

Aptitud combinatoria general y específica de maíces normales y de alta calidad de proteína*

General and specific combinatory adequacy of regular and high-quality protein maices

Margarito Manjarrez Salgado¹, Francisco Palemón Alberto^{1§}, Noel Orlando Gómez Montiel², Alejandro Espinosa Calderón³, Sergio A. Rodríguez Herrera⁴, Agustín Damián Nava¹, Elías Hernández Castro¹ y Blas Cruz Lagunas¹

¹Unidad Académica de Ciencias Agropecuarias y Ambientales- Universidad Autónoma de Guerrero. Periférico Poniente S/N. Colonia Villa de Guadalupe. (alpaf75@hotmail.com). Carretera Iguala-Tuxpan, km 2.5 Iguala, Guerrero. C. P. 40000. Tel-fax. 01 (733) 33 3 47 76 y 110 15 36. ²Campo Experimental Iguala- INIFAP. Programa de maíz. Iguala, Guerrero. Tel-fax. 01 (733) 33 2 10 56. ³Campo Experimental Valle de México- INIFAP. Programa de Maíz. A. P. No. 20 Chapingo, Estado de México C. P. 56230. ⁴Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro- Departamento de fitomejoramiento. Buenavista, Saltillo, Coahuila. C. P. 25315. Tel-fax. 01 (844) 4 11 02 28. [§]Autor para correspondencia: alpaf75@hotmail.com.

Resumen

Los caracteres agronómicos y sus componentes genéticos son indicadores de la calidad de semillas; además, son factores importantes para estudiar las características del germoplasma en un programa de mejoramiento. Se analizaron los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) y el tipo de acción génica de caracteres agronómicos de la semilla de maíz (*Zea mays* L.) normal y de alta calidad de proteína. El material genético consistió de 10 líneas endogámicas de maíz: cuatro de grano normal y seis de alta calidad de proteína. Se analizaron las variables: días a floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca, calificación de planta y mazorca, y rendimiento de grano. Los resultados mostraron variación significativa entre genotipos ($p \leq 0.01$) en los efectos de ACG y ACE para todas las variables agronómicas. Se identificaron líneas como: T-44, B-41, LT-155, T-45 y CML-144 C, con valores mayores de ACG, siendo 0.6379, 0.4592, 0.3286, 0.2945 y 0.3382 t ha⁻¹, respectivamente, para rendimiento de grano. Además, se identificaron materiales sobresalientes con base a su ACE las cruzas 4 * 8 (B-41 * CML-144), 1 * 5 (T-45 * CLQ-6203), y 2 * 7 (T-44 * CML-142), con valores estimados de ACE para rendimiento de grano de

Abstract

Agronomic traits and genetic components are indicators of quality; additional factors are important to study the traits of germplasm in a breeding program. The effects of general (GCA) and specific (SCA) combining adequacy and the type of gene action for agronomic traits of regular maize (*Zea mays* L.) seeds and high-quality protein were analysed. The genetic material consisted of 10 maize inbred lines: four of regular grain and six high-quality protein. The variables analysed were: days to male and female flowering, plant and ear height, plant and ear score, and grain yield. The results showed significant variation among genotypes ($p \leq 0.01$) on the effects of GCA and SCA for all agronomic variables. Lines were identified as: T-44, B-41, LT-155, T-45 and CML-144 C, with higher values of GCA, being 0.6379, 0.4592, 0.3286, 0.2945 and 0.3382 t ha⁻¹, respectively, for grain yield. Furthermore, outstanding materials based on its identified SCA crosses 4 * 8 (B-41 * CML-144), 1 * 5 (T-45 * CLQ-6203), and 2 * 7 (T-44 * CML-142), with SCA estimated values for grain yield of 1.0875, 0.9544 and 0.7591 t ha⁻¹, respectively. The type of additive gene action was the predominant in agronomic characters.

1.0875, 0.9544 y 0.7591 t ha⁻¹, respectivamente. El tipo de acción génica aditiva fue la que predominó en los caracteres agronómicos.

Palabras clave: *Zea mays* L., aptitud combinatoria general y específica, características agronómicas, grano normal y alta calidad de proteína.

El maíz (*Zea mays* L.) es el grano de mayor importancia para México, considerando que uno sólo de sus derivados, la tortilla, es el alimento más importante en nuestro país. Por ello, en su mejoramiento genético es importante el conocimiento del tipo de acción génica que controla los caracteres agronómicos y los de calidad alimenticia del grano. Con relación a la hibridación en maíz, Sprague y Tatum (1942) propusieron el método de cruza dialélicas y los conceptos de aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE).

Entre los métodos existentes para estudiar las cualidades de un conjunto de progenitores se encuentran los cuatro diseños dialélicos propuestos por Griffing (1956), que permiten identificar las combinaciones y los individuos superiores, donde el término ACG significa la capacidad que tiene un individuo o una población de combinarse con otros, medida a través de su progenie (Márquez 1988).

Sin embargo, en una población, la aptitud combinatoria debe determinarse en varios individuos con el objeto de seleccionar progenitores con aceptable aptitud combinatoria. Adicionalmente, es importante definir que la aptitud combinatoria general (ACG) explica la proporción de la varianza genotípica debida a los efectos aditivos de los genes, mientras que la aptitud combinatoria específica (ACE) explica la proporción de la varianza genotípica que se debe a las desviaciones de dominancia (Gutiérrez *et al.*, 2002).

Por otra parte, se ha señalado que en las áreas rurales el maíz como alimento aporta de 39 a 50% de proteínas y de 60 a 70% de calorías (Villegas, 1972). Sin embargo, los maíces de alta calidad de proteína (ACP) son una alternativa para mejorar la dieta alimenticia de los mexicanos principalmente en niños, ya que tienen un mayor porcentaje de lisina y triptófano en el grano, en comparación con los maíces de endospermo normal (Núñez *et al.*, 2001). La proteína en maíz normal es pobre en lisina y triptófano, aminoácidos esenciales para un buen desarrollo físico y mental del hombre; de esta manera, se considera de suma importancia el descubrimiento del gene opaco (O₂), rico en estos aminoácidos, que al incorporarse

Keywords: *Zea mays* L., agronomic traits, general and specific combining adequacy, regular grain and high-quality protein.

Introduction

Maize (*Zea mays* L.) is the most important grain for Mexico, considering that only one of its derivatives, the tortilla is the most important food in our country. Therefore, in their genetic improvement is important to know the type of gene action controlling agronomic traits and grain quality of food. Regarding maize hybridization, Sprague and Tatum (1942) proposed the method of diallel crosses and concepts of general (GCA) and specific (SCA) combining adequacy.

Among the methods for studying the attributes of a set of progenitors are the four diallel designs proposed by Griffing (1956), which identify the combinations and the superior elements, where the term GCA means the adequacy of an individual or population combined with other measured through its progeny (Márquez, 1988).

However, in a population, the combining adequacy must be determined by several individuals in order to select progenitors with acceptable combining adequacy. Additionally, it is important to define that, the general combining adequacy (GCA) indicates the proportion of genotypic variance due to the additive effects of the gene, while the specific combining adequacy (SCA) indicates the proportion of the phenotypic variance that is due to the dominance deviations (Gutiérrez *et al.*, 2002).

