG	5	6413112.3 **	132.6 **	138 **	7206.9 **	486.1 **	2.9 **	93.3 **	11.4 **	0.7 **
ACE	15	88284748.7 **	43.7 **	45.7 **	14525 **	2131.1 **	17.4 **	986.2 **	97.4 **	3.4 **
E. REC.	15	5063691.8 **	2.1 NS	2.7 NS	433.2 NS	261.3 NS	0.7 NS	23.2 NS	1.1 NS	0.03 NS
E. MAT	5	4883270.9 *	2.4 NS	2.5 NS	308.2 NS	156.5 *	0.6 NS	12.4 NS	1.7 NS	0.02 NS
E. N-MAT	10	5153902.3 **	1.9 NS	2.8 NS	495.8 NS	313.7 NS	0.8 NS	28.7 NS	0.9 NS	0.04 NS
LOC X GEN	35	2606628 *	5.5 *	5.9 *	305.2 NS	94.9 NS	2.1 **	55.8 **	1.8 *	0.07 *
ACG X LOC	5	7237868.3 **	15.9 **	17.8 *	195.2 NS	149.8 NS	1.1 NS	164.2 **	4.5 **	0.09 *
ACE X LOC	15	2430609.9 *	4.6 NS	4.4 NS	460.5 NS	88.2 NS	4.3 **	52.6 *	1.7 NS	0.06 NS
REC X LOC	15	1238899.3 NS	2.9 NS	3.6 NS	186.4 NS	83.3 NS	0.2 NS	22.8 NS	0.9 NS	0.07 *
MAT X LOC	5	1924087.5 NS	3.5 NS	3.9 NS	175.1 NS	140.8 NS	0.1 NS	40.2 NS	1.1 NS	0.1 **
NMAT X LOC	10	896305.2 NS	2.6 NS	3.4 NS	192.0 NS	54.5 NS	0.2 NS	14.1 NS	0.9 NS	0.04 NS
R CUADRADO		0.91	0.83	0.80	0.92	0.76	0.84	0.90	0.93	0.94
C.V.		19.9	2.055	2.2	7.89	13.56	9.4	9.04	8.14	4.39
MEDIO		5634.3	81.97	83.76	207.62	86.10	7.8	55.79	12.46	4.31

Significancia estadística al 0.01 de probabilidad (**), al 0.05 de probabilidad (*); CV: Coeficiente de variación (%), NS: No significativo ACG: Aptitud combinatoria general; ACG: aptitud combinatoria específica; E. REC: efectos recíprocos; E. MAT: efectos maternos; E.N. MAT: efectos no maternos.

El análisis combinado para obtener los efectos de **aptitud combinatoria general** de las seis líneas, tuvo un comportamiento marcado en el rendimiento de grano, ya que se pudieron distinguir claramente tres tendencias: las líneas dos y cinco registraron valores altos y positivos de ACG, mientras que las líneas uno y seis tuvieron un comportamiento contrario al anterior, ya que presentaron valores bajos y negativos ; la tercera tendencia estuvo dada por las líneas tres y

cuatro, que tuvieron valores bajos de ACG, pero de signo positivo. Entonces se conformaron tres grupos de dos líneas en cada tendencia, uno de alta, uno de intermedia y uno de baja ACG (Cuadro 2).

Para las variables diámetro de mazorca y días a floración masculina y femenina, la línea dos (CML 525) presentó los valores más altos de ACG, y nuevamente la línea seis presentó los valores más bajos de ACG para las floraciones. En cuanto a las variables altura de planta, cobertura y longitud de mazorca, la línea cinco (CML 528), una de las dos mejores en rendimiento, fue la de mayor ACG, mientras que para altura de mazorca, peso de 200 granos y volumétrico, las líneas 6, 4 y 3 respectivamente, fueron las de más alta ACG (Cuadro 2).

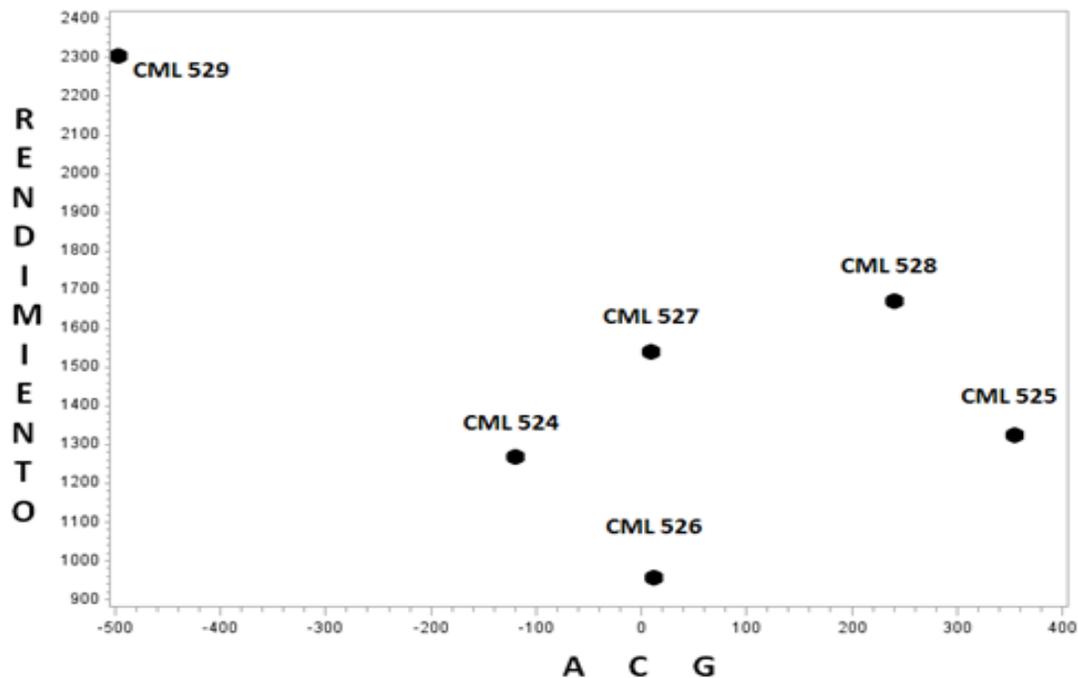
Cuadro 2. Efectos de aptitud combinatoria general de seis líneas de maíz de calidad proteínica, para nueve variables, en el ciclo primavera verano 2014

	ACG	Rendimiento (Kg ha ⁻¹)	Floración masculina (días)	Floración femenina (días)	Altura de planta (cm)	Altura de mazorca (cm)	Cobertura de mazorca	Peso de 200 granos (g)	Longitud de mazorca (cm)	Diámetro de mazorca (cm)
1	CML 524	-119.16	0.64	0.63	-5.78	-0.87	0.05	1.17	-0.51	0.05
2	CML 525	354.33	1.18	1.24	4.97	-0.49	0.06	-0.11	0.13	0.14
3	CML 526	11.28	0.21	0.28	-14.01	-3.50	-0.16	-0.66	-0.08	-0.16
4	CML 527	9.81	0.48	0.39	-5.58	-1.09	-0.23	1.59	-0.19	-0.02
5	CML 528	241.02	0.14	0.19	12.03	2.08	0.34	-0.72	0.69	-0.04
6	CML 529	-497.28	-2.66	-2.72	8.38	3.87	-0.07	-1.27	-0.05	0.03

En cuanto al comportamiento *per se* de las líneas, no existió correspondencia con sus efectos de ACG, ya que la línea de mayor rendimiento fue la seis (CML 529), con 2303 Kg ha⁻¹, el cual no coincidió con su ACG (-497.28), ya que fue la más baja de las seis líneas. Otro caso semejante fue el de la línea 2 (CML 525), que registro el efecto de ACG más alto pero el tercer rendimiento más bajo, con 1325 kg ha⁻¹. El coeficiente de correlación de Pearson al $\alpha=5\%$ indicó que no existió correlación entre las variable rendimiento y ACG para los seis genotipos evaluados (Figura 1).

Resultados muy parecidos a los anteriores obtuvieron García *et al.* (2002), quienes estudiaron a la selección masal como método para obtener líneas de alta aptitud combinatoria en maíz, derivando líneas endogámicas de una población seleccionada, y encontrando valores de correlación fenotípica muy bajos entre el comportamiento *per se* de las líneas y su ACG para rendimiento, esto indicó ausencia de correlación, como en la Figura 1.

FIGURA 1 Correlación entre los efectos ACG y la media de rendimiento de seis líneas de calidad proteínica para Valles Altos, en el ciclo primavera verano 2014



Con respecto a la **Aptitud Combinatoria Específica (ACE)**, de las cinco cruzas con los valores de efectos más altos y positivos (2x3, 1x3, 4x5, 2x4 y 3x5), en cuatro de estas intervinieron dos líneas de alta ACG como progenitores: la línea dos (CML 525) y la cinco (CML 528); y si bien en la cruz 1x3 sus líneas progenitoras no fueron clasificadas como de alta ACG, al menos una de ellas registró un valor positivo, pero además esta cruz registró los valores más altos de ACE en cuatro de las nueve variables evaluadas. Los valores más altos de ACE recayeron en un grupo de seis cruzas (2x3, 1x3, 4x5, 2x4, 3x5 y 1x4), las cuales son proclives a usarse como cruzas progenitoras de híbridos dobles, o en combinación con alguna línea de alta ACG para formar híbridos trilineales (Cuadro 3).

Cuadro 3. Efectos de aptitud combinatoria específica para 15 cruzas simples dialélicas de seis líneas de maíz de calidad proteínica para nueve variables, en ciclo primavera verano 2014.

