

LÍNEAS DE MAÍZ CONVERTIDAS AL CARÁCTER DE ALTA CALIDAD DE PROTEÍNA

Conversion of maize lines to high protein quality

Pablo Andrés-Meza, Mauro Sierra-Macías ✉, Artemio Palafox-Caballero, Flavio Antonio Rodríguez-Montalvo y Alejandro Espinosa-Calderón

(PAM) Colegio de Postgraduados. Recursos Genéticos y Productividad-Genética

(MSM) (APC) (FARM) Campo Experimental Cotaxtla, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Km. 34.5 Carr. Veracruz-Córdoba, Medellín de Bravo, Veracruz. Autor responsable: sierra.mauro@inifap.gob.mx

(AEC) Campo Experimental Valle de México, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Km 13.5 Carretera Los Reyes-Texcoco, Coatlinchan, Texcoco, Estado de México, México

Nota Científica recibido: 25 de octubre de 2011 aceptado: 14 de agosto de 2013

RESUMEN. En primavera-verano 2008, se sembraron 32 líneas de maíz normal y con alta calidad de proteína (ACP), para identificar las sobresalientes en rendimiento, lisina, triptófano y características agronómicas. Las líneas convertidas VS-536-960, VS-536-959 y la línea normal LT-157-291 fueron sobresalientes en rendimiento y características agronómicas. La lisina incrementó en 38 % y 58 % el triptófano. Se avanzó en la conversión de líneas a ACP. Las líneas seleccionadas pueden usarse en la formación de híbridos o sintéticos.

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

ABSTRACT. During the Spring-Summer season of 2008, 32 inbred lines of normal high protein quality (HPQ) maize were planted in order to identify the best with respect to yield, lysine and tryptophan content, and agronomic traits. Outstanding with respect to yield and agronomic traits were the converted lines VS-536-960 and VS-536-959 and the normal line LT157-291. Lysine increased by 38 % and tryptophan by 58 %. This study continued with the conversion of lines to HPQ. The selected inbred lines may be used to form hybrids or synthetic varieties.

Key words: *Zea mays* L., *per se* selection, inbred lines, protein quality

INTRODUCCIÓN

En México el maíz (*Zea mays* L.), es el cultivo más importante debido a que constituye el principal componente de la dieta alimenticia de la población y ocupa la mayor superficie cultivada. En el trópico y subtrópico de México se siembran más de 4.0 millones de hectáreas de maíz (Gómez MNO, González CM, Cantú AMA, Sierra MM, Coutiño EB, Manjarrez S 2013. Revista Fitotecnia Mexicana 36: 81-83). En estas regiones, el rendimiento obtenido es de aproximadamente 1.5 t ha⁻¹ (Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera 2009. Secretaría de Agricultura, Ganadería y Desarrollo Rural. www.siap.gob.mx). A pesar que México presenta condiciones óptimas para el cultivo de maíz, en la actualidad es insuficiente la disponibilidad de grano lo que obliga a importar entre siete y ocho millones de toneladas al año (Es-

pinosa CA, Tadeo RM, Turrent FA, Gómez MN, Sierra MM, Caballero HF, Valdivia BR, Rodríguez MFA 2009. Ciencias 92-93: 118-125). Aunado a todo esto, el aspecto nutricional juega un papel importante. El grano de maíz aporta entre 15 y 56 % de la ingesta calórica diaria de la población en alrededor de 25 países en vías de desarrollo, particularmente en África y América Latina (Galicia-Flores LA, Islas-Caballero C, Rosales-Nolasco A, Palacios-Rojas N 2011. Revista Fitotecnia Mexicana 34: 285-289). Sin embargo, la proteína de maíz, y en general la de los cereales, es de bajo valor nutricional cuando se compara con la proteína de origen animal (Vivek BS, Krivanek AF, Palacios-Rojas N, Twumasi-Afryie S, Diallo AO 2008. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT). México, D. F. 50 p). Esta deficiencia es el resultado de un desbalance de aminoácidos y de un bajo contenido proteínico (Mendoza-Elos