On the other hand, it has been noted that in rural areas, maize as food provides about 39-50% protein and 60-70% of calories (Villegas, 1972). However, high-quality maize protein (ACP) are an alternative to improve the diet of Mexican children mainly because they have a higher percentage of lysine and tryptophan in the grain, compared to regular endosperm maize (Núñez *et al.*, 2001). The protein in regular maize is low in lysine and tryptophan, amino acids essential for good physical and mental development; in this manner, it is considered extremely important discovery of opaque gene (O₂) rich in these amino acids, which when incorporated with modifier genes grain endosperm to regular maize have led to the high-quality maize protein (Vasal, 1994).

junto con los genes modificadores del endospermo del grano a un maíz normal, han dado lugar a los maíces de alta calidad de proteína (Vasal, 1994).

Vivek *et al.* (2008) señalan que varias mutaciones naturales de los genes del maíz que confieren mayores niveles de lisina y triptófano fueron identificadas en las décadas de 1960 y 1970, a saber, el opaco-2 (o2), harinoso-2 (fl2), opaco-7 (o7), opaco-6 (o6) y harinoso-3 (fl3). De éstas, se encontró que la mutación o2, originalmente identificada en un campo de maíz en el estado de Connecticut, en Estados Unidos (Vietmeyer, 2000), era la más apta para ser utilizada en la manipulación genética por los programas de mejoramiento dirigidos a generar maíz con altos niveles de lisina y triptófano. Se demostró que el maíz homocigótico de la mutación o2 (recesiva) tenía un contenido considerablemente mayor de lisina y triptófano que el maíz que era heterocigótico (O2o2) u homocigótico dominante (O2O2) en el locus opaco-2 (Crow y Kermicle, 2002). Bressani (1992) demostró que una mayor concentración de estos dos aminoácidos en el endospermo del grano puede duplicar el valor biológico de la proteína del maíz.

El gen O₂ en condición homocigótica incrementa la cantidad en estos aminoácidos en las diferentes fracciones del endospermo del maíz, cuyo principal efecto radica en la reducción de la cantidad de zeína y aumentan la proporción de otras proteínas, como globulinas y glutelinas (Jiménez, 1966). Por otra parte, los alimentos que contienen proteína son esenciales para que los niños crezcan rápidamente (Millward y Rivers, 1989). Por lo que es indispensable contar con variedades de maíz con un mejor perfil proteínico para comunidades con una fuerte dependencia del maíz como alimento básico.

El mejoramiento genético es generar variedades e híbridos que tengan un alto potencial de rendimiento y características agronómicas deseables para el agricultor y el consumidor final. Pero también es necesario producir semillas de alta calidad en donde se involucren componentes nutritivos, genéticos, físicos, fisiológicos y sanitarios. Dada la importancia que tiene el conocimiento de estas características para los mejoradores, es importante conocer la variación genética de los diferentes caracteres agronómicos al iniciar cualquier programa de mejoramiento genético, ya que la respuesta a la selección depende de la heredabilidad y de la presión de selección entre materiales (Chávez, 1995). Es así que esta investigación tiene como objetivos, conocer la aptitud combinatoria general y específica de progenitores de

Vivek *et al.* (2008) noted that several natural mutations in maize genes that confer higher levels of lysine and tryptophan were identified in the 1960's and 1970s, namely the opaque-2 (o2), floury-2 (fl2), opaque -7 (o7), opaque-6 (o6) and floury-3 (fl3). Of these, it was found that o2 mutation, originally identified in a maize field in the state of Connecticut, in the United States (Vietmeyer, 2000), was the most suitable for use in genetic manipulation for breeding programs aimed to generate high levelled maize of lysine and tryptophan. It was demonstrated that, the mutation homozygous o2 maize (recession) had a significantly higher lysine content than maize tryptophan, heterozygous (O2o2) or homozygous dominant (O2O2) in the opaque-2 locus (Kermicle and Crow, 2002). Bressani (1992) showed that a higher concentration of these two amino acids in the endosperm of the grain could duplicate the biological value of maize protein.

The O₂ gene in homozygous condition, increases the amount of these amino acids in the various fractions in maize endosperm, the main effect is in reducing the amount of zein and increase the proportion of other proteins such as globulins and glutelins (Jimenez, 1966). Furthermore, foods containing protein are essential for children to grow rapidly (Millward and Rivers, 1989). For this reason, it is essential to have maize varieties with improved protein profile for communities with a strong dependence on maize as a staple food.

Genetic improvement is generating varieties and hybrids that have high yield potential and desirable agronomic traits for the farmer and the consumer. But, it is also necessary to produce high-quality seed where nutritional, genetic, physical, physiological and sanitary components are actually involved. Given the importance of the knowledge of these features for breeders, it is important to know the genetic variation of different agronomic traits when starting any breeding program, since the response to selection depends on the Heritability and selection pressure between materials (Chávez, 1995). Considering all of this, this research aims to meet the general and specific combining adequacy of progenitors of regular and high-quality protein maize, and identify the type of gene action in several important agronomic traits of the seed.

Materials and methods

The research was conducted in two cycles of evaluation, in 2008 and 2009 (cycle spring - summer), in the grounds of the Experimental Field of Iguala in Guerrero, of the National

maíz normales y de alta calidad de proteína e identificar el tipo de acción génica más importante en varias características agronómicas de la semilla.

Materiales y métodos

El trabajo de investigación se llevó a cabo en dos ciclos de evaluación, en 2008 y 2009 (ciclo primavera - verano), en los terrenos del Campo Experimental de Iguala, en Guerrero, del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), ubicado geográficamente entre el paralelo 17° 52' 54" latitud norte y meridiano 98° 45' 25" longitud oeste; a una altitud de 780 m, con temperatura media anual de 27.5 °C y precipitación anual de 977 mm (García, 1973).

El material genético que se utilizó para ambos ciclos de evaluación fueron 10 líneas de maíz con 98% de endogamia y son de raza tuxpeño, mismas que fueron utilizadas como progenitores: cuatro genotipos de grano normal del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP): 1) T-45; 2) T-44; 3) LT-155; y 4) B-41, y seis líneas de alto contenido proteínico generadas en el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT): las líneas 141, 142 y 144 provienen de la población 62; mientras que CML 150 de la población 24 y CML 176 de la población 63 y la línea CLQ 6203 no se ha registrado con un número convencional, pero estos materiales fueron generadas en CIMMYT.

La evaluación del ciclo agrícola P.V. 2002 y 2003, se hizo bajo un diseño experimental látice triple 7 * 7, e incluyó las 45 cruza directas posibles entre las cuatro líneas de grano normal (N) y las seis de alto contenido proteínico (C), que generaron 6 NN, 24 NC y 15 CC, más cuatro testigos regionales; la unidad experimental fue de cuatro surcos de 6 m de largo y 80 cm de ancho, para cosechar como parcela útil los dos surcos centrales de 5 m de largo con 22 plantas cada uno, en una superficie de 8 m². Se fertilizó con la fórmula 120N-60P-00K; el control de maleza y plagas se hizo de acuerdo con las recomendaciones del INIFAP (Gómez *et al.*, 1995). La cosecha de la parcela útil se realizó a los 125 d después de la siembra, cuando la semilla tenía 18% de humedad; la semilla se ajustó a 12% de humedad, y el rendimiento por parcela se transformó a t ha⁻¹.