	Genotipo	Rendimiento (Kg ha ⁻¹)	Floración masculina (días)	Floración femenina (días)	Altura de planta (cm)	Altura de mazorca (cm)	Cobertura de mazorca	Peso de 200 granos (g)	Longitud de mazorca (cm)	Diámetro de mazorca (cm)
2x3	CML 525 X CML 526	2988	-1.37	-1.36	25.67	5.98	1.12	8.48	2.43	0.45
1x3	CML 524 X CML 526	2735	-2.41	-2.58	31.75	10.44	1.05	7.54	2.36	0.51
4x5	CML 527 X CML 528	2497	-1.67	-1.51	11.85	5.16	1.24	6.43	2.46	0.29
2x4	CML 525 X CML 527	2422	-0.88	-0.64	31.99	7.64	0.77	4.90	2.28	0.31
3x5	CML 526 X CML 528	2369	-1.66	-1.82	21.28	8.16	1.00	6.01	2.57	0.28
1x4	CML 524 X CML 527	2124	-1.42	-2.58	26.32	9.10	0.95	8.62	2.32	0.48
4x6	CML 527 X CML 529	1021	-1.70	2.68	17.00	8.87	0.66	3.15	0.89	0.15
2x6	CML 525 X CML 529	601	0.84	0.64	8.86	1.27	0.37	2.59	0.49	0.19
3x6	CML 526 X CML 529	557	-1.10	-1.15	19.76	10.37	0.42	3.90	1.35	0.41
1x6	CML 524 X CML 529	441	0.30	0.50	-5.47	-4.77	0.13	1.73	0.96	-0.02
2x5	CML 525 X CML 528	6	0.62	0.47	12.13	7.64	-0.05	-1.63	0.59	0.12
1x5	CML 524 X CML 528	-172	0.66	0.83	21.04	10.35	0.21	1.68	0.27	0.12
5x6	CML 528 X CML 529	-283	-0.53	-0.65	7.06	-0.22	-0.25	2.70	-0.36	0.04
1x2	CML 524 x CML 525	-1000	-0.71	-0.71	-15.24	-3.75	-0.09	0.40	-0.71	-0.03
3x4	CML 526 X CML 527	-3950	3.26	3.57	-28.19	-3.34	-1.93	-6.96	-3.83	-0.45

La cruz 3x4 (CML 526 X CML 527) fue un caso particular, registrando valores bajos de ACE para ocho de nueve variables; estos bajos valores son atribuibles a efectos de heterosis negativa o a depresión endogámica. Al respecto, Amiruzzaman *et al.* (2011) explican que los híbridos producidos de líneas endogámicas de diferentes orígenes tienden a tener mayores y consistentes niveles de

rendimiento, en comparación con los híbridos de líneas parentales procedentes de la misma población de origen.

En cuanto a las otras tres cruzas (1X5, 5x6 y 1x2) con valor negativo en de ACE para rendimiento de grano, al menos una de sus líneas progenitoras fue de baja ACG (Cuadro 2).

Con respecto a la **estructura genética de las cruzas**, de las 10 cruzas más productivas, con rendimientos de los 9 161 a los 7 582 kg ha⁻¹, ocho de estas tuvieron como uno de sus progenitores a una línea de alta ACG, así mismo estas diez cruzas de alto rendimiento, también registraron valores altos y positivos de ACE. Un caso similar ocurrió con las cruzas de rendimiento bajo, ya que ocho de estas tuvieron como alguno de sus progenitores a una línea de baja ACG y ocho de estas cruzas registraron valores bajos y negativos de ACE.

Las tendencias mostradas en este estudio concuerdan con los resultados de estudios hechos para definir a los mejores híbridos F1, con base en la ACG de sus progenitores (Reyes *et al.*, 2004; Escocia *et al.*, 2010 y Pérez *et al.*, 2014), donde se observó que en las cruzas con rendimiento alto, la aptitud combinatoria general (ACG) fue alta en al menos una de sus líneas progenitoras, y la aptitud combinatoria específica (ACE) de las cruzas también fue alta (Cuadro 4). Lo anterior podría deberse a la influencia de la ACE y aun la ACG en alguno de los progenitores, y no necesariamente en los dos progenitores, con base en efectos compensatorios (Espinosa *et al.*, 1999).

Por el contrario, en las cruzas con rendimiento bajo, al menos una de sus líneas progenitoras tuvo ACG baja y los efectos de ACE fueron negativos con alto valor absoluto. En cuanto a los efectos descompuestos en la estructura genética, en las diez cruzas más rendidoras, los efectos de dominancia fueron de mayor valor que la suma de los efectos aditivos $s_{ij} > (g_i + g_j)$ y que los valores de los efectos recíprocos, por ende sería mejor usar estos materiales en programas de mejoramiento

genético por hibridación. Reyes *et al.* (2004) establecen que en este tipo de comportamiento, las cruzas, sufrirán alta depresión endogámica por lo que solo podrán utilizarse como híbridos. En las cruzas con menor rendimiento, los efectos aditivos fueron mayores que los de dominancia (Cuadro 4).

Cuadro 4. Estructura del valor genético de las 30 cruzas simples de seis líneas de maíz QPM para la variable rendimiento de grano (kg ha⁻¹). Ciclo primavera verano 2014.

	Cruza	μ	gi	Gj	gi + gj	sij	r	vij
4x1	CML 527 X CML 524	5634.3	9.8	-119.2	-109.4	2124.5	1511.3	9160.7
3x2	CML 526 X CML 525	5634.3	11.3	354.3	365.6	2988.5	40.5	9028.9
2x3	CML 525 X CML 526	5634.3	354.3	11.3	365.6	2988.5	-40.5	8947.9
3x1	CML 526 X CML 524	5634.3	11.3	-119.2	-107.9	2734.6	684.9	8945.9
3x5	CML 526 X CML 528	5634.3	11.3	241.0	252.3	2369.4	673.8	9057.4
4x5	CML 527 X CML 528	5634.3	9.8	241.0	250.8	2497.0	463.7	8845.9
2x4	CML 525 X CML 527	5634.3	354.3	9.8	364.1	2422.0	242.2	8662.7
4x2	CML 527 X CML 525	5634.3	9.8	354.3	364.1	2422.0	-242.2	8178.2
5x4	CML 528 X CML 527	5634.3	241.0	9.8	250.8	2497.0	463.7	8845.9
5x3	CML 528 X CML 526	5634.3	241.0	11.3	252.3	2369.4	-673.8	7582.2
1x3	CML 524 X CML 526	5634.3	-119.2	11.3	-107.9	2734.6	-684.9	7576.1
2x6	CML 525 X CML 529	5634.3	354.3	-497.3	-143	601.5	1011.7	7104.5
5x2	CML 528 X CML 525	5634.3	241.0	354.3	595.3	5.8	325.5	6560.9
1x6	CML 524 X CML 529	5634.3	-119.2	-497.3	-616.5	440.6	783.1	6241.6
6x2	CML 529 X CML 525	5634.3	-497.3	354.3	-143	601.5	-1011.7	5081.1
6x4	CML 529 X CML 527	5634.3	-497.3	9.8	-487.5	1021.1	17.1	6185.0
4x6	CML 527 X CML 529	5634.3	9.8	-497.3	-487.5	1021.1	-17.1	6150.9
1x4	CML 524 X CML 527	5634.3	-119.2	9.8	-109.4	2124.5	-1511.3	6138.1
6x3	CML 529 X CML 526	5634.3	-497.3	11.3	-486	556.9	370.1	6075.3
2x5	CML 525 X CML 528	5634.3	354.3	241.0	595.3	5.8	-325.5	5910.0
6x5	CML 529 X CML 528	5634.3	-497.3	241.0	-256.3	-283.1	793.7	5888.7
5x1	CML 528 X CML 524	5634.3	241.0	-119.2	121.8	-172.5	249.8	5833.4
3x6	CML 526 X CML 529	5634.3	11.3	-497.3	-486	556.9	-370.1	5335.1
1x5	CML 524 X CML 528	5634.3	-119.2	241.0	121.8	-172.5	-249.8	5333.8
2x1	CML 525 X CML 524	5634.3	354.3	-119.2	235.1	-1000.1	444.5	5313.8
6x1	CML 529 X CML 524	5634.3	-497.3	-119.2	-616.5	440.6	-783.1	4675.3
1x2	CML 524 X CML 525	5634.3	-119.2	354.3	235.1	-1000.1	-444.5	4424.9
5x6	CML 528 X CML 529	5634.3	241.0	-497.3	-256.3	-283.1	-793.7	4301.2
3x4	CML 526 X CML 527	5634.3	11.3	9.8	21.1	-3949.9	277.5	1982.9
4x3	CML 527 X CML 526	5634.3	9.8	11.3	21.1	-3949.9	-277.5	1428.0

En algunos casos, el valor para los efectos recíprocos resultó más alto que el de la ACG (g_i, g_j) de las líneas o el valor de ACE(s_{ij}) de las cruzas, y en las cruzas **2x6, 1x6, 6x5, 5x1, 2x1 y 2x7** resultó más alto que ambos valores. Machida *et al.* (2010) refieren que el no detectar diferencias en las cruzas recíprocas cuando están presentes, llevaría a la inflación de las estimaciones de ACG y ACE, por lo tanto, es prudente utilizar un diseño que contemple estas cruzas (Cuadro 4).

Los efectos de las cruzas recíprocas podrían facilitar la eficiente utilización de las líneas endogámicas en un programa de mejoramiento genético, pero su inestabilidad y baja magnitud hace difícil explotarlas, además de que son poco empleados por elevar los costos y la complejidad en el manejo de los diseños que las contienen (Machida *et al.*, 2010).

La cruza 2x5 (CML 525 x CML 529) presentó los mayores valores positivos para los efectos recíprocos de las variables rendimiento y longitud de mazorca, mientras que la cruza 3x4 registró los valores más altos positivos para las floraciones, las alturas de planta y de mazorca, la cobertura y el peso de 200 granos; esta cruza también fue la de peor comportamiento para ACE y menor rendimiento. Los menores valores negativos para las nueve variables los exhibieron las cruzas 1x5, 2x5, 1x2 1x3, 5x6, 1x4 y 3x6 (Cuadro 5).

Cuadro 5. Efectos recíprocos para 15 cruzas simples de seis líneas de maíz QPM para nueve variables. Ciclo primavera-verano 2014.

	Genotipo	Rendimiento (Kg ha ⁻¹)	Floración masculina (días)	Floración femenina (días)	Altura de planta (cm)	Altura de mazorca (cm)	Cobertura de mazorca	Peso de 200 granos (g)	Longitud de mazorca (cm)	Diámetro de mazorca (cm)
2x5	CML 525 X CML 529	1011.7	-0.17	-0.08	3.33	2.92	0.17	0.17	0.60	-0.03
1x6	CML 524 X CML 529	783.1	-0.08	-0.17	8.42	-1.00	-0.25	2.08	0.38	0.08
3x5	CML 526 X CML 528	673.8	0.00	0.25	3.25	5.17	0.00	0.92	-0.13	0.03
4x5	CML 527 X CML 528	463.7	-0.42	-0.50	6.42	-2.75	0.17	1.25	0.29	0.00
3x4	CML 526 X CML 527	277.5	-0.75	-0.67	9.50	12.50	0.50	2.25	0.57	0.03
2x4	CML 525 X CML 527	242.2	-0.25	-0.25	-2.00	-3.17	0.42	1.33	0.11	0.01
4x6	CML 527 X CML 529	-17.1	0.42	0.58	4.75	1.75	0.00	0.08	0.04	-0.05
2x3	CML 525 X CML 526	-40.5	-0.50	-0.42	2.75	3.58	-0.17	1.50	0.02	0.05
1x5	CML 524 X CML 528	-249.8	0.25	0.25	0.42	-4.00	0.08	-0.25	-0.30	-0.11
2x5	CML 525 X CML 528	-325.5	0.08	0.17	0.25	0.17	0.00	-2.17	-0.09	-0.04
1x2	CML 524 x CML 525	-444.5	0.92	0.92	-8.25	-0.67	0.00	-0.25	-0.43	-0.08
1x3	CML 524 X CML 526	-684.9	-0.25	-0.42	-4.92	-2.67	0.08	-1.67	-0.38	-0.03
5x6	CML 528 X CML 529	-793.7	0.58	0.91	-0.08	-2.83	-0.17	-1.50	-0.10	-0.06
1x4	CML 524 X CML 527	-1511.3	0.00	-0.25	-10.42	-6.08	-0.42	-1.33	0.01	0.03
3x6	CML 526 X CML 529	-5370.1	0.08	0.00	-9.08	-5.67	0.33	1.25	0.23	0.03

CONCLUSIONES

Los efectos de ACG y ACE presentaron alta significancia estadística para todas variables evaluadas, según el análisis de varianza, entre localidades y entre genotipos. Las seis líneas de calidad protéica se agruparon en tres grupos, según su comportamiento: uno de efectos mayores de ACG, conformado por las líneas CML 525 y CML 528, uno de efectos bajos y negativos conformado por CML 524 y CML 529, y uno con efectos moderados, con valores bajos positivos, formado por las dos líneas restantes. De acuerdo con el coeficiente de correlación de Pearson al $\alpha=5\%$, no existió correlación entre el comportamiento *per se* de las líneas y la ACG de las mismas.

