

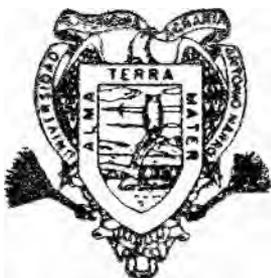
RTOSEGURIDAD EN CULTIVOS Y EVALUACION DE  
SEMILLAS TRANSGENICAS DE ALGODON Y  
VARIETADES CRIOLLAS DE MATZ

**FERNANDO MONTENEGRO TORRES**

**T E S I S**

PRESENTADA COMO REQUISITO  
PARCIAL

PARA OBTENER EL GRADO DE:  
DOCTOR EN CIENCIAS AGRICOLAS  
AREA: PRODUCCION AGRICOLA



8131. HOTECA  
EGIDI O G. RE VI O NATC  
BANCO É177: TEsis  
. A

**Universidad Autónoma Agraria**

**"Antonio Narro"**

PROGRAMA DE GRADUADOS

Bue~ista, Salti9o, Coah.

AGOSTO DEL 2000



**UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA  
ANTONIO NARRO**

SUBDIRECCION DE POSTGRADO

**BIOSEGURIDAD EN CULTIVOS Y EVALUACION DE SEMILLAS  
TRANSGENICAS DE ALGODÓN Y VARIEDADES CRIOLLAS DE MAIZ**

**TESIS**

POR

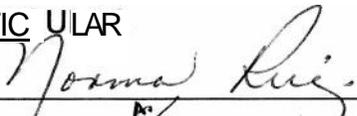
**HERNANDO MONTENEGRO TORRES**

Elaborada bajo la supervisión del Comité Particular de Asesoría y aprobada como requisito parcial para optar al grado de:

**DOCTOR EN CIENCIAS AGRICOLAS  
AREA: PRODUCCION AGRICOLA**

COMITE PARTICULAR

Asesor principal:

  
\_\_\_\_\_  
Ph.D. Norma Ruiz Torres

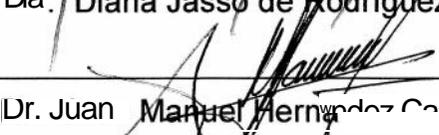
Asesor: Asesor:

  
\_\_\_\_\_  
Ph.D. Froylán Rincón Sánchez

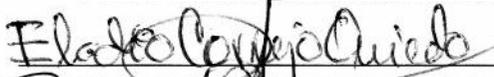
Asesor: Asesor:

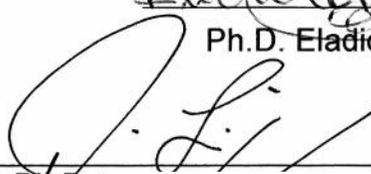
  
\_\_\_\_\_  
Dra. Diana Jasso de Rodríguez

Asesor:

  
\_\_\_\_\_  
Dr. Juan Manuel Hernández Cuevas

  
\_\_\_\_\_  
Ph.D. Marco Bustamante García

  
\_\_\_\_\_  
Ph.D. Eladio H. Cornejo Oviedo

  
\_\_\_\_\_  
Ph.D. Ramiro Trujillo  
Subdirector de Postgrado



Buenavista, Saltillo, Coahuila, Agosto de 2000

ECA  
SINAT  
BANCO DE TIPOGRAFIA  
U.A.A.N.

## **AGRADECIMIENTOS**

Al Instituto Colombiano Agropecuario — ICA, el haberme otorgado la oportunidad de realizar estos estudios y por el apoyo económico y facilidades brindadas para los mismos.

A la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro y en especial al personal docente y administrativo que hicieron factible de acogerme y brindarme la oportunidad de la formación profesional.

Al Comité Particular integrado por los doctores: Norma Ruiz Torres, Froylán Rincón Sánchez, Diana Jasso de Rodríguez, Juan Hernández Casilla, Marco Bustamante García y Eladio Cornejo Oviedo, por su revisión y aportaciones técnicas para el desarrollo de este trabajo.

A la Dra. Norma A. Ruiz T. especial reconocimiento por su valiosa asesoría en la planeación, revisión y aportes de conocimientos para el desarrollo de este trabajo, gracias por su comprensión.

Al Dr. Froylán Rincón S. por proporcionar la importante información como aporte en el desarrollo del trabajo y por su sustancial colaboración en la revisión del mismo.

A la Dra. Ana Luisa Díaz J. por haberme brindado su amistad, por su atención en los momentos difíciles y por su apoyo decidido para encaminar la ruta para continuar mis estudios de doctorado.

Al Dr. José Roberto Galindo por su amistad, trato y gestión en cada momento de nuestra estadía.

Al Dr. Jorge Suárez C. por su amistad y el apoyo para desarrollar mis estudios.

A Jairo Torres M. particular reconocimiento por todo el apoyo brindado para que esos momentos difíciles se tornaran en acciones de esperanza y bienestar.

A todos los maestros de la UAAAN por su contribución en mi formación.

A mis compañeros de generación. A ti amigo: José Luis O., José Luis Q., Edgar G., Fernando B., Margarita M., Francisco Ch., Rosa Linda, Pedro A., Mariano M., Mario V. y Francisco N.

## DEDICATORIA

Ante Ti que a través de nuestras raíces de fe Latinoamericana agradecemos tus bendiciones Señor de los Milagros y Divino Niño.

A mi esposa Alcira, con mi amor, al reconocimiento de su valor y comprensión de las horas de silencio, como también concebir el vacío y la memoria de nuestros seres queridos; Bertha, Olmedo y nuestro angelito intercesor.

A mis padres que integraron sentimentalmente la formación y razón de la vida, a ti que nos acompañas Rosa Amelia y a la memoria de quienes se adelantaron en nuestro proyecto Bertha T. (t), Leonila M. (t), Hernando M. (t) y Manuel M. (t) .

A mis hijos Vanessa Eliane y Pablo Marcelo por su amor y esa gotita de comprensión para ese océano que nos espera.

A mis apreciables hermanos, cuñadas, cuñados y familiares, por el cariño y apoyo.

A ti "adorada abuelita" Miriam Alicia.

A mis paisanos y amigos.

## INDICE DE CONTENIDO

	Página
INDICE DE CUADROS .....	viii
INDICE DE FIGURAS .....	xi
CAPITULO I.	
INTRODUCCION .....	1
CAPITULO II.	
RIESGOS, NORMATIVIDAD Y CONTROL DE CULTIVARES BASICOS GENETICAMENTE MODIFICADOS EN PAISES INDUSTRIALIZADOS Y EN VIAS DE DESARROLLO .....	3
ABSTRACT .....	4
INTRODUCCION .....	7
REVISION DE LITERATURA .....	9
Organismos Genéticamente Modificados .....	10
Riegos en el Uso de Organismos Genéticamente Modificados .....	11
Evidencias de Efectos de Flujo Genético .....	14
Bioseguridad .....	18
MATERIALES Y METODOS .....	21
ANALISIS Y DISCUSION .....	23
Desarrollo de la Producción Mundial de Cultivos Transgénicos .....	24
Regulaciones Legislativas en Bioseguridad por Países .....	27
Unión Europea .....	27
Japón .....	32
Canadá .....	34
Estados Unidos de América .....	39
Brasil .....	41
Argentina .....	46
Países Sudamericanos: Bolivia, Chile, Paraguay y Uruguay .....	48
México .....	54

Aspectos Generales en las legislaciones de Bioseguridad .....	57
Medidas Reglamentarias para la Integración de OGMs .....	59
Análisis de las Plantas Transgénicas en los Sistemas de Manejo .....	63
CONCLUSIONES.....	69
RESUMEN .....	71
LITERATURA CITADA.....	74
APENDICE .....	80
CAPITULO III.	
COMPARACION DE LA CALIDAD FISIOLÓGICA ENTRE SEMILLAS DE ALGODON <i>Gossypium hirsutum</i> L. TRANSGENICAS Y SUS CORRESPONDIENTES HOMOLOGAS POR MEJORAMIENTO CONVENCIONAL .....	83
ABSTRACT .....	84
INTRODUCCION.....	86
REVISION DE LITERATURA .....	89
MATERIALES Y METODOS.....	99
RESULTADOS Y DISCUSION .....	106
CONCLUSIONES .....	116
RESUMEN .....	117
LITERATURA CITADA.....	120
CAPITULO IV.	
EVALUACION DEL POTENCIAL GENETICO DE VARIEDADES CRIOLLAS DE MAIZ TROPICAL .....	123
ABSTRACT .....	124
INTRODUCCION.....	126
REVISION DE LITERATURA .....	129
MATERIALES Y METODOS.....	144

RESULTADOS Y DISCUSION .....	155
CONCLUSIONES .....	190
RESUMEN .....	192
LITERATURA CITADA .....	196

## INDICE DE CUADROS

Cuadro No.	Página
CAPITULO II.	
1. Area mundial sembrada en millones de hectáreas con cultivos transgénicos entre países industrializados y en vías de desarrollo entre 1996 y 1999. . .	24
2. Distribución por cultivo del área mundial sembrada en millones de hectáreas con cultivos de transgénicos entre 1996 y 1999 .....	25
3. Distribución por cultivo y tratamiento de transgen en el área mundial sembrada en millones de hectáreas de cultivos transgénicos entre 1996 y 1999 .....	26
4. Distribución por tratamiento del transgen del área mundial sembrada en millones de hectáreas con cultivos transgénicos entre 1996 y 1999 .....	27
5. Acciones de bioseguridad en organismos vegetales genéticamente modificados en Bolivia, Chile, Paraguay y Uruguay .....	50
CAPITULO III.	
1. Descripción de los tratamientos .....	100
2. Características agronómicas de las variedades de algodón transgénicas y convencionales en estudio .....	101
3. Cuadrados medios y significancia obtenidos de los análisis de varianza para evaluaciones en laboratorio de semilla de algodón transgénico y sus homólogos convencionales .....	107
4. Medias de la capacidad de germinación y vigor de semillas de las variedades convencionales y transgénicas evaluadas a nivel de laboratorio	108
5. Cuadrados medios y significancia obtenidos de los análisis de varianza para evaluaciones en invernadero de semilla de algodón transgénico y sus homólogos convencionales .....	110
6. Medias de las pruebas de vigor de semillas de las variedades convencionales y transgénicas evaluadas a nivel de invernadero .....	112

## CAPITULO IV.

1.	Accesiones de maíz y cruzas con probadores evaluados en Cotaxtla, Ver., 1997 y Tepalcingo, Mor., 1998-99.....	145
2.	Descripción del material genético utilizado como probador en la evaluación de maíz .....	146
3.	Variables medidas para la caracterización agronómica y determinación de rendimiento .....	148
4.	Cuadrados medios de los análisis de varianza para las cruzas de criollos por probadores poblaciones en las localidades de Cotaxtla, Ver., 1997 y Tepalcingo, Mor., en el ciclo invierno-primavera 1998-99 .....	156
5.	Cuadrados medios del análisis de varianza combinado para las cruzas de criollos por probadores poblaciones en las localidades de Cotaxtla, Ver., 1997 y Tepalcingo, Mor., en el ciclo invierno-primavera 1998-99 .....	159
6.	Selección de las mejores 20 cruzas simples de criollos por probadores poblaciones a través de las localidades de Cotaxtla, Ver., y Tepalcingo, Mor., con base en el desempeño de rendimiento y características agronómicas .....	161
7.	Cuadrados medios de los análisis de varianza combinado y por localidad de la evaluación genética para las cruzas de criollos por probadores poblaciones en las localidades de Cotaxtla, Ver., 1997 y Tepalcingo, Mor., en el ciclo invierno-primavera 1998-99 .....	163
8.	Efecto de la aptitud combinatoria específica (ACE) para las mejores trece cruzas respecto al rendimiento a través de localidades y por localidad en las evaluaciones de criollos por probadores poblaciones .....	165
9.	Efecto de la aptitud combinatoria general (ACG) para las mejores trece accesiones respecto a la variable de rendimiento a través de localidades y por localidad en las evaluaciones de criollos por probadores poblaciones. .	167
10.	Efecto de la aptitud combinatoria general (ACG) para los probadores respecto a la variable de rendimiento a través de localidades y por localidad en las evaluaciones de criollos por probadores poblaciones .....	167
11.	Estructura genética de las mejores veinte cruzas de criollos por probadores poblaciones a través de localidades con base en la variable rendimiento .....	168

12.	Cuadrados medios de los análisis de varianza para las cruzas de criollos por probadores líneas en las localidades de Cotaxtla, Ver., 1997 y Tepalcingo, Mor., en el ciclo invierno-primavera 1998-99 .....	170
13.	Cuadrados medios de los análisis de varianza combinado para las cruzas de prueba de criollos por probadores líneas en las localidades de Cotaxtla, Ver., 1997 y Tepalcingo, Mor., en el ciclo invierno-primavera 1998-99.....	172
14.	Selección de las mejores 20 cruzas simples de criollos por probadores líneas a través de las localidades Cotaxtla, Ver., y Tepalcingo, Mor., con base en el desempeño de rendimiento y características agronómicas .....	174
15.	Cuadrados medios de los análisis de varianza combinado y por localidad de la evaluación genética del rendimiento para las cruzas de criollos por probadores líneas en las localidades de Cotaxtla, Ver., 1997 y Tepalcingo, Mor., en el ciclo invierno-primavera 1998-99.....	176
16.	Efecto de la aptitud combinatoria específica (ACE) para las mejores trece cruzas respecto a la variable de rendimiento a través de localidades y por localidad en las evaluaciones de criollos por probadores líneas.....	179
17.	Efecto de la aptitud combinatoria general (ACG) para las mejores trece accesiones respecto a la variable de rendimiento a través de localidades y por localidad en las evaluaciones de criollos por probadores líneas.....	180
18.	Efecto de la aptitud combinatoria general (ACG) para los probadores respecto a la variable de rendimiento a través de localidades y por localidad en las evaluaciones de criollos por probadores líneas.....	181
19.	Estructura genética de las mejores veinte cruzas de criollos por probadores líneas a través de localidades con base en la variable rendimiento .....	182
20.	Efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE) de la variable de rendimiento de las accesiones comunes cruzadas por los dos tipos de probadores .....	187

## INDICE DE FIGURAS

Figura No.	Página
CAPITULO I.	
1.	Estructura general del manejo de organismos vegetales genéticamente modificados con base en las regulaciones de bioseguridad .....67

## **CAPITULO I**

### **INTRODUCCION**

Las actividades emprendidas en el mundo han tomado una percepción diferente a partir de los análisis y estudios que han señalado que los recursos naturales son agotables. Por consiguiente, la integración del desarrollo socio-económico en la naturaleza requiere de una visión sustentable en la aplicación de la ciencia y tecnología.

Las ciencias agronómicas modernas tienen una acción directa sobre la agricultura y el flujo más importante para el desarrollo de ésta es proporcionado por la biodiversidad, en donde la diversidad de las especies acompañado con el balance de los ecosistemas permite la disponibilidad y mantenimiento de sus beneficios. Uno de los importantes logros con relación a la diversidad biológica se originó en la Convención de Biodiversidad realizada en 1992 en Río de Janeiro, al considerar la necesidad de un protocolo internacional de bioseguridad.

Los sistemas agrícolas tradicionales han generado a través del tiempo importantes aportes al mejoramiento de cultivos, siendo muchos de éstos aún no adecuadamente caracterizados y utilizados. No obstante, estos recursos genéticos pueden lograrse beneficiar más a través de los mecanismos de transformación genética al incorporarse

características de genes foráneos específicos de distintos organismos.

Sin embargo, la expansión de los cultivos genéticamente modificados amenaza la diversidad biológica debido a la posibilidad de transferencia y expresión de las propiedades del transgen a otras especies que pudiesen crear resistentes a herbicidas en variedades y parientes silvestres creando posiblemente súper malezas, promover el desarrollo de resistencia de los insectos a los cultivos con toxina Bt y posiblemente afecten procesos ecológicos a través de la producción de toxinas con capacidad de moverse a través de la cadena alimenticia y afectar procesos ecológicos. Como consecuencia de estos efectos, los países, organizaciones internacionales, científicos y la ciudadanía en general, han realizado importantes aportaciones para la adopción de algunos procedimientos y regulaciones legislativas para la integración comercial, cultural y social del desarrollo de estas nuevas tecnologías sin degradar el ambiente.

En consecuencia de las anteriores consideraciones se estructuró el presente trabajo para desarrollarse en capítulos y con base en los siguientes objetivos: i) realizar un estudio de las implicaciones en la introducción, movilización y comercialización de plantas transgénicas en el uso agrícola en países desarrollados y en vías de desarrollo; ii) estudiar el comportamiento fisiológico en la germinación y vigor de semillas de variedades de algodón transgénico y sus correspondientes homólogos por mejoramiento convencional en laboratorio e invernadero; y iii) evaluar y seleccionar a través de la aptitud combinatoria accesiones de maíz criollo con características agronómicas y de rendimiento satisfactorias para la generación de nuevos cultivares.

## **CAPITULO II**

**RIEGOS, NORMATIVIDAD Y CONTROL DE CULTIVARES BASICOS  
GENETICAMENTE MODIFICADOS EN PAISES INDUSTRIALIZADOS Y  
EN VIAS DE DESARROLLO**

## **ABSTRACT**

Risks, Regulations and Control of Genetically Modified Basic Crops in Industrial and Developing Countries

BY

HERNANDO MONTENEGRO TORRES

DOCTOR IN AGRICULTURAL SCIENCE

AREA: AGRICULTURAL PRODUCTION

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO  
BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MEXICO, AUG 2000

Ph.D. Norma Angélica Ruíz Torres - Advisor-

Key Words: Genetically modified plants, biodiversity, biosafety, risks, regulations.

Throughout the years, it has been demonstrated that the agriculture is based on the genetic resources, constituting the foundation for the traditional production of plant varieties; likewise, it is the basis for the advances in sciences application like biotechnology, specifically in the genetic engineering area.

The development and liberation of genetically modified organisms (GMO's) to the ambient has untied a large controversy among the scientific community, world organizations, and citizens, due to the risks that could be generated mainly in the Origin and Diversity Centers.

This research was carried out with the following objectives: i) to characterize ambient risks types in the use of GMO's ; ii) to examine the existent regulations related to the use of GMO's in industrialized countries (U.S.A., Canada, Japan, and European Union), and in Latin American countries (Argentina, Brazil, Chile, Mexico, Paraguay and Uruguay); and iii) to suggest actions for problem handling and control derived from the use of GMO's.

The risks causes in the use of GMO's come from the use of genes and vectors derived from viruses, bacteria, and transposons, together with the rapid world increase in area, sometimes in regions defined as origin and diversity centers.

Biosafety regulations have been established with the aim that the final modified products conserve their stability, and that their handling, based on precautionary principles cut down or eliminate the potential risks in the GMO's investigation, production, liberation and introduction.

Two types of regulations were reviewed: i) for confined handling (laboratory and greenhouse) which basically protect staff members health, and ii) for experimental field handling, which protect the ambient, as well as the human, and animal health. Basically,

Canada and USA have a vertical biosafety system, in which the GMO is ruled but not the complete development process. While, the European Union is characterized for a horizontal system, in which the entire process and the final product is ruled.

Among the actions in the use of GMO's it is suggested: i) to establish experimentation and production fields in low risk areas, this is, in areas with no wild relatives; ii) to stablish insect resistance handling strategies in the case of the Bt gene; iii) to consider the interaction of the species biological characteristics in their systems; and iv) developing countries must improve their regulations to protect origin and diversity centers.

## **INTRODUCCION**

El desarrollo y mantenimiento de los diferentes sistemas de vida se basan en la diversidad biológica, tanto por el número creciente de una especie como su inter-relación en los ecosistemas, por consiguiente el avance de la sociedad estructurada en la aplicación de las ciencias, debe ser valorado por el impacto que éstas pueden ocasionar.

Se ha demostrado a través de los años que la agricultura está fundamentada por los recursos genéticos, los cuales constituyen la base de la producción tradicional de variedades de plantas, pero igualmente, es la base para los adelantos en la aplicación de ciencias como la biotecnología. Sin embargo, estas nuevas ciencias pueden ocasionar la pérdida de los recursos genéticos que de alguna manera depende de éstos.

El conocimiento de los riesgos y beneficios potenciales en la liberación de plantas manipuladas mediante la aplicación de la ingeniería genética para desarrollar recomendaciones, procedimientos y reglamentaciones de uso apropiado no han sido ampliamente analizado dentro del contexto global. A pesar de tener ventajas expresas en la introducción de los cultivos, hipotéticamente también se manejan desventajas y amenazas, calificándose como las más graves para el medio ambiente la erosión de la diversidad genética y el impacto a través de la transferencia de genes a variedades silvestres o parientes domesticados, siendo estas preocupaciones más acentuadas

en las regiones y países definidos como centros de diversidad (Krimsky y Wrubel, 1996). Otra creciente preocupación es la presencia de alérgenos como resultado del uso de transgénicos cuando se emplea cepas de microorganismos como toxinas insecticidas, lo cual trae repercusiones en la salud humana (Fuchs et *al.*, 1995).

Las proyecciones para Latinoamérica no son muy esperanzadoras si no se toma una real conciencia y es así como se analiza que de no involucrase a los fondos internacionales para reforzar las capacidades institucionales, se espera que solo el 30% de los países podrán ser capaces de desarrollar una legislación adecuada en los próximos diez años (Solleiro y Gálvez, 1995). Los países Latinoamericanos han analizado que la principal preocupación relativa a la integración de la biotecnología son los riesgos potenciales a la conservación y uso sustentable de la biodiversidad. El escape o liberación al medio ambiente de organismos genéticamente modificados (OGMs), puede colocar en riesgo la diversidad biológica de diversas maneras.

En razón de lo expuesto, el objetivo general fue estudiar las implicaciones de la introducción, movilización y comercialización de plantas modificadas mediante la aplicación de ingeniería genética, y los objetivos específicos fueron: i) caracterizar los tipos de riesgos en el ambiente; ii) revisar las normas legislativas existentes en los países industrializados de EUA, Canadá, Japón y la Unión Europea, y las adoptadas por los países latinoamericanos de Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, México, Paraguay y Uruguay en el uso de plantas transgénicas; y iii) sugerir las medidas de acción para el manejo y control de los problemas derivados del uso de plantas transgénicas.

## **REVISION DE LITERATURA**

La población mundial en 1995 se estimó en 5.5 billones y espera doblarse a 11 billones para el año 2050; el 97% del incremento ocurriría en países en vías de desarrollo, donde una importante parte de la población pobre vive en las áreas rurales (James y Krattiger, 1996). De las necesidades de la actualidad, la primera y más importante es aumentar con rapidez la producción de fibra y de alimentos para el hombre y los animales. Los análisis sobre el mundo definen que la cantidad de tierra cultivable no se puede incrementar, requiriéndose para esto mayor producción y en forma sustentable. De no cumplirse esto, más tierras marginales serán puestas al servicio de la agricultura y crearán más problemas ambientales, la consiguiente pobreza y aún desastres (Krattiger, 1998a).

En estas visiones analíticas de científicos, políticos y ciudadanía, una importante posición han tomado las empresas de agroquímicos que controlan la dirección y los objetivos de la innovación agrícola por medio de la biotecnología, al sustentar que la ingeniería genética mejorará la sostenibilidad de la agricultura, resolviendo los problemas del manejo agrícola convencional y librarán a los agricultores del tercer mundo de la baja productividad, la pobreza y el hambre (Kimbrell, 1998).

Con base en los adelantos actuales de la biotecnología experimental y productiva se percibe en un futuro tres tipos de acciones en las introducciones de organismos genéticamente modificados (OGMs): las características de los insumos (agronómicas), las características de los productos (calidad como alimentos e industrial) y la obtención de productos especiales en las plantas (Krattiger, 1998a).

### **Organismos Genéticamente Modificados**

A través de la ingeniería genética se ha logrado formar artificialmente combinaciones nuevas de ADN mediante la transferencia de genes (transformación) dentro de un organismo huésped (OGM) por medio de un sistema para insertar ADN. En general, el protocolo consiste en identificar genes de interés, su aislamiento y modificación, y la subsecuente transferencia a otro organismo, en el cual se expresa, ofreciendo un enriquecimiento de nuevas variedades en forma de plantas transgénicas (Hansen *et al.*, 1986; Barton *et al.*, 1997).

La transformación genética de plantas utiliza principalmente dos métodos: i) transferencia directa de genes: por electroporación, microinyecciones y microproyectiles (biobalística), método que ha tenido mayor éxito en plantas monocotiledóneas (Karcher, 1994) y ii) transferencia indirecta de genes: se realiza a través de la inserción de genes debidamente caracterizados con el uso de vectores como virus, bacterias y transposones. Los vectores de mayor uso corresponden a la bacteria del suelo del género *Agrobacterium tumefaciens* (Riva, 1998). Con ambos métodos se obtiene la planta transgénica, la cual, presenta además de los genes naturales, algún gene

adicional proveniente de otro organismo, que puede ser una planta, un virus, una bacteria o un animal (Kendall *et al.*, 1997).