Research Institute of Forestry, Agriculture and Livestock (INIFAP), located between the latitude 17° 52' 54" North, and longitude 98 ° 45' 25" west; at an elevation of 780 m, with an average annual temperature of 27.5 °C and annual rainfall of 977 mm (García, 1973).

The genetic material used for both evaluation cycles were 10 lines of maize with 98% of inbreeding and Tuxpeño rSCA, same that were used as progenitors: four genotypes of regular grain of the National Research Institute of Forestry, Agriculture and Livestock (INIFAP): 1) T-45; 2) T-44; 3) TL-155; and 4) B-41, and six lines of high protein generated in the International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), lines 141, 142 and 144 are from population 62; while the population 150 CML and CML 176 24 population 63 and CLQ line 6203 is not registered with a conventional number, but these materials were generated at CIMMYT.

The evaluation of the agricultural cycle PV 2002 and 2003, was made under an experimental triple lattice design 7 * 7, and included 45 potential direct crosses between the four lines of regular grain (N) and six high protein content (C), that generated six NN, CC 24 NC and 15, plus four regional controls; the experimental unit had four rows of 6 m long and 80 cm wide, to harvest the useful plot the two central rows of 5 m long with 22 plants each, in an area of 8 m². Fertilized with the formula 120N-60P-00K; weeds and pests control was done according to the recommendations of INIFAP (Gómez *et al.*, 1995). The harvest of useful plot was performed at 125 d after sowing when the seed was 18% humidity; seed was adjusted to 12% moisture, and yield per plot was transformed at ha⁻¹.

Besides grain yield, information regarding days to male and female flowering (DFF; DFM) was obtained, plant height (AP), ear height (AM), visual classification of plant (CP) and ear (CM). Analysis of variance was performed on the model of experimental design randomized complete block design with three replications, considering only the direct crosses F1. Diallel crosses were analysed in combination through two years under the IV method of Griffing (1956). The additive linear model was as follows:

$$Y_{ijkl} = \mu + a_i + \beta_{j(i)} + g_k + g_l + s_{kl} + ag_{ik} + ag_{il} + as_{ikl} + \epsilon_{ijkl}$$

Además del rendimiento de grano, se obtuvo información de días a floración masculina y femenina (DFM; DFF), altura de planta (AP), altura de mazorca (AM), calificación visual de planta (CP) y de mazorca (CM). El análisis de varianza se realizó bajo el modelo del diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones, considerando solamente las cruzas directas F_1 . Las cruzas dialélicas se analizaron en forma combinada a través de dos años bajo el método IV de Griffing (1956). El modelo lineal aditivo fue el siguiente:

$$Y_{ijkl} = \mu + a_i + \beta_{j(i)} + g_k + g_l + s_{kl} + ag_{ik} + ag_{il} + as_{ikl} + \epsilon_{ijkl}$$

Donde: Y_{ijkl} = observación total; μ = efecto de la media general; a_i = efecto del i -ésimo año; $\beta_{j(i)}$ = efecto de j -ésimo bloque dentro del i -ésimo año; g_k = efecto de la aptitud combinatoria general del padre k ; g_l = efecto de la aptitud combinatoria general del padre l ; s_{kl} = efecto de la aptitud combinatoria específica de los padres k y l ; ag_{ik} = efecto de la interacción entre el i -ésimo año y la aptitud combinatoria general del padre k ; ag_{il} = efecto de la interacción entre el i -ésimo año y la aptitud combinatoria general del padre l ; as_{ikl} = efecto de la interacción entre el i -ésimo año y la aptitud combinatoria específica de los padres k y l ; ϵ_{ijkl} = efecto del error experimental.

Se realizó un análisis de varianza incluyendo los efectos genéticos del diseño dialélico, método IV de Griffing (1956), donde se muestra que la columna esperanza de cuadrados medios (ECM) presenta las funciones lineales de los componentes de varianza, para cada fuente de variación pertinente al diseño genético.

Cuadro 1. Estructura del análisis de varianza combinado.
Table 1. Structure combined analysis of variance.

Fuente de variación	Grados de libertad	CM	Error del cuadrado medio
Años	$a-1$		
Rep/años	$(r-1)a$		
Híbridos	$n-1$		
ACG	$p-1$	M6	$\sigma_e^2 + r\sigma_{ACE \times a}^2 + r(p-2)\sigma_{ACG \times a}^2 + r\sigma_{ACE}^2 + ra(p-2)\sigma_{ACG}^2$
ACE	$p(p-3)/2$	M5	$\sigma_e^2 + r\sigma_{ACE \times a}^2 + r\sigma_{ACE}^2$
Híbridos x años	$(n-1)(a-1)$		
ACG x años	$(p-1)(a-1)$	M3	$\sigma_e^2 + r\sigma_{ACE \times a}^2 + r(p-2)\sigma_{ACG \times a}^2$
ACE x años	$p(p-3)(a-1)/2$	M2	$\sigma_e^2 + r\sigma_{ACE \times a}^2$
Error	$a(n-1)(r-1)$	M1	σ_e^2
Total	$anr-1$		

CM= cuadrado medio; ACG= aptitud combinatoria general; ACE= aptitud combinatoria específica.

Where: Y_{ijkl} = total observation; μ =general mean effect; a_i = effect of the i -th year; $\beta_{j(i)}$ = effect of j -ith block within i -th year; g_k = general combining ability effect of the progenitor k ; g_l = general combining ability effect of the progenitor l ; s_{kl} = specific combining ability effect of the progenitors k and l ; ag_{ik} = effect of the interaction between the i -th year and the general combining ability of the progenitor k ; ag_{il} = effect of the interaction between the i -th year and the general combining ability of the progenitor l ; as_{ikl} = effect of the interaction between the i -th year and the specific combining ability of progenitor k and l ; ϵ_{ijkl} = effect of the experimental error.

An analysis of variance was made including the genetic effects of diallel design, method IV of Griffing (1956), which shows that the Hope Square Means (ECM) column shows the linear functions of the variance components for each source of variation was performed relevant to genetic engineering.

The GCA and SCA effects were estimated as follows.

$$g_i = \frac{1}{p(p-2)} (pX_i - 2X_{..})$$

$$s_{ij} = X_{ij} - \frac{1}{p-2} (X_i + X_j) + \frac{2X_{..}}{(p-1)(p-2)}$$

Where: g_i = general combining ability (ACG) of the i -th progenitor; s_{ij} = specific combining ability (SCA) of the cross between the i -th and j -ith progenitor; P = number of progenitors; X_i = total of progenitor i ; X_j = total of progenitor j ; X_{ij} =Total of the cross; $X_{..}$ = grand total.