Con respecto a la ACE de las cruzas simples, se observó que las cruzas con alta ACE se conformaron por lo menos de una línea progenitora con efectos mayores de ACG, de igual forma, las cruzas que registraron valores bajos negativos de ACE, por lo menos una de sus líneas progenitoras

fue de baja ACG, resultado que concuerda con efectos compensatorios que se señalan en trabajos anteriores en la literatura sobre el tema.

En la estructura genética de las líneas se observó que los efectos de dominancia fueron de mayor valor que la suma de los efectos aditivos $s_{ij} > (g_i + g_j)$, por lo que resulta conveniente explotarlos en programa de mejoramiento genético por hibridación. Los valores absolutos para los efectos recíprocos fueron altos y deben ser tomados en cuenta. Los genotipos 3x4 y 4x3 fueron de bajo comportamiento, lo que podría explicarse por la aparición de un efecto de heterosis negativa, ya que las poblaciones de las que fueron derivadas sus líneas progenitoras posiblemente estuvieran emparentadas o pudiesen tener un origen en común.

Las **cruzas 2x3** y su recíproca 3x2 exhibieron valores altos y consistentes para rendimiento de grano, donde al menos una de sus líneas progenitoras fue de alta ACG, así mismo registró el valor más elevado de ACE, sus valores de efectos recíprocos fueron moderados y la ubican como una excelente craza factible de ser usada como craza progenitora de cualquier tipo de híbrido, donde sus líneas pueden ser indistintamente usadas como hembra o como macho.

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), y Al Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica (PAPIIT) de la UNAM, clave PAPIIT IT 201215, por el financiamiento que hizo posible la realización de esta investigación.

LITERATURA CITADA

Amiruzzaman M, Islam MA, Pixley KV, and Rohman MM. (2011) Heterosis and Combining Ability of CIMMYT's Tropical × Subtropical Quality Protein Maize Germplasm . USA. International Journal of Sustainable Agriculture 3 (3): 76-81

- Ávila PMA, Herrera SRA, Vázquez BME, Borrego EF, Lozano del RAJ y López BA. (2009) Aptitud combinatoria y efectos recíprocos en líneas endogámicas de maíz de valles altos del centro de México. México. Agricultura Técnica en México 35(3) 285-293.
- Bourgues RH (2013) El maíz: su importancia en la alimentación de la población mexicana. *In el maíz en peligro ante los transgénicos un análisis integral sobre el caso de México.* Álvarez BER y Piñeyro NA (coords). UNAM. Centro de Investigaciones Interdisciplinarias en Ciencias y humanidades. UCCS. Mexico D.F. pp 231-248.
- Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT). (1995) Manejo de los ensayos e informe de los datos para el Programa de Ensayos Internacionales de Maíz del CIMMYT. D.F. México, 20 p.
- Escorcía GN, Molina GJD, Castillo GF y Mejía CJA. (2010) Rendimiento, heterosis y depresión endogámica de cruza simples de maíz. México. Rev. Fitotecnia Mexicana. 33 (3): 271- 279.
- Espinosa CA, Ortiz CJ, Ramírez FA, Gómez MNO y Martínez GA (1999) Productividad de semilla de líneas tropicales de maíz (*Zea mays L.*) Del CIMMYT e INIFAP. México. Agricultura Técnica en México. 25 (1): 53-58.
- Espinosa CA, Tadeo RM, Lothrop J, Azpíroz RHS, Martínez MR, Pérez CJP, Tut CC, Bonilla BJ María R A y Salinas MY (2003). H-48 nuevo híbrido de maíz de temporal para los Valles Altos del Centro de México. México. Agricultura Técnica en México. 29 (1): 85-87.
- FAOSTAT (2015). Datos estadísticos mundiales para la producción de maíz. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. Fecha de consulta 5 de septiembre de 2015. <http://faostat3.fao.org/browse/Q/QC/S>.

- García ZJJ, Molina GJD, López RJ (2002) La sección masal como método para obtener líneas de alta aptitud combinatoria específica. México. Rev. Fitotecnia. Mexicana 25 (3): 299 - 304
- Griffing B (1956). Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Australia. J. Biol. Sci. 9:463-493
- González EA, Islas GJ, Espinosa CA, Vázquez CJ A., and Wood S (2008) Impacto económico del mejoramiento genético del maíz en México: Híbrido H-48. Publicación Técnica No. 25. Serie: Estudios de Evaluación del Impacto Económico de Productos del INIFAP. SAGARPA. INIFAP.
- Machida L, Derera J, Tongoona P, MacRobert J. (2010) Combining Ability and Reciprocal Cross Effects of Elite Quality Protein Maize Inbred Lines in Subtropical Environments. USA. Crop science, vol. 50, september–october.
- Manjarrez SM, Palemón AF, Gómez MNO, Espinosa CA, Rodríguez HSA, Damián NA, Hernández C E y Cruz LB (2014) Aptitud combinatoria general y específica de maíces normales y de alta calidad de proteína. Revista mexicana de ciencias agrícolas, 5(7), 1261-1273.
- Molina GJD (1992) Introducción a la Genética de poblaciones y cuantitativa (algunas implicaciones en la genotecnia). AGT editor. D.F., México. 349 p. pp(156-157)
- Pérez LFJ, Lobato OR, García ZJJ, Molina GJD, López RJJ, y Cervantes ST (2014) Líneas homocigóticas de maíz de alto rendimiento como progenitoras de híbridos de cruce simple. México. Agrociencia 48: 425-437.
- Reyes LD, Molina GJD., Oropeza RMA. y Moreno PEC (2004) Cruzas dialélicas entre líneas autofecundadas de maíz de la raza Tuxpeño. México. Rev. Fitotec. Mex. 27:49-56

Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP 2015). Datos estadísticos para la producción nacional de maíz. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera de SAGARA. Fecha de consulta 5 de septiembre de 2015. <http://www.siap.gob.mx/cierre-de-la-produccion-agricola-por-cultivo>.

Sprague GF and Tatum LA 1942. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. USA. J. Am. Soc. Agron. 34:923–932.

Tadeo RM, Zamudio GB, Espinosa CA, Turrent FA, Cárdenas MAL, López LC, Arteaga EI y Valdivia BR (2015). Rendimiento de maíces nativos e híbridos en diferente fecha de siembra y sus unidades calor. México. Rev. Mexicana de Ciencias Agrícolas, 6(1): 33-43.

Vivek, BS, Krivanek AF, Palacios RN, Twumasi-Afriye S. and Diallo AO (2008). Breeding quality protein maize (QPM): Protocols for developing QPM cultivars. CIMMYT, Mexico, D.F.

Zhang Y, Kang MS and Lamkey KR (2005) DIALLEL-SAS05: A comprehensive program for Griffing's and Gardner-Eberhart analyses. USA. Agron. J. 97:1097-1106.

CAPITULO III. APTITUD COMBINATORIA GENERAL Y ESPECÍFICA EN VARIABLES DE CALIDAD DE GRANO DE MAÍCES QPM DE VALLES ALTOS¹

GENERAL AND SPECIFIC ABILITY COMBINING IN KERNEL QUALITY VARIABLES OF QPM OF HIGH VALLEYS.

Hugo Jesús Alcántar-Lugo¹, * María Gricelda Vázquez-Carrillo², Alejandro Espinosa-Calderón³, J. Jesús García-Zavala⁴, Margarita Tadeo-Robledo⁵.

¹ (HJAL) Colegio de postgraduados, Campus Montecillo. alcantar.hugo@colpos.mx

² (MGVC) Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Valle de México (CEVAMEX, INIFAP). gricelda_vazquez@yahoo.com §Autor para correspondencia.

³ (AEC) Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Valle de México (CEVAMEX, INIFAP). espinoale@yahoo.com.mx

⁴ (JJGZ) Genética, Colegio de Postgraduados, Montecillo, México, zavala@colpos.mx. Carretera México-Texcoco Km. 36.5, Montecillo, Texcoco. C.P. 56230, Estado de México.

(MTR) Ingeniería Agrícola, Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, Universidad Nacional Autónoma de México. tadeorobledo@yahoo.com

RESUMEN

El objetivo de esta investigación fue estimar los efectos de Aptitud Combinatoria General (ACG), Aptitud Combinatoria Específica (ACE), y los efectos recíprocos, de rendimiento, variables físicas y de la calidad de proteína en granos de cruza simples de maíces QPM de Valles Altos. Se evaluaron 36 cruza simples F1 provenientes de un diseño de apareamiento dialélico 6x6, donde se incluyeron las cruza directas, recíprocas y autocruza más un testigo comercial (H-48). La evaluación tuvo lugar en las parcelas experimentales de la FESC-UNAM, Cuautitlán Edo. de México en el ciclo primavera-verano 2014. Las variables evaluadas fueron rendimiento (Rend), índice de flotación (IF), peso de cien granos (PCG), porcentaje de proteína (Prot), triptófano (Tryp), lisina (Lis) y el índice de

calidad (IC). La estimación de efectos genéticos y el análisis estadístico se realizaron con el programa DIALLEL SAS05 para SAS; se hizo una prueba de comparación de medias de Tukey y una correlación de Pearson. El análisis estadístico detectó significancia en la mayoría de las fuentes de variación para la mayoría de las variables del estudio. Entre las líneas progenitoras destacó CML528 por su buena ACG de rendimiento (201) y de IC (0.58**). Entre las cruzas, la 4x5 registró un buen IC (0.825), con granos de textura dura, lo cual la posibilita para su uso en las industrias de la masa-tortilla y harina nixtamalizada, en tanto que 1x5 (CML524xCML528), que presentó los más altos niveles de ACE en el IF, lis y trip, fue de endospermo muy suave. En la ACE se registró mayor influencia de los efectos de acción génica de dominancia sobre los aditivos, y los efectos recíprocos tuvieron poca influencia en la expresión de los genotipos. Los genotipos con mayor rendimiento fueron los de mayor PCG ($r = 0.703^{**}$) y menor IF ($r = -0.61^{**}$).