M, Andrio-Enríquez E, Juárez-Goiz JM, Mosqueda-Villagómez C, Latournerie-Moreno L, Castañón-Nájera G, López-Benítez A, Moreno-Martínez E 2006. *Revista Universidad y Ciencia* 22: 153-161). El término QPM (Quality Protein Maize o ACP, alta calidad proteínica), se refiere al maíz que tiene el gen opaco 2 (*o2*) junto con genes modificadores, cuya acción origina un maíz con mayor contenido de lisina y triptófano y un endospermo relativamente duro, que lo hace resistente a las plagas durante el almacenamiento (Galicia-Flores LA, Islas-Caballero C, Rosales-Nolasco A, Palacios-Rojas N 2011. *Revista Fitotecnia Mexicana* 34: 285-289). La principal ventaja del maíz con ACP, sobre el maíz con endospermo normal, es que contiene aproximadamente el doble de lisina y triptófano, aminoácidos esenciales para la nutrición humana y animal (De la Cruz-Lázaro E, Rodríguez-Herrera SA, Palomo-Gil A, López-Benítez A, Robledo-Torres V, Gómez-Vázquez A, Osorio-Osorio R 2007. *Revista Universidad y Ciencia* 23: 57-68). Ante esta situación, y para contribuir a la solución del problema, en el Programa de Mejoramiento Genético de Maíz del Campo Experimental Cotaxtla (CECot) del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) se han implementado esquemas de mejoramiento para la identificación de germoplasma base, lo cual ha permitido la incorporación de genes favorables que mejoran simultáneamente adaptación, rendimiento, calidad y resistencia a plagas y enfermedades. El desarrollo y mejoramiento de líneas de maíz es un proceso dinámico en el cual se involucran diferentes y nuevas metodologías de selección, mediante las cuales se descartan algunas líneas en las primeras etapas de selección con base en su apariencia fenotípica, y más tarde por su aptitud combinatoria, como resultado de las pruebas tempranas (Gutiérrez del Río E, Palomo GA, Espinoza BA, De la Cruz LE 2002. *Revista Fitotecnia Mexicana* 25: 271-277). La mayoría de los programas de mejoramiento de maíz utilizan el comportamiento *per se* de las líneas y los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) para realizar dicha discriminación y como medida del potencial genético de una línea (Vergara AN, Rodríguez HS, Córdova OH 2003. *Revista Fitotecnia*

Mexicana 26:291-299). En la evaluación *per se* de una línea se considera el rendimiento de grano, características morfológicas deseables y facilidad en la producción de semilla; por ello, es importante seleccionar progenitores, que al ser cruzados produzcan combinaciones superiores y seleccionar los mejores progenitores para diseñar los métodos de mejoramiento más eficientes (Rojas BA, Sprague GF 1952. *Agronomy Journal* 44: 462-466). Los objetivos de este estudio fueron: 1) identificar un grupo de líneas elite mediante su comportamiento *per se* para rendimiento y características agronómicas; y 2) cuantificar los niveles de lisina y triptófano en grano entero como una forma de monitorear la calidad de proteína contenida en cada una de las líneas.

MATERIALES Y MÉTODOS

El trabajo se realizó en el Campo Cotaxtla del INIFAP, perteneciente al municipio de Medellín de Bravo, en la zona centro del estado de Veracruz, localizado geográficamente (18° 56' LN, 96° 11' LO y 15 msnm); caracterizado por un clima AW1 (w) y precipitación media anual menor a 1400 mm distribuidos de junio a noviembre y una época seca que comprende de diciembre a mayo (García E 1981. Instituto de Geografía. Universidad Nacional Autónoma de México 25-45).