Los efectos de ACG y ACE se estimaron de la siguiente manera.

$$g_i = \frac{1}{p(p-2)} (pX_i - 2X_{..})$$

$$s_{ij} = X_{ij} - \frac{1}{p-2} (X_i + X_j) + \frac{2X_{..}}{(p-1)(p-2)}$$

Donde: g_i = aptitud combinatoria general. (ACG) del i -ésimo progenitor, s_{ij} = aptitud combinatoria específica (ACE) de la cruce entre el i -ésimo y j -ésimo progenitor; P = número de progenitores; X_i = total del progenitor i ; X_j = total del progenitor j ; X_{ij} = total de la cruce; $X_{..}$ = gran total.

Estimación de parámetros genéticos

Se calcularon los parámetros genéticos con base en el diseño IV de Griffing (1956) en cruces simples, considerando el coeficiente de endogamia $F = 1$ de los progenitores, y de acuerdo con las fórmulas descritas por Hallauer y Miranda (1986).

Cruces simples $F = (1)$

Varianza aditiva: $\sigma_A^2 = 2\sigma_{ACG}^2$

Varianza de dominancia: $\sigma_D^2 = \sigma_{ACE}^2$

Heredabilidad: $h^2 = \frac{\sigma_A^2}{CM_{híbridos/ra}}$

Todos los análisis se realizaron con el paquete SAS (Statistical Analysis System) versión 8.00 (SAS Institute, 1999).

Resultados y discusión

Análisis combinado del diseño genético

Acorde con el análisis de varianzas dialélicas combinados y cuadrados medios para las variables agronómicas, se detectaron diferencias altamente significativas ($p \leq 0.01$) entre años para todas las características evaluadas (Cuadro 2), lo que indica que los promedios de los caracteres fueron diferentes de un año a otro como resultado de variaciones ambientales para cada año (2002 y 2003); este resultado sugiere valorar el comportamiento de los materiales en diferentes localidades y años, (Becker y León, 1988; Ali *et al.*, 2003; Fikere *et al.*, 2008) ya que podrían expresar una respuesta desfavorable o favorable al evaluarse de un ambiente a otro

Estimation of genetic parameters

Genetic parameters were calculated based on the design IV of Griffing (1956) in single crosses, considering the inbreeding coefficient $F = 1$ of the progenitors, and in accordance with the formulas described by Hallauer and Miranda (1986).

Single crosses $F = (1)$

Additive variance: $\sigma_A^2 = 2\sigma_{GCA}^2$

Dominance variance: $\sigma_D^2 = \sigma_{SCA}^2$

Heritability: $h^2 = \frac{\sigma_A^2}{CM_{hybrids/ra}}$

All the analyses were performed using SAS (Statistical Analysis System) version 8.00 (SAS Institute, 1999) package.

Results and discussion

Combined analysis of genetic design

According to the diallelic combined analysis of variance and mean squares for agronomic variables, highly significant differences ($p \leq 0.01$) between the years for all the traits (Table 2) were detected, indicating that, the averages of the characters were different from year to year as a result of environmental variations (2002 and 2003); This result suggests assessing the behaviour of materials in different locations and years (Becker and León, 1988; Ali *et al.*, 2003; Fikere *et al.*, 2008) and that could express an un-favourable or favourable response to an environment assessed to another (Palemón *et al.*, 2012) as the character grain yield is affected by ambient factors; also, differences ($p \leq 0.01$) among hybrids for all variables, which are attributable to the high genetic diversity presented the contrasting behaviour of progenitors and their crosses were observed (Gómez *et al.*, 1988).

A breakdown of the source of variation in GCA and SCA hybrids, highly significant differences ($p \leq 0.01$) between the effects of GCA and SCA for all variables except for the variable days to silking for SCA were found only showed significant ($p \leq 0.05$). Significant statistics ($p \leq 0.01$) was also observed for the hybrid interaction variables for years for yield qualification of plant and ear, while the other variables were not significant at all.

(Palemón *et al.*, 2012) pues el carácter rendimiento de grano es muy afectado por los factores ambientales; también se observaron diferencias ($p \leq 0.01$) entre híbridos para todas las variables evaluadas, las cuales son atribuibles a la gran diversidad genética que presentaron los progenitores contrastante y al comportamiento de sus cruzas (Gómez *et al.*, 1988).

For years, GCA interaction variables significant for yield rating and days to male flowering (DMF) was detected. This significant interaction revealed the importance of additive effects on these variables, which is an indication that GCA effects of progenitors and their crosses must have stability to select those who are best GCA effects

Cuadro 2. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado para características agronómicas en Iguala, Guerrero. Primavera-verano 2008 y 2009.

Table 2. Mean squares for the combined analysis of variance for agronomic traits in Iguala, Guerrero. Spring-Summer 2008 and 2009.

Fuente de variación	GL	REND (t ha ⁻¹)	AP (m)	AM (m)	DFM (Días)	DFF (Días)	CP (Escala ^t)	CM (Escala ^t)
Años (A)	1	23.67 **	2.75**	2.19**	1044.3**	1593.84**	1.13**	9.82**
Rep/años	4	1.06	0.09**	0.02	4.82**	5.74*	0.23*	0.39**
Híbridos (H)	44	3.75**	0.14**	0.1**	7.67**	8.28**	0.59**	0.62**
ACG	9	13.15**	0.46**	0.36**	27.59**	27.92**	2.02**	1.98**
ACE	35	1.33**	0.06**	0.03**	2.55**	3.23*	0.22**	0.27**
H*A	44	1.62**	0.03	0.01	1.88	2.24	0.21**	0.27**
ACG*A	9	2.04**	0.04	0.01	3.30 *	2.37	0.53**	0.24*
ACE*años	35	1.52**	0.03	0.01	1.52	2.2	0.13	0.28**
Error	176	0.62	0.02	0.01	1.38	1.85	0.09	0.11
Media		5.38	2.53	1.05	56.19	57.71	8.04	8.28
CV		14.67	6.04	10.08	2.09	2.36	3.66	4.08

*, **= significativo al 5 y 1% de probabilidad de error; GL= grados de libertad; REND= rendimiento en t ha⁻¹; AP= altura de planta; AM= altura de mazorca; DFM= días a floración masculina; DFF= días a floración femenina; CP= calificación de planta; CM= calificación de mazorca; ^t= escala visual de 1 a 10; ACG= aptitud combinatoria general; ACE= aptitud combinatoria específica; CV= coeficiente de variación.

Al desglosar la fuente de variación de híbridos en ACG y ACE, se encontraron diferencias altamente significativas ($p \leq 0.01$) entre los efectos de ACG y ACE para todas las variables evaluadas, con excepción de la variable días a floración femenina para ACE, que sólo mostró significancia ($p \leq 0.05$). También se observó significancia estadística ($p \leq 0.01$) para la interacción híbridos por años para las variables rendimiento, calificación de planta y mazorca, mientras que en el resto de las variables no fue significativa.