Palabras clave: *Zea mays*, maíces de calidad proteínica, ACG, ACE, índice de calidad, efectos recíprocos.

ABSTRACT

The objective of this research was to estimate the effects of General Combining Ability (GCA), Specific Combining Ability (SCA) and the reciprocal effects of grain yield, physical and quality of protein in QPM maize single crosses of High Valleys. 36 F1 single crosses from a 6x6 diallel mating design, where direct and reciprocal crosses, as well as selfings plus a commercial check (H-48) were evaluated. The evaluation took place in the experimental plots of the FESC-UNAM, Cuautitlan, Estado de Mexico in the spring-summer 2014 cycle. The evaluated traits were grain yield (Rend), flotation index (FI), weight of a hundred grains (WHG), percentage of protein (Prot), tryptophan (Tryp), lysine (Lys), and the quality index (QI). The estimation of genetic effects and the statistical analyzes were performed with the SAS Diallel SAS05 program. It was also performed a Tukey's

mean comparison test and a Pearson's correlation. The statistical analysis showed significance in most sources of variation for most of the traits. Among parent lines, inbred line CML528 stands out for good yield GCA (201) and for IC (0.58 **). Among crosses, the 4x5 one showed a good QI (0.825), with grains of hard texture, which allows it for use in industries of maize dough-tortilla and nixtamalized flour, while 1x5 (CML524xCML528) cross had the higher levels of SCA for IF, lys trypt and was of very soft endosperm. In the SCA it was observed a greater influence of the effects of dominance gene action over the additive ones, and also that the reciprocal effects had little influence on the expression of genotypes. Genotypes with higher yields were those ones of most PCG ($r = 0.703$ **) and of lower IF ($r = -0.61$ **).

Keywords: *Zea mays*, quality protein maize, GCA, SCA, quality index, reciprocal effects.

INTRODUCCIÓN

El maíz (*Zea mays* L.) en años recientes se convirtió en el cereal más producido del planeta, desplazando al arroz y al trigo (FAOSTAT, 2015). En México se siembran anualmente alrededor de siete millones de hectáreas, con una producción de aproximadamente 23 millones de toneladas (SIAP, 2015). El consumo humano directo de maíz en México es de poco más de 12 millones de toneladas métricas por año, que corresponde a unos 300 gramos diarios *per cápita* en zonas rurales y unos 180 g diarios en zonas urbanas, siendo la base de la dieta de millones de mexicanos (Bourgues, 2013). A nivel mundial, el maíz aporta 15% de las proteínas y 20% de las calorías en la dieta alimentaria, pero desafortunadamente el perfil nutricional de este es pobre, debido al reducido contenido de los aminoácidos esenciales lisina y el triptófano (Sofi *et al.*, 2009). La WHO/FAO (2007) recomienda una ingesta 30 mg/kg por día de lisina y 4 mg / kg por día de triptófano para un adulto de

entre 20 y 30 años de edad, de los cuales los cereales en general aportan 10 y 2 mg/kg. Pero los cereales son generalmente deficientes en estos aminoácidos, principalmente el maíz.

El endospermo y el germen son los dos principales componentes del grano de maíz; la proteína del germen es superior en calidad y cantidad, en contraste, la proteína del endospermo tiene pobre calidad. Se estima que el endospermo puede contribuir con el 80% del total de proteínas del grano (Hallauer, 2001). En maíces normales, las proteínas más abundantes en el endospermo del grano son la zeínas y especialmente las alfa-zeínas, que son muy pobres en contenido de lisina (Larkins *et al.*, 1978).

Mertz *et al.* (1964) encontraron por vez primera una mutación natural en maíz, a la que denominaron *opaco-2* (*o2*), la cual altera la composición proteínica del endospermo provocado una reducción en la síntesis de la fracción alfa-zeínas, ya que inhibe su transcripción y genera un aumento correspondiente en la proporción de proteínas, como albúminas, globulinas, nitrógeno soluble, glutelina, y otras fracciones proteínicas semejantes a glutelina y zeína, lo que confiere mayores niveles de lisina y triptófano al endospermo.

Se tiene registro de numerosas mutaciones naturales en el genoma del maíz que afectan las características del endospermo. Hallauer (1994) enlista genes que afectan la composición proteínica del grano, como los opacos (*o1*, *o2*, *o5*, *o6* y *o7*), los harinosos (*fl1*, *fl2* y *fl3*), así como *De-B30* y *Mc1*, ubicados principalmente en los cromosomas 2, 4, 7 y 10; estas mutaciones muestran efectos en diversos grados, siendo el alelo *opaco-o2* en condición homocigótica recesiva la mutación más apta para ser utilizada por los programas de mejoramiento genético en la manipulación genética del maíz. No obstante, por sí misma, no asegura que habrá niveles aptos de aminoácidos, solo predispone el maíz a presentarlos, pero se requiere la presencia de dos sistemas genéticos más, uno de *loci* modificadores menores los cuales elevan los niveles de lisina y triptófano, y otro también compuesto por *loci* modificadores menores que convierten el endospermo mutante de fenotipo

suave, opaco y harinoso en duro y cristalino, eliminando los efectos pleiotrópicos de σ^2 , como cuarteaduras, pudriciones y ataque de gorgojos, propias de los opacos (Vivek *et al.*, 2008).

Los diseños dialélicos propuestos por Griffing (1956), en sus cuatro métodos, permiten conocer información genética valiosa para el establecimiento de un programa de mejoramiento genético, como efectos de Aptitud Combinatoria General (ACG), Aptitud Combinatoria Especifica (ACE), efectos recíprocos, maternos, no maternos, y varianzas. Esto facilita la elección de los mejores progenitores para la formación de híbridos QPM o variedades de polinización libre. Adicionalmente, estos materiales pueden mejorar la calidad nutricional del maíz y contribuir en la reducción de la prevalencia y la persistencia de la desnutrición humana.

Por otro lado, en México, y especialmente en la región denominada como Valles Altos (>2200 msnm), existe la necesidad de desarrollar variedades mejoradas que permitan elevar la productividad, ya que actualmente solo se usan 25% y 6% de semilla mejorada, respectivamente (Tadeo *et al.*, 2015). Para ello, se requiere la identificación de los mejores progenitores mediante la evaluación de líneas prometedoras, y la mejor forma de hacerlo es mediante el uso de diseños de apareamiento. Adicionalmente, es necesario que estos materiales contemplen aspectos de calidad física y nutricional de grano, a fin de que cuenten con características particulares y sean fáciles de procesar y permitan tener un material final excepcional (Salinas *et al.*, 2012).

Con base en las consideraciones anotadas líneas arriba, este trabajo tuvo como objetivo estimar los efectos de ACG, ACE, y recíprocos en rendimiento de grano, variables físicas y de calidad de maíces de calidad proteínica de Valles Altos, con el fin de identificar los mejores progenitores para la formación de híbridos.

MATERIALES Y MÉTODOS

En el ciclo agrícola primavera-verano de 2013, se cruzaron manualmente seis líneas de maíz QPM (CML 524, CML 525, CML 526, CML 527, CML 528 y CML 529) según el Modelo I de Griffing (1956),

dando 36 combinaciones (15 cruzas simples directas, 15 cruzas simples recíprocas y seis líneas progenitoras). En el ciclo agrícola primavera- verano 2014 se evaluaron en campo los 36 materiales más el testigo comercial H-48. Dado que la alta calidad proteínica está determinada por genes recesivos que pueden ser modificados por el polen de un maíz con endospermo normal, en algunas plantas se realizaron cruzas fraternales intra genotipo, con el fin de asegurar la confiabilidad en el análisis de calidad de grano de los genotipos evaluados.

La evaluación en campo se realizó en terrenos de la Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, Campus 4 de la Universidad Nacional Autónoma de México (FESC-UNAM), en Cuautitlán Izcalli, México. Las parcelas fueron preparadas mecánicamente, con un barbecho, rastreo, cruza y surcado a 80 cm y una fertilización, obedeciendo a las recomendaciones técnicas para la región. El control de malezas se realizó con aplicaciones de herbicida un día después de la siembra; se efectuó una segunda aplicación a los 40 días después de la siembra. Se dio un riego rodado ocho días después de la siembra para la germinación y la emergencia de la semilla, y la humedad en el resto del ciclo vegetativo la aportó el temporal. El tamaño de la parcela útil fue un surco de cinco metros de largo por 80 cm ancho. La siembra se realizó el 14 de junio del 2014 de forma manual a tapa pie, depositando tres semillas por mata cada 50 cm y arrastrando tierra del surco con el pie para taparlas; se aclaró posteriormente para contar con una densidad de población de 65,000 plantas ha⁻¹.

Se usó un diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones, donde la unidad experimental fue un surco de cinco metros de largo y 80 cm ancho. El testigo comercial no fue considerado en las estimaciones de los componentes genéticos. Los ensayos fueron cosechados manualmente el 4 de diciembre de 2014, y el rendimiento se obtuvo mediante la fórmula: $R = (PC \times \%MS \times \%G \times \text{factor de conversión}) / 8,600$, donde: (PC) es el peso de campo y se refiere a todas de las mazorcas pesadas en la cosecha por unidad experimental, incluyendo las mazorcas malas o

dañadas; el porcentaje de materia seca (%MS) se obtuvo de una muestra de cinco mazorcas cosechadas; el porcentaje de grano (%G) se obtuvo del cociente entre el peso de la muestra de cinco mazorcas sin olote y el peso de la muestra de 5 mazorcas con olote multiplicado por 100; el factor de conversión para obtener el rendimiento por hectárea se obtuvo al dividir 10,000 m² sobre el tamaño de la parcela útil en m², y todo se dividió entre 8,600, que es la constante para estimar el rendimiento con una humedad comercial al 14%.

Una muestra de grano de cada uno de los 36 genotipos y del testigo comercial fue evaluada en el Laboratorio de Calidad de Maíz del INIFAP-CEVAMEX para las variables físicas: peso de 100 granos (PCG) e índice de flotación (IF) como medida indirecta de la dureza del grano, donde valores de IF entre 0 y 12% corresponden a maíces muy duros, de 13 a 37% para duros, de 38 a 62% para intermedios, y mayores de 62% para suaves (Gómez, 1993). Las variables químicas se midieron en muestras de grano entero libre de aceite y a base seca. La proteína se cuantificó siguiendo el método automatizado del Technicon Autoanalyzer II (Galicia *et al.*, 2012). El triptófano se evaluó siguiendo el método del ácido glioxílico (Nurit *et al.*, 2009), y la determinación de lisina se realizó siguiendo el método colorimétrico descrito por Galicia *et al.* (2012).