Los objetivos fundamentales para transformar una planta son: mejorar un carácter ya presente en la planta o introducir un carácter deseable para desarrollar un genotipo específico (OTA, 1992; Hoisington, 1996). Entre los caracteres de interés agronómico modificados a través de la ingeniería genética se destacan: resistencia a insectos, resistencia a herbicidas, resistencia a hongos patógenos, resistencia a bacterias patógenas y el mejoramiento en la calidad de alimentos (Hoisington, 1996; Sims, 1996). Se espera que con el uso de esta nueva tecnología, se reduzca la dependencia de químicos, la contaminación del ambiente y los problemas causados a la salud humana por el uso excesivo e indebido de pesticidas.

### **Riesgos en el Uso de Organismos Genéticamente Modificados**

**La** gama de procesos científicos logrados a través de la ingeniería genética, esta siendo actualmente cuestionada por el impacto y los riesgos que implica el uso de productos de esta nueva tecnología. El término riesgo, es técnicamente la probabilidad de un evento dañino multiplicado por el daño causado, por consiguiente, si el daño es grande, no obstante una baja probabilidad puede significar un riesgo inaceptable (Barton *et al.*, 1997). El riesgo de la liberación de OGMs en los diferentes sistemas para plantas cultivadas y parientes silvestres, los insectos, el suelo y la salud humana y animal, tiene una manifestación compleja y su acción debe ser claramente definida en cada una de estos casos y la magnitud considerada en su integridad.

En el manejo experimental o comercial uno de los riesgos más inmediato es el flujo de genes vertical. La hibridación natural entre cultivos transgénicos y sus parientes silvestres tiene dos posibles consecuencias nocivas: la primera es la posible transferencia de alelos a especies de malezas para crear una maleza más persistente o super maleza (Goodman y Newell, 1985) y la segunda es la extinción por hibridación de la especie silvestre por depresión alogámica que consiste en la reducción de la aptitud general del organismo después de la hibridación o por dilución que se produce cuando una especie localmente rara pierde su integridad genética por la asimilación en la especie localmente común mediante ciclos repetidos de hibridación e introgresión (Ellstrand, 1996).

De lo anterior tres interrogantes se planteaban: i) la existencia de parientes silvestres del cultivo modificado genéticamente; ii) grado de hibridación natural entre el cultivo y su pariente; y iii) el papel ecológico normal del pariente en los ecosistemas naturales. Cabe señalar que éstas se encuentran aún en estudio y debate (Goodman y Newell, 1985; Ellstrand, 1996). Por otra parte Kareiva *et al.* (1991) clasificó el problema del escape del gene y de la dispersión de genes en cuatro componentes: i) la distancia que el polen transgénico debe viajar desde la planta fuente; ii) la frecuencia con que el polen transgénico produce descendencia híbrida; iii) la adecuación relativa de la descendencia transgénica; y iv) la distancia espacial del gen en la población de malezas. En esta época, todos estos aspectos tienen pleno valor en cualquier estudio de OGMs o reglamentación para el uso.

Actualmente, además de los riesgos relacionados con el flujo de genes, se plantean e integran otros riesgos potenciales: i) efectos tóxicos o alergénicos; ii) transferencia horizontal de genes a través de la mediación de un vector a especies de plantas sin relación alguna; iii) transferencia horizontal de genes a través de la mediación de un vector y recombinación para crear nuevas bacterias patógenas; iv) recombinación de vectores que generan nuevas cepas infecciosas de virus, especialmente en plantas con genes vírales; y) transmisión a través de un vector de resistencia a los antibióticos a bacterias del medio, como a las bacterias intestinales y a agentes patógenos; vi) incremento de la contaminación química del agua y los alimentos; vii) las plantas transgénicas equipadas con bio-insecticidas aceleran la evolución de resistencia a éstos en las plagas, perdiendo eficacia los bio-insecticidas naturales de la agricultura ecológica; y viii) concentración de los insectos normales, no resistentes, sobre los cultivos no transgénicos, sometiéndolos a daños acrecentados. El uso masivo de la toxina Bt en cultivos puede desencadenar interacciones potencialmente negativas que afecten a procesos ecológicos y a organismos benéficos (Paoletti y Pimentel, 1996; Kendall *et al.*, 1997; Muñoz, 1998; Nieto *et al.*, 1999).

Adicional a los anteriores riesgos se mencionan: i) inestabilidad de los genomas de las plantas transgénicas; ii) alimentos modificados de buen aspecto, con independencia de su valor real para la nutrición; iii) las técnicas de transferencia de genes entre especies diferentes, crea combinaciones de caracteres no existentes en la naturaleza. No existen evidencias convincentes de la inocuidad de las nuevas combinaciones; iv) posibles efectos pleiotrópicos; v) los genes incorporados en un organismo producen los mismos efectos que las mutaciones espontáneas, donde los hechos son impredecibles;

vi) el conocimiento de la hibridación suministra bases para calcular la probabilidad del riesgo, pero no ofrece soporte suficiente para predecir la forma de híbridos y su posible establecimiento en la naturaleza; vii) los mecanismos de incorporación de genes en un hábitat determinado son procesos de largo alcance en términos evolutivos. Los experimentos en periodos cortos de tiempo no son probablemente adecuados para detectar o predecir la capacidad de expansión de una información genética determinada; y viii) la expansión de los cultivos transgénicos amenaza la diversidad genética por la simplificación de los sistemas de cultivos y la promoción de la erosión genética. Aquí se combinan causas biológicas, competición entre especies, y político-económicas, respecto a políticas comerciales de venta o prohibición de utilizar ciertas semillas (Pimentel *et al.*, 1989; Alstad y Andow, 1995; Paoletti y Pimentel, 1996; Kendall *et al.*, 1997; Muñoz, 1998; Nieto *et al.*, 1999).

### **Evidencias de Efectos de Flujo Genético**

El flujo genético es definido como el movimiento o transferencia de genes entre poblaciones de organismos, usualmente por reproducción sexual, siendo la transferencia que prevalece en mayoría la vertical (de padre a hijo), a través de la trasmisión de polen a variedades o especies compatibles, donde el principal riesgo es la transferencia de caracteres indeseables, y una de las grandes excepciones ocurre en las bacterias, en las que es frecuente la transferencia horizontal de genes sin transmisión sexual (entre individuos sin relación de parentesco) (Robles, 1995; Hruska y Lara, 1997).

Varios estudios se han desarrollado con el fin de evaluar el comportamiento de los cultivos tradicionales, transgénicos y sus parientes silvestres, para tal efecto se citan algunos de éstos mostrando los aspectos más importantes en su conducción. MarcPartlan y Dale (1994) al cruzar cuatro cultivares transgénicos con dos especies silvestres endémicas del Reino Unido, *Solanum nigrum* L. y *S. Dulcamara* L., determinaron tasas de transferencia génica de 24% en filas adyacentes, de 2% a 3 m y de 0.02% a 10 m y a 20 m no se detectó transferencia. Sin embargo, no se encontró evidencia de polinización cruzada entre las dos especies silvestres y los cultivares transgénicos, evidenciándose que la amenaza de riesgos por introgresión en las especies nativas es poco probable con los cultivos tetraploides. Por otra parte, Ejilander y Stiekeman (1994) determinaron igualmente con las especies *S. nigrum* y *S. dulcamara* que los estilos, ploidía y posibles barreras del número del balance endospermico, contribuyen a la carencia de habilidad de cruzamiento entre estos cultivares, siendo la *S. dulcamara* incompatible en todos los niveles de poliploides y la *S. nigrum* en forma unilateral.

Brown *et al.* (1996) estudiaron los efectos de las plantas transgénicas de canola *Brassica napus* L. resistentes al herbicida Glifosato, respecto a la diseminación de los genes manipulados a tres especies de malezas emparentadas; mostazas de campo, silvestre y negra. El movimiento de polen disminuyó con el incremento de la distancia, cuando crecieron juntos fue de 63% y de 0.5% (1:200 semillas) cuando las plantas fueron separadas por 7.5 m. En las temporadas más cálidas y secas se observó, que más allá de los 5 m la frecuencia de polinización cruzada fue de 1:1000. La canola polinizada mostró 93% de desarrollo normal del embrión, mientras la mostaza de campo,

mostaza silvestre y la mostaza negra tuvieron 79, 91 y 57%, respectivamente. Plántulas híbridas resistentes a herbicidas no fueron observadas entre la mostaza silvestre y canola o entre mostaza negra y la canola. Sin embargo, por lo menos 18 plantas híbridas se obtuvieron entre la canola y la mostaza de campo, aproximadamente un híbrido por cada 3000 plantas.

Mikkelsen *et al.* (1996) evaluaron la introgresión de genes desde la canola transgénica tolerante a herbicida Basta (Glifosato de amonio) al pariente silvestre *B. campestris*. La hibridación y la retrocruza entre el transgénico *B. napus* y el *B. campestris* produjeron híbridos interespecíficos transgénicos sobre ambas especies paternas. Posteriormente, al sembrar estos híbridos junto a la *B. campestris*, se observó que en sus retrocruzas los híbridos eran fértiles con una producción de 450 semillas por planta, con morfología similar a *B. campestris*. Continuando con el estudio, se encontró que al cruzar plantas con características de *B. campestris* con plantas genuinas de *B. campestris*, la segunda retrocruza de plantas tenían semillas con alta dormancia similar a la maleza *B. campestris*, con un promedio de 6.4 de viabilidad y el 42% fueron tolerantes a Basta. Otro aspecto destacado fue que plantas de semillas caídas en el anterior ciclo de siembra poseían características transgénicas, con tolerancia a Basta, y morfología similar a *B. campestris* y alta fertilidad de polen. De lo anterior se deduce que la ocurrencia de la fertilidad de plantas transgénicas es similar a la maleza, después de dos generaciones por hibridación y retrocruza, y sugieren una posible rápida transferencia de dispersión de genes desde la canola al pariente silvestre *B. campestris*.

En un estudio desarrollado por Chevre (1997) observó el flujo de genes intergenéricos entre canola transgénica y el rábano silvestre (*Raphanus raphanistrum* L.) una maleza común en campos de canola, pero distante parentalmente donde una sola copia del gen bar que confiere resistencia para el herbicida Glifosato (Basta) en canola transgénica fue transferido a esta maleza distante. Por otra parte, estudiando en campo plantas de nabo macho estériles transgénico rodeados por rábano silvestre, se observó que el polen desde las plantas de malezas polinizaron las plantas de nabo para producir semillas híbridas. Los híbridos F<sub>1</sub> tuvieron fertilidad baja pero gradualmente los híbridos siguientes llegaron a ser más fértiles y cada vez más parecidos al pariente de la maleza.

Efectos negativos por la variación no selectiva en el gen que codifica la toxina de la bacteria *Bacillus thuringiensis* (Bt) han ocasionado acciones dañinas en abejas e insectos benéficos. Algunos reportes citados por Ho y Steinbrecher (1997), señala que los vectores usados en la tecnología del ADNr han presentado transferencia genética horizontal de plantas transgénicas de papa a bacterias patógenas, también se tiene evidencias en trabajos de Hoffman *et al.*, (1994) con hongos del suelo.

Algunos casos de efectos en OGMs, se citan la epidemia del síndrome de eosinofilia-mialgia de 1990, en EUA, que ocasionó 37 muertos y 1500 personas afectadas con invalidez permanente, por el consumo de L-triptófano producido mediante una cepa de *Bacillus amyloliquefaciens* manipulada genéticamente, donde se buscaba un suplemento alimenticio más eficiente en triptófano. Otros casos citados son en una levadura manipulada genéticamente portadora de copias múltiples de una de las enzimas glicolíticas, de la levadura con el fin de aumentar el índice de fermentación,

acumulaba un metabolito, el metilglioxal, a nivel tóxicos mutagénicos. También se tienen reportes que en plantas de tabaco modificadas genéticamente para producir ácido gamma-linoleico, produjo también de forma imprevista ácidos octodecatetranoico, una sustancia desconocida en plantas de tabaco naturales. En soya manipulada genéticamente se ha identificado el alérgeno de la nuez de Brasil. La literatura es amplia y variada que cita este tipo de efectos no previstos o no intencionados (Ho y Steinbrecher, 1997; Mendelson, 1998; Tokar, 1998).

### **Bioseguridad**

La bioseguridad representa el desarrollo de conductas a través de normas y procedimientos encaminados a reducir, impedir y eliminar todo riesgo potencial resultante de la investigación, producción, liberación, introducción de la biotecnología y sus productos. La bioseguridad se basa en el principio de precaución, según el cual la falta de una plena certeza científica no debe utilizarse como excusa para aplazar la adopción de una medida cuando existe la amenaza de daños graves o irreversibles (Muñoz, 1998; Trigo y Jaffe, 1990).

La primera regulación de bioseguridad fue preparada por las Instituciones Nacionales de Salud de EUA en 1976, la cual fue aplicada para la protección de procedimientos a nivel de laboratorio (Trigo y Jaffe, 1990). Estas guías que rápidamente fueron adoptadas en todo el mundo, pasaron a ser condición fundamental para la cooperación internacional de los países industrializados que tienen el liderazgo en esa vía, en la adopción y directrices para la práctica de la Ingeniería Genética.

En América el impacto de los descubrimientos científicos-tecnológicos derivados de la Biotecnología ha tenido una trayectoria secuencial de varios análisis, para aprovechar los beneficios y tomar algunas medidas en su manejo. Los primeros avances se dieron en Ottawa, Canadá en 1987, mediante organizaciones internacionales como el IICA, PNUD, UNESCO y ONUDI entre otros. La bioseguridad ha sido discutida con mayor intensidad desde los finales de la década de los 80s, asociados a los temas de conservación y uso de la biodiversidad. A través de reuniones y por medio de grupos de estudio se fueron formulando guías para el uso y manejo de seguridad de la tecnología del ADNr, en las cuales tuvieron participación importante científicos de USDA y APHIS. La Conferencia de las Naciones Unidas para el Medio Ambiente y Desarrollo (1992), conocida también como Río 92, representa la sección de mayor alcance por la participación de más de 170 países y por los temas propuestos. En esta conferencia fue aprobada la Convención sobre Diversidad Biológica (CDB), la cual trata sobre la manipulación de la biotecnología y de la distribución segura de sus beneficios. Los países firmantes se comprometieron a considerar la necesidad de un protocolo en bioseguridad, en el campo de la transferencia, manipulación y uso seguro de cualquier organismo vivo modificado resultante de la biotecnología, que podría causar efectos adversos a la conservación y uso sustentado de la diversidad biológica. En la actualidad las legislaciones tienen sus bases fundamentadas en las legislaciones promulgadas y la experiencia adquirida por EUA, Canadá, Austria, Japón y la Comunidad Económica Europea (Muñoz, 1998; Nieto *et al.*, 1999; UNEP, 2000).

Los países Latinoamericanos han analizado que la principal preocupación relativa a la implementación de la biotecnología son los riesgos potenciales a la conservación y

uso sustentable de la biodiversidad, en donde el escape o liberación al ambiente de OGMs, que puede colocar en riesgo la diversidad biológica de diversas maneras. El proceso de regulación de la última reunión sobre los tratados de bioseguridad realizados en enero del 2000 en Montreal, Canadá, fue motivada en la adopción de medidas para establecer y salvaguardar en forma creíble y eficaz para el ambiente. Para esto los objetivos se fundamentan en: i) conservación de la bioseguridad; ii) uso sostenible de la biodiversidad; y iii) distribución justa y equitativa de beneficios derivados del acceso de los recursos genéticos (UNEP, 2000).

Los pasos de las evaluaciones graduales de los procedimientos de seguridad, se fundamentan en los siguientes: paso uno, determinar el nivel de interés de seguridad para el organismo no modificado, considerándose los siguientes factores: i) condición de la enfermedad/patógenos del organismo; ii) su capacidad para establecerse en el mejoramiento; iii) sus interacciones ecológicas, funciones e importancia en la comunidad; iv) su habilidad para transferir información genética; y v) la potencialidad para la verificación y control; paso dos, considera como afecta la seguridad la modificación genética, tomándose en cuenta los factores: i) los procesos de modificación; ii) la expresión y construcción del gene; iii) grado de conocimiento de la biología molecular y otras informaciones evaluadas para predecir el nivel de seguridad de los parientes del organismo modificado con relación al organismo no modificado; y paso tres, combinación de las evaluaciones en los pasos uno y dos. La información en el organismo no modificado y en el modificado genéticamente es integrada para evaluar lo concerniente a la seguridad para OGMs (Gould, 1988; Gould, 1997).

## **MATERIALES Y METODOS**

La revisión documental se fundamentó en los procedimientos y reglamentaciones de los aspectos generales sancionados para el manejo de organismos genéticamente modificados, se realizó considerando las estructuras en los países industrializados de Japón, Canadá, Estados Unidos y Unión Europea, y de las regulaciones legislativas para países en vías de desarrollo a través de Brasil, Argentina y México, como también un análisis conjunto de las legislaciones de Bolivia, Chile, Paraguay y Uruguay. En la presentación se hace referencia sobre los aspectos específicos de manejo y de las condiciones generales en las aplicaciones, para detallar su integración en el manejo de la bioseguridad a nivel mundial. En las reglamentaciones los países han adoptado diferentes formas para designar los términos, debido a diferencias culturales o a la diferencia de lenguaje de uso en las disciplinas científicas, en el estudio se asumió los términos de cada reglamentación, como el caso del similar significado o de referencia de los organismos genéticamente modificados, OGMs (en la mayoría de los países), plantas con nuevo tratamiento, PTNs (Canadá) y plantas de ADN recombinante, ADNr (Japón).

Además, se presentan los soportes técnicos en la incidencia y mecanismos de acción del uso de organismos genéticamente modificados en el ambiente.

**Estructura de Trabajo.** La investigación de trabajo se estructuró bajo el siguiente esquema:

**Delimitación del Estudio.** i) el periodo de la investigación documental fue definido entre junio de 1997 a marzo del 2000; ii) la búsqueda y recopilación de la información de las regulaciones fueron limitadas por la disponibilidad de algunos documentos que fuesen referencia de las acciones de antecedentes o debido a la actualización de las fuentes de consultas en los sistemas bibliotecarios.

**Proceso de la Investigación.** i) la obtención y consulta documental incorporados en el estudio lo constituyeron las fuentes documentales primarias y secundarias, definidas en su importancia, por el carácter de procedencia de manejo universal, como también por la representatividad y extensión de acuerdo a los objetivos propuestos; ii) la obtención de los documentos se realizó en los sistemas bibliotecarios, hemerotecas, fuentes de disco compacto de información y revistas científicas de las secciones de Centros Universitarios, Centros Internacionales y aportes de las instituciones vinculadas en el sector de bioseguridad; y iii) una importante fuente de información que permitió obtener la copia de documentos de dominio público lo constituyó la red internet a través de los servicios de correo electrónico, la búsqueda y copia de archivos y programas informativos (archivos FTP, File Transfer Protocol), servicios de información hipermedia (World Wide Web) y el servicio de noticias por sub-red de Usetnet.

Para facilitar la ubicación del significado de las abreviaturas usadas en el documento estas se han agrupado en el Apéndice.

## **ANALISIS Y DISCUSION**

### **Desarrollo de la Producción Mundial de Cultivos Genéticamente Modificados.**

El comportamiento de los cultivos transgénicos a nivel mundial respecto a la área sembrada en países industrializados y en países en vías de desarrollo, como también, su distribución por cultivo y el tratamiento del transgen se presentan en las Cuadros 1, 2, 3 y 4. La adopción de los cultivos transgénicos entre 1996 y 1999 tuvo un incremento con importantes avances, siendo éste de 37.1 millones de ha y conformado por 12 países, 8 industrializados y 4 en vías de desarrollo. Los países industrializados representados por: EUA, Canadá, Australia, España, Francia, Portugal, Rumania y Ucrania, constituyen los de mayor incremento con 31.2 millones de ha, en tanto los países en vías de desarrollo alcanzaron 5.9 millones de ha, a través de China, Argentina, México y Sudáfrica (Cuadro 1). La tasa de adopción es una de las más altas para una nueva tecnología, para estándares normales en la industria agrícola reflejada por la satisfacción creciente por los productos, como el manejo flexible del cultivo, alta productividad y disminución del uso de pesticidas convencionales (James, 1997).

Para 1996, el área sembrada fue de 1.6 millones de ha (57%) en los países industrializados, área no tan amplia con respecto a los países en vías de desarrollo, en tanto en los años subsiguientes el incremento ha sido muy amplio, representando para 1999 el 82% de la área a nivel mundial. La causa del incremento del porcentaje del área

sembrada en los primeros años en los países en vías de desarrollo la constituyó, las áreas pioneras de tabaco resistente a virus en China (James, 1997 y 1998; Krattiger, 1998b). En 1996, EUA y China fueron los países con mayor área sembrada con cultivos transgénicos (Cuadro 1), a su vez, EUA representa el país de mayor incremento con 27.2 millones de ha, pasando en forma porcentual de 52 a 72% entre 1996 y 1999. Argentina ha tenido un destacado incremento del área sembrada, constituyéndose en el segundo país con 6.6 millones de ha, seguido por Canadá con 3.9 millones de ha. Sin embargo, Argentina es el país que tiene el mayor incremento mundial en forma proporcional entre 1996 a 1999 con 67 veces, seguido por Canadá y EUA.

Cuadro 1. Área mundial sembrada en millones de hectáreas con cultivos transgénicos entre países industrializados y en vías de desarrollo entre 1996 y 1999.

Región	1996		1997		1998		1999		Incremento	
	Ha	%	Ha		Ha		Ha	%	Ha	Proporción
<b>Países industrializados:</b>										
EUA	1.5	53	8.1	63	20.5	74	28.7	72	27.2	13.7
Canadá	0.1	4	1.3	10	2.8	10	4.0	10	3.9	40.0
Australia	<0.1	<1	0.1	<1	0.1	<1	0.1	<1	<0.1	(-)
España	*	*	0.0	0	<0.1	<1	<0.1	<1	<0.1	(-)
Francia	*	*	0.0	0	<0.1	<1	<0.1	<1	<0.1	(-)
Portugal	*	*	*	*	0.0	0	<0.1	<1	<0.1	(-)
Rumania	*	*	*	*	0.0	0	<0.1	<1	<0.1	(-)
Ucrania	*	*	*	*	0.0	0	<0.1	<1	<0.1	(-)
<b>Subtotal</b>	<b>1.6</b>	<b>57</b>	<b>9.5</b>	<b>74</b>	<b>23.4</b>	<b>84</b>	<b>32.8</b>	<b>82</b>	<b>31.2</b>	<b>20.5</b>
<b>Países en vías de desarrollo:</b>										
China	1.1	39	1.8	14	*	*	0.3	1	(-)	(-)
Argentina	0.1	4	1.4	11	4.3	15	6.7	17	6.6	67.0
México	<0.1	<1	0.1	<1	0.1	1	0.1	<1	<0.1	(-)
Sudáfrica	<0.1	<1	0.0	0	<0.1	<1	<0.1	<1	<0.1	(-)
<b>Subtotal</b>	<b>1.2</b>	<b>43</b>	<b>3.3</b>	<b>26</b>	<b>4.4</b>	<b>16</b>	<b>7.1</b>	<b>18</b>	<b>5.9</b>	<b>4.9</b>
<b>Total</b>	<b>2.8</b>	<b>100</b>	<b>12.8</b>	<b>100</b>	<b>27.8</b>	<b>100</b>	<b>39.9</b>	<b>100</b>	<b>37.1</b>	<b>14.3</b>

Fuente: James, 1997, 1998 y 1999.

\* Datos no presentados por la fuente de información.

(-) Datos no ajustados.

El valor incluye el área pionera de China 1996.

Los principales cultivos sembrados en el mundo son la soya, maíz, tabaco, canola, algodón, tomate, papa, papaya y calabaza. De los 2.8 millones de ha sembradas en

1996, el tabaco con resistencia a virus con 1.0 millón de ha (Cuadros 2 y 3), representó el de mayor área sembrada. El algodón con el 28%, fue el segundo cultivo en importancia, con el tratamiento de resistencia a insectos con Bt, siendo EUA el de mayor área sembrada, seguido por Australia y México con una menor área. La soya fue el tercer cultivo y el tratamiento con tolerancia a herbicidas constituyeron las mayores áreas sembradas, principalmente en EUA y Argentina. El cultivo del maíz con el tratamiento de resistencia a insectos con Bt y siendo los EUA el principal productor, se convirtió en el cuarto cultivo de importancia. Los cultivos de canola y tomate con los tratamientos a tolerancia a herbicidas, establecidos en su mayor área en Canadá, y el de resistencia a virus, en China, respectivamente, representaron cada uno el 4% del área mundial. El cultivo de la papa con el tratamiento de resistencia a insectos con Bt, y con la mayor siembra en EUA constituyó el cultivo de menor área (Cuadros 2 y 3) (James, 1997).

Cuadro 2. Distribución por cultivo del área mundial sembrada en millones de hectáreas con cultivos de transgénicos entre 1996 y 1999.