El material genético utilizado estuvo constituido por 32 líneas de maíz, provenientes de varias fuentes de germoplasma y con diferente origen en su formación (Tabla 1). El establecimiento del ensayo durante el ciclo agrícola 2008, coincidió con el inicio de la temporada de lluvias. Los genotipos se distribuyeron en un diseño alfa látice (4 * 8) con dos repeticiones. La unidad experimental fue de un surco de 5 m de largo y 0.80 m de ancho. La siembra se hizo a "tapa pie", que es la forma tradicional en la región. Se depositaron tres semillas por golpe cada 0.20 m para aclarar a dos plantas (62 500 plantas ha⁻¹). Se fertilizó con la fórmula 161-46-00 (N, P, K), la fuente de nitrógeno fue urea y la de fósforo superfosfato de calcio triple. A los 10 d después de la siembra (dds) se aplicó todo el fósforo y la mitad del nitrógeno; el resto del nitrógeno se

Tabla 1. Fuente de origen y genealogía de 32 líneas endogámicas de maíz. Ciclo primavera - verano 2008.
Table 1. Source of origin and genealogy of 32 inbred lines of maize. Spring-Summer season of 2008.

No.	Línea	Genealogía	Parcela	Origen
1	LRB-14	(LRB-14xCML-144)LRB-14RC2-1-1	352	COT-2008A
2	CABG	(CABGxCML-144)CABGRC2-1-3	943	COT-2008A
3	LT-154	(LT-154xCML-144)F2xLT-154RC2-1-2	947	COT-2008A
4	LT-155	(LT-155xCML-144)F2xLT-155RC2-1-1	948	COT-2008A
5	LT-155	(LT-155xCML-144)F2xLT-155RC2-1-1	378	COT-2008A
6	VS-536	(VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1	952	COT-2008A
7	VS-536	(VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1	953	COT-2008A
8	VS-536	(VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1	959	COT-2008A
9	VS-536	(VS-536xV-537C)VS-536RC2-1-1	960	COT-2008A
10	CABG	(CABGxCML-144)CABGRC2-1-1	425	COT-2008A
11	D-539	(D-539xCML-144)F2xD-539RC2-1-1	988	COT-2008A
12	CML-273Q	CML-273Q	296	COT-2007B
13	CML-264Q	CML-264Q	997	COT-2008A
14	CML-159	CML-159	998	COT-2008A
15	CML-491	CML-491	999	COT-2008A
16	CML-150	CML-150	1000	COT-2008A
17	V-537C	FAM. V-537C-1-2	941	COT-2008A
18	V-537C	FAM. V-537C-1-2	942	COT-2008A
19	V-537C	FAM. V-537C	974	COT-2008A
20	V-537C	FAM. V-537C	985	COT-2008A
21	LT-154 (normal)	LT-154	284	COT-2008A
22	LT-155 (normal)	LT-155	289	COT-2008A
23	LT-156 (normal)	LT-156	290	COT-2008A
24	LT-157(normal)	LT-157	291	COT-2008A
25	CML-176	CML-176	302	COT-2008A
26	CML-144	CML-144	287	COT-2008A
27	CML-159	CML-159	303	COT-2008A
28	CML-491	CML-491	304	COT-2008A
29	RCWQ-50	RCWQ-50	301	COT-2008A
30	CML-142	CML-142	308	COT-2008A
31	CLRY-015	CLRY-015	818	COT-2008A
32	CLRY-017	CLRY-017	819	COT-2008A

aplicó a los 30 dds. Los caracteres evaluados para cada genotipo fueron: días a floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca, aspecto y sanidad de planta y mazorca, calificados en una escala de 1 a 5, donde 1 es la mejor expresión, plantas vigorosas y sanas, mazorcas bien formadas y sin pudrición, 5 es para las plantas y mazorcas enfermas y mal formadas, porcentaje de acame, porcentaje de mala cobertura de mazorca, porcentaje de plantas con la enfermedad de achaparramiento, porcentaje de mazorcas podridas. El rendimiento de grano se obtuvo en $t\ ha^{-1}$, ajustado al 12 % de humedad. Los datos se analizaron bajo el diseño experimental de bloques completos al azar. Las comparaciones

de medias se realizaron con la prueba de Tukey ($p = 0.05$). El análisis estadístico se realizó con el programa SAS versión 9.0 (SAS Institute Inc. 1990. SAS Users' guide: Statistics, Version 9.0 Cary, NC. SAS Institute, Inc.). Como una forma de monitorear la calidad de proteína contenida en cada una de las líneas, durante el ciclo otoño-invierno 2008/09 se integraron cinco sintéticos con el grupo de líneas incluidas en este ensayo. Se tomó esta decisión debido al costo y el tiempo requerido para el análisis, y así poder observar el avance de conversión de líneas normales a ACP. Las pruebas se realizaron durante el mes de noviembre de 2008 en el Laboratorio de Calidad de Maíz del INIFAP. Se molieron