El análisis de varianza se realizó para las variables: rendimiento, peso de 100 granos, índice de flotación, contenido de proteína, lisina y triptófano. Las fuentes de variación fueron: repetición, genotipo, ACG, ACE, efectos recíprocos, efectos maternos, efectos no maternos. Se siguió el modelo I de Griffing (1956), donde se consideran los progenitores y las cruzas directas y recíprocas. Se usó el siguiente modelo:

$$Y_{ijklc} = \mu + a_l + b_{kl} + v_{ij} + e_{ijklc}$$

Dónde: $v_{ij} = g_i + g_j + s_{ij} + r_{ij}$, $r_{ij} = m_i + m_j + n_{ij}$,

Y_{ijklc} = valor observado, μ = media de la población, a_l = efecto ambiental, b_{kl} = efecto de bloque o de repetición en ambiente, v_{ij} = efecto del híbrido, e_{ijklc} = efecto residual, g_i = efecto de ACG para el i -

ésimo progenitor, gj = efecto de ACG para j -ésimo progenitor, sjj =efecto ACE para jj -ésimo híbrido, rij = efecto recíproco para el ij -ésimo o ji -ésimo híbrido, mi = efectos maternos para la i línea progenitora, mj = efectos maternos para la j línea progenitora, nij = efectos no maternos en ji -ésimo híbrido.

Para la estimación de los efectos genéticos de ACG, ACE y efectos recíprocos de las variables, el análisis de varianza de los datos se realizó mediante el programa computacional DIALLEL-SAS05 para SAS (SAS Institute, 2002) desarrollado por Zhang y Kang (2005). También se realizó una prueba de comparación de medias (Tukey $\alpha= 0.05$), y para identificar la existencia de correlación entre las variables evaluadas, se aplicó una prueba de coeficiente de correlación de Pearson al $\alpha=0.05\%$.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis estadístico detectó significancia en la mayoría de las fuentes de variación para las variables incluidas en el estudio (Cuadro 1). El rendimiento del grano mostró diferencia significativa ($p < 0.01$) entre genotipos, en ACG y en ACE, así como significancia ($p < 0.5$) entre efectos recíprocos. No se observaron diferencias entre los efectos maternos y no maternos. El rendimiento promedio fue de 6 800 kg ha⁻¹, valor que resultó superior en un 94.3 % a la media ($x = 3 500$ kg ha⁻¹) estimada para Valles Altos (SIAP, 2014). Más aun, este valor resulta significativo si se considera que la fecha de siembra fue tardía a partir de la primera quincena de junio, en la cual se estableció el experimento.

Entre repeticiones solo hubo significancia para la variable contenido de proteína, las otras cinco variables evaluadas no tuvieron diferencias significativas, lo que puede atribuirse a que los materiales evaluados fueron cruza simple F1 entre líneas con alta homocigosis, y presentaron homogeneidad dentro de cada genotipo. El que hubiera significancia ($p < 0.01$) entre Genotipos, en la ACG, y en la ACE para todas las variables evaluadas, indica alta variabilidad genética entre los

genotipos, lo que coincide con Amiruzzaman *et al.* (2011), quienes en un diseño dialélico 7x7 para maíces tropicales y subtropicales QPM, encontraron alta diferencia significativa entre genotipos para los mismos rasgos de calidad en grano. Los efectos recíprocos, maternos y no maternos no presentaron significancia para la variable rendimiento, pero si en todas las demás.

Predominaron los granos de tamaño pequeño con una media 28.06 g, la dureza fue intermedia (IF =56%), con un coeficiente de variación de 11.92%, lo que indica alta variación (desde muy duros hasta muy suaves); el contenido medio de proteína fue de 10.78 %; el de lisina 0.35%, que generalmente es cuatro veces superior al triptófano 0.07 %. El índice de calidad (IC) registró una media de 0.66, muy cercano a lo esperado (0.7) para considerar a los materiales de calidad proteínica, este se vio afectado por los altos niveles en porcentaje de proteína, ya que existe una correlación inversa entre el porcentaje de proteína y el IC.

Cuadro 1. Cuadrados medios y significancia estadística de diversas variables evaluadas en 36 genotipos (cruzas simples directas, cruzas simples recíprocas y líneas progenitoras) de maíz de calidad proteínica (QPM) de Valles Altos. Ciclo primavera -verano 2014. FESC, UNAM, Cuautitlán Izcalli, México.

VARIABLES								
FUENTE DE VARIACIÓN	Gl	Rendimiento (Kg ha ⁻¹)	índice de flotación	Peso de 100 granos (g)	Proteína (%)	Triptófano (%)	Lisina (%)	Índice de calidad
REPETICIÓN	2	1423850.4 NS	34.19 NS	0.12NS	0.13 *	0.000011 NS	0 NS	0 NS
GENOTIPO	35	25377836.6 **	2231.07 **	78.33 **	2.37 **	0.00052 **	0.501 **	0.042 **
ACG	5	5724675.01 **	3114.11 **	751.1**	5.01 **	.0017 **	0.067**	0.1 **
ACE	15	53999228.31 **	3468.85**	1682.4 **	2.02 **	.00035 **	0.006**	0.04 **
E. REC	15	3307498.87 *	698.96**	308.2 **	1.28 **	.00028 **	0.004**	0.03 **
E. MAT	5	3798643.06 NS	782.87**	37.6 **	0.96 **	.00043**	0.003**	0.04 **
E. NMAT	10	3061926.77 NS	657.00**	270.6 **	1.45 **	.00021**	0.005**	0.02 **
R ²		0.88	0.96	0.99	0.97	0.89	0.96	0.89
C.V.		18.96	11.92	1.02	1.52	7.96	5.18	7.94
Media		6849.2	55.61	28.22	10.78	0.07	0.35	0.66

S: significancia estadística al 0.01 de probabilidad (**), al 0.05 de probabilidad (*); CV: Coeficiente de variación (%), NS: No significativo ACG: Aptitud combinatoria general; ACE: aptitud combinatoria específica; E REC: efectos recíprocos; MAT: efectos maternos; NMAT: efectos no maternos.

La estimación de efectos ACG para la variable rendimiento puede aglutinarse en tres grupos: uno compuesto por líneas de alta ACG (CML525, CML526 y CML528) de valores altos y positivos, otro de ACG intermedia compuesto por CML527 de valor positivo (13.08) pero cercano al cero, y otro más de baja ACG con líneas (CML524 y CML529) de valor bajo y de signo negativo (Cuadro 2).

La línea cinco (CML528) registró los valores más altos para proteína y triptófano, y consecuentemente su IC fue alto, también registró alta ACG en lisina y rendimiento de grano, ubicándose en promedio como la mejor línea, mientras que la línea CML524 tuvo altos niveles de lisina (0.047) y triptófano (0.011), así como un alto IF (0.059), pero registró bajos niveles de ACG en peso de 100 granos y rendimiento de grano (Cuadro 2). Las líneas CML 525 y CML 526 fueron malas combinadoras para los rasgos de calidad, pero en rendimiento de grano y peso de 100 granos tuvieron altos niveles de ACG (Cuadros 2). La mayoría de las estimaciones de ACG para la línea CML 527 fueron de valor absoluto bajo, pero en cinco de estas tuvieron alta significancia estadística (Cuadro 2).

CUADRO 2. Estimación de aptitud combinatoria general (ACG) de seis líneas de maíz de calidad proteínica (QPM) para rendimiento y variables de calidad de grano. Ciclo primavera-verano 2014. FESC, UNAM, Cuautitlán Izcalli, México.

Genotipo	Rendimiento (Kg ha ⁻¹)	índice de flotación	Peso de 100 granos (g)	Índice de calidad	Triptófano (%)	Lisina (%)	Proteína (%)
1 CML 524	- 688.1 **	14.91 **	-2.59 **	0.054**	0.004 NS	0.052 **	-0.19 **
2 CML 525	365.3 NS	-4.42 **	0.46 **	-0.082**	-0.009 **	-0.055 **	-0.09 **
3 CML 526	320.5 NS	-13.42 **	1.08 **	-0.034**	-0.003**	-0.019 **	0.11 **
4 CML 527	13.08 NS	3.14 **	2.19 **	-0.010NS	-0.003**	-0.028 **	-0.27 **
5 CML 528	200.9 NS	0.44 NS	-2.48 **	0.059**	0.011**	0.047 **	0.70 **
6 CML 529	-211.7 NS	-0.67 NS	1.33 **	0.014NS	-0.0005 NS	0.003 NS	-0.26 **

S: significancia estadística al 0.01 de probabilidad (**), al 0.05 de probabilidad (*), NS: no significativa.

La cruce 2x3 registró el valor más alto de **ACE** en la variable redimiendo de grano, sus progenitores (CML 525 y CML 526) fueron de alta ACG, y el peor desempeño lo tuvo 3x4 pese a no tener como progenitores líneas de baja ACG para esta variable (Cuadro 3).

La cruza (1x5), CML524 x CML528, presentó los niveles más altos de ACE en porcentajes de lisina y triptófano, así como en IF (25.03); esto se puede atribuir a que sus dos líneas progenitoras también presentaron altos niveles de ACG en los mismos rasgos de calidad de grano, cumpliendo con lo postulado por distintos autores (Reyes *et al.*, 2004; Escorcía *et al.*, 2010 y Pérez *et al.*, 2014) quienes indican que cuando se combinan progenitores con alta ACG, o al menos uno de ellos es buen combinador, dan como resultado progenie con alta ACE. En esta misma cruza para el rendimiento de grano, uno de los progenitores registró ACG negativa, y la cruza también tuvo un mal desempeño, exhibiendo un valor negativo de - 414.36 (Cuadro 3).

La cruza 1x5 fue la de proteína de mejor calidad, sin embargo, sus granos fueron de textura muy suave, muy semejantes a los de un maíz opaco. La baja densidad de sus granos redujo el rendimiento y consecuentemente pueden ser materiales muy susceptibles a plagas de almacén (Arnason *et al.*, 1994).

La cruza (1x4) tuvo el valor de ACE más alto en contenido de proteína, pero sus progenitores fueron de baja ACG, esta expresión se debe principalmente a una acción génica de tipo dominancia, ya que su ACE (0.64) >ACGi (-0.19)+ACGj (-0.27). El valor más alto de ACE para PCG lo tuvo la cruza (3x6), cuyos progenitores registraron niveles altos de ACG.