Cultivo	1996		1997		1998		1999		Incremento	
	Ha	%	Ha	%	Ha	%	Ha	%	Ha	Proporción
Soya	0.5	18	5.1	40	14.5	52	21.6	54	21.1	43.2
Maíz	0.3	10	3.2	25	8.3	30	11.1	28	10.8	37.0
Tabaco	1.0	35	1.6	13	*	*	*	*	0.6	1.6
Algodón	0.8	28	1.5	11	2.5	9	3.7	9	2.9	46.3
Canola	0.1	4	1.3	9	2.4	9	3.4	9	3.3	34.0
Tomate	0.1	4	0.1	1		<1	*	*	0.1	1.0
Papa	<0.1	<1	<0.1	<1		<1	<0.1	<1	<0.1	(-)
Papaya	*	*	*	*	0.0	0.0	<0.1	<1	(-)	(-)
Calabaza	*	*	*	*	0.0	0.0	<0.1	<1	(-)	(-)
<b>Total</b>	<b>2.8</b>	<b>100</b>	<b>12.8</b>	<b>100</b>	<b>27.8</b>	<b>100</b>	<b>39.9</b>	<b>100</b>	<b>37.1</b>	<b>14.3</b>

Fuente: James 1997, 1998 y 1999.

\* Datos no presentados por la fuente de información.

Para 1999 la soya representa el cultivo de mayor área sembrada con el 54% y un incremento entre 1996 y 1999 de 21.1 millones de ha. Los cultivos de maíz y canola con

incrementos de 10.8 y 3.3 millones de ha, respectivamente, corresponden al segundo y tercer cultivo de importancia (Cuadro 2).

Entre 1997 a 1999, el tratamiento con tolerancia a herbicida fue el más importante en el cultivo de soya, seguido por la canola y en una menor proporción por el algodón (Cuadro 3). Los cultivos resistentes a virus fueron los de mayor área sembrada en 1996 con un 39%, representados principalmente por el tabaco y en menor área por el tomate sembrados en China (Cuadro 3 y 4).

Cuadro 3. Distribución por cultivo y tratamiento de transgen en el área mundial sembrada en millones de hectáreas de cultivos transgénicos entre 1996 y 1999.

Cultivo/Tratamiento	1996		1997		1998		1999		Incremento	
	Ha	%	Ha	%	Ha	%	Ha	%	Ha	Proporción
Soya / T.H.	0.5	18	5.1	40	14.5	52	21.6	54	21.1	43.2
Maíz / R.I.	0.3	11	3.0	23	6.7	24	7.5	19	7.2	25.0
Canola / T.H.	0.1	4	1.2	10	2.4	9	3.5	9	3.4	35.0
Algodón / T.H.	<0.1	<1	0.4	3	*	*	1.6	4	0.3	10.0
Tabaco / R.V.	1.0	35	1.6	13	*	*	*		0.6	1.6
Algodón / R.I.	0.8	28	1.1	8	*		1.3	3	0.5	1.6
Maíz / T.H.	0.0	(-)	0.2	2	1.7	6	1.5	4	1.3	6.5
Tomate / R.V.	0.1	4	0.2	1		*		*	0.1	(-)
Canola /T.H.rfec.Hib.	0.0	(-)	<0.1	<1	*		*	*	<0.1	(-)
Algodón / R.I./T.H.	0.0	(-)	<0.1	<1	2.5	9	0.8	2	<0.8	(-)
Canola (A. L.)	<0.1	<1	<0.1	<1	*	*	*	*	<0.1	(-)
Papa/R.I.	<0.1	<1	<0.1	<1	*	*	*	*	<0.1	(-)
Tomate (L.V.A.)	<0.1	<1	<0.1	<1	*	*	*	*	<0.1	(-)
<b>Total</b>	<b>2.8</b>	<b>100</b>	<b>12.8</b>	<b>100</b>	<b>27.8</b>	<b>100</b>	<b>39.9</b>	<b>100</b>	<b>37.1</b>	<b>14.3</b>

Fuente: James, 1997, 1998 y 1999.

T.H.: Tolerancia a herbicida; R.I.: Resistencia a insectos; R.V.: Resistencia a virus; A.L.: Alto contenido de ácido láurico; L.V.A.: Larga vida de anaquel; Tec.Hib.: Tecnología híbrida.

\* Datos no presentados por la fuente de información. (-) Datos no ajustados.

Las siembras proyectadas hasta 1999 definen que la soya tolerante a herbicida es el principal tratamiento por cultivo sembrado principalmente en EUA. En tanto, la canola tolerante a herbicida sembrada exclusivamente en Canadá, tuvo un aumento importante con 3.4 millones de ha. El algodón tolerante a herbicida, que se sembró casi completamente en EUA y con una área pequeña en México, fue el tercer tratamiento en

importancia. El maíz Bt tuvo una importante área sembrada en EUA con un incremento de 7.2 millones de ha. El algodón resistente a insectos sembrado principalmente en EUA y en menor área en Australia y México, aumentó en proporción en 1.6 veces, similar comportamiento tuvo el tabaco, resistente a virus en China.

Cuadro 4. Distribución por tratamiento del transgen del área mundial sembrada en millones de hectáreas con cultivos transgénicos entre 1996 y 1999.

Tratamiento	1996		1997		1998		1999		Incremento	
	Ha	%	Ha	%	Ha	%	Ha	%	Ha	Proporción
Tolerancia a herbicida	0.6	22	6.9	54	19.8	71	28.1	71	27.5	46.8
Resistencia a insectos	1.1	39	4.1	31	7.7	28	8.9	22	7.8	8.1
Resistencia a virus	1.1	39	1.8	14	*	*	*	*	<0.1	(-)
Resistencia a insectos	*	*	<0.1	<1	0.3	1	2.9	7	2.6	9.7
Resistencia a herbicidas										
Tratamientos de calidad	<0.1	<1	<0.1	<1	<0.1	<1	<0.1	<1	<0.1	(-)
<b>Total</b>	<b>2.8</b>	<b>100</b>	<b>12.8</b>	<b>100</b>	<b>27.8</b>	<b>100</b>	<b>39.9</b>	<b>100</b>	<b>37.1</b>	<b>14.3</b>

Fuente: James, 1997, 1998 y 1999.

\* Datos no presentados por la fuente de información.

(-) Datos no ajustados.

## Regulaciones Legislativas en Bioseguridad por Países

### Unión Europea

La estructura reguladora de la Comunidad Europea para la biotecnología se diseñó en el final del decenio de 1980 y provee el aseguramiento de la protección de la salud y del ambiente, al mismo tiempo, fue creada la legislación para el mercadeo interno de productos biotecnológicos (Economic Commission for Europe, 1997; Official Journal of the European Communities, 1994; Regulations: European Union, 1997).

La Comisión de la Unión Europea para la regulación de productos de la ingeniería genética la conforma un Comité compuesto por los representantes de los países miembro y presidida por uno de éstos. Los países miembros de la Unión Europea que lo conforman son: Alemania, Austria, Bélgica, Dinamarca, Finlandia, Francia, Grecia, Islandia, Irlanda, Italia, Países Bajos, Portugal, España, Suiza y Reino Unido

Los componentes de la estructura reguladora son: i) uso de microorganismos genéticamente modificados; ii) liberación intencional de OGMs al ambiente y mercadeo; iii) protección de los trabajadores a los riesgos de exposición a agentes biológicos; y iv) legislación de los productos medicinales, protección de plantas, aditivos de uso en la alimentación animal, alimentos novedosos y en semillas. Además, se legisla sobre la protección de la propiedad intelectual y de los productos derivados de la biotecnología al someterse a evaluaciones y autorizaciones antes de su comercialización.

La evaluación de un producto se realiza según tres criterios: seguridad, calidad y eficacia, y la Comisión hace un seguimiento normal de los avances científicos presentados. Por otra parte, la estructura reguladora atiende y se fundamenta sobre las normas presentadas por los solicitantes, donde el desarrollo y la existencia de aspectos de procedimiento pueden usarse posteriormente para complementar la legislación, particularmente sobre detalles técnicos de buenas prácticas y de seguridad.

El espíritu de las decisiones de la Comisión es de estar en conformidad con las obligaciones internacionales, en particular con los acuerdos de las negociaciones de la Ronda de Uruguay. Además, los señalamientos sobre el crecimiento, competitividad y

empleo hacen referencia a un carácter abierto para que la plena potencialidad de la biotecnología moderna en la inversión y crecimiento puedan darse.

En el tratado de la Comunidad Económica Europea, la acción sobre el ambiente se basa en el principio preventivo y se plantea las siguientes gestiones: i) establecer procedimientos y criterios en la evaluación, caso por caso, de los riesgos de la liberación intencional de OGMs; ii) autorizar la comercialización de productos que contienen OGMs; iii) medidas para los organismos vivos, liberados para propósitos experimentales o como productos comerciales, debido a que pueden reproducirse en el ambiente y cruzar fronteras nacionales afectando otros países miembros, y con efectos irreversibles; iv) protección de la salud humana y el ambiente; y) aproximar las leyes de los países miembros para evitar disparidad entre las reglas en vigor o en preparación, y que pueden crear condiciones desiguales de competitividad o barreras comerciales, que afecten el funcionamiento del mercado común. Por otra parte, se ha establecido se excluyan las siguientes técnicas, por no usar OGMs como organismos receptores o parentales: la mutagénesis y la fusión de células de plantas cuyos resultados pueden también ser producidos por métodos de mejoramiento tradicional.

La responsabilidad de los países miembro se basa en: i) asegurar la toma de medidas para evitar efectos adversos sobre la salud humana y el ambiente; ii) designar la autoridad responsable competente para efectuar los requerimientos de las Directivas; y iii) asegurar que la autoridad organice las inspecciones y otras medidas de control.

Cada país miembro es autónomo en adopción de las medidas de aseguramiento antes que un OGM o combinación de éstos se pongan en el mercado o en un producto. Por lo cual, el fabricante o importador notifica y somete a consideración ante la autoridad competente del país miembro que un producto será puesto en el mercado. En cada país la autoridad competente puede aceptar la liberación de un OGM en un sitio o en diferentes sitios para el mismo propósito. Debido al principio de acción comunitaria, se tiene el procedimiento de Conciencia Pública, donde un país miembro cuando lo considere apropiado puede proveer que a un grupo o a la ciudadanía se le consulte sobre aspecto de la liberación intencional de un OGM. Por otra parte, la Comunidad Europea a través de la Comisión y por solicitud de los países de: Francia, Reino Unido, Bélgica, Italia, Portugal, Irlanda, España, Dinamarca, Los Países Bajos y la República de Alemania, han adoptado la aplicación simplificada de procedimientos para la liberación de los OGMs de plantas con base en la experiencia obtenida.

Existe la posibilidad de presentar una información única de notificación sobre liberaciones de cultivos de OGMs en varias localidades, requiriéndose para esto cumplir con las siguientes condiciones e información: i) clasificación taxonómica y biológica de la especie receptora del gen; ii) las interacciones de las especies de plantas receptoras en los ecosistemas en que la liberación experimental y/o agrícola tendría lugar; iii) datos científicos sobre la seguridad en salud humana y el ambiente que involucre los OGMs de la misma especie que la planta receptora; iv) la secuencia insertada y la expresión de los productos sean conocidas; v) la secuencia insertada sea bien caracterizada; y vi) todas las secuencias insertadas sean integradas en el genoma nuclear de la planta.

Con relación a la rotulación y empaque, las consideraciones son las siguientes: i) los países miembros toman medidas que comprueben que el producto con un OGM esté empacado y etiquetado como se especificó en la solicitud; ii) el producto en el mercado debe incluir condiciones específicas para el uso y manejo, y algunas propuestas para el etiquetado y empaque; iii) cada nuevo producto con un mismo OGM o combinación de OGMs, destinado a un uso diferente, debe evaluarse separadamente.

Los países miembros no pueden prohibir, restringir o impedir el mercadeo de los productos que cumplan con las condiciones antes mencionadas. Sin embargo, existe la revocatoria cuando un país tiene razones justificables al considerar que constituye un riesgo a la salud humana o al ambiente, pudiendo restringir provisionalmente y/o prohibir la venta de esos productos sobre su territorio. Sobre esta acción se informa a la Comisión y a los países miembros.

Las decisiones son dadas por la Comisión a la autoridad competente del país miembro, siendo la aceptación presentada por escrito para el mercadeo, quien a su tiempo informará a los otros países, y pudiéndose usar el producto a lo largo de la Comunidad, tan lejos como las condiciones específicas estipuladas de uso en los ambientes y/o las áreas geográficas lo señalen. En el caso de una objeción, las razones deben ser constadas, y la Comisión tomará la decisión respectiva.

La confidencialidad y los derechos de propiedad intelectual, son regulados por la Comisión y las autoridades competentes, no pueden divulgar a terceros ninguna información de notificación confidencial, con base en que la divulgación puede afectar la

posición competitiva y de protección de los derechos de propiedad intelectual relacionados con los datos recibidos. Además, la forma como se guardaría la información es concensada por la autoridad competente y el solicitante notificado. Si por cualquier razón se retira la notificación, las autoridades competentes y la Comisión respetan la confidencialidad de la información entregada.

El seguimiento de la información a nivel comunitario, es suministrada inicialmente por los países miembros, los cuales envían a la Comisión, al final de cada año, un informe sobre el control del uso de los OGMs. La Comisión a su vez envía al Parlamento Europeo y al Consejo, cada tres años, un informe sobre el control de los países miembros de los productos puestos en el mercado.

## Japón

La aplicación de las directrices para organismos de ADNr es controlada por cuatro agencias de gobierno. La responsabilidad se divide entre ellos según el tipo y actividades de trabajo que esté sujeto de regulación: i) Ministerio de Ciencia y Tecnología. Involucra las actividades experimentales y se tiene directrices de contenidos similares para las Universidades; ii) Ministerio de Comercio Internacional e Industria. Promociona la biotecnología en cuanto a químicos básicos, productos químicos y fertilizantes químicos, y se divide en cuatro secciones: a) provisiones generales; b) evaluación de la seguridad de los recombinantes; c) equipo, operaciones y gestión; y d) sistemas de responsabilidad y gestión; iii) Ministerio de Agricultura, Forestal y Pesca. Cubre únicamente la liberación al ambiente; y iv) Ministerio de Salud y Bienestar. Las

directivas se dividen en las siguientes secciones: a) principios generales; b) instalaciones y equipo; c) recursos y organización; y d) cumplimiento de puntos concernientes a las operaciones. Cada Ministerio ha establecido su propio conjunto de directrices, que están estrechamente relacionadas a las recomendaciones de la OCDE en estructura y seguimiento (Ministry of agriculture, forestry and fisheries government of Japan, 1995; Regulatory developments in biotechnology in Japan, 1998).

La producción o comercialización de organismos de ADNr para uso en la agroindustria, o para producir materiales relacionados con base en el uso de los mismos debe cumplir con la evaluación de seguridad total sobre las características de los hospederos, las moléculas de ADN implicadas y vectores.

Las plantas derivadas de ADNr deben cumplir con las siguientes evaluaciones: i) aspectos generales respecto a: a) cuando las plantas son propagadas para propósitos de obtener materiales mejorados, se debe evaluar en un ambiente simulado y su seguridad inicial debe confirmarse; y b) una vez confirmado en el ambiente simulado, se evalúa en el sistema abierto; ii) clasificación de las aplicaciones respecto a: a) modelo de ambiente simulado. Es la evaluación experimental en una área específica restringida que simula el ambiente del cultivo no modificado e impide el flujo del transgen por propagación natural; b) aplicaciones en el sistema abierto. Conducen a la confirmación de seguridad en el modelo de ambiente simulado; iii) gestión con las plantas modificadas. Las operaciones conducidas en campo son las siguientes: a) cultivo de plantas de ADNr. 1) deberán sembrarse o transplantarse en el área de trabajo de manera que impida que sus semillas y plántulas se esparzan fuera del área; 2) la

propagación en el área de trabajo y de vecindad; 3) el polen o semillas que puedan dispersarse debe ser minimizada por la emasculación, glacinado u otro método apropiado; y 4) tallos, hojas, tubérculos, rizomas y/o raíces de fácil regeneración no deben permanecer en el área de trabajo, y deben tomarse medidas para impedir su regeneración; b) eliminación de desechos pertenecientes a plantas después de la inactivación apropiada según su seguridad; c) almacenamiento de plantas: 1) plantas o sus productos se deben marcarse claramente con anterioridad como "*plantas de ADNr*"; y 2) un catálogo de los materiales almacenados debe prepararse y mantenerse; d) el transporte de materiales fuera del área de trabajo debe ser en recipiente sellado que impida la dispersión; e) el mantenimiento e instalaciones de aparatos de trabajo deben ser informados y notificados periódicamente en adelante; y f) otros: 1) una señal "*Aplicación del modelo ambiente simulado (Plantas de ADNr)*", debe adherirse en las áreas de trabajo; 2) el área de trabajo debe quedar limpia; 3) el uso de ropa de trabajo debe realizarse en el área de trabajo; 4) personal en el área de trabajo no debe esparcir polen, semillas u otras partes de plantas de ADNr que se pudiese adherir a la ropa.

## **Canadá**

Desde 1988 la Agencia de Agricultura y Agro-Alimentación de Canadá (AAFC) viene regulando las pruebas de campo en Canadá de cultivos de plantas agrícolas y de hortalizas con tratamiento novedoso (PTN) (Agriculture and Agri-Food Canada, 1994a, 1994b, 1995). El alcance y propósito de la regulación es: i) legislar sobre las PTNs de interés comercial y científico; y ii) definir los requerimientos de información y criterios

para la evaluación ambiental de PTNs para fijar seguridad en ausencia de condiciones de confinamiento y el impacto sobre especies relacionadas de la planta modificada.

Los criterios de evaluación para la liberación de las PTNs se realizan con énfasis al aislamiento reproductivo, el seguimiento y uso de postcosecha sin efecto en el ambiente, y específicamente con potencialidad con respecto a: i) ser una hierba agrícola o invasora de especies naturales; ii) que el flujo genético a parientes silvestres genere una maleza superior o una invasora superior; iii) ser una plaga de plantas; iv) impacto de las PTNs o los productos del gen, sobre las especies no blanco, incluyendo a los humanos; y y) impacto sobre la biodiversidad.

La División de Productos de Plantas de la AAFC es la principal agencia para la evaluación de seguridad de la liberación al ambiente de las PTNs, en acción conjunta con: i) Unidad de Evaluación de Riesgos de Sanidad de Plantas, en la Dirección de Sanidad de Plantas y Animales (APHD); y ii) División de Manejo de Productos, en la Dirección de Industria de Plantas (PID). Cada una de estas unidades hacen una evaluación y emiten sus comentarios. De esta forma, se da una decisión para la autorización de la liberación sin confinamiento.

Con anterioridad a la comercialización, dependiendo del uso del producto cosechado, la Oficina de Salud de Canadá, puede solicitar información de la seguridad del producto como alimento novedoso y esta acción puede ser compartida por la Sección de Alimentos de la División de Productos de Plantas.

Los requerimientos de información para determinar seguridad ambiental son de tres categorías: i) identidad y origen de la PTN; ii) identificación y descripción de las propiedades de los productos del gen novedoso; y iii) información parental fenotípica de la PTN comparada a una contraparte similar, donde las diferencias sean predichas. Además, es solicitado un resumen de los impactos relativos a la liberación.

La información se deriva de dos principios: i) descripción de la PTN y su modificación; a) descripción sobre la PTN respecto: 1) confirmación de la Taxonomía; 2) designación dada a la PTN, incluyendo sinónimos; 3) información del pedigrí de la PTN; y 4) detalle del uso de la PTN; b) descripción sobre la modificación: 1) productos del gen novedoso que confiere el tratamiento novedoso; 2) métodos usados para introducir el tratamiento novedoso; y 3) si la modificación se logró mediante la técnica del ADNr, se debe entregar la siguiente información: mapa de cada gen constituyente; resistencia a antibióticos; marcadores genéticos o genes reguladores; productos de los genes introducidos; sucesiones reguladoras, es decir, los promotores, modificadores, replicadores, señalizadores peptídicos y finalizador; y ii) biología e interacciones, esta información permite determinar e identificar las diferencias significativas/interacciones alteradas previstas u observadas entre la PTN y la forma sin modificación o una contraparte nombrada. Con base en esta información se evalúan también los efectos potenciales de la liberación que resultan de la introgresión.

Los ensayos en confinamiento, se realizan para PTNs que se importan o se desarrollan domésticamente, y pueden incluir además las plantas provenientes del mejoramiento convencional. Las condiciones de manejo en confinamiento son: i) no se

puede procesar, vender o distribuir sin la autorización escrita del inspector de protección de plantas; ii) debe guardarse en el laboratorio o invernadero que consta en el permiso, cuyas condiciones deben impedir se esparza polen u otras formas de flujo genético; iii) no puede liberarse intencionalmente, con fines de ensayos de campo, sin la autorización del inspector de protección de plantas; iv) debe empacarse de manera que impida el escape del material durante el transporte; v) debe almacenarse en el destino que conste en el permiso, en una área claramente marcada y separada del material no modificado; vi) debe entregarse estéril o destruirse antes de retirarse del laboratorio o invernadero; y vii) no debe entrar en la cadena alimenticia humana o de ganado.

Las actas que permiten la revisión y autorización de las pruebas de campo de las plantas mediante las técnicas tradicional o molecular son: i) acta de semillas, que regula la calidad, pruebas de inspección y venta de semillas; ii) acta de protección de plantas, protege la agricultura y silvicultura de plagas; y iii) acta de productos de control de enfermedades, regula el uso y pruebas de productos u organismos pesticidas.

Para minimizar el flujo de genes de las PTNs con relación a cultivos comerciales, parcelas de multiplicación de semilla, otros ensayos, y los parientes silvestres compatibles se establece el uso de: i) distancias mínimas de separación espacial usadas por la Asociación Canadiense de Cultivadores de Semillas (CSCA); ii) métodos alternativos para el aislamiento reproductivo: a) glacinado sobre plantas en floración; b) cosecha de plantas antes de floración; c) eliminación de partes florales antes de la maduración del polen; y d) filas de protección/ trampas de polen; iii) manejo terrestre de postcosecha. El material que permanece después del ensayo se trata con herbicida o se

da un paso de rastra; y iv) otros requerimientos: a) el equipo de cosecha se limpia en el sitio antes del traslado a otra localidad; b) el rastreo y la semilla de la progenie, incluyendo el retiro de residuos de la limpieza de equipo y semillas de las filas barreras, debe destruirse en autoclave o quemando y enterrado profundo; y c) ninguna semilla o su progenie, incluyendo las provenientes de las filas de barreras, debe entrar como alimento/cadena alimenticia para humano o ganado, sin una evaluación de seguridad de alimentos por la Oficina de Salud de Canadá.

Se consideran algunos casos especiales como: i) en cruces con especies afines no modificadas pueden sembrarse libremente dentro de la distancia de aislamiento. Sin embargo, las PTNs deben ser separadas de las plantas que no estén en estudio y al final del estudio, las plantas no modificadas deben manejarse igual que las PTNs; ii) en los estudios de resistencia a herbicida se permite que las malezas en estudio permanezcan dentro del sitio del ensayo, previendo posteriormente el retiro y destrucción de las semillas. La distancia de aislamiento es similar a las establecidas para pruebas de PTNs y de especies compatibles sexualmente; iii) en el uso de tierras de postcosecha, se admite una secuencia de siembra de cultivos, para plantas que tienen el mismo origen genético y en pruebas sobre los mismos sitios de los ensayos originales. Además, se debe destruir toda planta después de la cosecha y se hace seguimiento y restricción en el uso del terreno; iv) requisitos más estrictos se hacen a plantas que muestran características de riesgo potencial a la salud humana, tales como productos farmacéuticos; y y) la importación de plantas con características novedosas, para cualquier propósito, requiere un permiso de la División de Protección de Plantas.

Con respecto a la regulación de semillas, se han dado las siguientes enmiendas, por potencialidad de riesgos: i) cuando tiene o tenga un efecto nocivo inmediato o a largo plazo sobre el ambiente; ii) constituya *un* peligro sobre el ambiente con dependencia sobre la vida humana; y iii) constituya un peligro para la vida o salud humana.

## **Estados Unidos de América**

La estructura de la regulación de la Bioseguridad de los OGMs se encuentra implementada por tres órganos gubernamentales: el Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA), la Agencia de Protección Ambiental (EPA), y la Administración de los Alimentos y Medicamentos (FDA) (Regulating biotechnology in agriculture, 1997; Regulatory developments biotechnology in the United States, 1997).

El Servicio de Inspección de Sanidad de Plantas y Animales (APHIS) es una División del USDA, la cual regula los materiales de plantas genéticamente modificadas ante la Acta Federal de Enfermedades de Plantas (FPPA). La FPPA provee las regulaciones sobre el movimiento y pruebas de campo de OGMs y productos que pueden considerarse una plaga de plantas. Las solicitudes de registro de plantas transgénicas se realiza ante el USDA, a través de la siguiente información básica: i) descripción de la biología de la planta receptora no modificada y para identificar la modificada; ii) datos experimentales; iii) descripción detallada de las diferencias entre el genotipo modificado y el organismo receptor no modificado, indicando: nombre científico, común, comercial y la identificación de: a) organismo donante; b) naturaleza del sistema de transformación (agente vector); c) el material genético insertado y sus productos; y d)

el artículo regulado, y el país y lugar de origen de éstos; y iv) se debe informar el fenotipo regulado, y los posibles cambios conocidos y potenciales que puede ocasionar con malezas, con la expresión del gen o de los componentes que pueden metabolizar.