25 semillas por cada muestra de maíz, la harina obtenida se sometió a un proceso de desengrasado y se pusieron a peso constante. La cuantificación de lisina se determinó por colorimetría; el cual se basa en la reacción del 2-cloro-3, 5-dinitropiridina. La cuantificación de triptófano se basó en la reacción del ácido glioxílico (Galicia L, Nurit E, Rosales A, Palacios-Rojas N 2009. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT). México, D. F. 42).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Calidad proteínica en las líneas

En la Figura 1, se observan los valores de lisina y triptófano en muestras de grano entero, como promedio del análisis de cinco sintéticos formados con líneas convertidas al carácter de alta calidad de proteína. Se observó un incremento significativo de hasta un 38 % más lisina y un 58 % más triptófano con respecto al testigo (Tuxpeño con endospermo normal). Lo anterior indica que se ha logrado avanzar durante el proceso de conversión de líneas normales a ACP y que la determinación de estos aminoácidos indica la presencia del gene ($\alpha 2$) en el grupo de líneas. Sin embargo, la calidad proteínica dado por estos aminoácidos estará sujeta al genotipo, ambiente y manejo agronómico de las líneas (Ortega CA, Cota AO, Vasal SK, Villegas EM, Córdova OH, Barreras SMA, Wong PJJ, Reyes MCA, Preciado ORE, Terrón IA, Espinosa CA 2001. Folleto Técnico No. 41. INIFAP. Centro de Investigación Regional del Noroeste. Campo Experimental Valle del Yaqui. Cd. Obregón, Sonora. 44 p). De acuerdo con Mittelmann *et al.* (Mittelmann A, Miranda JB, Monteiro LGJM, Hara KC, Takao TR 2003. Science Agricultural 60: 319-327), los factores ambientales que más afectan el contenido de proteína en maíz son la temperatura y la disponibilidad de agua y nitrógeno en el suelo.

Rendimiento de grano y características agronómicas

En los cuadrados medios del análisis de varianza (Tabla 2) se observó que hubo diferencias significativas entre líneas ($p \leq 0.01$) para el 77 %

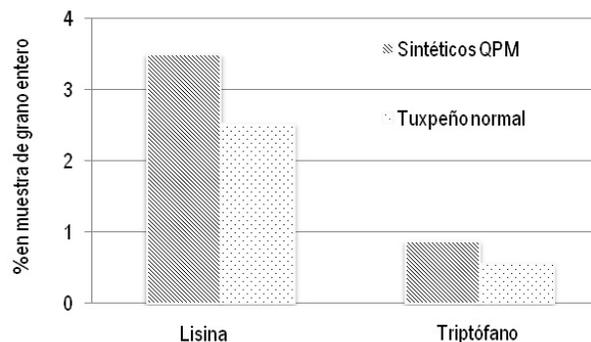


Figura 1. Niveles de lisina y triptófano en grano entero de maíz normal y $\alpha 2$ (ACP).

Figure 1. Lysine and tryptophan levels in whole grains of normal and HPQ maize.

de las variables evaluadas. La alta significancia entre líneas reflejó la variabilidad y diversidad genética existente, quedando demostrado que hay suficiente variabilidad genética para seleccionar un número adecuado de líneas, con las que se puede iniciar un programa de mejoramiento genético.