Para índice de calidad, la cruza con el efecto de ACE más alto fue 1x6, con 0.122 y alta significancia, pero que también tuvo la ACE más baja para porcentaje de proteína. El valor más bajo para IC lo registró la cruza 1x2. Valores bajos de ACE y de signo negativo registró la cruza 2x5 para porcentaje de lisina, triptófano, proteína, IF, PCG e IC, por lo que calificó como una cruza con mala ACE. En todas las variables mencionadas, al menos una de sus líneas progenitoras mostró ACG baja (Cuadro 3). Los genotipos 1x6, 2x3, 2x4, y 4x5 con mayores valores de ACE para la variable IC,

registraron un valor superior de ACE en la cruce comparado con la suma de los efectos ACG de sus progenitores ($s_{ij} > g_i + g_j$), favoreciendo los efectos de dominancia o epistáticos sobre los aditivos, esto materiales son factibles de ser usados en un esquema de hibridación. Los efectos recíprocos tuvieron poca influencia en la expresión del IC en dichas cruces y puede ser despreciada (Cuadro 3).

Cuadro 3. Estimación de aptitud combinatoria específica (ACE) y significancia estadística para 15 cruces simples dialélicas de maíces de calidad proteínica (QPM) para las seis variables de calidad de grano en ciclo primavera-verano 2014. . FESC, UNAM, Cuautitlán Izcalli, México.

Cruza	Genotipo	Rendimiento (Kg ha ⁻¹)	Índice de flotación (%)	Peso de 100 granos (g)	Índice de calidad	Triptófano (%)	Lisina (%)	Proteína (%)
1x2	CML 524 x CML 525	- 1046.4	-14.44 **	-1.23 **	- 0.107 **	- 0.0087 **	-0.0069	0.28 **
1x3	CML 524 X CML 526	2726.6 **	-17.44 **	3.01 **	- 0.097 **	- 0.0044 *	-0.0275 **	0.54 **
1x4	CML 524 X CML 527	1996.1 **	-9.50 **	4.72 **	- 0.007 NS	0.0055 **	0	0.64 **
1x5	CML 524 X CML 528	- 414.36	25.03 **	0.20	0.010 **	0.0149 **	0.047**	-0.18 **
1x6	CML 524 X CML 529	496.64	19.80 **	-1.56 **	0.122 **	0.0058 **	0.018 **	-0.84 **
2x3	CML 525 X CML 526	3460.9 **	-20.11 **	4.73 **	0.064**	0.0056 **	0.021 **	-0.23 **
2x4	CML 525 X CML 527	2097.1 **	10.33 **	1.28 **	0.038*	0.0028	-0.005	-0.32 **
2x5	CML 525 X CML 528	285.9	-20.63 **	-0.52 **	- 0.082**	- 0.0111 **	-0.060**	-0.08
2x6	CML 525 X CML 529	891.7	-4.03	0.56 **	0.025 NS	0.0007	-0.013	-0.39 *
3x4	CML 526 X CML 527	- 4167.9 **	32.33**	-10.07 **	-0.014NS	- 0.0025	0.008	-0.13
3x5	CML 526 X CML 528	2669.9 **	-7.97**	2.22 **	-0.017NS	- 0.0076 **	-0.033 **	-0.82 **
3x6	CML 526 X CML 529	1081.6 *	-16.36 **	5.02 **	0.003 NS	0.0009	-0.024 **	-0.02 **
4x5	CML 527 X CML 528	3229.5 **	-32.69 **	2.74 **	0.038 *	0.0007	-0.0057	-0.45 **
4x6	CML 527 X CML 529	1173.1 *	-23.58 **	3.58 **	0.029 NS	0.0018	-0.0212 **	-0.21 **
5x6	CML 528 X CML 529	- 642.1	33.78 **	-1.04 **	-0.012 NS	0.0011 **	0.0104	0.30 **

S: significancia estadística al 0.01 de probabilidad (**), al 0.05 de probabilidad (*),NS: no significativa..

Los valores con alta significancia estadística para los efectos recíprocos se presentaron con mayor frecuencia en proteína, índice de flotación y peso de cien granos; en menor medida para las variables IC, porcentaje de lisina y triptófano, y para rendimiento de grano no fueron relevantes, sin embargo, Machida *et al.* (2010) refieren que el no detectar diferencias en las cruces recíprocas cuando están presentes, llevaría a la inflación de las estimaciones de ACG y ACE por lo tanto, es prudente utilizar un diseño que contemple estas cruces (Cuadro 4).

Los efectos recíprocos se calculan mediante un modelo aditivo donde el efecto recíproco es igual al efecto materno del progenitor (m_i) menos el efecto materno del progenitor (m_j) más el efecto no

materno. Zhang y Kang (1997) indican que la partición del E. REC en efectos maternos (E. MAT) y no maternos (E. NMAT) en el análisis dialélico, es útil para determinar si factores maternos o extra nucleares están involucrados en la expresión de un carácter; la estimación de la magnitud de los efectos recíprocos permite al fitomejorador una correcta elección del sentido de las cruzas con progenitores proclives a ser utilizados como líneas progenitoras en un programa de hibridación.

Cuadro 4. Estimación de efectos recíprocos en 15 cruzas simples de maíces de calidad proteínica (QPM), para seis variables de calidad de grano. Ciclo primavera-verano 2014. FESC, UNAM, Cuautitlán Izcalli, México.

Cruza	Genotipo	Rendimiento (Kg ha ⁻¹)	Índice de flotación (%)	Peso de 100 granos (g)	Índice de calidad	Triptófano (%)	Lisina (%)	Proteína (%)
1x2	CML 524 x CML 525	-354.2	19.33 **	-1.98 **	-0.06 **	-0.003	-0.032 **	0.84 **
1x3	CML 524 X CML 526	-681.3	0	-0.33 **	-0.13 **	-0.011 ***	0.029 **	0.51 **
1x4	CML 524 X CML 527	-1262.6 *	13.16 **	1.12 **	-0.13 NS	0.002	0.073 **	0.53 **
1x5	CML 524 X CML 528	-645.7	3.66	-2.54 **	-0.04 *	-0.008 **	-0.003	-0.37 **
1x6	CML 524 X CML 529	1068.2*	10.00 **	0.08	-0.001 NS	-0.001	0.002	-0.05
2x3	CML 525 X CML 526	-6.5	-8.00 **	3.30 **	0.01 NS	0	-0.003	-0.33**
2x4	CML 525 X CML 527	524.5	13.66 **	-2.78 **	-0.11 **	-0.014 **	-0.004	-0.56 **
2x5	CML 525 X CML 528	-328.0	-1.66	-1.01 **	-0.1 **	-0.006 **	-0.035 **	0.91 **
2x6	CML 525 X CML 529	1425.5 **	-17.50 **	0.57 **	-0.03NS	-0.003	-0.008	0.10
3x4	CML 526 X CML 527	488.5	-7.00 *	2.52 **	-0.03NS	0-0.003	0.001	-0.51 **
3x5	CML 526 X CML 528	942.4	-8.33 **	1.89 **	-0.005 *	-0.004 **	-0.017 *	0.22 **
3x6	CML 526 X CML 529	-438.8	-15.50**	-2.77 **	-0.07 **	-0.0008 **	0.011	-0.16 *
4x5	CML 527 X CML 528	395.1	1.16	0.32 **	-0.08 **	-0.010 **	0.009	-0.10
4x6	CML 527 X CML 529	750.4	12.83 **	-1.33 **	-0.05 *	-0.007**	0.042 **	-0.20**
5x6	CML 528 X CML 529	-270.8	-1.50	-0.19	0.06 **	0.004	0.028**	-0.42

S: significancia estadística al 0.01 de probabilidad (**), al 0.05 de probabilidad (*), NS: no significativa.

En el Cuadro 5 se muestra el valor medio observado para 15 cruzas directas y 15 recíprocas para las variables: índice de flotación, índice de calidad, triptófano lisina y proteína, además de los parámetros de consideración para designar o no a los materiales como de calidad proteínica.

El IF mostró que en los genotipos investigados existieron todas las texturas de grano, los hubo: muy suaves (5), suaves (7) pasando por intermedios (4) hasta llegar a los duros (12), y muy duros (2), aunque son los suaves, y especialmente los muy suaves, los que presentan la mejor calidad de su proteína, esto es tienen los niveles más altos de lisina y triptófano. El caso más claro fue el de la craza 1x5 y su recíproca, las que mostraron el mayor índice de calidad, porcentaje de lisina y

triptófano, y que claramente se trata de un maíz de calidad proteínica, con granos de textura muy suave. Otro genotipo con un comportamiento similar al anteriormente citado fue 6x1 y 1x6, que mostraron niveles muy aceptables para IC, gracias a su bajo porcentaje en el contenido de proteína, %Trip y Lis. Otro material de comportamiento interesante fue la cruza 4x5, con un IC alto de 0.828 y de consistencia dura, tal como es recomendado para que tenga un buen comportamiento en campo y almacén, además presentó alta ACE en rendimiento de grano e IC (Cuadro 5).

Para que un material se considere QPM, Moro *et al.* (1996) consideran un intervalo de 2.6 a 5.0% de lisina en grano integral debido a la diversidad de configuraciones genéticas; Vivek *et al.* (2008) indican que en muestra de grano entero el contenido debe ser mayor a 0.075 % para triptófano y > 0.8 para IC; bajo estos criterios, los materiales que estrictamente son QPM fueron: 1x5, 5x1, 1x6, 6x1 y 5x4 (Cuadro 5).

Cuadro 5. Valor medio observado para 15 cruzas directas y 15 recíprocas para las variables: dureza, índice de calidad, porcentaje de triptófano y lisina. Ciclo agrícola primavera verano 2014. FESC, UNAM, Cuautitlán Izcalli, México.

<u>Dureza (IF)</u>		<u>Índice de calidad</u>		<u>% de Triptófano</u>		<u>(%) de Lisina</u>		<u>% de Proteína</u>	
Directas	Recíprocas	Directas	Recíprocas	Directas	Recíprocas	Directas	Recíprocas	Directas	Recíprocas
1x5 MS	5x1 MS	0.857	0.949	0.092	0.109	0.492	0.497	10.74	11.48
1x6 MS	6 x1 S	0.837	0.849	0.079	0.081	0.420	0.420	9.44	9.54
5x6 MS	6x5 MS	0.782	0.652	0.087	0.078	0.445	0.380	11.12	11.96
1x4 S	4x1 I	0.696	0.719	0.080	0.075	0.445	0.299	11.49	10.43
4x5 D	5x4 D	0.656	0.828	0.070	0.090	0.370	0.351	10.67	10.87
4x6 I	6x5 D	0.640	0.741	0.063	0.076	0.344	0.258	9.85	10.25
2x3 MD	3x2 D	0.625	0.587	0.064	0.064	0.290	0.297	10.24	10.91
3x5 D	5x3 I	0.609	0.710	0.067	0.075	0.325	0.360	11.00	10.56
3x4 S	4x3 S	0.591	0.601	0.059	0.066	0.309	0.307	9.98	10.99
2x6 D	6x2 S	0.582	0.644	0.059	0.064	0.272	0.289	10.14	9.94
3x6 MD	6x3 D	0.574	0.714	0.060	0.077	0.319	0.296	10.46	10.78
2x4 S	4x2 I	0.493	0.713	0.047	0.076	0.254	0.262	9.54	10.66
1x3 D	3x1 D	0.485	0.727	0.057	0.078	0.383	0.324	11.75	10.73
1x2 S	2x1 D	0.464	0.594	0.054	0.059	0.305	0.369	11.63	9.94
2x5 D	5x2 D	0.449	0.652	0.055	0.068	0.244	0.314	12.24	10.43
		>0.8% son QPM		>0.075 % son QPM		> 0. 26 hasta 0.5		> 0.8	

Clasificación de dureza en maíces según el IF: índice de flotación en MD: Muy duros de 0 a 12, D: Duros de 13 a 37, I: Intermedios de 38 a 62, S: suaves de 63 a 87, y de 88 a 100 los muy suaves (Gómez, 1993).