La regulación es administrada por sistemas de permisos y se dan tres tipos: i) para el movimiento e importación de OGMs; ii) liberación de OGMs en el ambiente; y iii) permisos especiales a especies no reguladas por APHIS. La solicitud debe consignarse en un formulario especial a la Dirección de Permisos para Protección de Biotecnología, Biológicos y Medio Ambiente (BBEP) de la sección de APHIS para su análisis.

Cuando una planta transgénica es autorizada para evaluarse en campo requiere sembrarse en lotes aislados, y en especies de polinización cruzada se debe acatar las distancias de aislamiento. Además, las áreas adyacentes deben estar libres de poblaciones nativas de la especie en estudio, de agentes polinizadores y la presencia de plantas voluntarias que pueden incidir en las próximas temporadas. En el área del ensayo, previamente APHIS realiza una evaluación del posible impacto y una vez aceptado, también se hace durante su desarrollo.

En los permisos para el manejo de OGMs se considera: i) que la autorización por escrito de APHIS con relación a la planta, genes, método de ingeniería genética y el campo aprobado, se realice en especies reguladas para los cultivos de maíz, algodón, papa, soya, tabaco y tomate; y ii) para especies no reguladas, cuya potencialidad es analizada mediante dos solicitudes que son sometidas a la BBEP, una para la evaluación en medio ambiental y la otra para su determinación. Cuando no incluye impacto

importante para la acción propuesta, un hallazgo de impacto no importante es emitido, FONSI (*finding of no significant impact*). De esta forma, el APHIS emite los permisos o entrega las notificaciones para la importación, transporte interestatal, o prueba de campo. Por otra parte, el movimiento de OGMs en EUA o entre Estados requiere que el APHIS tenga aprobación individual de los Departamentos de Agricultura de los Estados.

El procedimiento para alimentos de plantas transgénicas es adoptó en 1992 por FDA y al respecto define que la mayoría de los alimentos provenientes de variedades modificadas por el ADNr no se regulen de manera diferente que las provenientes de mejoramiento convencional. Las excepciones incluyen: i) plantas con tóxicos significativamente más alto que los encontrados en variedades convencionales; ii) nivel nutritivo alterado; iii) la composición de la nueva sustancia difiere de la composición del alimento no modificado; iv) plantas con marcadores selectivos a resistencia a antibióticos; v) nuevas proteínas que son alergénicas, particularmente provenientes de nueces y peces; vi) plantas diseñadas para no producir alimentos como los farmacéuticos; y vii) cambios en la nutrición o tóxicos para uso de alimentación animal. Con relación a la rotulación, la FDA define que no lo requieren los alimentos de OGMs y la excepción son los alimentos alergénicos potenciales.

## **Brasil**

Los tratados de la introducción en el ambiente de organismos exóticos u OGMs, son regulados por leyes y decretos de los Ministerios: Agricultura y Abastecimiento (MAA), Ciencia y Tecnología (MCT), Salud (MS) y del Medio Ambiente y de la Amazonía

Legal (MMA) (Lei No. 8.974, 1995; Decreto No. 1752, 1995; Instrução Normativa No. 3).

Para la regulación, Brasil ha optado por una ley específica para la bioseguridad la cual corresponde a la 8.974/95, sin embargo, ésta no cubre toda la seguridad de las actividades biológicas. La ley es específica y reglamenta las normas de seguridad y mecanismos de fiscalización en el uso de técnicas de ingeniería genética en la construcción, producción, manipulación, transporte, comercialización, consumo, liberación y descarte de OGMs, con el fin de proteger el ambiente, la vida y la salud del hombre, animales y plantas. Además, se obliga el cumplimiento de la ley en todas las actividades y proyectos, incluyendo los de enseñanza, investigación científica, desarrollo tecnológico y de producción industrial que envuelven OGMs, emprendidas por entidades de derecho público o privada. Por otra parte, respaldando toda esta actividad, se tienen las normas y reglamentos específicos para cada una de las actividades antes señaladas. Una exigencia que se ha decretado para toda entidad, es el establecimiento de su propia Comisión Interna de Bioseguridad (CIBio), además, ésta debe desarrollar actividades de Bioseguridad en sus instalaciones y con base en el cumplimiento de las normas se emite el Certificado de Calidad de Bioseguridad (CQB).

Dentro del contexto reglamentario se estipula una clasificación de los OGMs según el grado de riesgo así: i) Grupo I, cubre los organismos con los siguientes criterios; a) organismo receptor o parental; b) vector/insertor; c) organismos genéticamente modificados; d) otros organismos genéticamente modificados que podrían incluirse en el Grupo I; y ii) Grupo II, el cual cubre todos aquellos no incluidos en el Grupo I.

Las atribuciones de fiscalización de la ley de Bioseguridad esta a cargo de los MS, MAA y MA, los cuales atienden las observaciones de la Comisión Técnica Nacional de Bioseguridad (CTNBio). La CTNBio (Decreto No. 1752, 1995) es conformada por 18 miembros representados por: i) uno de la sociedad civil y siete representantes del gobierno de cada uno de los siguientes Ministerios: Medio Ambiente y de la Amazonía Legal, de la Ciencia y Tecnología, de Salud, de Educación y de Relaciones Exteriores; dos representantes del MAA (de la área vegetal y animal); ii) uno del sector empresarial; iii) uno de protección a la salud del trabajador; iv) uno de defensa del consumidor; y v) ocho especialistas de notable conocimiento científico en ejercicio de biotecnología, dos de cada una de las siguientes áreas: humana, animal, vegetal y ambiental.

En las solicitudes se considera factible tener partes "*comercialmente confidencia*", las cuales deben ser justificadas. Por otra parte, la Comisión es la encargada de evaluar las solicitudes de certificado de CQB, para importación y liberación en el ambiente y evalúa el cumplimiento de las exigencias legales. Cada proyecto específico debe tener un investigador definido como "*Técnico Principal Responsable*", el cual es el responsable de las normas de bioseguridad en el área de investigación y de manejo.

La introducción de vegetales y sus partes, o cualquier parte de plantas, con capacidad de reproducción o multiplicación, se solicita al Departamento de Defensa e Inspección Vegetal (DDIV), del MAA, la cual decreta el permiso de acuerdo con el concepto técnico del CTNBio y es tan solo para uso en condiciones confinadas. Para la liberación en el ambiente la solicitud es evaluada por la Comisión Nacional. La

legislación sanitaria es la que autoriza la importación y la ley de Bioseguridad es tan solo complemento para la evaluación del impacto ambiental de OGMs.

Para la liberación de un OGM debe someterse una propuesta por escrito al CTNBio, considerando los impactos sobre la calidad del ambiente, salud, seguridad pública, producción agrícola y otros organismos, y además, se debe informar sobre: i) la especie a ser liberada, objetivo de la propuesta, localización del área experimental y tamaño, hábitat y ecología receptora del gene, descripción genética del OGM, y datos que puedan referenciar el comportamiento del OGM; ii) procedimientos experimentales, monitoreo y planes para seguridad, además se informa de otras evaluaciones que se disponga en el país o en el exterior; y iii) para el caso de plantas, se debe considerar efectos pleiotrópicos, mecanismos de dispersión del polen, relación del OGM con especies ancestrales o parientes silvestres, el efecto en la producción de semillas, formas de propagación sexual y vegetativa, y efectos ecológicos debidos a la liberación.

El permiso de transporte depende de la clasificación y destino del OGM. Para la emisión, el remitente y el destinatario, deben poseer el CQB. El investigador principal remitente debe asegurar el uso de un empaque firmemente sellado para prevenir escapes. Son utilizados dos recipientes, ambos claramente identificados: uno interno (tubo de ensayo, caja de Petri, sobre, etc.) y el otro contendrá el OGM dentro de un segundo recipiente no rompible o resistente.

El nivel de confinamiento se basa en el grado de riesgo de los organismos envueltos en el experimento, donde deben ser considerados: i) el ADN/ARN transferido;

ii) el vector utilizado; iii) el hospedero; iv) número de plantas transformadas; y y) el local de realización del experimento.

Los riesgos se regulan por grupos así: i) Grupo de riesgo I. a) que los organismos parentales de vegetales genéticamente modificados (VGMs) históricamente no causen enfermedades al hombre, animal o planta; y b) VGMs y microorganismos genéticamente modificados (MGMs) no exóticos asociados a ellos sin diseminación rápida o sin impacto negativo en el ecosistema natural o de manejo (p.e. *Rhizobium* spp., *Agrobacterium* spp); ii) Grupo de riesgo II. a) VGMs que sean malezas o pueden cruzarse con malezas; b) plantas en la cuales el ADN/ARN introducido representa el genoma completo de un agente infeccioso exótico o no exótico; c) plantas asociadas a MGMs exóticos o no exóticos para producir efectos negativos en ecosistemas naturales o manejados; y d) plantas asociadas a artrópodos o pequeños animales genéticamente modificados, o microorganismos asociados a ellos, si el OGM no tuviese potencial para producir efectos negativos en ecosistemas naturales o manejados; iii) Grupo de riesgo III: a) plantas en las cuales el ADN/ARN introducido representa el genoma completo de un agente infeccioso exótico transmisible; b) plantas o microorganismos a ellos asociados en que fueron introducidas secuencias que codifican para toxinas en vertebrados; y c) microorganismos patogénicos, insectos u otros pequeños animales asociados con plantas, si el OGM tuviese potencial para producir efectos negativos en ecosistemas naturales o manejados; y iv) Grupo de riesgo IV: Pequeño número (en cantidad o en escala) de agente infeccioso exótico transmisible en la presencia de su vector con potencial patogénico para especies cultivadas en el país. Es vetado este tipo de experimentos en gran escala. Adicionalmente, se presenta el nivel de bioseguridad

correspondiente a la infraestructura donde los estudios y experimentos serían conducidos en el invernadero o laboratorio.

## Argentina

El Departamento de Agricultura, Ganadería y Pesca es la autoridad responsable de autorizar la experimentación sobre y/o liberación en el ambiente de OGMs de plantas, conforme a una decisión favorable de la Comisión de Consultoría Nacional para la Biotecnología Agrícola (CONABIA) (Regulations: Argentina, 1998).

Las autorizaciones son con destino a: i) manipulación de organismos bajo la técnica de ADN<sub>r</sub> a entidades oficiales y otras instituciones; ii) prueba de laboratorio-invernadero; iii) prueba de campo a pequeña escala; iv) prueba de campo a gran escala; y y) producción precomercial del material. Las solicitudes se procesan inicialmente por el Instituto Nacional de Semillas (INASE) y con la norma se basa la evaluación para la autorización. La norma admite algunas aplicaciones adicionales como son: i) proceso de la inserción en la retrocruza; ii) cosecha retrasada más allá del periodo convenido en la primera solicitud; y iii) una extensión o enmienda de la solicitud anterior en vigor.

Toda solicitud debe presentar la siguiente información: i) organismo donante; ii) organismo receptor; iii) vector o agente vector; y iv) organismo controlado o producto. Además, sobre las características del OGM respecto a: i) posibilidad de polinización cruzada con individuos de la misma especie y/o parientes silvestres; ii) mecanismos de propagación y periodos de latencia o inactividad; iii) potencialidad de convertirse en

maleza; ív) malezas relacionadas taxonómicamente (tipo y especie) que están comúnmente en el sitio donde el OGM será liberado.

También, se requiere la descripción detallada de la biología molecular del sistema donante-receptor-vector que se usó o se usará en el control de la producción del OGM, y se debe informar sobre: i) identificación del producto genético y la ruta metabólica afectada; y ii) describir el efecto del producto genético sobre la planta, por ejemplo resistencia a insectos, tejidos específicos y producción de metabolitos secundarios, a fin de evaluar los compuestos que pueden entrar en la cadena alimenticia.

El cumplimiento de los requisitos es evaluado por la Comisión Consultora Nacional para la Biotecnología Agrícola. En tanto que el OGM esta sujeto a las regulaciones de Sanidad Vegetal para la prevención de la diseminación de enfermedades.

Cuando los requerimientos en el formulario de presentación o de información suplementaria, necesitan la divulgación de secretos comerciales o información confidencial (IC), esas partes pueden borrarse de las copias, y colocarse la abreviatura (BIC) "*Borrada Información Confidencial*" en el margen derecho. La copia con la información confidencial se deposita en un paquete seguro en el Instituto Nacional de Semillas y si CONABIA lo considera necesario, previa notificación y consentimiento del solicitante, se revela a expertos en la materia para propósitos de adopción de medidas.

## **Países Sudamericanos: Bolivia, Chile, Paraguay y Uruguay**

La estructura concentrada de las acciones de bioseguridad desarrollada en OGMs en los países Suramericanos de: Bolivia, Chile, Paraguay y Uruguay (PNUMA, 1998) se presenta en el Cuadro 6. Las acciones en las áreas de bioseguridad agropecuaria, salud humana, semillas y agroquímicos son desarrolladas por los respectivos Ministerios o Secretarías, denominación asumida según los diferentes países, y donde además se tienen Instituciones o Departamentos de Coordinación Nacional en cada rama legislativa, cuyas acciones recaen también en su jurisdicción Ministerial (Punto 1).

La protección de riesgos contra la salud humana, el ambiente y la producción agrícola reciben una atención unánime en sus objetivos, aspecto que también prevé el interés en la protección al consumidor, al velar por la seguridad y calidad de nuevos productos. La estructura y soporte al favorecimiento del desarrollo tecnológico esta sustentado, para que se logre armonizar las legislaciones, asimismo en los casos cuando se reciben incentivos a nivel de auxilios económicos, y por el nivel de confiabilidad suministrado al consumidor en el manejo y consumo (Punto 2).

Por otra parte, se aprecia que los países consideran y establecen un tipo de entidad coordinadora para las actividades de biotecnología, no obstante, al confrontarse el establecimiento de salvaguardar los riesgos para la salud humana, los países dentro de sus estructuras no participan activamente (Punto 3.1 y 3.2). Las medidas de relación de instituciones de semillas con los efectos de bioseguridad de OGMs existe relación en la medida que los países integran a éstos el registro de cultivares, como es el caso de

Bolivia y Uruguay. No obstante, la vinculación en las acciones de regulación para la bioseguridad, es importante su participación, puesto que las labores de pruebas de eficiencia y estabilidad precomerciales necesitan contar con los permisos de liberación (Punto 3.3).

Los Comités Nacionales de Bioseguridad (Punto 4), a excepción de Paraguay que no tienen este tipo de organismo, contemplan como propósito la notificación y autorización de liberaciones intencionales a campo. En cuanto a salud, el país que prevee una adecuada relación es Bolivia, puesto que existe congruencia con el punto

3.2. De conformidad con la información, la decisión de medidas políticas en biotecnología tan solo parece estar bien establecido en Bolivia, con coordinación Ministerial de Desarrollo Sostenible y Medio Ambiente, y que por sus acciones, que convierte en un comité ejecutivo. En tanto que para Chile y Uruguay, el Comité Nacional de Bioseguridad es asesor. Similar comportamiento se observa al analizar los Comités por nivel gubernamental de dependencia (Punto 4.7).

El otorgamiento de permisos para la realización de pruebas en forma secuencial de investigación y adaptación, como son los casos a nivel de laboratorio e invernadero, a campo en pequeña y grande escala, y multiplicaciones precomerciales, los países que disponen reglamentaciones o en proceso de implementaciones, en general lo estipulan (Punto 5). Con respecto a las multiplicaciones comerciales, hasta la fecha de la concentración de la información, no se notificaba de ésta acción.

Cuadro 5. Acciones de bioseguridad en organismos vegetales genéticamente modificados en Bolivia, Chile, Paraguay y Uruguay.

Bolivia	Chile	Paraguay	Uruguay
<b>1. Instituciones gubernamentales</b>	<b>involucradas en organismos</b>	<b>vegetales genéticamente modificados</b>	<b>respecto a:</b>
<b>1.1. Bioseguridad Agropecuaria:</b> Secretaría Nal. de Agricultura y Ganadería (SNAG). Secretaría Nal. de Recursos Naturales. Institutos de Investigación Agropecuaria.	Ministerio de Agricultura. SAG. Depto. Protección Agrícola. Sub Depto. de Defensa Agrícola.	Ministerio de Agricultura y Ganadería.	Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca (MGAP).
<b>1.2. Salud Humana:</b> Secretaría Nacional de Salud Pública.	Ministerio de Salud. Sub Depto. de Bromatología. Instituto de Salud Pública.	Ministerio de Salud Pública.	Ministerio de Salud Pública.
<b>1.3. Semillas:</b> SNAG. Dirección Nacional de Semillas (SNAG).	Ministerio de Agricultura SAG Depto. Unidad de Semillas.	1 Dirección de Semillas y Dirección de Defensa Vegetal.	Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca.
<b>1.4. Agroquímicos:</b> Dirección de Protección y Producción Vegetal (SNAG).	Ministerio de Agricultura SAG Depto. Protección Agrícola. Sub Depto. Defensa Agrícola.	Defensa Vegetal. Subsecretaría de Recursos Naturales y Medio Ambiente.	Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca.
<b>2. Objetivos de la estructura de</b>	<b>supervisión de OGM:</b>		
<b>2.1. Minimizar potenciales riesgos</b>	<b>para la salud humana, el ambiente</b>	<b>y la producción agropecuaria:</b>	
Si	Si		
<b>2.2. Favorecer el desarrollo tecnológico:</b>			
Si	1 Si	1 No	1 Si
<b>2.3. Informar a la opinión pública:</b>			
Si	1*	1 si	1 si
<b>2.4. Ocuparse de la seguridad y calidad de los nuevos productos:</b>			
Si	1 Si	(Si	1 Si
<b>2.5. Otros:</b>			
1*			1 Armonizar los procedimientos
<b>3. Proceso de supervisión de OGMs (desde la liberación al ambiente hasta la comercialización).</b>			
<b>3.1. Institución o sistema coordinador de las diversas actividades en Biotecnología.</b>			
Solicitud; Análisis de información, Consultas: interna, institucional, a países involucrados; Deliberación; Toma de decisión; Información al público. Sistema a estructurarse.	Existe un Comité Interdisciplinario con su presidencia en el Ministerio de Agricultura que asesora a éste.	No	Al importarse, solicitud a AFIDI ante DSPA. MGAP. Análisis de riesgo por la comisión de bioseguridad. Inspecciones de cultivos y registro de culti-var en la Unidad de semillas.
<b>3.2. Relación existente entre el sistema</b>	<b>de bioseguridad y el</b>	<b>salud humana</b>	
Estrecha relación, por la participación de Salud Pública.	de Actualmente no hay.	No existe.	Si, parcial
<b>3.3. Relación existente entre el sistema</b>	<b>de bioseguridad y el</b>	<b>de cultivares:</b>	
El nexo es la División Nacional de Semillas, miembro del Comité, a través de la protección a obtentores de variedades vegetales.	registro Actualmente no la hay.	No existe.	El análisis por el MGAP y en coordinación con el Ministerio de Salud Pública. La unidad de semillas integra el Comité de análisis de riesgo.
<b>4. Funciones del Comité Nacional de Bioseguridad</b>			
<b>4.1. Bioseguridad en liberaciones a campo:</b>			
Si	Si		Si
<b>4.2. Salud humana:</b>			
Si	1-		1 Si, parcial.
<b>4.3. Control de la comercialización de nuevos productos:</b>			
Si	1*	1*	1 si
<b>4.4. Política en Biotecnología:</b>			
Ministerio de Desarrollo Sostenible y Medio Ambiente.			Si, parcial.

Cuadro 5. Continuación .....

	Bolivia	Chile	Paraguay	Uruguay
<b>4.5. Otros:</b>		1 Asesorar a SAG en liberación 1 de plantas transgénicas.		
<b>4.6. El Comité es asesor o ejecutivo:</b>	Ejecutivo en grupo consultivo Asesor. y asesor.			Asesor.
<b>4.7. De qué nivel gubernamental depende el Comité:</b>				
<b>4.7.1. En materia de normas:</b>	Ministerial y Secretarial.	Ministerio de Agricultura SAG. I Depto. Protección Agrícola		Ministerios.
<b>4.7.2. En materia de acciones:</b>		Instituciones de investigación. Ministerio de Agricultura. SAGI * Depto. Protección Agrícola.		Ministerios.
<b>5. Tipo de permisos de liberación al medio que se otorga:</b>				
<b>5.1. Prueba de laboratorio-invernadero:</b>	Si	1*	1* (No existe)	¡Aún, no.
<b>5.2. Prueba a campo en pequeña escala:</b>	Si, a futuro.	1 Si	1*	1 Si
<b>5.3. Prueba a campo en gran escala:</b>	Si, a futuro.	1 Si		1 Aún, no.
<b>5.4. Multiplicación precomercial:</b>	En estudio.	1 Si	1*	1 Aún, no.
<b>5.5. Multiplicación comercial:</b>	No	*	1*	1 Aún, no.
<b>5.6. Otros:</b>		Evaluar la modalidad genética incorporada en la exportación (reexportación).		
<b>6. Reglamentaciones existentes:</b>				
<b>6.1. Específicas para OGMs:</b>	Proyectos: Ley de biodiversidad. Decreto supremo de regulación de la investigación, introducción y comercialización de productos veterinarios. Norma interna de	Resolución exenta del 1927/93.	* (No existe).	Resoluciones de la dirección de Servicios de Protección Agrícola 8/7/95, 8/12/95, 13/1/96.
<b>6.1.1. Organismo de aplicación:</b>	Comité Nacional de Bioseguridad. Secretaría Nacional de Recursos Naturales. Comité interno Asesor de la SNAG.	SAG.		MGAP.
<b>6.2. No específicas para OGM: Idem (6.1).</b>		Ministerio de Agricultura		Ley de Protección Agrícola y reglamentaciones su bsiguientes. Ley de Semillas.
<b>6.2.1. Organismos de aplicación:</b>	Idem (6.1).	Decreto Ley 3554/81	1 SAG.	
<b>7. Ensayos en campo con organismos Si</b>	Si	genéticamente modificados.	No	MGAP.
<b>8. Consideraciones tenidas en cuenta antes de autorizar una liberación al medio con OGM :</b>				Maíz, resistencia a insectos;
<b>8.1. Características del material: organismo sujeto a control/sistema donante-receptor-vector:</b>	Si	1 Si	1 No corresponde.	Soja, resistencia a herbicida.
<b>8.2. Objetivo del experimento y cronograma de operaciones propuesto:</b>	Si	1 Si	1*	Si
<b>8.3. Métodos y procedimientos de Bioseguridad a emplear:</b>	Si	1 Si	*	Si

Cuadro 5. Continuación .....

	Bolivia	Chile	Paraguay	Uruguay
<b>8.4. Destino propuesto:</b>				<b>Si</b>
Si	1 Si			
<b>8.5. Disposición final del OGM:</b>				1 Si
Si	1 Si			
<b>8.6. Método de traslado propuesto:</b>				1 Si
Si	1 Si	1*		
<b>9. Empleo las Directrices Técnicas en Bioseguridad del PNUMA :</b>				1 Se toma como referencia.
Si	1 Si	1 No		
<b>10. Se están desarrollando procedimientos simplificados para la supervisión de ensayos a campo de OGM:</b>				1 No 1 Si
Si (en elaboración).		1 No		
<b>10.1. En qué se ha simplificado el proceso:</b>				1 Si
Menos exigencias con base a 1* experiencias de otros países.			En proceso.	
<b>10.2. Sobre qué base se han adoptado los procedimientos simplificados:</b>				
<b>10.2.1. Conocimiento del cultivo:</b>				Si
Si	1*	1		
<b>10.2.2. Conocimiento del carácter:</b>				Si
Si	1*			
<b>10.2.3. Experiencia previa en ensayos a campo:</b>				1 Si
Si	1			
<b>11. Se han aprobado OGM para cultivos comerciales:</b>				1 No
Ninguno.	1 No	1 No		
<b>11.1. Tipo de cultivos transgénicos se han comercializado en su país:</b>				1 Ninguno
Ninguno	1*	1 Ninguno		
<b>11.2. Indique cultivo y carácter:</b>				
Ninguno	1*	1 Ninguno		
<b>12. En la etapa comercial qué tipos de datos son relevantes en la evaluación de los OGM: 12.1. Datos previos de laboratorio, invernadero o ensayos en campo:</b>				1 Si
Si	1 Si	1 Si		
<b>12.2. Nuevos datos generados específicamente para usos comerciales:</b>				1 Si
Si	1 Si	1 Si		
<b>12.3. Otros:</b>				
Experiencia de otros países. Aspectos técnicos de Salud, Medio Ambiente y Agricultura.				Datos para consumo humano o animal.
<b>13. Mecanismos no regulatorios en la comercialización de los OGMs que sería necesario contemplarse: 13.1. Se citan algunos a modo de ejemplo:</b>				
<b>13.2. Situación del comercio internacional:</b>				
				1 •
<b>14. OGMs que se espera sean evaluados para su cultivo comercial próximamente:</b>				
No	Tomate larga vida por PG	No		
	(Poligalacturonasa) Calgene.			
<b>15. Datos necesarios para el registro y la certificación de semillas de OGM, en adición a los materiales tradicional:</b>				
Los requisitos de internación de semillas contemplan la evaluación del riesgo determinados por el Comité Nal de Bioseguridad. Se contemplan en las normas del Comité Nacional de	La naturaleza del gene incorporado. Cumplir con las normas fitosanitarias y calidad en forma notable (una vez superado lo transgénico). No sería necesario adicionales.	Aún no regulados. Sería importante una armonización regional. Depende del OGM. Todas las pruebas para evitar riesgo ambiental o humano. Importante una armonización regional.		Debe ser objeto de armonización regional. Ameritaría un proceso de discusión particular. <b>mejoramiento tradicional:</b> Debe ser objeto de armonización regional. Ameritaría un proceso de discusión particular.
<b>16. Pruebas adicionales para cultivos transgénicos con relación a lo requerido en cultivos de Bioseguridad.</b>				

Fuente: PNUMA, 1998.