Para la interacción ACG por años se detectó significancia para las variables rendimiento, calificación de planta y días a floración masculina (DFM). Esta interacción significativa reveló la importancia que tienen los efectos aditivos en las variables mencionadas, lo cual es un indicativo de que los efectos de ACG de los progenitores y de sus cruzas deben tener estabilidad para seleccionar aquellos que tengan mejores efectos de ACG a través de años y ambientes (Sierra *et al.*, 2011; Palemón *et al.*, 2012). Por otro lado para la interacción de ACE por años se observó significancia

through years and environments (Sierra *et al.*, 2011; Palemón *et al.*, 2012). In addition to the interaction of SCA for years statistical significance ($p \leq 0.01$) was observed only for yield and rating of cob, which indicates that at least a hybrid not maintained its constant SCA through the years, since their agronomic behaviour was highly variable in each environment (Palemón *et al.*, 2012).

General combining adequacy of the combined analysis

Grain yield in t ha⁻¹ of progenitors of regular grain, had positive estimated values, while in the materials of high-quality protein, the opposite happened, as five materials had negative values (Table 3), although, the line CML-144 was a positive sign. These results agree with those found by Alezones (2003) who proved the combinatorial capacity of four materials of high-quality protein and eight regular grain, where the CML-144 line of high-quality protein was the most excelled at general combining adequacy.

estadística ($p \leq 0.01$) únicamente para rendimiento y calificación de mazorca, lo cual indica que al menos un híbrido no mantuvo su ACE constante a través de los años, dado que su comportamiento agronómico fue muy variable en cada ambiente (Palemón *et al.*, 2012).

Aptitud combinatoria general del análisis combinado

El rendimiento de grano en $t\ ha^{-1}$ de los progenitores de grano normal, tuvo valores estimados positivos, mientras que en los materiales de alta calidad de proteína sucedió lo contrario, pues cinco materiales presentaron valores negativos (Cuadro 3), aunque la línea CML-144 resultó con signo positivo. Éstos resultados coinciden con los encontrados por Alezones (2003) quien probó la capacidad combinatoria de cuatro materiales de alta calidad de proteína y ocho de grano normal, donde la línea CML-144 de alta calidad de proteína fue la que más sobresalió en la aptitud combinatoria general.

On the other hand, if the agronomic traits are compared and analysed, T-44, T-45 and LT-155, average grain lines exhibited desirable characteristics in plant height, ear height, days to male and female flowering, qualification of plant and ear. These results are similar to those found in other materials (Sierra *et al.*, 2011). Further notes that, the lines B-41 and CML-144, considered the latter as high-quality protein did not show desirable characteristics for the same variables.

Specific combining adequacy of the combined analysis

Of the SCA estimates for grain yield of the 45 direct crosses, 19 of them had values were positive and 26 had negative values. In the top 10 crosses between regular maize, heterotic effects and quality of protein is presented as crosses high-quality protein and regular grain: 4 * 8 (B-41-144 * CML), 1 * 5 (45 * CLQ-T-6203), 2 * 7 (T-44 * CML-142), 3 * 5 (LT-155-6203 * CLQ) and 3 * 10 (LT-155 * CML-176) SCA

Cuadro 3. Efectos de aptitud combinatoria general del análisis combinado para las variables agronómicas en la localidad de Iguala, Guerrero. Primavera - verano 2008 y 2009.

Table 3. Effects of general combining adequacy of the combined analysis for agronomic traits in the town of Iguala, Guerrero. Spring - Summer 2008 and 2009.

	Línea	REND ($t\ ha^{-1}$)	AP (m)	AM (m)	DFM (Días)	DFF (Días)	CP (Escala ¹)	CM (Escala ¹)
1	T-45	0.2945	-0.0403	-0.0352	-0.9833	-0.8	0.1583	0.2958
2	T-44	0.6379	-0.1176	-0.1027	-1.0042	-1.0917	0.2417	0.2542
3	LT-155	0.3286	-0.007	-0.0162	-1.2125	-1.2375	0.0854	-0.0583
4	B-41	0.4592	0.0132	0.0073	0.6417	0.2208	0.2208	-0.0896
5	CLQ-6203	-0.1639	-0.057	-0.0398	0.2250	0.1792	0.0646	-0.0063
6	CML-141	-0.4978	0.052	0.128	0.1625	0.1583	-0.3625	-0.2354
7	CML-142	-0.2737	0.0938	0.1025	0.7042	0.8458	-0.2479	-0.0687
8	CML-144	0.3382	0.0463	0.0575	0.4958	0.5333	0.0542	0.15
9	CML-150	-1.0904	-0.1555	-0.1477	0.3708	0.4292	-0.1958	-0.3396
10	CML-176	-0.0327	0.1722	0.0461	0.6	0.7625	-0.0187	0.0979

REND= rendimiento en $t\ ha^{-1}$; AP= altura de planta; AM= altura de mazorca; DFM= días a floración masculina; DFF= días a floración femenina; CP= calificación de planta; CM= calificación de mazorca; ¹= escala visual de 1 a 10; 1 al 4= son maíces de grano normal y 5 a 10= son maíces de alta calidad de proteína.

Por otra parte, si se comparan y se analizan las variables agronómicas, las líneas T-44, T-45 y LT-155, de grano normal, presentaron características deseables en altura de planta, altura de mazorca, días a floración masculina y femenina, calificación de planta y mazorca. Estos resultados son semejantes a los encontrados en otros materiales (Sierra *et al.*, 2011). Adicionalmente se señala que las líneas B-41 y CML-144, considerada esta última como de alta calidad de proteína, no presentaron características deseables para las mismas variables.

estimated values 1.0875, 0.9544, 0.7591, 0.6119 and 0.609, respectively (Table 4) were observed. These materials exhibited desirable estimated values for plant height, ear height, days to male and female flowering.

With them, we could obtain lower hybrid bearing and fewer days to male and female flowering; had also a good qualifying plant and ear. These results are consistent with the findings of Caballero and Cervantes (1990), who mentioned that at least one progenitor must express positive

Aptitud combinatoria específica del análisis combinado

De los valores estimados de ACE para rendimiento de grano, de las 45 cruzas directas, 19 de ellas presentaron fueron positivos, y 26 tuvieron valores negativos. En las 10 mejores cruzas se presentaron efectos heteróticos entre maíces normales y los de calidad de proteína, ya que en las cruzas donde participó una línea de alta calidad de proteína y una de grano normal: 4 * 8 (B-41 * CML-144), 1 * 5 (T-45 * CLQ-6203), 2 * 7 (T-44 * CML-142), 3 * 5 (LT-155 * CLQ-6203) y 3 * 10 (LT-155 * CML-176) se observaron valores estimados de ACE de 1.0875, 0.9544, 0.7591, 0.6119 y 0.609, respectivamente (Cuadro 4). Estos materiales presentaron valores estimados deseables para las variables altura de planta, altura de mazorca, días a floración masculina y femenina.