La comparación de medias (Tukey, $\alpha = 0.05$) (anexo 1) indicó que los tres genotipos con mayor porcentaje de proteína en grano fueron: 5x5, 2x5, 5x6; en contraste, las cruzas con menor nivel de proteína fueron 1x6 y su recíproca 6x1, que además tuvieron un valor bajo y negativo de ACE (Cuadro 3), lo que pudo verse influenciado por una de sus líneas progenitoras, ya que la línea CML 524 registró el peor desempeño de las seis líneas para esta variable. Los cinco genotipos que exhibieron los mayores niveles en contenido de Triptófano fueron 5x1, 5x5, 1x5, 5x4 y 5x6; todos ellos también tuvieron a la línea progenitora CML 528. Las peores cruzas para Triptofano fueron 1x2, 2x4 y 2x5. El genotipo 1x6 registró el mayor IF (anexo 1), pero al mismo tiempo el menor contenido de proteína. El contenido de lisina correlacionó negativamente con rendimiento ($r = -0.339^*$) y con la dureza de grano correlacionó positiva y significativamente. Esto indica que al incrementarse la suavidad de un material al mismo tiempo se eleva su contenido de lisina y baja su rendimiento en kg ha^{-1} , y al contrario, cuando se elevan los rendimiento se concentran genes que confieren al endospermo una consistencia vítrea y densa, reduciendo los niveles de lisina, la que abunda en maíces de endospermo suave. Esto concuerda con los resultados de Amiruzzaman *et al.* (2011), quienes encontraron que en general el rendimiento de grano decreció cuando la calidad de las cruzas se incrementaba y viceversa. Además, encontraron correlaciones entre IC y porcentaje de triptófano, como sucedió en el presente estudio.

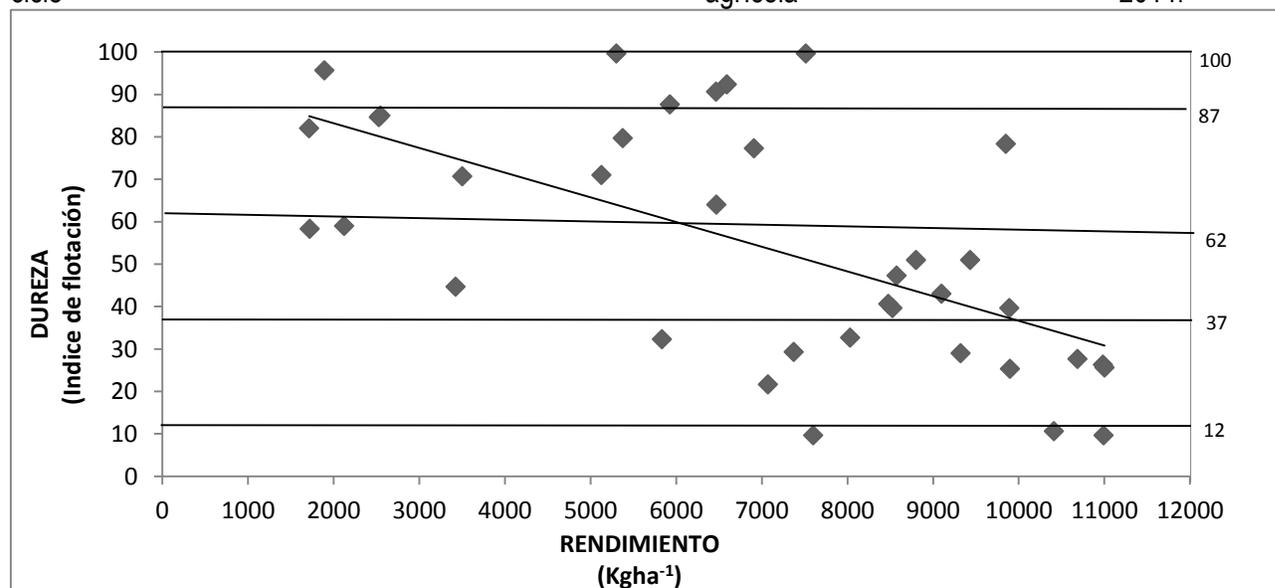
Cuadro 6. Prueba de coeficientes de correlación Pearson al $\alpha=5\%$ para diez variables en 37 genotipos de maíz de calidad proteína para Valles Altos. Ciclo primavera verano 2014.

Variable	Contenido de triptófano (%)	Dureza (índice de flotación)	Peso de 100 granos	Rendimiento (kg ha ⁻¹)	Lisina (%)	Índice calidad
Proteína (%)	0.24 NS	0.03 NS	-0.27 NS	-0.27 NS	0.26 NS	-0.17 NS
Triptófano (%)		0.31 NS	-0.13 NS	-0.05 NS	0.682 **	0.909 **
(Índice de flotación)			-0.598 **	-0.611 **	0.489 **	0.308 NS
Peso de 100 granos				0.703 **	-0.47 **	-0.03 NS
Rendimiento (kg ha ⁻¹)					-0.339 *	0.054 NS
Lisina (%)						0.585 **

Coefficientes de correlación Pearson, N = 37, Prob > |r| suponiendo H0: Rho=0

La misma prueba de correlación detectó una $r = -0.611$ altamente significativa entre la dureza (índice de flotación) y el rendimiento (Cuadro 6), lo que indica que entre más duro es el grano del genotipo mayor es el rendimiento; de manera inversa, los granos más suaves proporcionarían menores rendimientos (Figura 1).

Figura 1. Correlación entre dureza y rendimiento de 37 genotipos de maíces para Valles Altos en el ciclo agrícola 2014.



CONCLUSIONES

Entre las líneas progenitoras destacó la CML528 por su buena ACG de rendimiento (201) y de IC (0.58**). Entre las cruzas, la 4x5 registró un buen IC (0.825) con granos de textura dura, lo cual la posibilita para su uso en las industrias de la masa-tortilla y harina nixtamalizada, en tanto que la 1x5 (CML524xCML528), que presentó los más altos niveles de ACE para el IF, Lis y Trip, fue de endospermo muy suave. En la ACE se registró mayor influencia de los efectos de acción génica de dominancia sobre los aditivos, y los efectos recíprocos tuvieron poca influencia en la expresión de los genotipos. Los genotipos con mayor rendimiento fueron los de mayor PCG ($r = 0.703^{**}$) y menor IF ($r = -0.61^{**}$). Bajo los criterios de calidad nutricional del grano, los materiales que estrictamente resultaron QPM fueron: 1x5, 5x1, 1x6, 6x1 y 5x4.

AGRADECIMIENTO

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), y Al Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica (PAPIIT) de la UNAM, clave PAPIIT IT 201215, por el financiamiento otorgado que hizo posible la realización de este trabajo.

LITERATURA CITADA

- Amiruzzaman M, Islam MA, Pixley KV, and Rohman MM (2011). Heterosis and Combining Ability of CIMMYT's Tropical × Subtropical Quality Protein Maize Germplasm . USA. International Journal of Sustainable Agriculture 3 (3): 76-81.
- Arnason JT, Baum B, Gale J, Lambert JDH, Bergvinson D, Philogéne BJR, Serratos JA, Mihm J, Jewell DC (1994) Variation in resistance of Mexican landraces of maize to maize weevil *Sitophilus zeamais*, in relation to taxonomic and biochemical parameters. *Euphytica* 74:227–236.
- Bourgues, RH (2013) El maíz: su importancia en la alimentación de la población mexicana. In el maíz en peligro ante los transgénicos un análisis integral sobre el caso de México. Álvarez B.E.R. y Piñeyro N.A. (coords). UNAM.Centro de Investigaciones Interdisciplinarias en Ciencias y humanidades. UCCS. Mexico D.F. pp (231-248).
- Escorcía GN, Molina GJD, Castillo G F y Mejía CJA, (2010) Rendimiento, heterosis y depresión endogámica de cruza simples de maíz. México. *Rev. Fitotecnia Mexicana*. 33 (3): 271-279.
- FAOSTAT (2015) Datos estadísticos mundiales para la producción de maíz. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. Fecha de consulta 5 de septiembre de 2015. <http://faostat3.fao.org/browse/Q/QC/S>.
- Galicia L, Miranda A, Gutiérrez MG, Custodio O, Rosales A, Ruiz N, Surles, R. y Palacios N (2012) Laboratorio de calidad nutricional de maíz y análisis de tejido vegetal: Protocolos de laboratorio México, D.F. CIMMYT.

- Gómez EJ (1993) Métodos comparativos para determinar la dureza del maíz (*Zea mays* L.) y su influencia en tiempo de nixtamalización. Tesis de licenciatura. Departamento de ingeniería agroindustrial. UACH, Edo. de México. p88.
- Griffing, B (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Australia. J. Biol. Sci. 9:463-493
- Hallauer AR (1994). Specialty corns. Boca Raton, FL, USA, CRC Press.
- Hallauer AR (2001). Specialty corns. second edition Boca Raton, FL, USA, CRC Press.
- Machida L, Derera J, Tongoona P, MacRobert J (2010) Combining Ability and Reciprocal Cross Effects of Elite Quality Protein Maize Inbred Lines in Subtropical Environments. USA. Crop science, vol. 50, september–october.
- Martínez M, Palacios N, Ortiz R. (2009) Caracterización nutricional del grano de 50 accesiones de maíz cubano. Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas La Habana, Cuba. Cultivos Tropicales, 30 (2) 80-88.
- Mertz ET, Bates LS, and Nelson OE (1964) Mutant genes that change protein composition and increase lysine content of maize endosperm. Science 145:279–280.
- Moro GL, Habben, JE, Hamaker BR y. Larkins. BA (1996). Characterization of the variability in lysine content for normal and opaque-2 maize endosperm. Crop Science 36:1651-1659.
- Nurit E, Tiessen A, Pixley, K, Palacios Rojas N. (2009) A reliable and inexpensive colorimetric method for determining protein-bound tryptophan in maize kernels. Journal of Agricultural and Food Chemistry. 57: 7233-7238.