\* Información no suministrada.

Para países con reconocida actividad exportadora como Chile expresan sus preocupaciones en considerar la exportación e importación de OGMs, el cual realiza labores de multiplicación y reexportación de semillas a países Europeos (Punto 5 y 6). Un tipo de inconsistencia se observa en la información original concentrada, al detallarse en el punto 5.2 que Uruguay, si bien no tiene estipulada permisos de liberación a campo, en el punto 7, detalla que se están realizando actividades con maíz y soya.

En la actualidad con base en las reglamentaciones debidamente sancionadas por los gobiernos (Punto 6), se puede definir que en general se tiene normatizados requisitos de información para dar seguimiento a los OGMs, como son características del material, objetivo del experimento y cronograma de operaciones, métodos y procedimientos de bioseguridad, el destino del material en estudio y métodos de traslado (Punto 8). La simplificación en requisitos y seguimiento es una acción que han implementado Bolivia y Uruguay, no obstante, Bolivia y Uruguay, tienen una incipiente experiencia en estudios y trabajos de esta índole (Punto 10). Estas acciones adoptadas son motivadas especialmente por los cambios establecidos en las reglamentaciones de países industrializados principalmente con mayor experiencia en el manejo y producción de OGMs, sin considerar la particularidad de su biodiversidad, los tipos de especies y la acumulación de mayores datos de la propia experiencia.

Uno de los factores de amplia controversia en la actualidad son señalados en la comercialización (Punto 11 y 12), donde se citan ejemplos como son: la percepción y aceptación, etiquetado, y la situación del comercio internacional. Para estos países la percepción del sistema adoptado es de aceptación de los productos OGMs.

Respecto al registro y certificación de semillas (Punto 15) se tiene conceptos divididos. Paraguay y Uruguay, sin reglamentaciones en estos aspectos, manifiestan la necesidad de una armonización regional. No obstante, ningún país ha notificado consideraciones legislativas que incidan en los riesgos, como son el aislamiento en los campos de producción. Por otra parte, las pruebas adicionales para los cultivos transgénicos con relación a los establecidos en el mejoramiento genético tradicional, no son claramente especificadas para marcar una diferencia sustancial (Punto 16).

## México

La reglamentación de productos biotecnológicos se basa de manera importante en la Ley General de Salud. En lo relativo a productos de origen vegetal modificados por ingeniería genética, la Secretaría de Agricultura Ganadería y Desarrollo Rural (SAGAR) y la Dirección General de Sanidad Vegetal (DGSV) elaboraron la norma NOM-056-FITO-1995 que establece los requisitos fitosanitarios para la movilización nacional, importación y establecimiento de pruebas de campo de organismos modificados mediante la aplicación de la ingeniería genética (Norma oficial mexicana NOM-056-FITO-1995; Reglamento de la ley general de salud en materia de investigación para la salud, 1987).

EL CNBA fue creado en 1988 y es el organismo consultor que analiza las solicitudes de importación, movilización y liberación, además de las evaluaciones de riesgo de las pruebas de campo y ensayos semicomerciales de plantas transgénicas. La toma de decisiones para la liberación al ambiente y/o importación se realiza a través de permisos y certificados emitidos para cada solicitud por la DGSV. En México se adolece

de un sistema coordinado de trabajo con algunas Secretarías y Agencias que faciliten y agilicen los trámites de bioseguridad.

Una vez expedido el certificado fitosanitario de liberación se envía periódicamente reportes del comportamiento del OGM. Además, debe notificarse a la DGSV en los siguientes casos: i) la liberación accidental de un transgénico; y ii) si el producto o el hospedero presenta características diferentes de las esperadas o efectos imprevistos.

El cumplimiento de la norma es para toda institución oficial, privada y personas físicas. La DGSV es la que somete las solicitudes para liberaciones al ambiente y/o importaciones de OGMs a revisión del Comité Nacional de Bioseguridad Agrícola y una vez obtenido el dictamen favorable del comité, la DGSV es la responsable de conceder el certificado de liberación al ambiente de los OGMs. Una copia del dictamen y del certificado de liberación es enviada a la Delegación Estatal y de Gobierno de los Estados donde se planea llevar a cabo la liberación. Las delegaciones a su vez notifican a la DGSV de la realización de las liberaciones y envían sus comentarios.

La información básica que se presenta es la descripción de la biología reproductiva o multiplicativa del material antes de la modificación genética, así: i) para organismos de origen vegetal incluye: ciclo de vida con énfasis sobre autocruzamiento, polinización, hábitat, especies silvestres y distribución de éstas, mecanismos y frecuencia de autocruzamiento con miembros de la especie; y ii) para organismos de origen microbiano incluye: ciclo de vida, características de patogenicidad, hospederos, descripción de etapas de desarrollo, diseminación, invernación e interacción con otros microorganismos.

Además, se debe anexar un mapa del sitio del ensayo indicando la localización geográfica y considerar lo siguiente: i) ensayos con varias construcciones genéticas; ii) ensayos para el mismo lugar, se indica la ubicación específica para cada uno; iii) descripción del uso del lugar y terrenos aledaños del ensayo. También, se debe anexar un listado y descripción de las especies silvestres y cultivadas, relacionadas a la planta transgénica en estudio; y iv) especificar las dimensiones y áreas de los ensayos, así como una descripción de los lugares de distribución del OGM, por ejemplo invernadero, laboratorio o cámara de crecimiento. En caso que previamente a la solicitud de liberación al ambiente el producto se haya movilizado y/o importado, se debe anexar copia del certificado de importación y/o movilización.

Por otra parte, antes de la solicitud se elabora una carta compromiso donde se responsabiliza del manejo o destrucción del producto en forma tal que evite su escape al ambiente, una vez concluya los ensayos y de elaborar una carta declaratoria cuando el hecho se lleve a cabo. Además, el OGM liberado, movilizado y/o importarse, debe identificarse con una etiqueta que contenga la información requerida y debe mantenerse en las áreas y locales especificados en la solicitud. El monitoreo de los cultivos transgénicos se realiza a través de la persona autorizada por la SAGAR quien debe informar periódicamente a la misma sobre el comportamiento de éste.

La DGSV es la responsable de expedir los requisitos fitosanitarios y medidas de bioseguridad para importación de productos transgénicos. La Dirección General de Inspección Fitosanitaria en Puertos, Aeropuertos y Fronteras esta encargado de expedir el certificado fitosanitario de importación de los productos transgénicos, para lo cual se

presenta los siguientes documentos en la entrada al país: i) requisitos fitosanitarios y medidas de bioseguridad para importación de productos transgénicos; y ii) certificado fitosanitario internacional del país de origen. Por otra parte, los OGMs deberán cumplir con los requisitos fitosanitarios de cuarentena vegetal, según el producto agrícola que se trate, como: frutas, hortalizas, semillas, material de propagación o flor cortada. Asimismo, cualquier OGM movilizado, importado y/o liberado debe poseer clara y correctamente la información adherida al envase o empaque.

**Aspectos Generales en las Legislaciones de Bioseguridad.** El sistema adoptado por la Unión Europea, se considera interesante al observar como se pueden integrar varios países bajo objetivos comunes, sin embargo, se acata la soberanía de los países sobre alguna objeción que pueda suscitar el uso de un OGM. Lo anterior muestra y sirve de apoyo para todas las iniciativas que se están generando tanto en países Americanos como también en los continentes del Africa y Asia. En el caso de América se observa la defensa sectorizada por el Area Amazónica y otro por la Zona Andina.

En las regulaciones de bioseguridad se observan dos tipos de normatividades; uno dirigido al manejo confinado, sea éste, laboratorio o invernadero, protegiendo básicamente la salud del personal involucrado en el manejo de la obtención de OGMs y para evitar algún escape de un OGMs o de sus componentes para su formación, y el segundo se enfoca a el manejo experimental en campo donde los propósitos son proteger el ambiente y los efectos que pueden generar a la salud humana y animal. Al analizar el desarrollo y establecimiento de las regulaciones de bioseguridad en el mundo se observa que todas conservan este principio.

En los sistemas de regulación dos formas se han establecido para el control de los cultivos transgénicos, una que regula los cultivares generados a través de la técnica del ADNr y la otra considerando a partir de los genes involucrados en la formación de OGMs.

El origen de estas determinaciones está en la consideración conceptual de los OGMs, al definirse que los transgénicos son una etapa avanzada de los programas de mejoramiento convencional y además se estima que todas las recomendaciones de investigadores y mejoradores en el pasado son adecuadas para los transgénicos. En tanto, otra corriente de científicos considera que es necesario disponer de regulaciones nuevas y detalladas para una tecnología reciente y de poco conocimiento.

Para clasificar estos dos sistemas se ha adoptado las denominaciones vertical y horizontal. Dos de los países industrializados con mayor adelanto en biotecnología lo constituyen Canadá y EUA, los cuales disponen de un sistema vertical, puesto que definen en las regulaciones principalmente las características de los cultivos y no todos los productos en su proceso. A excepción de un registro eventualmente novedoso y de desconocido manejo en la obtención. Esta visión ha sido adoptada por la mayoría de los países de América, sin embargo, ésta no es asignada tácitamente en las regulaciones, sino que es reconocida por las medidas tomadas en los Comités de Bioseguridad, siendo aún polemizada y solicitada su definición, como en los casos de México y Perú.

La regulación caracterizada como de sistema horizontal es la adoptada por la Unión Europea, donde toda planta y todo el proceso trasgénico es normatizado. En el caso de América, Brasil ha establecido una regulación particular por compartir un sistema integrado por las dos clases de regulaciones.

En la regulación de EUA se aprecia un aspecto particular con respecto a la política de bioseguridad para plantas. USDA dispone de una estructura plenamente definida, donde a través del tiempo y de acuerdo a las necesidades de nuevas tecnologías o posibles problemas agrícolas, asume y regula en la mayor brevedad las soluciones a éstos. Con respecto a la biotecnología, ésta ha regulado paso por paso y caso por caso los diferentes aspectos, y dependiendo de las necesidades para su evaluación asigna el manejo a cada uno de las secciones de apoyo así; para supervisión a APHIS, alimentos a FDA y ambiente a EPA.

**Medidas Reglamentarias para la Integración de OGMs en el Ambiente.** Los resultados del objetivo del trabajo sobre la revisión de las medidas conducidas para el manejo de los OGMs se derivan principalmente hacia el impacto por causa del flujo genético y sobre poblaciones de insectos. Con las nuevas técnicas del ADNr y con base en los análisis de riesgos, se han regulado políticas para el manejo de plantas transgénicas a través de guías o recomendaciones para el manejo de las plantas al introducirse al ambiente, según lo discutido por varios científicos (Nieto *et al.*, 1999) los experimentos en laboratorio no garantizan cuál será el comportamiento en el ambiente del organismo transgénico, proveniente y convertido en laboratorio en cada nueva liberación. Por otra parte, debe considerarse que independiente de los beneficios o riesgos de la biotecnología pudiese ocasionar, es necesario que en todo tipo de acción que influya sobre la biodiversidad, los países precisan implementar políticas de conservación de especies o poblaciones de importancia socio-económica para la protección *in situ*.

Con relación al manejo del riesgo por el flujo de genes los factores que se consideran deben tenerse en cuenta son los sitios de experimentación, características biológicas de los organismos y las estrategias de evaluación. La selección de los sitios de experimentación del impacto del flujo genético, se realiza bajo las siguientes recomendaciones: i) lugares sin poblaciones silvestres que actúen como reservorios y con aislamiento espacial y ii) que la introducción de una variedad foránea no tengan un efecto sobre la estructura genética de las variedades locales en la medida en que existan condiciones favorables para el flujo de genes entre variedades (Garrison, 1996).

En los países, mediante el mapeo de zonas se puede establecer áreas donde se evalúen los tipos de riesgos que los OGMs pudiesen ocasionar. Para tal efecto, se propone cuatro zonas de riesgos con una escala cualitativa que va de cero a tres (0-3) así: i) Zona de riesgo 0, donde no hay riesgos; ii) Zona de riesgo 1, con poco riesgo, donde si se hiciera alguna prueba, debería de existir al menos un método de aislamiento; iii) Zona de riesgo 2, riesgo intermedio, debe aplicarse al menos dos métodos de aislamiento; y iv) Zona de riesgo 3, no se daría permisos, si se dan se establecerían bajo tres estrategias de aislamiento. En tanto, los niveles de aislamiento son básicamente de tres tipos; i) aislamiento espacial de las áreas de producción de semilla o poblaciones silvestres; ii) por ciclo de siembra, al realizarse en épocas diferentes, y iii) desespigamiento o emasculación del material en prueba (Serratos, et al., 1996).

Se han realizado algunos análisis respecto al manejo de riesgos a través del establecimiento de una clasificación de índices de flujo de genes, siendo esta medida propuesta en Europa, sin embargo, el énfasis de todas estas propuestas es que sean

realizadas en una escala regional, considerando sus condiciones ambientales, el tipo de especies y los transgenes en estudio.

La clasificación por códigos de la dispersión de polen (DP) e hibridación son los siguientes: i) Categoría DP 0. No hay hibridación por no existir parientes silvestres y no hay riesgos ecológicos en la etapa de floración; ii) Categoría DP 1. No hay hibridación con parientes silvestres, hay incompatibilidad corroborada experimentalmente y sin efectos ecológicos en la etapa de floración; iii) Categoría DP 2. No hay hibridación con parientes silvestres por no existir híbridos espontáneos formados. Sin embargo, experimentalmente es posible obtenerse y la progenie es fértil sin ninguna ayuda artificial; iv) Categoría DP 3. La hibridación natural ocurre eventualmente. Se debe estudiar cuidadosamente las localidades experimentales y considerarse individualmente las especies, riesgos y paso por paso los procedimientos; v) Categoría DP 4. Se presenta una hibridación media, las cruas y autofecundación ocurren a menudo. Los híbridos fértiles naturales se presentan a veces, las poblaciones híbridas pequeñas se pueden detectar en la naturaleza. Se debe considerar individualmente especies, riesgos y paso por paso los procedimientos; y vi) Categoría DP 5. La hibridación natural es alta, el flujo genético vertical ocurre a menudo, los híbridos son fértiles y ocurre frecuentemente; y vii) Categoría DP D (desconocido). Cuando se tiene muy escasos datos o inexistentes (Ammann *et al.*, 1998).

Los procedimientos adoptados en las evaluaciones de flujo genético son: i) para comprobar la hibridación en condiciones de cultivo y de malezas, donde las condiciones agroecológicas típicas deben simular la situación en que se encuentran juntas esas

plantas y que cubra la mayor gama de condiciones ambientales; ii) el tamaño de las muestras debe ser suficientemente grande para detectar el flujo genético en niveles biológicamente significativos; iii) observar la persistencia del transgen o sea la reproducción de los híbridos de la primera generación de campo; iv) en poblaciones expuestas a flujo constante de genes de cultivos transgénicos, el transgen persistiría, para lo cual se requiere **un** monitoreo especial; y y) realizar estudios genéticos descriptivos de las poblaciones, donde se busquen marcadores genéticos específicos de los cultivos en las poblaciones naturales lo cual evaluaría la hibridación avanzada (introgresión) en el pasado y su medición (Ellstrand, 1996).

Algunas estrategias para evitar adaptación o pérdida de susceptibilidad de los insectos a las toxinas producidas por Bt y otras toxinas de insectos, como también prolongar la utilidad de los genes Bt se basa en herramientas de genética y de ecología poblacional. Los modelos genéticos y los mecanismos de reducción de adaptación de plagas llevan una o la combinación de las siguientes opciones: i) reducir la diferencia en el número de descendencia producida por los individuos adaptados y no adaptados dentro de la población y ii) reducir la cantidad de adaptabilidad que un padre puede pasar a su descendencia (Gould, 1997).

Los elementos fundamentales que necesitan ser considerados al desarrollar un plan adecuado de manejo de resistencia son: i) conocimiento de la biología y ecología de la plaga; ii) estrategia apropiada de despliegue genético; iii) refugio apropiado; iv) monitorear y reportar las incidencias de desarrollo a resistencia de pesticidas; y) uso de manejo integrado de plagas; vi) estrategias de comunicación y entrenamiento sobre el

uso del producto; y vii) desarrollo de toxinas superiores Bt con modos alternativos de acción (Whalon y Norris, 1997).

Las estrategias para crear y desplegar plantas con genes Bt se clasifican en: i) altos niveles de expresión constitutiva, alta dosis (con una toxina en todas las plantas); ii) altos niveles de expresión constitutiva de dos o más toxinas en todas las plantas (evita cruces de adaptabilidad); iii) mezclas espaciales y temporales de plantas con altos niveles de expresión constitutiva de una o más toxinas y otras plantas sin ninguna expresión de toxina; iv) bajos niveles de expresión de una toxina interaccionando con enemigos naturales de la plaga, y y) la expresión en tejido específico (Gould, 1997).

**Análisis de las Plantas Transgénicas en los Sistemas de Manejo.** Con base en los diferentes tópicos evaluados por el impacto que la tecnología del ADNr ha alcanzado al desarrollar las plantas transgénicas, se puede resumir en forma general los siguientes aspectos y se establece una consideración.

La producción, manejo y uso de las plantas transgénicas se encuentra sectorizada en tres grupos: un primer grupo económicamente fuerte, con gran ingerencia en la industria de la biotecnología el cual ha impuesto un avance rápido en el uso y mercadeo de transgénicos, y el impacto sobre el ambiente no ha sido valorado plenamente en las consecuencias que pueda generar éstas; un segundo grupo económicamente fuerte también, conformado por la Comunidad Europea principalmente, que si bien en algunos Países Miembros se dispone de un sistema de mercadeo de cultivos transgénicos, estos avances han sido cautelosos, y en otros, en forma tajante impedidos hasta tanto no se

tenga datos fehacientes de las repercusiones que puede generar; un tercer grupo, constituido por la mayoría de los países en vías de desarrollo donde la gran economía del pueblo no esta equilibrada entre los sectores industriales y agrícolas, y que además geográficamente su gran riqueza ha sido favorecida por la biodiversidad, este grupo solicita el conocimiento y seguridad de efectos sin riesgos para la salud y el ambiente.

El panorama actual es de amplia controversia y sectorizada por intereses políticos, económicos y de preservación del hábitat y recursos naturales del ambiente. Pretender que alguno de los sectores cedan voluntariamente en sus pretensiones parece no ser una medida de viabilidad a través del tiempo. Para esto, se considera de valiosa importancia que para llegar a establecer un estado de acuerdos armónicos, el escenario de diálogo debe cumplir algunos principios de base, así: i) cambio de conducta en el enfoque del problema. El planteamiento consiste en la toma de un acuerdo, donde no se tenga preestablecidamente quien debe acogerse en algunas medidas y salir del enfoque del triunfo de algún sector; ii) enfoque del conocimiento, asumiendo respeto a los planteamientos; iii) medición y retroalimentación de los efectos y actividades desarrolladas; iv) gestión participativa y y) enfoque a largo plazo. Por consiguiente, la conformación de equipos de investigación, en número de acuerdo a un consenso que los países establezcan por condiciones de recursos humanos y económicos, y representativos con los sistemas ambientales y de biodiversidad, se considera una propuesta factible para adelantar estudios sistemáticos para evaluar el impacto de la tecnología del ADNr, y que en forma resumida constaría de los siguientes componentes: i) grupos científicos de investigación. Tendrían la participación de investigadores en el área ambiental y ecologista y en las ciencias biológicas modernas como la ingeniería

genética, biología molecular, genética molecular entre otras; ii) sectores participantes. El personal científico participante representaría o pertenecería a la empresa privada de la industria de la biotecnología, al sector oficial principalmente de países de amplia trayectoria en el manejo en laboratorio, invernadero y campo de cultivos transgénicos, y los equipos de investigación del sector universitario; y iii) sitios geográficos de investigación. Teniendo en cuenta que el efecto del tema es de carácter universal, los riesgos a la diversidad serían por lo tanto ponderados por la evolución cósmica de las especies la cual define la diversidad de los organismos, por consiguiente el aislamiento ecológico en las mismas definirían los sitios representativos para los estudios.

De otra parte, de conformidad con los antecedentes que muestra el área sembrada a nivel global, una concientización en las partes científicas y políticas deberían generar hacia una moratoria de esa ola expansiva, tanto por el área de siembra como en la liberación intencionada de nuevos productos a nivel experimental en campo a cualquier escala, hasta tanto se disponga de resultados confiables y aceptado por las partes en conflicto que conlleven a una decisión final o precautoria del impacto de los cultivos transgénicos en el ambiente. Además, se enfatiza que en todo este seguimiento, paralelamente debe estar acompañado por la decisión política.

El dinamismo alcanzado por la ciencia, es muy amplio y de carácter impredecible, sin embargo los estudios de la evolución de la naturaleza, definen que enfrentamos una pérdida definitiva y acelerada de los recursos naturales, por lo tanto se considera necesario que todos estos alcances y decisiones tengan un censo por la evolución e impacto en la sociedad como integrantes de un manejo equilibrado en el ambiente.

Un esquema general originado de los procedimientos reglamentarios que los países han adoptado se presenta en la Figura 1, designándose las secciones a través de nombres genéricos. Los países han otorgado la responsabilidad de la producción, importación y uso de OGMs a los Ministerios, Secretarías o Agencias, dependiendo del sistema gubernamental de éstos, los cuales a través de leyes y decretos sancionan la legislación. Las reglamentaciones pueden cubrir todos los grupos de organismos sean ellos plantas, animales o microorganismos, o específicos por separado. Debido al cubrimiento de varias especies y por el impacto que estos organismos tienen en el ambiente y la salud, se han involucrado los Ministerios que tienen implicaciones como son Agricultura, Medio Ambiente y Salud, principalmente.

La Comisión Nacional de Bioseguridad (CNB), es el órgano principal que genera las normas necesarias para la evaluación de la construcción, cultivo, manipulación, transporte, comercialización, consumo, liberación y descarte de OGMs, con base en éstas se establecen la ley y/o decretos de bioseguridad nacional, y también las enmienda que pudiesen presentarse. Esta a su vez es la que en sus sesiones emiten las resoluciones de importación, liberación y registro de OGMs. El CNB se encuentra generalmente vinculado a un Ministerio que dirige o es el responsable por la bioseguridad, además, el comité lo conforman los Ministerios, las empresas de biotecnología, del sector ciudadano o consumidor y por personal científico. Los comités científicos asesores son secciones de apoyo al CNB, en los análisis auxiliares de la tecnología del ADNr cuando sean requeridos. Los comités institucionales de bioseguridad (C16), son los que tienen mayor afinidad con las normatividades y se encargan de analizar las propuestas y emitir sus conceptos de la evaluación.

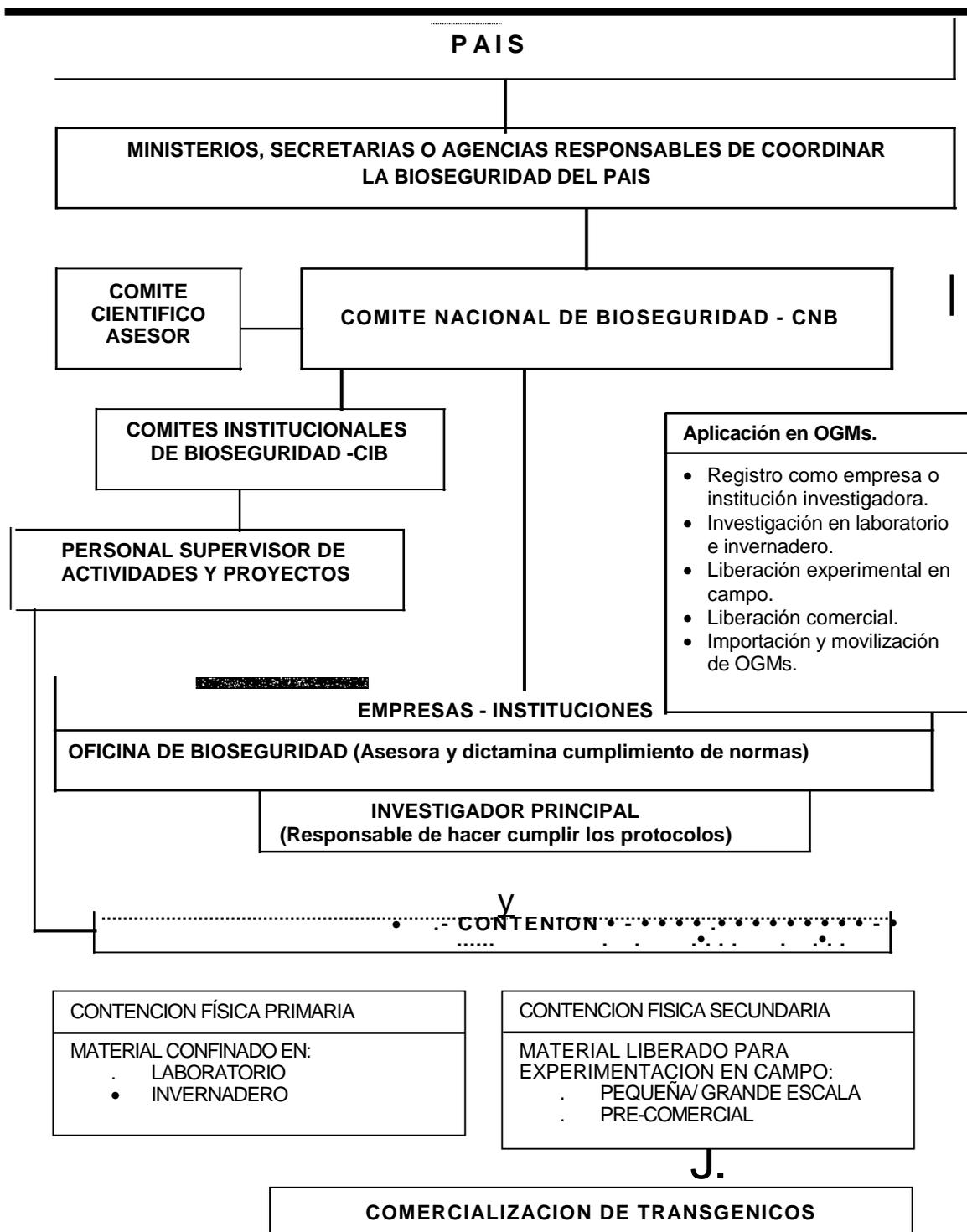


Figura 1. Estructura general del manejo de organismos vegetales genéticamente modificados con base en las regulaciones de bioseguridad.