Al considerar varias formas de uso para su aprovechamiento (Castillo GF 1993. Revista de la Academia de la Investigación Científica. Méx. No. Especial, pp: 69-79) señala que la variabilidad genética se puede estudiar para determinar la dirección de su aprovechamiento, y así lograr un mejor uso de los genotipos. Las líneas sobresalientes en rendimiento en el análisis de varianza fueron: VS-536-960, VS-536-959, LT-157-291 (normal), con rendimientos experimentales de 4.7, 4.5, 4.5 t ha⁻¹, respectivamente (Tabla 3). Es conveniente resaltar que dos de las líneas provenientes del grupo de líneas recicladas de VS-536xV-537C además de presentar alto rendimiento, presentaron los mejores valores en aspecto y sanidad de planta y mazorca, mayor susceptibilidad a la pudrición de la mazorca, menor incidencia por acame, bajos valores de mazorcas con mala cobertura y menor daño por la enfermedad conocida como achaparramiento, lo que indica que son arquetipos con posibilidades para la formación de híbridos. De lo anterior, se puede deducir que estas líneas tienen alto potencial para formar híbridos con alta heterosis o vigor híbrido. Sin embargo, Vasal *et al.* (Vasal KS, Srinivasan G, Pandey S, Córdova HS, Han GC, González CF 1992. Maydica 37: 259-270) encontraron que en las cruas entre lí-

Table 2. Cuadrados medios del análisis de varianza para 13 características agronómicas en líneas endogámicas de maíz. Ciclo primavera-verano 2008.
Table 2. Analysis of variance mean squares for 13 agronomic traits in inbred lines of maize. Spring-Summer season of 2008.

F.V.	RG [†] t ha ⁻¹	Altura		Floración		Aspecto		Sanidad		% aca ^{§§§}	% cob ^{αα}	% pod ^{†††}	% acha ^{¶¶¶}
		mz [§]	m ^β	f ^α	pl ^{††}	mz ^{¶¶}	pl ^{§§}	mz ^{ββ}	mz ^{ββ}				
Líneas	01.3**	694.2**	373.1**	012.8**	15.2**	00.4**	01.1**	00.4**	00.7**	46.5**	02.1 NS	5.8 NS	03.6 NS
Error	00.4	140.7	099.3	000.3	00.5	00.2	00.2	00.2	00.2	02.0	01.6	03.6	02.5
CV	18.4	007.2	012.0	001.0	01.2	18.5	18.4	18.6	18.8	53.1	66.5	53.9	53.5
PROM	03.1	056.0	057.0	164.0	83.0	2.2	02.5	02.2	02.3	01.9	03.5	03	02.6

(FV = Fuentes de variación, CV = Coeficiente de variación, PROM = valores medios, † = Rendimiento de grano, ¶ = Altura de planta, § = Altura de mazorca, β = Dias a floración masculina, α = Dias a floración femenina, †† = Aspecto de planta, ¶¶ = Aspecto de mazorca, §§ = Sanidad en planta, ββ = Sanidad en mazorca, αα = % de cobertura, ††† = % de plantas con achaparramiento, §§§ = % de acame, * = (p ≤ 0.05), ** = (p ≤ 0.01), NS: no significativo).

Table 3. Rendimiento per se y características agronómicas de líneas de maíz normal y convertidas a alta calidad de proteína (ACP).
Table 3. Per se yield and agronomic traits of normal and high protein quality (HPQ) inbred lines of maize. Spring-Summer season of 2008.