Con ellos se podrían obtener híbridos de porte más bajo y con menor número de días a floración masculina y femenina; además, tuvieron una buena calificación de planta y mazorca. Los resultados anteriores concuerdan con lo encontrado por Caballero y Cervantes (1990), quienes mencionan que al menos un progenitor debe expresar efecto positivo de ACG para que su craza manifieste potencial de rendimiento de grano relevante; mientras que cuando ambos progenitores presentan efectos positivos de ACG se espera que la craza sea de alto potencial de rendimiento (Reyes *et al.*, 2004), como fue el caso de B-41 * CML-144, donde también su efecto de ACE fue relevante (1.0875). Adicionalmente, se puede mencionar que no necesariamente el efecto de ACG de ambos progenitores debe ser positivos para que una craza exprese alto rendimiento, concordando en este sentido algunos de los resultados obtenidos con lo señalado por Escorcía *et al.* (2010).

En cambio, Lobato *et al.* (2010) mencionan que las líneas autofecundadas de baja ACG producen híbridos de alto potencial productivo, como fue el caso de las líneas T45, CLQ6203, T44, CML-141, CML-142 y CML-150, que al cruzarse generaron cruzas T45 * CLQ6203, T44 * CML-142, CML-141 * CML-150 con buen rendimiento. Las líneas CML-141 y CML-150 exhibieron ACG negativo y al cruzarse expresaron aceptable rendimiento, y de acuerdo a la teoría se esperaría que el comportamiento del híbrido fuesen de bajo rendimiento de grano, caso contrario se observó en las líneas LT155 y CML-144, con valores altos y positivos de ACG, se esperaba que fuesen de alto rendimiento y su potencial productivo fue de bajo rendimiento de grano; por lo tanto, dicho cruzamiento no es deseable (Palemón *et al.*, 2012).

GCA effect for the crosses to be manifested, significant yield potential of grain; whereas when both progenitors have positive GCA effects is expected to be high crosses yield potential (Reyes *et al.*, 2004), such is the case of B-41 * CML-144, which also was the effect of SCA significant (1.0875). Additionally, it is not necessarily mentioned that the effect of the GCA of both progenitors must be positive in order for a high yield expressed crosses, agreeing in this regard some of the results obtained with those reported by Escorcía *et al.* (2010).

However, Lobato *et al.* (2010) mentioned that low GCA inbred lines produced hybrids with high productive potential, as was the case of T45, CLQ6203, T44, CML-141, CML-142 and CML-150 line, that when crossed generated cross T45 * CLQ6203, T44 * CML-142, CML-141 * CML-150 in good yield. The CML-141 and CML-150 lines exhibited negative GCA and expressed cross acceptable yield, and according to the theory, we would expect the behaviour of the hybrid were low grain-yielded, otherwise noted in the lines and CML-LT155 144, with high and positive values of GCA, which were expected of high yield and low production potential was grain yield; therefore, such a crossing is not desirable at all (Palemón *et al.*, 2012).

With respect to general combining adequacy, Hoegenmeyer and Hallauer (1976) noted that in order to generate hybrids, the SCA is more important than GCA, because with it, the non-additive effects and dominance and epistasis is utilized, while Singh and Chaudhary (1985) mentioned that, the effects of SCA are more important than the GCA only when the materials have been screened.

The cross formed by lines of high-quality protein, as were 6 * 9 (CML-CML-141 * 150 and 9 * 10 (150 * CML-CML-176) stood with estimated values of 0.6641 and 0.5033 SCA, This result suggests that there were specific crosses with dominance effects in some lines, which that can be leveraged to form hybrids with good agronomic and grain quality characteristics. These results coincide with those found by Argillier *et al.* (2000) and Alezones (2003), who mentioned that, the crosses with CML-144 and CML-150 lines were outstanding for grain yield in a study conducted for combining adequacy with materials of high-quality protein and regular grain.

Cuadro 4. Efectos genéticos de ACE de las 10 cruzas sobresalientes para las variables agronómicas en la localidad de Iguala, Guerrero. Primavera-verano 2008 y 2009.

Table 4. Genetic effects of SCA of the 10 outstanding cross to agronomic variables in Iguala, Guerrero. Spring-Summer 2008 and 2009.

	CRUZA	REND (t ha ⁻¹)	AP (m)	AM (m)	DFM (Días)	DFF (Días)	CP (Escala ')	CM (Escala ')
1	4 * 8	1.0875	0.2302	0.1129	0.0069	-0.1319	0.0231	0.2396
2	1 * 5	0.9544	0.127	0.0527	-0.7639	-0.7569	0.3252	0.2604
3	2 * 7	0.7591	0.1052	0.0679	-0.0556	-0.2986	0.2211	0.1979
4	6 * 9	0.6641	0.0016	0.0009	-0.3889	0.2014	0.1065	0.2917
5	3 * 5	0.6119	0.1987	0.2388	0.1319	0.3472	-0.3519	-0.0521
6	3 * 10	0.609	-0.0271	0.0096	0.4236	0.2639	0.2315	0.3438
7	9 * 10	0.5033	0.0981	0.0594	-0.9931	-0.9028	0.1794	0.125
8	2 * 6	0.4962	0.112	0.0542	-0.0139	0.0556	0.0023	0.1146
9	3 * 8	0.3546	0.0254	0.0415	-0.4722	-0.6736	0.2419	0.375
10	1 * 9	0.2176	0.0706	-0.0177	0.0903	-0.0069	0.169	0.0938
.....								
44	7 * 10	-0.5729	0.0554	0.0775	0.3403	0.1806	-0.1852	-0.1458
45	2 * 3	-0.7937	-0.1057	-0.0666	0.5278	0.4514	-0.1956	0.0208

REND= rendimiento en t ha⁻¹; AP= altura de planta; AM= altura de mazorca; DFM= días a floración masculina; DFF= días a floración femenina; CP= calificación de planta; CM= calificación de mazorca; '= escala visual del 1 a 9= uno equivale a un valor más bajo y el nueve a un valor más alto.

Con respecto a la aptitud combinatoria general, Hoegenmeyer y Hallahuer (1976) señalan que para generar híbridos, la ACE es más importante que la ACG, debido a que con ella se aprovechan los efectos no aditivos como la dominancia y la epistasis, mientras que Singh y Chaudary (1985) mencionan que los efectos de ACE son más importantes que los de ACG sólo cuando los materiales han sido sometidos a selección.

Las cruzas formadas por líneas de alta calidad de proteína, como fueron: 6 * 9 (CML-141 * CML-150 y la 9 * 10 (CML-150 * CML-176) sobresalieron con valores estimados de ACE de 0.6641 y 0.5033, este resultado sugiere que existieron cruzas específicas con efectos de dominancia en algunas líneas, los cuales que pueden ser aprovechados para formar híbridos con buenas características agronómicas y de calidad de grano. Estos resultados coincide a los encontrados por Argillier *et al.* (2000) y Alezones (2003), quienes mencionan que las cruzas con las líneas CML-144 y CML-150 fueron sobresalientes para rendimiento de grano en un estudio que realizaron para aptitud combinatoria con materiales de alta calidad de proteína y grano normal.