Se ha establecido que toda empresa o institución que involucra en sus actividades los OGMs debe obtener su registro nacional, ante el Ministerio o Agencia establecida por los países, donde uno de los requerimientos principales es la integración de una sección que organizaría el Comité Interno de Bioseguridad (E-CIB), la cual básicamente asesora sobre las actividades a desarrollar y que las normas definidas por el CNB sean analizadas y puestas al conocimiento del personal. Asimismo, ésta designa al investigador principal, quien es responsable del cumplimiento de las normas de bioseguridad.

Los CIB tienen como personal de apoyo a los supervisores, quienes son los encargados de informar e inspeccionar el cumplimiento de las normas de seguridad en los proyectos que en las empresas o instituciones desarrollan. Debido a los riesgos derivados de la técnica el ADNr las empresas o instituciones, deben cumplir con las normas de contención establecidas por el CNB. La contención física primaria se destina a la seguridad del personal de trabajo, el cual está regido por guías de buenas prácticas y para prevenir el escape de microorganismos o partes vegetales que estén relacionados con los OGMs y específicamente en cuanto a edificaciones, equipo y procedimientos. La contención física secundaria, hace relación a las prácticas que deben cumplirse cuando el CNB haya dictaminado que se pueden realizar pruebas a nivel de campo. Si a través de la experimentación del CNB considera que no se presentan riesgos para la salud y el ambiente, el material queda liberado por medio de un certificado y registro para que pueda comercializarse, quedando esta liberación sujeta a algunas restricciones de uso en lugares del territorio, debido a un manejo preventivo de riesgo específico.

## CONCLUSIONES

La tecnología del ADN recombinante en el campo de la ciencia y tecnología ha integrado grandes innovaciones e importantes productos para el beneficio de la sociedad y las perspectivas son de gran alcance en el aprovechamiento de los recursos biológicos disponibles, con aplicaciones en corto tiempo como la resistencia a insectos, herbicidas y fitopatógenos y mejoramiento en la calidad de productos. Sin embargo, efectos negativos derivados de esta tecnología han originado controversia de quienes aseguran como prioridad básica la protección de la salud de la ciudadanía y los animales, y la sostenibilidad de la calidad del ambiente.

La trayectoria de la implementación de la tecnología del ADN recombinante en los sistemas agrícolas ha generado la formulación de riesgos potenciales como el flujo de genes horizontales y efectos pleiotrópicos, y otros que han sido evidenciados a través de estudios y seguimiento en el uso de organismos genéticamente modificados, los cuales tienen efectos por el flujo de genes verticales con incidencia sobre la resistencia en plantas e insectos. Además, las evidencias en la salud con efectos alérgicos y los impactos socio-políticos en el uso de esta tecnología, con alta incidencia por la importante área sembrada que se ha incrementado de 2.8 a 39.9 millones de ha entre 1996 y 1999, como también, el desequilibrio en las medidas implementadas en el manejo en bioseguridad.

La importante estructura de regulación en el manejo confinado en laboratorio e invernadero, y el experimental en campo de los países industrializados **en** Canadá, EUA y algunos países de la Unión Europea en el uso de organismos vegetales genéticamente modificados, es una consecuencia de sus adelantos científicos y la experiencia pionera en el campo farmacéutico y la microbiología, donde la solidez de la estructura económica-política hacen que las regulaciones tengan una aplicación versátil. En tanto las regulaciones de los países en vías de desarrollo basan la implementación en la experiencia de países industrializados y las recomendaciones propuestas por científicos del mundo y organizaciones internacionales, que si bien pueden contar con adecuadas guías tecnológicas, también se ha adoptado una postura de interés socio-económico basado en la biodiversidad.

Las medidas establecidas para la integración de los OGMs al ambiente se enfocan a la selección de los sitios de experimentación considerando las poblaciones silvestres, el aislamiento espacial y la estructura genética. Además, de la identificación de las zonas de riesgos a través de un mapeo en los países, complementado con manejo de aislamientos. En tanto, la reducción de adaptación de insectos plagas se realiza considerando la descendencia en número y de padres de individuos adaptados, atendiendo los niveles de expresión constitutiva de toxinas y el uso de refugios.

## RESUMEN

Los cultivos provenientes de la tecnología del ADN recombinante (ADNr) representan otro sistema de obtención de productos agrícolas basados en la biotecnología moderna como una alternativa al mejoramiento de plantas. A pesar de tener ventajas expresas en la introducción de los cultivos, hipotéticamente también se manejan desventajas y amenazas, calificándose como las más graves el impacto al ambiente, la erosión de la diversidad genética y repercusiones en la salud humana. Se desarrolló el presente trabajo con base en revisión documental considerando los siguientes objetivos: i) caracterizar los tipos de riesgos en el ambiente; ii) revisar las normas legislativas de los países industrializados de EUA, Canadá, Japón y la Unión Europea, y las adoptadas por los países latinoamericanos de Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, México, Paraguay y Uruguay en el uso de plantas transgénicas; y iii) sugerir las medidas de acción para el manejo y control de los problemas derivados del uso de transgénicos.

La adopción de cultivos transgénicos entre 1996 y 1999 tiene un incremento que ha pasado de 2.8 a 39.9 millones de ha. En 1999 los países industrializados sembraron 32.8 millones de ha y los países en vías de desarrollo 7.1 millones de ha. Los principales cultivos sembrados en el mundo son la soya, maíz, tabaco, algodón, canola, tomate, papa, papaya y calabaza. La soya es el cultivo de mayor área sembrada, con

21.6 millones de ha. El más importante tratamiento corresponde a tolerancia a herbicida en el cultivo de la soya, seguido por la canola y en una menor proporción por el algodón.

La biotecnología ha sido involucrada a una serie de reglamentaciones con la finalidad que sus productos finales en el campo agrícola, conserven su estabilidad y que en su manejo basado en principios precautorios, reduzca o elimine los riesgos potenciales por la investigación, producción, liberación e introducción, para lo cual se ha establecido normas de bioseguridad.

Las regulaciones tienen dos tipos de normatividades; uno dirigido al manejo confinado, laboratorio o invernadero, protegiendo básicamente la salud del personal implicado en el manejo de OGMs y para evitar algún escape de éstos o de sus componentes en su conformación, y el segundo tipo de regulaciones se enfocan para el manejo experimental en campo donde los propósitos son proteger el ambiente y los efectos que pueden generar a la salud humana y animal. Dos de los países industrializados con mayor adelanto en biotecnología lo constituyen Canadá y EUA, los cuales disponen de un sistema vertical, puesto que definen en las regulaciones principalmente las características de los cultivos y no todos los productos en su proceso. La regulación caracterizada como de sistema horizontal es la adoptada por la Unión Europea, donde toda planta y todo el proceso trasgénico es normatizado.

La importante estructura de regulación que disponen los países industrializados respecto al uso de OGMs es consecuencia de sus adelantos científicos y la experiencia pionera en el campo farmacéutico y la microbiología, además, la solidez de la estructura económica-política hacen que las regulaciones tengan una aplicación versátil y de seguimiento en la etapa de desarrollo. En tanto, los países en vías de desarrollo se han

basado en integrar la experiencia de países industrializados y las recomendaciones propuestas por científicos del mundo y organizaciones internacionales, que si bien pueden contar con las guías teóricas de procedimientos, algunos países aún no ha implementado los aspectos básicos de la estructura orgánica como son los Comités Nacionales de Bioseguridad y los Comités Asesores, y la integración de todos éstos para obtener los objetivos de defender la biodiversidad y evitar riesgos al ambiente y a la salud.

Las políticas para el manejo de plantas transgénicas a través de guías o recomendaciones para introducirse al ambiente, están dirigidas a la selección de los sitios de experimentación para impacto del flujo genético mediante las siguientes consideraciones: i) lugares sin reservorios de poblaciones silvestres y con aislamiento espacial y ii) sin efecto sobre la estructura genética en variedades locales. Además, el mapeo de zonas define las áreas donde se puede evaluar los tipos de riesgos que los OGMs pudiesen ocasionar, estableciéndose, así: i) zona de riesgo 0, sin riesgo; ii) zona de riesgo 1, poco riesgo; iii) zona de riesgo 2, riesgo intermedio; y iv) zona de riesgo 3, máximo riesgo. La reducción de adaptación de insectos plagas llevan una o la combinación de las siguientes opciones: i) reducir la descendencia de individuos adaptados y no adaptados y ii) reducir adaptabilidad de padre a su descendencia.

## LITERATURA CITADA

- Agriculture and Agri-Food Canada. 1994a. A summary of field trial requirements for PNT's. Regulations: European Union. The CEC directive on the contained use of GMOs. Disponible en línea con la información en: <http://www.agr.ca/research/agtran/agtoie.html> (Verificado 18 Oct. 1997).
- Agriculture and Agri-Food Canada. 1994b. Regulatory directive Dir94-08: Assessment criteria for determining environmental safety of plants with novel traits in Canada. Plant Products Division. Regulations: European Union. The CEC directive on the contained use of GMOs. Disponible en línea con la información en: <http://www.binas.unido.org/binas/regulations.html> (Verificado 18 Oct. 1997).
- Agriculture and Agri-Food Canada. 1995. Regulatory directive Dir95-01: Field testing plants with novel traits in Canada. Plant products division. Disponible en línea con la información en: <http://www.binas.unido.org/binas/regulations.html> (Verificado 18 Oct. 1997).
- Alstad, **D.N.**, and D.A. Andow. 1995. Managing the evolution of insect resistance to transgenic plants. *Science*. 168:1894-1896.
- Ammann, K., Y. Jacot, and P.R. Al Mazyad. 1998. Gene flow via pollen transport. Disponible en línea con la información en: <http://www.ars.ch/data/english/K3.html> (Verificado 16 Dic. 1998).
- Barton, J., J. Crandon, J.D. Kennedy, and H. Miller. 1997. A model protocol to assess the risk of agricultural introductions. *Nature Biotechnology*. 15:845-848.
- Bergelson, J., C.B. Purrington, and G. Wichmann. 1998. Promiscuity in transgenic plants. *Nature*, London, UK. 395:25.
- Brown, J., D.C. Thill, A. Brown, T.A. Brammer, and H. Nair. 1996. Gene transfer between canola (*Brassica napus*) and related weed species. Department of plant soil and entomological sciences, University of Idaho, Moscow. Disponible en línea con la información en: <http://gophisb.biochem.vtedu/brarg/cris/brasym96/brown96.htm> (Verificado 10 Dic. 1998).
- Chevre, A.M. 1997. Gene flow from transgenic crops. *Nature*, London, UK. 389:924.

Decreto No. 1752. 1995. Disposicao sobre la vinculacao, competencia y composicao de la comisao técnica nacional de bioseguranca. Brasil. Disponible en línea con la información en: <http://www.mct.gov.br/ctnbio/ctnb-le.htm#capitulo3> (Verificado 10 May. 1998).

Economic Commission for Europe (ECE). Regulations: European Union: Summary. Disponible en línea con la información en: <http://www.binas.unido.org/binas/regulations.html> (Verificado 20 Nov. 1997).

Ejilander, R., and W.J. Stiekema. 1994. Biological containment of potato *Solanum tuberosum*: outcrossing to the related wild species black nightshade *Solanum nigrum* and bitterswee (*Solanum dulcamara*). *Sex. Plant. Reprod., USA*. 7:290.

Ellstrand, N. 1996. Evaluación de los riesgos del flujo transgénico de los cultivos a las especies silvestres. pp. 86-89. *In*: J.A. Serratos, M.C. Willcox y F. Castillo (eds.). Flujo genético entre maíz criollo, maíz mejorado y teocintle: implicaciones para el maíz transgénico. CIMMYT, México, DF.

Fuchs, R.L., G.J. Rogen, P.J. Keck, S.L. Love, and P.B. Lavrik. 1995. Safety evaluation of Colorado potato beetle-ported potatoes. pp. 63-80. *In*: Application of the principles of substantial equivalence to the safety evaluation of foods or food components from plants derived by modern biotechnology. Report of a WHO workshop. SHO/FNU/FOS/95.1, USA.

Garrison, H. 1996 El teocintle en México: Panorama retrospectivo y análisis personal. pp. 11-19. *In*: J.A. Serratos, M.C. Willcox y F. Castillo (eds.). Flujo genético entre maíz criollo, maíz mejorado y teocintle: implicaciones para el maíz transgénico. CIMMYT, México, DF.

Goodman, R.M., and N. Newell. 1985. Genetic engineering of plants for herbicide resistance: status and prospects. pp. 47-53. *In*: H.O. Halvorson, D. Pramer, and M. Rogul (eds.). Engineered organisms in the environment. Scientific Issues, Am. Soc. for Microbiology, Washington, DC.

Gould, F. 1988. Evolutionary biology and genetically engineered crops: consideration of evolutionary theory can aid in crop design. *BioScience*. 38(1):26-33.

\_\_\_\_\_. 1997. Integración de plantas plaguicidas, creadas por la ingeniería molecular, a la agricultura Mesoamericana. pp. 7-39. *In*: A.J. Hruska y M. Lara P. (eds.). Plantas transgénicas en la agricultura Mesoamericana. Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano, Honduras CA.

Hansen, M., L. Busch, J. Burkhardt, W.B. Lacy, and L.R. Lacy. 1986. Plant breeding and biotechnology: new technologies raise important social questions. *BioScience*. 36(1):29-39.

- Ho, M.W. y R.A. Steinbrecher. 1997. Fallos fatales en la evaluación de seguridad de los alimentos. Serie biotecnología y bioseguridad de la red del tercer mundo. C.S. de CC.00. y Fundación 1º de Mayo, Madrid, España. 21 p.
- Hoisington, D. 1996. Conocimientos actuales en relación con la transformación del maíz. pp. 1-10. *In*: J.A. Serratos, M.C. Willcox y F. Castillo (eds.). Flujo genético entre maíz criollo, maíz mejorado y teocintle: implicaciones para el maíz transgénico. CIMMYT, México, DF.
- Hoffmann, T., C. Goiz, and O. Schieder. 1994. Foreign DNA sequences are received by a wild-type strain of *Aspergillus niger* after co-culture with transgenic higher plants. *Genet.* 27:70-76.
- Hruska, A.J. y M. Lara P. (eds.) 1997. Plantas transgénicas en la agricultura Mesoamericana. Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano, Honduras CA. 137 p.
- Instrucao Normativa No. 3. Normas para a liberacao planejada no medio ambiente de organismos genéticamente modificados. Disponible en línea con la información en: <http://www.mct.gov.br/ctnbio/in/in3.htm> (Verificado 10 May. 1998).
- James, C. 1997. Global status of transgenic crops in 1997. ISAAA Briefs No. 5. ISAAA, Ithaca, NY. 30 p.
- \_\_\_\_\_. 1998. Global review of commercialized transgenic crops: 1998. ISAAA Briefs No. 8. ISAAA, Ithaca, NY. 43 p.
- \_\_\_\_\_. 1999. Global review of commercialized transgenic crops: 1999. ISAAA Briefs No. 12. ISAAA, Ithaca, NY. 9 p.
- \_\_\_\_\_, and A.F. Krattiger. 1996. Global review of the field testing and commercialization of transgenic plants: 1986 to 1995: the first decade of crop biotechnology. ISAAA Briefs No. 1. ISAAA, Ithaca, NY. 31 p.
- Karcher, S.J. 1994. Getting DNA into a cell: a survey of transformation methods. *The American biology teacher, USA.* 56(1):14-21.
- Kareiva, P., R. Manasse, and W. Morris. 1991. Using models to integrate data from field trials and estimate risks of gene and gene spread. pp. 31-42. *In*: D.R. MacKenzie and S.C. Henry (eds.). Biological monitoring of genetically engineered plants and microbes. Agr. Res. Inst., Bethesda, MD.
- Kendall, H.W., R. Beachy, T. Eisner, F. Gould, R. Herdat, P.H. Rayen, J.S. Schell, and M.S. Swaminathan. 1997. Bioengineering of crops: report of the word bank panel on transgenic crops. Environmentally and socially sustainable development studies and monographs series 23. The World Bank, Washington, DC. 31 p.

- Kimbrell, A. 1998. Why biotechnology and high-tech agriculture cannot feed the world. *The Ecologist*, London, UK. 28(5):294-298.
- Krattiger, A. 1998a. The importance of Ag-biotech to global prosperity. ISAAA Briefs No. 6. ISAAA, Ithaca, NY. 10 p.
- \_\_\_\_\_. 1998b. Review of commercialized crops: 1998. ISAAA Briefs No. 8. ISAAA, Ithaca, NY. 7 p.
- Krismsky, S., and R.P. Wrubel. 1996. Agricultural biotechnology and the environment: science, policy and social issues. Univ. of Illinois, Press Urbana.
- Lei No. 8.974, de 05 de Janeiro de 1995. Normas para o uso das tecnicas de engenharia genética e liberacao no meio ambiente de organismos geneticamente modificados. Disponible en línea con la información en: <http://www.mct.gov.br/conjuteil/lei8974.html> (Verificado 10 May. 1998).
- McPartlan, H.C., and P.J. Dale 1994. An assessment of gene transfer by pollen from field-grown transgenic potatoes to non-transgenic potatoes and related species. *Transgenic Res.*, USA. 3:216-225.
- Mendelson, J. 1998. Roundup: the world's biggest-selling herbicide. *The Ecologist*, London, UK. 28(5):270-275.
- Mikkelsen, T.R., B. Andersen, and R.B. Jorgensen. 1996. The risk of crop transgene spread. *Nature*, London, UK. 380:31.
- Ministry of agriculture, forestry and fisheries government of Japan. 1995. Disponible en línea con la información en: <http://www.binas.unido.org/binas/regulations.html> (Verificado 10 Ene. 1998).
- Muñoz, E. 1998. Biodiversidad y bioseguridad: su relación con la biotecnología. Instituto de Estudios Sociales Avanzados (CSIC), Madrid, España. 26 p.
- Nieto, J., J. Riecmann y A. Durán. 1999. Argumentos recombinantes sobre cultivos y alimentos transgénicos. Departamento confederal de medio ambiente de CC.00. y Fundación 1º de mayo, Madrid, España. 158 p.
- Norma oficial mexicana NOM-056-FITO-1995. Requisitos fitosanitarios para la movilización nacional, importación y establecimiento de pruebas de campo de organismos manipulados mediante la aplicación de ingeniería genética. *Diario Oficial*, 11 de julio de 1996, México.
- Office of Technology Assessment (OTA). 1992. A new technological era for american agriculture. U.S. Government Printing Office, Washington, DC.

- Official Journal of the European Communities, No. L292/31, 12.11.94. 1994.  
Regulations: European Union: Full Text. Commission decision. Disponible en línea con la información en: <http://www.binas.unido.org/binas/regulations.html> (Verificado 20 Nov. 1997).
- Paoletti, M.G., and D. Pimentel. 1996. Genetic engineering in agriculture and the environment: assessing risks and benefits. *BioScience*. 46:665-671.
- Phillips, K., H. W. Kuan, M. Bosela, and Y. Yan. 1996. Transgenic plants approval — USDA environmental assessment and determination by team Arabidopsis. Disponible en línea con la información en: <http://www.aphis.usda.gov/biotech> (Verificado 14 Dic. 1997).
- Pimentel, D., M.S. Hunter, J.A. LaGro, R.A. Efroymsen, J.C. Landers, F.T. Mervis, C.A. McCarthy, and A.E. Boyd. 1989. Benefits and risks of genetic engineering in agriculture. *BioScience*. 39:606-614.
- Programa de las Naciones Unidas para el medio ambiente, Centro internacional de tecnologías ambientales (PNUMA). Bioseguridad en Latinoamérica. Disponible en línea con la información en: <http://maestro.unep.or.jp/Spanish/ietc/Projects/index-sp.htm> (Verificado 21 Jun. 1998).
- Reglamento de la ley general de salud en materia de investigación para la salud. 1987. Diario Oficial de la Federación, 6 de enero de 1987, México.
- Regulating biotechnology in agriculture. USDA. Disponible en línea con la información en: <http://www.aphis.usda.gov/bbep> (Verificado 14 Dic. 1997).
- Regulations: Argentina. The Argentina guidelines for testing genetically modified plants. Disponible en línea con la información en: <http://www.cbi.pku.edu.cn/binas/regulations/regs/argentina/gmp.html> (Verificado 12 Ene. 1998).
- Regulations: European Union. The CEC Directive on the contained use of GMOs. Disponible en línea con la información en: <http://www.binas.unido.org/binas/regulations.html> (Verificado 20 Nov. 1997).
- Regulatory developments in biotechnology in Japan. Disponible en línea con la información en: <http://www.cbi.pku.edu.cn/binas/Regulations/full-regs/japan/apl.html> (Verificado 15 Ene. 1998).
- Regulatory developments biotechnology in the United States. Regulations: European Union. The CEC directive on the contained use of GMOs. Disponible en línea con la información en: <http://www.aphis.usda.gov/bbep> (Verificado 14 Dic. 1997).

- Riva, G.A. 1998. *Agrobacterium tumefaciens* a natural tool for plant transformation. Electronic J. of Biotech. 1(3):1-17. Disponible en línea con la información en: <http://www.ejb.org/content/volVissue3/full/1/#Agrobacterium1> (Verificado 6 Oct. 1999).
- Robles, R. 1995. Diccionario genético y fitogenético. Trillas, México. 197 p.
- Serratos, J.A., M.C. Willcox y F. Castillo (eds.). Flujo genético entre maíz criollo, maíz mejorado y teocintle: implicaciones para el maíz transgénico. CIMMYT, México, DF. 139 p.
- Sims, S. 1996. Development and commercialization of insect resistant transgenic crops. Cornell community: conference on biological control. Disponible en línea con la información en: <http://www.nysaes.cornell.edu/ent/bcconf/talks/sims.html> (Verificado 14 Feb. 1999).
- Solleiro, J.L. y A. Gálvez M. 1995. Avances y perspectivas de la regulación de la bioseguridad en México. México, DE. 12 p.
- Tokar, B. 1998. Monsanto: a checkered history. The Ecologist, London, UK. 28(5):254-261.
- Trigo, E.J., and W. Jaffe. 1990. Biosafety regulations in developing countries. IICA, San José, Costa Rica. 18 p.
- United Nations Environment Program (UNEP). 2000. State of the global environment. Disponible en línea con la información en: <http://www.unep.org/SGE.htm> (Verificado 4 Mar. 2000).
- Whalon, M.E. y D.L. Norris. 1997. Manejo de resistencia de plagas y despliegue de plantas transgénicas: perspectivas y recomendaciones en regulaciones para mesoamérica. pp. 70-94. *In*: J.A. Serratos, M.C. Willcox y F. Castillo (eds.). Flujo genético entre maíz criollo, maíz mejorado y teocintle: implicaciones para el maíz transgénico. CIMMYT, México, DF.

## APENDICE

## Abreviaturas y Siglas

### Generales

<b>ADN</b>	: Acido desoxirribonucleico.
ADNr	: Tecnología del ADN recombinante.
ARN	: Acido Ribonucleico.
CDB	: Convención sobre Diversidad Biológica.
GATT	: Acuerdo General sobre Aranceles y Comercio.
OGM	: Organismos Genéticamente Modificados.
OMS	: Organización Mundial de la Salud.
TLCAN	: Tratado de Libre Comercio de América del Norte.