No	RG [†] t ha ⁻¹	Floración m ^β	f ^α	Altura mz [§]	Aspecto pl ^{††} mz ^{¶¶}	Sanidad pl ^{§§§} mz ^{ββ}	% aca ^{§§§§}	% cob ^{αα}	% pod ^{†††}	% acha ^{¶¶¶}			
1	2.8ab	59a	60ab	165abcde	98abc	1.8ab	2.8abcd	1.8a	2.8abc	4.3ab	3.1a	5.2a	1.0a
2	3.2ab	55defg	55efgh	168abcde	93abc	1.5ab	2.0cd	1.5a	2.0bc	1.7b	1.0a	1.6a	2.4a
3	2.5ab	52hi	53hi	175abcde	103ab	2.5ab	3.0abcd	2.0a	2.0bc	8.6a	1.7a	2.9a	3.2a
4	4.3ab	54fgh	54fghi	158abcde	73abc	2.0ab	2.0cd	1.8a	2.0bc	6.1ab	2.3a	3.3a	1.6a
5	2.7ab	54ghi	54ghi	155abcde	75abc	2.5ab	2.0cd	2.0a	2.0bc	4.0ab	2.3a	2.7a	2.0a
6	4.2ab	56cdefg	56efg	175abcde	105ab	2.0ab	1.5d	2.0a	1.5c	2.6b	2.5a	2.7a	3.5a
7	3.8ab	54fgh	54fghi	195a	108a	1.8ab	2.0cd	2.0a	2.0bc	2.7b	1.5a	3.4a	2.7a
8	4.5a	54fgh	54fghi	188abc	108a	1.5ab	1.5d	1.5a	1.5c	2.6b	1.0a	2.2a	2.0a
9	4.7a	54fgh	54fghi	155abcde	88abc	1.5ab	1.5d	1.8a	1.5c	6.7ab	1.0a	3.3a	1.7a
10	2.9ab	57bcde	57cdef	153abcde	80abc	2.3ab	2.8abcd	2.0a	2.8abc	1.7b	1.6a	4.3a	4.5a
11	2.9ab	54fgh	54fghi	135de	75abc	2.0ab	2.3bcd	1.8a	2.5abc	2.6b	1.8a	3.8a	2.3a
12	1.6b	59a	59abc	145bcde	65bc	3.0a	4.5a	3.0a	3.5ab	1.0b	1.0a	5.2a	1.7a
13	3.3ab	56cdef	56defg	193ab	98abc	1.3b	3.0abcd	1.5a	3.3abc	4.4ab	3.7a	9.4a	4.7a
14	2.5ab	59a	60a	183abcd	93abc	2.5ab	2.8abcd	2.3a	2.3abc	1.7b	2.5a	1.8a	3.9a
15	2.3ab	59a	60a	145bcde	85abc	2.3ab	2.3bcd	2.8a	2.3abc	1.7b	2.4a	1.7a	2.3a
16	2.1ab	58abc	58abcde	165abcde	58c	2.8ab	4.0ab	2.8a	4.0a	3.5ab	4.7a	7.4a	1.0a
17	2.6ab	55efg	55efgh	130e	65bc	2.8ab	3.8abc	3.0a	3.3abc	1.0b	1.0a	4.9a	3.4a
18	2.6ab	54ghi	54ghi	160abcde	68abc	2.3ab	2.5bcd	2.5a	2.8abc	1.7b	3.1a	3.9a	6.2a
19	3.7ab	57bcde	57cdef	193ab	98abc	2.3ab	2.5bcd	2.3a	2.5abc	1.0b	3.2a	2.0a	2.5a
20	3.2ab	52i	53hi	155abcde	70abc	2.3ab	2.0cd	2.0a	2.0bc	1.7b	2.8a	2.4a	1.0a
21	3.0ab	59a	60a	150abcde	88abc	2.5ab	2.0cd	2.8a	2.0bc	1.0b	1.0a	3.9a	4.5a
22	4.3ab	52hi	52i	195a	85abc	2.3ab	1.5d	2.0a	2.0bc	2.5b	1.6a	3.1a	3.7a
23	2.8ab	59a	59abc	169abcde	83abc	2.0ab	2.3bcd	2.0a	2.5abc	2.2b	1.8a	3.4a	4.7a
24	4.5a	54fgh	54fghi	190abc	78abc	1.8ab	2.5bcd	2.0a	2.8abc	3.2ab	3.9a	3.7a	5.0a
25	3.5ab	57abcd	57bcde	183abcd	98abc	1.3b	2.8abcd	1.5a	2.5abc	3.2ab	1.0a	2.0a	4.3a
26	2.9ab	59a	60ab	145bcde	80abc	2.8ab	3.0abcd	2.5a	2.0bc	1.0b	1.0a	4.1a	1.0a
27	1.6b	59a	60a	170abcde	73abc	2.5ab	3.0abcd	2.5a	3.0abc	2.7b	2.1a	4.5a	3.4a
28	2.5ab	59a	60a	145bcde	83abc	2.5ab	2.8abcd	2.5a	2.3abc	1.0b	1.0a	5.3a	3.4a
29	2.2ab	59a	60a	143cde	60c	2.5ab	3.0abcd	2.0a	2.3abc	1.0b	1.0a	2.2a	1.7a
30	3.1ab	56cdefg	56efg	178abcde	83abc	2.0ab	1.5d	2.0a	1.5c	2.0b	1.0a	2.4a	2.9a
31	2.8ab	58ab	59abcd	155abcde	80abc	2.5ab	3.3abcd	2.8a	2.0bc	2.7b	1.0a	1.7a	2.8a
32	3.5ab	59a	60a	150abcde	80abc	2.5ab	3.3abcd	2.5a	2.0bc	1.0b	1.0a	2.1a	3.6a
Prom.	3.1	56	57	164	83	2.2	2.5	2.2	2.3	1.9	3.5	3	2.6