Variables agronómicas por tipo de cruza

Los promedios de rendimiento de los maíces de calidad de proteína resultaron significativamente menores que los promedios de los maíces de grano normal y de los maíces de grano normal por maíces de alta calidad de

Agronomic variables by type of crossing

The average yield of quality protein maize were significantly lower than the averages of the regular and high-quality protein maize grain. The crosses of regular grain by quality protein had good agronomic traits, such as grade of plant classification ear, plant height, ear height, days to male and female flowering, including grain yield which was statistically equal to the average of regular maize grain. These results indicate that some of the crosses between maize protein qualities have the potential to express yields similar to those of regular grain maize traits, as mentioned by Villegas *et al.* (1992), in the sense that many of the defects associated with the gene O2 were reduced or eliminated, so that the yield was also improved, and was at the same level of the regular cultivars, with the difference of having a higher quality protein in the grain. Also, Magnavaca *et al.* (1989) found similar yields in high-quality protein maize when compared to regular maize.

Heritability based on the combined analysis

Heritability (h^2) based on the combined analysis for all agronomic traits was high, according to Chávez (1995) and Robles (1986) with the exception of the rating feature plant that reflected an intermediate heritability (Table 6).

proteína. La cruce de grano normal por calidad de proteína, tuvo buenas características agronómicas, como calificación de planta, calificación de mazorca, altura de planta, altura de mazorca, días a floración masculina y femenina, incluyendo el rendimiento de grano que fue estadísticamente igual al promedio de los maíces de grano normal. Estos resultados indican que algunas de las cruces entre los maíces de alta calidad de proteína tienen el potencial de expresar rendimientos y características similares a los maíces de grano normal, tal como lo mencionan Villegas *et al.* (1992), en el sentido de que muchos de los defectos asociados con el gen O2 fueron reducidos o eliminados, por lo que el rendimiento también mejoró y estuvo al mismo nivel de los cultivares normales, con la diferencia de tener una mayor calidad de las proteínas en el grano. También Magnavaca *et al.* (1989) encontraron rendimientos similares en maíz de alta calidad de proteína cuando se comparó con el maíz normal.

Heredabilidad con base en el análisis combinado

La heredabilidad (h^2) con base en el análisis combinado para todas las características agronómicas fue alta, de acuerdo con Chávez (1995) y Robles (1986) con excepción de la característica calificación de planta que reflejó una heredabilidad intermedia (Cuadro 6).

Although, there is no defined scale for classifying the magnitude of heritability, Robles (1986) considers a value from 0 to 0.3 is low; average 0.3 to 0.7 and higher than 0.7 to 1; Instead, Chávez (1993) noted that heritability is a feature that can be any fraction from zero to one, and not well defined what is meant by high heritability. High heritability is greater than 0.5, average heritability of 0.2 to 0.5 and low heritability less than 0.2, depending on the character study: In general, the following values are acceptable.

Conclusions

The lines TT-44, B-41, LT-155, T-45 and CML-144 showed high values of general combining adequacy for grain yield with 0.6379, 0.4592, 0.3286, 0.2945 and 0.3382 kg. The crosses 4 * 8 (B-41 * CML-144), 1 * 5 (T-45 * CLQ-6203), 2 * 7 (T-44 * CML-142), 3 * 5 (LT-155 * CLQ-6203) y 3 * 10 (LT-155 * CML-176) presented higher SCA values for grain yield of 1.0875, 0.9544, 0.7591, 0.6119 and 0.6090. The regular * regular crosses were better when compared with the cross regular * QPM and QPM * QPM for grain yield. The type of gene action predominated on the agronomic traits was additive.

End of the English version



Cuadro 5. Promedio de características agronómicas de híbridos de grano normal * normal, normal * QPM y QPM * QPM en la localidad de Iguala, Guerrero. Primavera-verano 2008 y 2009.

Table 5. Mean of agronomic traits of regular grain hybrids * regular, regular * QPM and QPM * QPM in Iguala, Guerrero. Spring-Summer 2008 and 2009.

Tipo cruce	REND	AP	AM	DFM	DFF	CP	CM
6 N*N	5.91 a	2.38 b	0.95 b	55.08 b	56.50 b	8.25 a	8.38 a
24 N*QPM	5.68 a	2.55 a	1.05 a	55.89 b	57.33 b	8.16 a	8.37 a
15 QPM*QPM	4.67 b	2.55 a	1.09 a	57.11 a	58.78 a	7.74 b	8.11 b

REND= rendimiento en t ha⁻¹; AP= altura de planta; AM= altura de mazorca; DFM= días a floración masculina; DFF= días a floración femenina; CP= calificación de planta; CM= calificación de mazorca; = escala visual del 1 a 10, letras iguales indican que no existen diferencias significativas al 0.05.

Cuadro 6. Componentes de varianza del análisis combinado de variables agronómicas. Primavera-verano 2008 y 2009.

Table 6. Variance components of the combined analysis of the agronomic variables. Spring-Summer 2008 and 2009.

Variables	V _a	V _d	EEV _a	EEV _d	h ²
REND	0.4707	-0.0305	0.2371	0.0782	0.753
AP	0.0164	0.0047	0.0082	0.0025	0.7033
AM	0.0137	0.0033	0.0064	0.0013	0.8258
DFM	0.969	0.1718	0.4943	0.115	0.7579
DFF	1.0216	0.1716	0.4991	0.1517	0.74
CP	0.058	0.0149	0.0371	0.0098	0.5942
CM	0.0733	-0.0026	0.0356	0.015	0.7133

V_a, V_d= valores estimados de varianza aditiva y dominancia; h² = valores estimados de heredabilidad. ES V_a, ES V_d= valores estimados de errores estándar de varianza aditiva y dominancia.

Aunque no existe una escala definida para clasificar la magnitud de la heredabilidad, Robles (1986) considera que un valor de 0 a 0.3 es bajo; medio de 0.3 a 0.7 y alto de 0.7 a 1; en cambio Chávez (1993) señala que la heredabilidad es una característica que puede ser cualquier fracción de cero a uno, y no está bien definido lo que se entiende por alta heredabilidad. En general son aceptables los siguientes valores: alta heredabilidad mayor de 0.5, heredabilidad media de 0.2 a 0.5 y baja heredabilidad menos de 0.2, en función del carácter en estudio.

Conclusiones

Las líneas T-44, B-41, LT-155, T-45 y CML-144 mostraron valores altos de aptitud combinatoria general para rendimiento de grano con 0.6379, 0.4592, 0.3286, 0.2945 y 0.3382 kg. Las cruzas 4 * 8 (B-41 * CML-144), 1 * 5 (T-45 * CLQ-6203), 2 * 7 (T-44 x CML-142), 3 * 5 (LT-155 * CLQ-6203) y 3 * 10 (LT-155 * CML-176), exhibieron mayores valores de ACE para rendimiento de grano, de 1.0875, 0.9544, 0.7591, 0.6119 y 0.609. Los cruzamientos Normal x Normal fueron mejores al compararse con las cruzas normal * QPM y QPM * QPM para rendimiento de grano. El tipo de acción génica que predominó en las características agronómicas fue la aditividad.