### De uso en la regulación de Canadá

<b>AAFC</b>	: Agricultura y Agro-Alimentación de Canadá.
APHD	: Dirección de Sanidad de Plantas y Animales.
CSGA	: Asociación Canadiense de Cultivares de Semillas.
PID	: Dirección de Industria de Plantas.
PTN	: Plantas con Tratamiento Novedoso.

### De uso en la regulación de Estados Unidos de Norteamérica

<b>APHIS</b>	: Servicio de Inspección de Sanidad de Plantas y Animales.
BBEP	: Dirección de Permisos de Biotecnología, Biología y Ambiente.
EPA	: Agencia de Protección Ambiental.
FDA	: Administración de los Alimentos y Medicamentos.
FPPA	: Acta Federal de Enfermedades de Plantas.
USDA	: División del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos.

### De uso en la regulación de Brasil

CIBio	: Comisión Interna de Bioseguridad.
CQB	: Certificado de Calidad de Bioseguridad.
CTNBio	: Comisión Técnica Nacional de Bioseguridad.
DDIV	: Departamento de Defensa e Inspección Vegetal.

IVIGM : Microorganismos Genéticamente Modificados.

VGM : Vegetal Genéticamente Modificado.

### **De uso en la regulación de México**

**CNBA** : Comisión Nacional de Bioseguridad Agrícola.

DGSV : Dirección General de Sanidad Vegetal.

SAGAR : Secretaría de Agricultura Ganadería y Desarrollo Rural.

## **CAPITULO III**

### **COMPARACION DE LA CALIDAD FISIOLÓGICA ENTRE SEMILLAS DE ALGODON *Gossypium hirsutum* L. TRANSGENICAS Y SUS CORRESPONDIENTES HOMOLOGAS POR MEJORAMIENTO CONVENCIONAL**

## **ABSTRACT**

Physiological Quality Comparison between Transgenic Cotton Seeds *Gossypium hirsutum* L. and their Corresponding Homologous by Conventional Improvement

BY

HERNANDO MONTENEGRO TORRES

DOCTOR IN AGRICULTURAL SCIENCE

AREA: AGRICULTURAL PRODUCTION

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

BUENAVISTA, SALTILLO, COAH, MÉXICO. AUG 2000

Ph.D. Norma Angélica Ruiz Torres — Advisor —

Key Words: Cotton, transgenic seeds, seeds by convencional improvement, physiological evaluation.

Cotton seeds (*Gossypium hirsutum* L.), from four cultivars, where the transgenics varieties Bollgard<sup>TM</sup> NuCOTN 33<sup>B</sup> y Bollgard<sup>TM</sup> NuCOTN 35<sup>B</sup>, were compared with their corresponding homologous of conventional improvement DP 5690 and DP 5415, in order to determine if their use brings advantages in the early stages of the establishment of the crop. The present work was developed based on the following objectives: i) to study the physiological seed germination performance through laboratory and greenhouse tests, in

cotton varieties that differ by managing of conventional genetic improvement and by recombinant DNA methodology, respectively, and ii) to determine the most efficient physiological seed tests to detect differences between varieties.

Based on the tests carried out in laboratory and greenhouse, it was determined that there are statistical differences between transgenic varieties and their corresponding conventional homologous varieties, being in general the transgenics those of better performance. The first count, germination and accelerated aging tests showed to be sensitive in detecting differences between the transformed varieties and their conventional homologous. On the other hand, physiological tests at greenhouse level demonstrated that the emergency in greenhouse does not permit to differentiate between conventional origin and transgenic varieties. In the physiological evaluation test for seed emergency in greenhouse, the dry weight obtained in the classification from strong seedlings did not show consistent results to detect differences between transgenic varieties and their corresponding conventional homologous.

## INTRODUCCION

La producción mundial de algodón estimada para 1998/1999 fue de 18.40 millones de toneladas, siendo los principales productores China y Estados Unidos de América, con el 38% de la producción total, seguidos por India, Pakistán, Uzbekistán, Turquía, Australia y Brasil, y el área sembrada fue de 32.8 millones de ha (Roberson, 1999). En tanto, la superficie sembrada de algodón transgénico en el mundo fue para 1998 y 1999 de 2.5 y 3.7 millones de ha, respectivamente (James, 1999).

El cultivo del algodón en el mundo, en general ha sido afectado por plagas como el picudo del algodón (*Anthonomus grandis*), gusano medidor (*Alabama argillacea*), conchuela (*Chlorochroa ligata*), complejo gusano bellotero (*Heliothis virescens* y *Helicoverpa zea*), oruga espinosa (*Earias insulana*), gusano rosado (*Pectynophora gossypiella*), entre otros, que con los años han desarrollado resistencia en contra de insecticidas químicos que han sido por muchos años el principal método de control. Lo anterior ha llevado a que se incrementen los costos de producción al utilizar dosis y combinaciones excesivas y a causar un daño irreversible al ambiente.

Considerando la magnitud del problema, ha sido necesario recurrir a la ingeniería genética que a través de las estrategias generales de identificación de genes de interés, y las etapas de aislamiento, introducción y expresión de genes foráneos, ha sido posible

desarrollar o generar genotipos resistentes a larvas de lepidópteros, dípteros y coleópteros, que en un contexto general ha recibido la denominación de algodón transgénico.

La investigación en organismos manipulados genéticamente a partir de la proteína insecticida *Bacillus thuringensis* ha permitido desarrollar el algodón transgénico Bollgard™ resistente al gusano bellotero (*Heliothis virescens* y *Helicoverpa zea*) y al gusano rosado (*Pectynophora gossypiella*). A través de las nuevas variedades transgénicas de algodón, se ha contribuido a reducir las aplicaciones de insecticidas que van desde un 10 hasta un 40% (Berdegué y Gil, 1998); trayendo consigo reducción en el uso de combustible, equipo y mano de obra. Además, se reduce el riesgo de exposición a compuestos tóxicos.

Considerando el potencial del algodón Bollgard™, es importante determinar si su uso trae consigo ventajas en las etapas tempranas del establecimiento del cultivo. Esto es, determinar si la característica transferida afecta de alguna manera la calidad fisiológica de la semilla, evaluando su germinación y vigor.

Por los motivos expuestos, el presente trabajo fue desarrollado con base en los siguientes objetivos específicos: i) estudiar la respuesta fisiológica en la germinación y vigor de semillas a través de pruebas de laboratorio e invernadero, en variedades de algodón de material genético similar, pero que difieren por manejo de mejoramiento genético convencional y por metodología de ADN recombinante, respectivamente y ii) determinar las pruebas fisiológicas de semillas más eficientes para detectar diferencias

entre materiales genéticos. La hipótesis bajo la cual se desarrolló el trabajo es: existen diferencias fisiológicas entre semillas de variedades algodón convencionales y sus homólogos manipulados a través de la ingeniería genética.

## REVISION DE LITERATURA

**Biología del Algodón.** El genero *Gossypium* pertenece a las Malvaceas, el cual tiene 39 especies, y de éstas, cuatro son conocidas como algodón: *Gossypium hirsutum* L., *G. arboreum* L., *G. barbadense* L. y *G. herbaceum* L. El uso del algodón predomina principalmente como fibra textil y en menor escala como aceite de semilla de algodón, fibra larga y torta de algodón. Las especies diploides ( $2n=26$ ) se encuentran en todos los continentes y algunas son de importancia agrícola. Por lo menos siete genomas se distinguen A, B, C, D, E, F, y G, donde el genoma A, es restringido para dos especies del viejo mundo; *G. arboreum* L. y *G. herbaceum* L., y el genoma D, es restringido en algunas especies diploides del nuevo mundo como la *G. thurberi* (Lackey, 1998).

**Plantas Transgénicas de Algodón BollgardTm.** Las variedades de algodón transformadas sintetizan una toxina insecticida codificada por el gene Cry que se obtuvo de la bacteria *Bacillus thuringiensis* (*B.t.*), la cual pertenece a un grupo de bacterias del suelo que ocurren naturalmente y que se encuentran en todas partes 'del mundo. Barliner fue quien primero aisló el bacilo en 1911, como también fue quien en 1915, la identificó por aislamientos como una nueva especie, denominándola como *B. thuringiensis* en honor a la provincia Thuringen, donde fue descubierta. Se han identificado más de 20,000 razas diferentes agrupándose en 30 subespecies, con nombres tales como *B.t. kurstaki*, *B.t. tenebrionis* y *B.t. israelensis*. El *B.t.* pertenece al

grupo de bacterias esporulantes, denominadas cristalíferas, que tienen forma de diamante. El *B.t.* tiene la capacidad de producir proteínas con propiedad insecticida que únicamente matan a plagas específicas de insectos, sin efectos en otros insectos, pájaros, animales y humanos. Cuando la proteína protectora es digerida por la plaga, reacciona con un receptor específico en el intestino del insecto, destruyendo el epitelio ocasionando la paralización de la capacidad alimenticia y muerte de éste en un lapso no mayor a 24 horas (Monsanto, 1998b; Dulmage *et al.*, 1981).

Recientemente la ingeniería genética ha permitido que las plantas produzcan estas proteínas toxinas para que los cultivos sean protegidos de daños a lo largo de sus estados de crecimiento (Monsanto, 1998a). El algodón Bollgard™ creado por la compañía Monsanto incluye tres líneas de algodón (513, 757 y 1076) producidas por transformación de la línea de algodón Coker 312 usando el protocolo de *Agrobacterium tumefaciens*. Cada línea de Bollgard™ contiene un gen modificado Cry IA(c) de *Bacillus thuringiensis* subsp. *kurstaki*, que codifica para una de las endotoxinas (e) de la bacteria. El gen cryA(c) insertado en el genoma del algodón es regulado por el promotor del virus del mosaico de la coliflor 35S o un promotor alternativo. Además, todas las líneas Bollgard™ contienen también el gen *Npt II* de la bacteria *E. coli* y el gene aad del transposon bacterial T7. El gene *Np II* confiere resistencia para el antibiótico kanamicina, en tanto que al gene aad le confiere resistencia para espectomicina y estreptomicina. Las variedades de algodón con estas características proporcionan resistencia al ataque del complejo bellotero *Heliothis virescens* y *Helicoverpa zea*, y el gusano rosado *Pectynophora gossypiella* (Jenkins, 1995; Monsanto, 1998b).

Reportes de seguimiento del algodón Bollgard™ de Monsanto en campo (Monsanto, 1998a) mencionan que las plantas expresaron el gen pero se requiere de tratamientos suplementarios de insecticidas. Lo anterior debido a que en el polen deshidratado los niveles de la proteína toxina se reducen y las larvas pueden ser capaces de sobrevivir. Durante el desarrollo del algodón Bollgard™ investigadores de Monsanto han encontrado supervivencia del 5 al 10% de belloteros.

Análisis de las ventajas de esta nueva tecnología referente a las situaciones ambientales y de productividad son sustentadas respecto a los siguientes aspectos: i) Zonas de producción. El uso de variedades transgénicas tendría ventajas en áreas agrícolas donde existan restricciones como: a) lugares donde el uso de agroquímicos es restringido por estar cercanos a lagos y reservorios de agua; b) aplicaciones aéreas de pesticidas que no se pueden realizar por encontrarse zonas cercanas de habitación o negocios; c) zonas agrícolas donde sea importante la presencia de insectos benéficos para el control de plagas secundarias sin importancia económica como el gusano soldado y gusano falso medidor (*Alabama argillacea*); y ii) Productividad del cultivo. a) elimina actividades administrativas y de trabajadores, respecto a la adquisición y aplicación de pesticidas; b) reduce el riesgo de accidentes por el uso de agroquímicos; c) elimina la necesidad de realizar nuevas aplicaciones de insecticidas por ocurrencia de lluvias (Godoy, 1998).

Calidad de Semillas. El potencial genético es considerado como uno de los principales factores determinantes de la calidad fisiológica, la cual es máxima en la maduración de la semilla (Delouche y Baskin, 1973).

Antes que la germinación de las semilla sea reducida pueden ocurrir varias transformaciones físicas, fisiológicas y bioquímicas capaces de afectar su emergencia en campo. La sumatoria de esas transformaciones que, en última instancia, conduce a la pérdida de su viabilidad, es referida como deterioro (Delouche, 1974; Popinigis, 1985).

El término deterioro de semillas según Abdul-Baki y Anderson (1972) se refiere a cualquier transformación degenerativa irreversible en la calidad de semilla, después de alcanzar su nivel máximo de calidad, y el cual es inevitable, de progreso variable entre especies y entre lotes de semillas de la misma especie en el punto de maduración fisiológica. De este punto en adelante esas transformaciones degenerativas continúan ocurriendo, y no pueden ser evitadas, tan solo retardadas a través de una cosecha, secado, beneficio y almacenamiento en condiciones favorables. Delouche (1968) indica que esas transformaciones degenerativas pueden ser de origen bioquímico, físico o fisiológico.

Por su parte, Delouche (1975) y Baskin (1975) indican que la calidad fisiológica de la semilla es la última consecuencia determinada por el proceso de deterioro en la semilla, debido a que éste es inexorable, irreversible, mínimo en la época de maduración y variable entre semillas de la misma especie, entre lotes de una misma especie y entre semillas del mismo lote.

La pérdida del poder germinativo es la última y más desastrosa consecuencia del deterioro, el cual puede ser medido por la prueba de germinación y por las pruebas de vigor. Antes que la semilla tenga el poder germinativo reducido por el deterioro,

transformaciones degenerativas de origen bioquímico o fisiológico ocurren en la semilla reduciendo su vigor (Abdul-Baki y Anderson, 1972).

En lotes de semillas con igual porcentaje de germinación no se presenta, muchas veces, la misma calidad fisiológica y como también dentro de un mismo lote de semillas, estos no presentan idéntico grado de deterioro, en cambio si presentan una gama de niveles en mayor o menor estado de senescencia (Fagundes, 1974).

Los eventos que caracterizan el deterioro en una secuencia hipotética, se inician con la desorganización de las membranas y la pérdida del control de su permeabilidad, y finaliza, con la reducción del poder germinativo y la muerte de la semilla. Otros acontecimientos en secuencias son la caída del potencial del almacenamiento, disminución de la velocidad de germinación, del porcentaje de emergencia de plántulas y la ocurrencia de plántulas anormales (Delouche y Baskin,1973).

McGee (1983) señala que fisiólogos desarrollaron tres grupos de teorías para explicar las causas bioquímicas y fisiológicas del deterioro: i) relativas a la acumulación de productos deleterios del metabolismo, resultantes de la inactivación de enzimas y ácidos nucleicos, como también de membranas no funcionales; ii) reducción de la eficiencia de organelos, células y órganos, con su uso creciente: y iii) aumento de la tasa de mutaciones, con el avance de la edad de los tejidos, llevando a un funcionamiento metabólico deficiente.

**Vigor de Semillas.** Según la AOSA (1983) el vigor es un índice de calidad mas sensible que la germinación y la evaluación de algunos de los eventos que preceden la pérdida de la viabilidad pueden ser utilizados como prueba de vigor, por otra parte cuanto mas distante fuese el parámetro de la pérdida del poder germinativo, más sensible será la evaluación del vigor de las semillas.

El vigor en las semillas es una consecuencia de cuatro factores principales: genético, ambiental, daños mecánicos y malas condiciones de almacenamiento. Cambios en la cadena génica por la introducción en la planta de genes que proporcionan caracteres distintos, pueden proporcionar también cambios de expresión fisiológica, que pueden ser evaluados por pruebas como las de vigor y bioquímicas (AOSA, 1983).

Han sido varias las formas de clasificar las pruebas de vigor; Isely (1957) las clasificó en directas, cuando simulan en laboratorio, condiciones verificadas en campo, y como indirectas, cuando miden ciertos atributos fisiológicos o determinadas características estructurales de las semillas, indirectamente relacionadas al vigor. En tanto Pollock y Roos (1972) las clasificaron en pruebas rápidas y pruebas que producen condiciones de *estrés*. Woodstock (1973) optó por definir las como pruebas fisiológicas y pruebas físicas.

La validez de la prueba de germinación como un indicador seguro para el desempeño de las semillas en el campo donde las condiciones ambientales no siempre son favorables, ha sido cuestionada por varios autores (Delouche y Caldwell, 1970; Heydecker, 1972; Popinigis, 1975), por tal motivo, las pruebas de vigor han sido

idealizadas para evaluar y correlacionar con precisión el comportamiento de lotes de semillas en campo y laboratorio.

Generalmente, en las pruebas de vigor, las semillas son evaluadas en condiciones adversas, sobre las cuales las más deterioradas no consiguen contribuir para el resultado final (Popinigis, 1985).

**Prueba de Germinación.** El poder germinativo es uno de los atributos más importantes para la evaluación de la calidad fisiológica de semillas. La germinación es la capacidad de la semilla de producir una plántula que, por las características de sus estructuras esenciales, demuestra su aptitud para dar origen a una planta normal, sobre condiciones favorables de campo. Por otra parte, en la prueba de germinación, el resultado expresado en porcentaje, interpreta un valor absoluto que puede ser manifestado cuantitativamente (Delouche y Caldwell, 1970; Popinigis, 1985).

La prueba de germinación estándar es universalmente aceptada debido a que es una metodología claramente definida, de manera que los resultados son más fácilmente reproducibles en un laboratorio o entre laboratorios (AOSA, 1983).

Las condiciones ideales de temperatura y humedad en la realización de la prueba de germinación, situaciones que raramente son encontradas en condiciones de campo, son criticadas por Delouche (1976) y dice además que esto puede verificarse cuando se presenta emergencia reducida de plántulas en lotes que habían presentado elevados porcentajes de germinación en laboratorio.

McDonald (1980) señala también que éstas pruebas no llevan en consideración la naturaleza progresiva del deterioro; las semillas son clasificadas en germinadas y no germinadas, sin distinción de las plántulas débiles o fuertes, o de germinación rápida o lenta.

**Primer Conteo.** McDonald (1975) especifica que la prueba de vigor de primer conteo es conducida sobre las mismas condiciones de la prueba de germinación y que los resultados son obtenidos a través de la evaluación de plántulas normales, una vez definido el período específico para el primer conteo de la prueba de germinación. Su realización se basa en el principio que las semillas vigorosas tienen en el proceso de germinación una ocurrencia con mayor velocidad que para semillas de bajo vigor.

Según la AOSA (1983) esa prueba presenta ventajas importantes, para su utilización en laboratorios de semillas: es barata, relativamente rápida, no requiere equipos especializados, ni entrenamiento tecnológico adicional.

Tamlitért el primer conteo de germinación ha sido criticado como prueba de vigor, debido a los siguientes factores: i) la humedad y temperatura, son variables difícilmente estandarizadas entre laboratorios y éstas influyen en la velocidad de germinación; ii) la habilidad del analista influye ampliamente y éste debe tener un concepto bien definido de semilla germinada (McDonald, 1975; AOSA, 1983).

**Envejecimiento Acelerado.** Delouche y Baskin (1973) describen el protocolo de la siguiente manera: muestras de semillas se colocan en una cámara incubadora, a

temperaturas entre 40 y 45°C, con un 100% de humedad relativa, por un período de hasta 10 días, evaluando después el porcentaje de germinación. La prueba se basa en el hecho que el proceso de deterioro, sobre condiciones de envejecimiento acelerado, es semejante al que ocurre sobre condiciones naturales.

La prueba de envejecimiento acelerado fue desarrollada para evaluar el potencial relativo de almacenamiento en lotes de semillas (Delouche, 1976). Sin embargo, también los resultados obtenidos pueden ser asociados con emergencia de plántulas en campo, previendo por tanto informaciones complementarias a la prueba de germinación (Grabe, 1976; AOSA, 1976).

McDonald (1980) señala los siguientes atributos a la prueba de envejecimiento acelerado: i) es simple y barata, fácil de ser conducida, no requiere equipo adicional excepto por la cámara de envejecimiento y la evaluación de los resultados es semejante al procedimiento para la prueba de germinación; ii) es rápida, con tiempo de duración aproximadamente similar a la prueba de germinación; y iii) es aplicable universalmente a casi todas las especies vegetales, las cuales sufren presión durante su envejecimiento natural.

**Velocidad de Emergencia y Emergencia en Invernadero.** De acuerdo con Popinigis (1975) las pruebas de velocidad de emergencia y población inicial pueden ser empleadas en la determinación del vigor relativo entre lotes de semillas. La primera mide la velocidad de emergencia de las plántulas en condiciones de campo o similar y la

segunda evalúa la capacidad de las semillas de producir plantas en condiciones de campo.

Godoy y Abrahao (1978) evaluaron diferentes pruebas de vigor para semillas de algodón, los resultados permitieron concluir que la prueba de población inicial y la de velocidad de emergencia son eficientes para evaluar el vigor de las semillas, sin embargo, la primera reveló ser capaz de sustituir a la segunda por ser menos laboriosa.

## **MATERIALES Y METODOS**

El estudio se llevó a cabo en el período de invierno — primavera de 1999. Las semillas del material genético en estudio se produjeron durante 1998 en la Comarca Lagunera, Coahuila. El análisis fisiológico se realizó en el laboratorio del Centro de Capacitación y Desarrollo de Tecnología de Semillas y bajo condiciones de invernadero en las instalaciones de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro en Buenavista, Saltillo, Coahuila.

La semilla experimental se obtuvo de la siembra realizada bajo condiciones de riego en el ciclo agrícola de 1998 durante el periodo recomendado de siembra, en el Campo Experimental de la Laguna del INIFAP ubicado en Matamoros, Coahuila. La preparación del terreno consistió de un barbecho de 30 cm y paso de rastra. Se sembró con máquina sembradora de precisión, en surco sencillo a una distancia de 0.76 m entre surcos y una distancia entre plantas de 0.12 m para obtener una población de aproximadamente 110 mil plantas ha<sup>-1</sup>. Se aplicó un riego de presiembra, seguido de un riego de auxilio después de la siembra, un segundo y tercer riego se aplicaron con intervalos de 20 días entre cada uno de ellos.

**Tratamientos y Diseño Experimental.** En el experimento se consideraron dos factores; material genético y métodos de mejoramiento. Los materiales genéticos incluyeron al

Genotipo 1 y Genotipo 2, mientras que los métodos de mejoramiento correspondieron a convencional y transgénico. Con los niveles de cada factor se estructuró un factorial  $2^2$ , generando cuatro tratamientos los cuales se evaluaron a nivel de laboratorio e invernadero. En el laboratorio la evaluación se realizó bajo un diseño completamente al azar, mientras que en el invernadero se utilizó un diseño de bloques completos al azar. La descripción de los tratamientos utilizados de acuerdo al material genético y métodos de mejoramiento se presenta el Cuadro 1.

Cuadro 1. Descripción de los tratamientos.

<b>Tratamiento</b>	<b>Material genético</b>	<b>Métodos de mejoramiento</b>	<b>Producto comercial</b>
1	Genotipo 1	Convencional	DP 5690
2	Genotipo 1	Transgénico	NuCOTN 35 <sup>B</sup>
3	Genotipo 2	Convencional	DP 5415
4	Genotipo 2	Transgénico	NuCOTN 33 <sup>B</sup>

Para la ejecución del trabajo fueron analizadas semillas de algodón (*Gossypium hirsutum* L.), provenientes de cuatro cultivares, donde las variedades transgénicas fueron comparadas con las correspondientes homólogas de mejoramiento convencional, así: la variedad transgénica BollgardTm NuCOTN 35<sup>B</sup> se comparó con el correspondiente material convencional DP 5690 y la variedad transgénica BollgardTm NuCOTN 33<sup>B</sup> se comparó con DP 5415. Las características agronómicas de los materiales en estudio se observan en el Cuadro 2.

Cuadro 2. Características agronómicas de las variedades de algodón transgénicas y convencionales en estudio.

Características	Algodón transgénico		Algodón convencional	
	NuCOTN 33 <sup>A</sup>	NuCOTN 35 <sup>B</sup>	DP 5690	DP 5415
Maduración (temporada)	Media	Media	Media	Media
Altura de planta cm	Media a alta 95.6	Media a alta 103.7	Media a afta 104.5	Media a alta 105.4
Superficie de la hoja	Lisa	Lisa	Lisa	Lisa
Micronaire	4.4	4.1 a 4.6	4.4	4.3
Nudo de la primera rama fructífera (cm)	13.7	16.5	13.9	16.2
Número de ramas	17.0	16.7	17.8	16.4
Rendimiento potencial	Excelente	Excelente	Excelente	Excelente
Resistencia a temporal	Muy buena	Muy buena	Muy buena	Muy buena
Grado	Excelente	Excelente	Excelente	Excelente
Rendimiento de desmote	Muy buena	Muy buena	Muy buena	Muy buena
Vigor	Excelente	Excelente	Excelente	Excelente
Resistencia a <i>Fusarium</i>	Muy buena	Muy buena	Muy buena	Muy buena
Resistencia a <i>Verticillium</i>	Muy buena	Muy buena	Muy buena	Muy buena

Fuente: Deltapine, 1999.

**Evaluación de la Calidad Fisiológica.** Las pruebas fisiológicas de semillas utilizadas en laboratorio fueron: germinación, primer conteo de la prueba de germinación y envejecimiento acelerado, y las de invernadero fueron: índice de velocidad de emergencia, emergencia en invernadero y peso de materia seca de plántulas. El vigor de las semillas fue evaluado a través de las pruebas antes señaladas a excepción de la prueba de germinación.