- Pérez LFJ, Lobato OR, García ZJJ, Molina GJD, López RJJ, y Cervantes ST (2014). Líneas homocigóticas de maíz de alto rendimiento como progenitoras de híbridos de cruce simple. México. *Agrociencia* 48: 425-437.
- Reyes LD, Molina GJD, Oropeza RMA y Moreno PEC (2004) Cruzas dialélicas entre líneas autofecundadas de maíz de la raza Tuxpeño. México. *Rev. Fitotec. Mex.* 27:49-56
- SAS Institute. (2002) SAS proprietary software. Release 9.1.3. SAS Inst., Cary, NC, USA
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP 2015). Datos estadísticos para la producción nacional de maíz. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera de SAGARA. Fecha de consulta 5 de septiembre de 2015. <http://www.siap.gob.mx/cierre-de-la-produccion-agricola-por-cultivo>.
- Sofi PA, Shafiq A, Wani AG. Rather, Shabir HW (2009). Review article: Quality protein maize (QPM): Genetic manipulation for the nutritional fortification of maize. India. *Journal of Plant Breeding and Crop Science* 1(6). 244-253
- Tadeo RM, Zamudio GB, Espinosa CA, Turrent FA, Cárdenas MAL., López LC, Arteaga EI y Valdivia BR (2015) Rendimiento de maíces nativos e híbridos en diferente fecha de siembra y sus unidades calor. México. *Rev. Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 6(1): 33-43.
- Vivek BS, Krivanek AF, Palacios RN., Twumasi AS. and Diallo AO.(2008) Breeding quality protein maize (QPM): Protocols for developing QPM cultivars. CIMMYT, Mexico, D.F
- FAO/WHO. (2007) Expert Consultation on Protein and Amino Acid Requirements in Human Nutrition. Geneva, Switzerland pp(265).

Zhang Y and Kang MS (1997). Diallel-SAS: A SAS program for Griffing's diallel analyses. *Agron. J.* 89:176–182.

Zhang Y, Kang MS and Lamkey KR (2005) DIALLEL-SAS05: A comprehensive program for Griffing's and Gardner-Eberhart analyses. USA. *Agron. J.* 97:1097-1106.

ANEXOS

Anexo 1. Comparación de medias entre 30 cruzas simples F1, para seis variables de rasgos de calidad de grano, evaluadas en el ciclo primavera - verano 2014.

	Triptófano (%)	Contenido Proteína (%)	Lisina (%)	Dureza (índice de flotación)	peso de 100 (g)	Rendimiento (Kg ha ⁻¹)
1x1	.065 fghijk	9.95 pqrs	.421 cdef	82 abcde	17.90 s	1714 h
1x2	.054 kl	11.62 cde	.305 lmnopqr	71 cdefg	22.90 p	5126 efgh
1x3	.056 jkl	11.75 bcd	.383 defgh	40 ijklm	29.40 j	8527 abcde
1x4	.080 bcdefg	11.49 cdef	.444 abc	77 bcdef	33.66 de	6808 abcdef
1x5	.092 abc	10.77 ijklmn	.491 ab	100 a	20.80 q	5302 defgh
1x6	.079 bcdefg	9.44 s	.424 cde	100 a	25.46 mn	7514 abcdef
2x1	.059 hijkl	9.94 pqrs	.369 efghij	32 jklm	26.86 k	5834 cdefgh
2x2	.062 ghijkl	11.36 defgh	.300 mnopqrs	96 ab	24.33 o	1890 h
2x3	.064 fghijkl	10.24 nopq	.290 nopqrs	10 n	37.83 a	10989 a
2x4	.047 l	9.54 s	.253 rs	78 abcdef	29.40 j	9849 abc
2x5	.055 jkl	12.24 b	.243 s	29 klmn	24.66 no	7373 abcdef
2x6	.058 hijkl	10.14 opq	.272 opqrs	29 klmn	31.16 fg	9320 abcde
3x1	.078 bcdefg	10.27 ijklmn	.323 ijklmno	40 ijklm	30.06 hij	9890 abc
3x2	.064 fghijkl	10.91 ghijklm	.296 mnopqrs	26 lmn	31.20 fg	11002 a
3x3	.073 defghij	11.68 cd	.365 fghijk	58 fghi	25.50 mn	1719 h
3x4	.059 hijkl	9.98 pqr	.309 klmnopqr	71 defg	23.93 o	3503 fgh
3x5	.067 fghijk	10.99 fghij	.325 hijklmno	26 klmn	30.96 fghi	10983 a
3x6	.059 hijkl	10.46 klmnop	.318 jklmnop	10 n	32.86 e	7601 abcdef
4x1	.075cdefghi	10.42 lmnop	.298 mnopqrs	51 ghij	31.43 f	9433 abcd
4x2	.076 cdefgh	10.65 ijklmno	.262 pqrs	51 ghij	34.93 c	8800 abcde
4x3	.065 fghijk	10.99 fghijk	.306 lmnopqr	85 abcde	18.90 r	2526 gh
4x4	.057 jkl	10.71 ijklmn	.313 jklmnopq	85 abcde	30.36 ghi	2547 gh
4x5	.070 efghijk	10.66 ijklmno	.370 efghij	28 klmn	31.00 fgh	10688 ab
4x6	.062 ghijkl	9.84 qrs	.343 ghijklmn	47 hijk	34.00 cd	8574 abcde
5x1	.109 a	11.48 cdef	.497 a	92 abc	25.90 lm	6593 bcdefg
5x2	.067 fghijk	10.41 mnop	.314 jklmnopq	33 jklm	26.70 kl	8029abcde
5x3	.75 cdefghi	10.55 jklmno	.360 ghijkl	43 hijklm	27.16 k	9098 abcde
5x4	.089 bcd	10.86 hijklm	.350 ghijklm	25 lmn	30.36 ghi	9898 abc
5x5	.095 ab	13.43 a	.483 ab	59 fghi	19.66 r	2122 h
5x6	.086 bcde	11.11 efghi	.437 cbd	88 abcd	25.83 lm	5926 cdefgh
6x1	.081 bcdef	9.54 rs	.419 cdef	80 abcdef	25.30 mn	5378 defgh
6x2	.064 fghijkl	9.94 pqrs	.289 nopqrs	64 efgh	30.03 ij	6469bcdefg
6x3	.076cdefgh	10.77 ijklmn	.295 mnopqrs	41 ijklm	38.43 a	8478 abcde
6x4	.076 cdefgh	10.24 nopq	.258 qrs	22 mn	36.66 b	7073 abcdef
6x5	.078 bcdefg	11.96 bc	.380 defgh	91 abcd	26.23 klm	6467 bcdefg
6x6	.059 hijkl	11.44 cdefg	.385 defg	45 hijkl	24.30 o	3425 fgh
H- 48	.057 ijkl	10.96 fghijkl	.302 lmnopqr	11 n	34.50 cd	10412 ab
DMS	.018	0.53	0.058	22	1.00	4279.1

Medias con la misma letra dentro de la columna no son estadísticamente diferentes (Tukey, 0.05).

CONCLUSIONES GENERALES

1. El tratamiento con plantas desespigadas fueron significativamente superior al tratamiento de plantas con espiga un 6.7% de ventaja del tratamiento sin espigas. Por otro lado, el mejor ambiente de producción fue la FESC-UNAM para todas las variables, en comparación con el CEVAMEX, donde se tuvo un efecto ambiental desfavorable. En cuanto a los genotipos, la cruza simple más productiva fue CML525xCML526, con 9349 kg ha⁻¹, seguida por CML526xCML528, CML524xCML526, CML527xCML528 y CML524xCML527, las que formaron el mismo grupo de significancia estadística. Por sus características, estas cruzas podrían utilizarse para combinarse con otras líneas QPM para formar híbridos de tres líneas de calidad proteínica para Valles Altos.

2. Los efectos de ACG y ACE presentaron alta significancia estadística para todas variables evaluadas, según el análisis de varianza, entre localidades y entre genotipos. Las seis líneas de calidad proteínica se agruparon en tres grupos, según su comportamiento: uno de efectos mayores de ACG, conformando por las líneas CML 525 y CML 528, uno de efectos bajos y negativos conformado por CML 524 y CML 529, y uno con efectos moderados, con valores bajos positivos, formado por las dos líneas restantes. De acuerdo con el coeficiente de correlación de Pearson al $\alpha=5\%$, no existió correlación entre el comportamiento per se de las líneas y la ACG de las mismas.

Con respecto a la ACE de las cruza simples, se observó que las cruza con alta ACE se conformaron por lo menos de una línea progenitora con efectos mayores de ACG, de igual forma, las cruza que registraron valores bajos negativos de ACE, por lo menos una de sus líneas progenitoras fue de baja ACG, resultado que concuerda con efectos compensatorios que se señalan en trabajos anteriores en la literatura sobre el tema.

En la estructura genética se observó que los efectos de dominancia fueron de mayor valor que la suma de los efectos aditivos $s_{ij} > (g_i + g_j)$, por lo que resulta conveniente explotarlos en programa de mejoramiento genético por hibridación. Los valores absolutos para los efectos recíprocos fueron altos y deben ser tomados en cuenta. Los genotipos 3x4 y 4x3 fueron de bajo comportamiento, lo que podría explicarse por la aparición de un efecto de heterosis negativa, ya que las poblaciones de las que fueron derivadas sus líneas progenitoras posiblemente estuvieran emparentadas o pudiesen tener un origen en común.

3. En las líneas progenitoras destacó CML528 por su buena ACG en el rendimiento y en el IC. En las cruces la 4x5 registró un buen IC, con granos de textura dura, lo cual la posibilita para su uso en las industrias de la masa-tortilla y harina nixtamalizada, en tanto que 1x5 (CML524xCML528) que presentó los más altos niveles de ACE en el IF, lis y trip, fue de endospermo muy suave. En la ACE se registró mayor influencia de los efectos de acción génica de dominancia sobre los aditivos y los efectos recíprocos tuvieron poca influencia en la expresión de los genotipos. Los genotipos con mayor rendimiento fueron los de mayor PCG ($r = 0.703$) y menor IF ($r = -0.61$).

LITERATURA CITADA

FAOSTAT (2015) Datos estadísticos mundiales para la producción de maíz. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. Fecha de consulta 5 de septiembre de 2015. <http://faostat3.fao.org/browse/Q/QC/S>.

Griffing, B. (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Australia. J. Biol. Sci. 9:463-493

López IL A (2003) Perspectiva de la red maíz para el 2003. Fidecomisos instituidos con relación a la agricultura (FIRA). Subdirección de análisis de cadenas productivas. Subdirección de análisis. Mexico, D.F. 28 p.

SIAP (2015) Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera Datos estadísticos para la producción nacional de maíz. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera de SAGARA. Fecha de consulta 5 de septiembre de 2015. <http://www.siap.gob.mx/cierre-de-la-produccion-agricola-por-cultivo>.

Vazquez CMG, Morales GM, Rendón PE. (2004) Tortillas elaboradas con maíz de alta calidad proteínica. folleto técnico 18, INIFAP, Edo. de México. 20 p.