Literatura citada

- Alezones, J. 2003. General combining ability estimation in a factorial cross between four QPM and eight conventional white corn lines. Fundación para la investigación agrícola Danac. San Felipe, Estado Yaracuy, Venezuela. *Inv. Agríc.* 8(1):1-10.
- Ali, N.; Javidfar, F. and Mirza, Y. 2003. Selection of stable rapeseed (*Brassica napus* L.) genotypes through regression analysis. *Pak. J. Bot.* 35: 175-183.
- Argillier, O.; Méchin, V. and Barrière, Y. 2000. Inbred line evaluation and breeding for digestibility-related traits in forage maize. *Crop Sci.* 40(6):1596-1600.
- Becker, H. C. and Leon, L. 1988. Stability analysis in plant breeding. *Plant Breed.* 101:1-23.
- Bressani, R. 1992. Nutritional value of high-lysine maize in humans. *In: Mertz, E. T. (Ed.). Quality Protein Maize.* Asociación Americana de Química de Cereales, St. Paul, MN, EUA.
- Caballero H. F, Cervantes S. T. 1990. Estudio genético y taxonómico de poblaciones de maíz de la raza Tuxpeño. *Agrociencia.* 1(2):43-64.
- Chávez, A. J. L. 1993. Mejoramiento de Plantas 1. Editorial Trillas. México, D.F. 136 p.
- Chávez, A. J. L. 1995. Mejoramiento de plantas 2. Métodos específicos de plantas alógamas. Editorial Trillas. México, D. F. 143 p.
- Crow, J. F. and Kermicle, J. 2002. Oliver Nelson and quality protein maize. *Genetics.* 160:819.
- Escorcia, G. L.; Molina, G. J. D.; Castillo, G. F. y Mejía, C. J. A. 2010. Rendimiento, heterosis y depresión endogámica de cruzas simples de maíz. *Rev. Fitotec. Mex.* 33(3):271-279.
- Fikere, M.; Tadesse, T. and Letta, T. 2008. Genotype-environment interactions and stability parameters for grain yield of faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes grown in South Eastern Ethiopia. *Int. J. Sustain. Crop Prod.* 3(6):80-87.
- García, E. 1973. Modificaciones al sistema de clasificación climatológica de Köppen para adaptarlo a las condiciones de la República Mexicana. Instituto de Geografía. Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). México, D. F. 217 p.
- Gómez, M. N. O.; Valdivia, B. R. y Mejía, A. H. 1988. Dialélico integrado con líneas de diferentes programas de maíz para la región cálida. *Rev. Fitotec. Mex.* 11(2):103-120.
- Gómez, M. N. O.; Murillo, N. P.; Navarro, G. S.; y Cruzaley, S. R. 1995. Guía para la Asistencia Técnica. Campo Agrícola Experimental del CEIGUA. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales y Agropecuarias. Secretaría de Agricultura, Ganadería y Desarrollo Rural. Iguala, Guerrero. México. 15-23 pp.
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust. J. Biol. Sci.* 9:463:493.
- Gutiérrez, R. E.; Palomo, G. A.; Espinoza, B. A. y De la Cruz, L. E. 2002. Aptitud combinatoria y heterosis para rendimiento de líneas de maíz en la Comarca Lagunera, México. *Rev. Fitotec. Mex.* 25(3):271-277.
- Hallauer, A. R. and Miranda, J. B. 1986. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press. Second printing 469 p.
- Hoegenmeyer, T. C. and Hallauer, A. R. 1976. Selection among and within full-sib families to develop single crosses of maize. *Crop Sci.* 16(1):76-80.
- Jiménez, J. R. 1966. Protein fraction studies of high lysine corn. *In: Proc. High Lysine Corn Conference.* Corn Industries Research Foundation. Washington, D. C. 74-79 pp.
- Lobato, O. R.; Molina, G. J. D.; López, R. J. J.; Mejía, C. A. y Reyes, L. D. 2010. Criterios para elegir el mejor probador de la aptitud combinatoria general para rendimiento de grano de líneas autofecundadas de maíz. *Agrociencia* 44(1):17-30.
- Magnavaca, R.; Oliveira, A. C.; Morais, A. R.; Gama, E. and Santos, M. D. 1989. Family hybrid selection of quality protein maize. *Maydica* 34(1):63-71.
- Márquez, S. F. 1988. Genotecnia vegetal. Tomo II. Primera edición. Editor AGT. México. 563 p.
- Núñez, H. G.; Faz, C. R.; Tovar, G. M. R. y Zavala, G. A. 2001. Híbridos de maíz para la producción de forraje con alta digestibilidad en el norte de México. *Téc. Pec. Mex.* 39(2):77-88.
- Palemón, A. F.; Gómez, M. N. O.; Castillo, G. F.; Ramírez, V. P.; Molina, G. J. D. y Miranda, C. S. 2012. Estabilidad de cruzas intervarietales de maíz (*Zea mays* L.) para la región semicalida de Guerrero. *Agrociencia.* 46(2):133-145.
- Reyes, L. D.; Molina, G. J. D.; Oropeza, R. M. A. y Moreno, P. E. C. 2004. Cruzas dialélicas entre líneas autofecundadas de maíz derivadas de la raza Tuxpeño. *Rev. Fitotec. Mex.* 27(1):49-56.
- Robles, S. R. 1986. Genética elemental y fitomejoramiento práctico. Ed. IMUSA. México. D. F. 477 p.

- SAS Institute. 1999. SAS Language and Procedure Usage. Version 8. SAS Institute Inc., Cary, N.C.
- Sierra, M. M.; Palafox, C. A.; Rodríguez, M. F.; Espinosa, C. A.; Vázquez, C. G.; Gómez, M. N. O. y Barrón, F. S. 2011. H-564C, Híbrido de maíz con alta calidad de proteína para el trópico húmedo de México. *Rev. Mex. Cienc Agric.* 2(1):71-84.
- Singh, R. K. and Chaudary, B. D. 1985. Biometrical methods in quantitative genetic analysis. Kalyani Publishers. New Delhi, India. 319 p.
- Sprague, G. F. y Tatum, L. A. 1942. General vs specific combining ability in single crosses of corn. *J. Amer. Society Agron.* 34:923-932.
- Vasal, S. K. 1994. High quality protein corn. *In: specialty corns.* Hallauer, A. R. (Ed.) CRC Press. Boca Ratón, FL. USA. 79-121 pp.
- Villegas, E. 1972. Maíces de alta calidad nutricional. Memoria del simposio sobre desarrollo y utilización de maíces de alto valor nutritivo. México, D.F. 13-19 pp.
- Villegas, E. S.; Vasal, K. and Bjamason, M. 1992. Quality protein maize - what is it and how was it developed. *In: Mertz, E. T. (Ed.). Quality protein maize.* St Paul, MN, USA. The American Association of cereal Chemists. 27-48 pp.
- Vietmeyer, N. D. 2000. A drama in three long acts: the story behind the story of the development of quality-protein maize. *Diversity.* 16:29-32.
- Vivek, B. S.; Krivanek, A. F.; Palacios, R. N.; Twumasi, A. S. y Diallo, A. O. 2008. Mejoramiento de maíz con calidad de proteína (QPM): protocolos para generar variedades QPM. México, D. F. CIMMYT. 56 p.