Ciclo primavera-verano 2008. (No= Número de línea, PROM= valores medios, † = Rendimiento de grano, ¶ = Altura de planta, § = Altura de mazorca, β = Días a floración masculina, α = Días a floración femenina, †† = Aspecto de planta, ¶¶ = Aspecto de mazorca, §§ = Sanidad en mazorca, ββ = Sanidad en mazorca, oo = % de cobertura, ††† = % de mazorcas podridas, ¶¶¶ = % de acame. Medias con letras iguales no son estadísticamente diferentes (Tukey, p = 0.01)).

neas emparentadas los rendimientos fueron los más bajos. Empero, estudios realizados por (Han GC, Vasal SK, Beck DL, Elias E 1991. *Maydica* 36: 57-67) reportaron que las cruas formadas con líneas de diferente origen no superaron de manera significativa el rendimiento de las cruas formadas con líneas emparentadas. <CML-273Q> y CML-159 fueron las únicas líneas que expresaron bajo rendimiento de grano *per se*. Lo anterior puede deberse a que provienen de germoplasma desarrollado y mejorado en localidades tropicales diferentes al que fueron evaluados. Sin embargo, estas características son comunes asociadas a líneas endogámicas. Los coeficientes de variación presentan valores que demuestran confiabilidad en los resultados; sin embargo, existen variables que presentaron valores arriba del 50 %, lo que indica que son caracteres inestables en su comportamiento con respecto a su promedio.

La selección *per se* puede ser utilizada previo a la prueba de ACG, tratando de seleccionar líneas tempranas con características agronómicas deseables, que permitan su manejo rentable durante la producción de semilla de híbridos de cruas simples. Por ello, al iniciar un programa de formación de híbridos o sintéticos con este grupo sobresaliente, se esperaría un buen comportamiento al combinar estos progenitores, dado por el efecto heterótico de cruzar progenitores de alta divergencia genética, como lo indican Sierra et al. (Sierra

MM, Palafox CA, Espinosa CA, Caballero HF, Rodríguez MF, Barrón FS, Valdivia BR 2005. *Agronomía Mesoamericana* 16: 13-18). Sierra et al. (Sierra MM, Palafox CA, Espinosa CA, Caballero HF, Rodríguez MF, Barrón FS, Valdivia BR 2005. *Agronomía Mesoamericana* 16: 13-18), al estudiar un grupo de líneas y sus probadores, derivadas de un Compuesto de Amplia Base Genética (CABG) y líneas provenientes del CIMMYT demostraron que existe divergencia genética entre los diferentes grupos de líneas evaluados y que al encontrar líneas que registren buen comportamiento *per se*, permite una mejor expectativa de uso por las ventajas que ofrece desde el punto de vista de su producción de semilla. Benítez et al. (Benítez RI 1997. *Revista Fitotecnia Mexicana* 20: 29-43) menciona que cuando se realiza la formación de híbridos de cruas simple, la selección de líneas *per se* es un proceso importante en programas de hibridación y en la formación de variedades sintéticas. Se encontró una amplia variación genética en las líneas en estudio, con base en sus características agronómicas y de calidad proteínica, factible de usarse en esquemas para la formación de híbridos de alta calidad proteínica, por lo tanto, será una buena opción para mejorar el nivel nutricional de los habitantes de zonas marginales de México.