**Germinación.** La prueba se realizó en una cámara de germinación, marca *Hoftman manufacturing*, a una temperatura de  $25^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}\text{C}$  con ocho horas de luz y 16 horas de oscuridad. Se utilizó papel de germinación Anchor como sustrato, enrollándose en forma de taco y sujetándose con ligas en los extremos y depositándose dentro de bolsas de polietileno. Se utilizaron 200 semillas distribuidas en ocho repeticiones de 25 semillas. Los conteos se realizaron a los 4 y 12 días después de sembrados, y la

interpretación de los resultados se basó conforme a los criterios establecidos por las Reglas Internacionales de Semillas ISTA (1987, 1996). Los resultados fueron expresados en porcentaje de plántulas normales.

**Primer Conteo de la Prueba de Germinación.** La prueba se realizó con el mismo material de la prueba de germinación, tomando como base las lecturas a los cuatro días y considerándose únicamente las plántulas normales según las características descritas por ISTA (1996). Los resultados fueron expresados en porcentaje.

**Envejecimiento Acelerado.** La prueba se efectuó siguiendo la metodología propuesta por AOSA (1983). En una cámara de envejecimiento acelerado, marca VWR Scietific. Funcionando como compartimento individual, para cada una de los materiales de trabajo, fueron colocadas las muestras de 100 semillas distribuidas uniformemente en vasos de precipitado de 500 ml con contenido de agua de 100 ml en su fondo y soportadas las semillas sobre una malla metálica. Cada recipiente se tapó con una lámina de polietileno y se sellaron con ligas. Cada muestra se colocó en el interior de la cámara de envejecimiento acelerado a  $45^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}\text{C}$  por un periodo de 72 horas. Después de este periodo las semillas fueron sometidas a las pruebas de germinación, siendo el resultado el correspondiente al porcentaje de plantas normales (ISTA, 1987; ISTA, 1996).

**Indice de Velocidad de Emergencia.** La emergencia se realizó en invernadero con condiciones controladas de temperatura de  $25^{\circ}\text{C}$  y con sistema de riego mecanizado aplicado cada tercer día. La siembra se realizó en una cama de madera de 1.20 m de ancho por 1.80 m de largo y como substrato se empleó Pro-Mix PGX Premier. Se

sembraron ocho repeticiones de 25 semillas por cada material a una profundidad uniforme de 3 cm, con humedad a capacidad de campo. Se realizaron conteos diarios del número de plántulas emergidas, considerándose ésta a partir de la aparición en la superficie de los cotiledones, determinándose para mayor precisión de la prueba, que los conteos fuesen realizados a la misma hora.

El resultado fue expresado en índice de velocidad de emergencia (IVE), el cual se calculó de las plántulas emergidas empleando la fórmula propuesta por Maguire (1961):

$$\text{I.V.E.} = \frac{\text{No. de plántulas normales al coneto} - \text{ésimo}}{\text{No. de días de la siembra al conteo} - \text{ésimo}}$$

Emergencia en Invernadero. Se determinó utilizando el mismo material de la prueba de velocidad de emergencia, al final de los 21 días después de la siembra. Las plántulas normales de cada repetición fueron contadas y los resultados se expresaron en porcentaje (Popinigis, 1985).

Peso de Materia Seca de Plántulas. Las plántulas normales con sus respectivas raíces fueron retiradas a los 21 días después del establecimiento de la prueba de velocidad de emergencia y se clasificaron en normales fuertes y normales débiles. Las plántulas inicialmente se colocaron en toallas de papel al medio ambiente y posteriormente fueron colocadas en bolsas de papel y sometidas a secado en un horno de laboratorio de precisión GCA a 70°C por 24 horas, para alcanzar un peso constante. Finalizado el secado, se enfriaron en un desecador y se pesaron en una balanza analítica de precisión. El peso de cada repetición fue dividido por el respectivo número de plántulas

normales y multiplicado por 1000, para obtenerse así el peso medio expresado en mg (Popinigis, 1985).

Análisis Estadístico. Para las pruebas de laboratorio de primer conteo, germinación y envejecimiento acelerado se utilizó un diseño experimental factorial  $2^2$  completamente al azar, y para las pruebas de invernadero de índice de velocidad de emergencia, población inicial y peso seco, se empleo un diseño experimental factorial  $2^2$  en bloques completos al azar. Los análisis estadísticos se realizaron usando el paquete estadístico MSTAT© Michigan State University (1990). Los datos de las diferentes variables fueron sometidos a un análisis de varianza bajo los siguiente modelos estadísticos:

Modelo estadístico para el diseño completamente al azar en arreglo factorial  $2^2$ :

$$Y_{ij} = \mu + v_i + t_j + (VT)_{ij} + e_{ijk}$$

$i$  es el 1, 2, material genético (variedades);  $j$  es el 1, 2, métodos de mejoramiento.

Donde:

$Y_{ij}$  es el valor de la característica en estudio;  $\mu$  es la media general;  $v$  es el efecto del  $i$ -ésimo material genético;  $t$  es efecto del  $j$ -ésimo método de mejoramiento;  $(VT)_{ij}$ , es el efecto conjunto e interrelación del  $i$ -ésimo material genético por el  $j$ -ésimo método de mejoramiento;  $e_{ijk}$  es el error experimental.

El modelo estadístico permitió probar la significancia de las siguientes hipótesis:

$H_0$ : no hay diferencia entre material genético ( $v$ ).

$H_0$ : no hay diferencia entre método de mejoramiento ( $t$ ).

$H_0$ : no hay interacción entre  $V$  y  $T$ .

Modelo estadístico para el diseño de bloques completamente al azar en arreglo factorial  $2^2$ :

$$Y_{ijk} = \mu + R_k + v_i + t_j + (v_i)_j + e_{ijk}$$

k es la 1, 2, ..., repeticiones; i es el 1, 2, material genético (variedades); j es el 1, 2, métodos de mejoramiento.

Donde:

$y_{ijk}$  es el valor de la característica en estudio;  $\mu$  es la media general;  $R_k$  es el efecto de la k-ésima repetición;  $v_i$  es el efecto del i-ésimo material genético;  $t_j$  es el efecto del j-ésimo método de mejoramiento;  $(v_i)_j$  es el efecto de la interacción del i-ésimo material genético por el j-ésimo método de mejoramiento;  $e_{ijk}$  es el error experimental.

**Prueba de Rango Múltiple.** Se realizó una comparación de medias para las diferentes variables de respuesta en estudio a través de la prueba de rango múltiple de diferencia mínima significativa (DMS) realizada en un nivel de significancia de 0.05.

## RESULTADOS Y DISCUSION

El análisis estadístico para las evaluaciones fisiológicas en laboratorio e invernadero se realizaron separadamente, igual procedimiento se sigue en el análisis y discusión de los resultados para una mejor secuencia.

**Evaluación Fisiológica de Semillas de Algodón en Laboratorio.** Los cuadrados medios del análisis de varianza de las variables primer conteo, germinación y envejecimiento acelerado se presentan en el Cuadro 3. Para la fuente de variación material genético (y), no se encontraron diferencias significativas indicándonos que las variables estudiadas fueron de similar comportamiento en cada uno de los dos grupos de materiales; uno constituido por NuCOTN 35<sup>B</sup> y DP 5690, y el otro, por NuCOTN 33<sup>8</sup> y DP 5415, debido principalmente a que las variedades poseen la misma constitución genética, a excepción de los genes insertados (Gen Cry, promotor, terminador) en las variedades transgénicas.

Por otra parte, para la fuente de variación método de mejoramiento (T), se presentaron diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ), para las variables primer conteo, germinación y envejecimiento acelerado. Lo anterior demuestra que por lo menos uno de los materiales con su homólogo convencional difieren en cuanto a las

variables fisiológicas evaluadas. Lo cual podría ser resultados de la variación en concentraciones de auxinas y citocininas durante el proceso de organogénesis o por algún efecto sinérgico entre la toxina (proteína) de la planta transformada y alguna proteína sintetizada durante o después de la germinación. Estos factores influyen en las reservas de las semillas y que en los procesos metabólicos durante la germinación son expresados y favorecidos de acuerdo a sus concentraciones en las variedades (Salisbury y Ross, 1994).

Cuadro 3. Cuadrados medios y significancia obtenidos de los análisis de variancia para evaluaciones en laboratorio de semilla de algodón transgénico y sus homólogos convencionales.

Fuente de variación	GL	Primer conteo	Germinación	Envejecimiento Acelerado
Material genético (V)	1	40.500	4.500	0.500
Método de mejoramiento (T)	1	2812.500 "	612.500 "	4900.500 "
V * t	1	<b>364.500</b>	<b>60.500</b>	<b>612.500 *</b>
Error	28	107.929	31.643	78.786
CV (%)		16.79	6.28	14.52

\*, \*\* = Niveles de significancia al 0.05 y 0.01, respectivamente.

CV = Coeficiente de variación.

La interacción entre material genético (variedades) y métodos de mejoramiento (V\*T) únicamente presentó diferencias significativas ( $P < 0.05$ ) para la variable envejecimiento acelerado (Cuadro 3). En esta prueba el primer proceso metabólico de incremento de la velocidad respiratoria de las semillas es ampliamente favorecido por la alta temperatura y humedad, y por la posible presencia de precursores que manifiesten las reservas de las semillas (Popinigis, 1975).

Con base en el análisis de varianza para las variables en estudio en laboratorio se presenta en el Cuadro 4, las medias de estas pruebas y los correspondientes valores de la prueba de diferencia mínima significativa (DMS).

Cuadro 4. Medias de la capacidad de germinación y vigor de semillas de las variedades convencionales y transgénicas evaluadas a nivel de laboratorio.

Fuente de variación	Primer Conteo 04	Germinación' 04	Envejecimiento Acelerado'
Material genético (V)			
Genotipo 1	60.8	90.0	61.0
Genotipo 2	63.0	89.3	61.3
DMS (0.05)	7.5	4.1	6.4
Métodos de mejoramiento (t)			
Método convencional (C)	52.5 b	85.3 b	48.8 b
Método transgénico (T)	71.3a	94.0a	74.0a
DMS (0.05)	7.5	4.1	6.4
V * T			
Genotipo 1 C (DP 5690)	48.0	87.0	53.0 b
Genotipo 1 T (NuCOTN 35 <sup>6</sup> )	73.5	93.0	69.0 a
Genotipo 2 C (DP 5415)	57.0	83.5	44.5 b
Genotipo 2 T (NuCOTN 33 <sup>8</sup> )	69.0	95.0	78.0 a
DMS (0.05)	10.6	5.8	9.1

<sup>t</sup> Medias con la misma letra en cada columna son estadísticamente iguales de acuerdo a la prueba DMS  $P < 0.05$ .

A pesar que en el análisis de varianza no arrojó diferencias estadísticas para algunas variedades, se realizó y se presenta la prueba de diferencia mínima significativa (DMS,  $P < 0.05$ ) por considerarse importante observar el comportamiento fisiológico de los materiales. Con relación a la fuente de variación métodos de mejoramiento, se observó que los materiales obtenidos por mejoramiento transgénico NuCOTN 35<sup>B</sup> y NuCOTN 33<sup>B</sup> presentaron valores superiores y estadísticamente diferentes (DMS,  $P < 0.05$ ) para las pruebas de primer conteo, germinación, envejecimiento acelerado (71.3, 94 y 74%, respectivamente), con relación a los materiales obtenidos por mejoramiento convencional. Para la interacción material genético y métodos de mejoramiento en la

variable envejecimiento acelerado se detectó diferencias estadísticas dentro del material genético, siendo las variedades transgénicas de mejor desempeño (Cuadro 4).

De acuerdo con los resultados en la interacción y \* i (Cuadro 4), la variedad NuCOTN 35<sup>B</sup> fue la que obtuvo el mayor porcentaje de plantas normales en el primer conteo de germinación (73.5%), en tanto, para germinación y envejecimiento acelerado la variedad NuCOTN 33<sup>B</sup> fue la que presentó la media más alta.

Lo anterior muestra a través de las pruebas de primer conteo, germinación y envejecimiento acelerado, que las variedades transgénicas a través de su metodología en la obtención de materiales, presentaron un mejor desempeño que las homólogas convencionales. Lo cual puede significar que una vez finalizada la ocurrencia de latencia, la reanudación para adquirir el poder germinativo es favorecido en las variedades transgénicas debido a la oxidación de los inhibidores en forma más rápida. También puede deberse a la presencia de las enzimas, ARNts y ARNms y proteínas (producto de los genes insertados) adicionales y a la producción de energía (ATP) que de alguna manera confieren una mayor reactivación a sus funciones.

**Evaluación Fisiológica de Semillas de Algodón en Invernadero.** Las evaluaciones complementarias a las pruebas de vigor se realizaron a nivel de invernadero, las cuales correspondieron al índice de velocidad de emergencia (IVE), emergencia en invernadero (EI), y peso seco en la clasificación de plántulas como fuertes (PF).

El análisis de varianza para las pruebas de vigor a nivel de invernadero referentes al índice de velocidad de emergencia (IVE), emergencia en invernadero (EI) y peso seco en la clasificación de plántulas como fuertes (PF), se presenta en el Cuadro 5, el cual muestra en algunas variables un desempeño diferente al observado en las pruebas desarrolladas a nivel de laboratorio.

En el análisis de varianza Cuadro 5, las evaluaciones fisiológicas de semillas en invernadero, se observa que la fuente de variación repeticiones no presentó diferencias significativas en los parámetros correspondientes a índice de velocidad de emergencia, emergencia en invernadero y peso seco en la clasificación de plántulas fuertes. Con respecto a los efectos de material genético, las variables índice de velocidad de emergencia y peso seco de las plántulas fuertes, hubo diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ), mientras para la variable emergencia en invernadero no hubo diferencia significativa (Cuadro 5).

Cuadro 5. Cuadrados medios y significancia obtenidos de los análisis de varianza para evaluaciones en invernadero de semilla de algodón transgénico y sus homólogos convencionales.

<b>Fuente de variación</b>	<b>GL</b>	<b>IVE</b>	<b>EI</b>	<b>Peso seco PF mg</b>
Repeticiones	7	0.014	19.929	31.393
Material genético (V)	1	0.194 **	112.500	1379.858 "
Método de mejoramiento (t)	1	0.198 **	180.500 *	333.556 "**
<b>V * I'</b>	<b>1</b>	<b>0.000</b>	0.500	35.771
Error	21	0.019	34.214	24.761
CV (%)		6.53	6.49	7.99

\*, \*\* = Niveles de significancia al 0.05 y 0.01, respectivamente.

GL = Grados de libertad; IVE = Índice de velocidad de emergencia; EI = Emergencia en invernadero; PS = Peso seco para plántulas fuertes; CV = Coeficiente de variación.

Por otra parte, para la fuente de variación métodos de mejoramiento (r) se encontraron diferencias estadísticas para índice de velocidad de emergencia ( $P < 0.01$ ), población inicial ( $P < 0.05$ ) y peso seco para plántulas fuertes ( $P < 0.01$ ). Lo anterior, deja ver al igual que las evaluaciones en laboratorio las evaluaciones fisiológicas en invernadero permiten diferenciar entre variedades que poseen una misma composición genética pero que difieren únicamente por un número reducido de genes insertados (variedades transformadas).

Contrario a las evaluaciones en laboratorio, la prueba de IVE y peso seco en invernadero permitieron detectar diferencias entre variedades transgénicas y sus homólogos convencionales. Lo anterior podría indicar que las diferencias entre transformadas y convencionales homólogas se expresan con mayor magnitud en condiciones de campo.

Respecto a la fuente de variación de la interacción material genético por métodos de mejoramiento, no presentó diferencias significativas, para ninguna de las variables.

Teniendo en cuenta las diferencias estadísticas encontradas en algunas fuentes de variación y por otra parte, que a pesar de no encontrarse en otras (material genético en El y en todas las interacciones v\*t), es importante observar su comportamiento fisiológico, para lo cual se realizó la evaluación de comparación de medias a través de la prueba de diferencia mínima significativa (DMS) para las variables de índice de velocidad

de emergencia, emergencia en invernadero y peso seco para plántulas fuertes, las cuales se muestran en el Cuadro 6.

En la fuente de variación material genético se muestra que en el Genotipo 2 y Genotipo 1 las medias fueron superiores para las variables índice de velocidad de emergencia y peso seco para plántulas fuertes, respectivamente (Cuadro 6). Para la fuente de variación métodos de mejoramiento en las variables IVE, El y PF fueron superiores y estadísticamente diferentes las variedades transgénicas.

Cuadro 6. Medias de las pruebas de vigor de semillas de las variedades convencionales y transgénicas evaluadas a nivel de invernadero.

Fuente de variación	IVEt	El	p <sub>st</sub> mg
Material genético (y)			
Genotipo 1	2.05 b	88.25	68.88 a
Genotipo 2	2.21 a	92.00	55.75 b
DMS (0.05)	0.10	4.30	3.65
Métodos de mejoramiento (T)			
Método convencional (C)	2.05 b	87.75 b	59.09 b
Método transgénico (T)	2.21 a	92.50 a	65.54 a
DMS (0.05)	0.10	4.30	3.65
V * T			
Genotipo 1 C (DP 5690)	1.98	86.00	64.60
Genotipo 1 T (NuCOTN 35 <sup>5</sup> )	2.13	90.50	73.17
Genotipo 2 C (DP 5415)	2.13	89.50	53.58
Genotipo 2 T (NuCOTN 33 <sup>8</sup> )	2.29	94.50	57.92
DMS (0.05)	0.14	6.08	5.17

Medias con la misma letra en cada columna son estadísticamente iguales de acuerdo a la prueba DMS P 5 0.05. IVE = Índice de velocidad de emergencia; El = Emergencia en invernadero; PS = Peso seco para plántulas fuertes.

Con relación a la interacción de material genético y métodos de mejoramiento para las cuatro variedades, aunque no se detectaron diferencias significativas, se observa que las medias para IVE, El y PF las variedades transgénicas presentaron los valores más altos que las recíprocas de mejoramiento convencional (Cuadro 6). Lo anterior denota

que se conserva la misma tendencia observada en las evaluaciones a nivel de laboratorio. El mayor IVE y El correspondió a la variedad NuCOTN 33<sup>B</sup>, en tanto que para PF la variedad transgénica NuCOTN 35<sup>B</sup> fue la que presentó mejor comportamiento.

El mejor comportamiento observado en las variedades transgénicas se puede inferir que es debido a la modificación en la constitución genética, incrementada por la posible presencia de polipéptidos codificados por el gen Cry y otros genes insertados en su genoma, que causa el mayor vigor genético para la variedad transgénica.

Con base en los resultados a nivel de laboratorio e invernadero se define en un concepto general que los materiales transgénicos proveen algunas ventajas sobre los materiales homólogos de mejoramiento convencional, reflejado en sus etapas iniciales de desarrollo, como también bajo situaciones más drásticas o de estrés, como las pruebas de vigor impuestas a las semillas. Asimismo, si se observa el comportamiento de las plántulas sobre sustrato, en la prueba de índice de velocidad de emergencia, continua demostrándose que las plantas transgénicas muestran una mayor capacidad fisiológica durante la germinación. Sin embargo, si el manejo de las plantas se mantiene en el transcurso del tiempo (El) con una adecuada conducción ambiental en cuanto humedad y temperatura, parece que llega a equilibrarse el efecto inicial, observándose por lo tanto que el desempeño de las plántulas normales sea similar para los casos de los materiales que provienen de un mismo origen, transgénica y el homólogo convencional. No obstante, en la clasificación de peso seco por plántulas fuertes (Cuadro 6) se encontró diferencias a favor de las transgénicas. Esta alternancia de resultados en las evaluaciones fisiológicas de semillas pueden superarse según Grabe

(1976) mediante la utilización de varias pruebas para la determinación del vigor. Además, sobre estos señalamientos Heydecker (1972) menciona que un lote de semillas al ser evaluado sus valores de calidad pueden ser invertidos por condiciones de estrés que sean cualitativamente diferentes, presentándose un lote vigoroso en un aspecto mas no en otro.

No obstante se asegure con la tecnología de la ingeniería genética la inserción de genes específicos para ciertas características, al parecer esta acción induce otros cambios favorables o no, como los observados en el presente estudio. Otros efectos diferentes al tratamiento del transgen se han observado en estudios realizados por Davis citado por Godoy *et al.* (1998), en donde las variedades con el gen Bt en promedio fue 198 libras/acre mayor que el rendimiento obtenido por las variedades convencionales. Así mismo, Mitchener también citado por Godoy *et al.* (1998), realizó una comparación de las variedades de algodón NuCOTN33<sup>B</sup> y su variedad recurrente DP5415 encontró que el tamaño de la semilla de la transgénica era 10% más grande y que por ello representó una ventaja en la emergencia por ser una semilla más vigorosa.

Trabajos en campo reportados por Godoy (1999) realizados en el Campo Experimental La Laguna (INIFAP) en 1996, al buscar métodos y acciones eficientes para el combate de plagas del gusano rosado y gusano bellotero, que son los insectos plaga más importantes en el cultivo del algodón en la Región Lagunera. Se evaluaron variedades transgénicas que tenían el gen Bollgardrm y las variedades Deltapine convencionales, mediante los diferentes componentes tecnológicos que aseguraron manejos agronómicos satisfactorios para control de plagas, obteniéndose en estas

últimas una merma o pérdidas de un 25% menos de rendimiento de algodón en hueso (NuCOTN 35<sup>B</sup> con 5,200 y Deltapine 5690 con 4,134 kg ha<sup>-1</sup>). Asimismo, la variedad NuCOTN 35<sup>B</sup> de ciclo intermedio a tardío, presentó en la primera pizca de cosecha un 13% menos de rendimiento respecto a las variedades tradicionales (NuCOTN 35<sup>B</sup> 34% y Deltapine 5690 47%).

Godoy *et al.* (1998) evaluando las variedades transgénicas de algodón con el gen Bollgard<sup>TM</sup> sus progenitores recurrentes y la mejor variedad testigo regional Deltapine 51, encontraron que los componentes de rendimiento por índice de semilla (peso de 100 semillas) y peso de capullo (g), las variedades transgénicas fueron superiores, en tanto para porcentaje de fibra (peso de fibra separado de la muestra de algodón en hueso en %) fueron estadísticamente iguales. Para rendimiento de algodón pluma (kg ha<sup>-1</sup>) y precocidad (%) fueron estadísticamente iguales; NuCOTN 33<sup>B</sup>; 1409 kg ha<sup>-1</sup> y 42%, y Deltapine 5415; 1382 kg ha<sup>-1</sup> y 31%, respectivamente, y para NuCOTN 35<sup>B</sup> 1933 kg ha<sup>-1</sup> y 31%, y en Deltapine 5690; 1472 kg ha<sup>-1</sup> y 35%, respectivamente.

Con relación al estudio desarrollado y debido a la carencia de trabajos referentes a la evaluación fisiológica de semillas transgénicas respecto a su reciproca de mejoramiento convencional, se sugiere la conducción de nuevos estudios, involucrando un incremento de especies para su estudio, evaluar situaciones de vigor en condiciones drásticas de almacenamiento, evaluación con un mayor número de semillas y con diferentes lotes de semillas, como también considerar otras pruebas de vigor de acuerdo con las especies en estudio, estas alternativas entre otras podrían contribuir a dilucidar con mayor criterio los posibles beneficios de los materiales transgénicos.

## **CONCLUSIONES**

Con base en los resultados obtenidos e interpretación de los mismos, se deducen las siguientes conclusiones:

Entre las pruebas de laboratorio e invernadero utilizadas para la evaluación fisiológica de semillas de algodón; germinación estándar, primer conteo, envejecimiento acelerado e índice de velocidad de emergencia, se detectaron diferencias estadísticas entre variedades transgénicas y variedades homólogas convencionales, siendo las transgénicas las de mejor desempeño.

Las pruebas fisiológicas con uso de sustrato hasta una etapa avanzada de desarrollo de plántula y con manejo satisfactorio por humedad y temperaturas, demuestran que la emergencia en invernadero no permite diferenciar entre materiales de un mismo material genético convencional y transgénico.

En la prueba de evaluación fisiológica de semillas en invernadero el peso seco en la clasificación de plántulas fuertes no presenta resultados consistentes para detectar diferencias entre variedades transgénicas y homólogas convencionales, pero si puede diferenciar entre variedades de una misma constitución genética.

## RESUMEN

El cultivo del algodón en el mundo ha sido afectado por numerosas plagas, la contribución de la investigación en organismos manipulados genéticamente a partir de la proteína insecticida obtenida de *Bacillus thuringensis* ha permitido desarrollar el algodón transgénico Bollgard™ resistente al gusano bellotero (*Heliothis virescens* y *Helicoverpa zea*) y al gusano rosado (*Pectynophora gossypiella*), reduciendo de un 10 a un 40% las aplicaciones de insecticidas químicos. Considerando el potencial del algodón transgénico y con el fin de confirmar si su uso trae consigo ventajas en las etapas tempranas del establecimiento del cultivo, el presente trabajo fue desarrollado con base en los siguientes objetivos: i) estudiar la respuesta fisiológica en la germinación y vigor de semillas a través de pruebas de laboratorio e invernadero, en variedades de algodón de material genético similar, pero que difieren por manejo de mejoramiento genético convencional y por metodología de ADN recombinante, respectivamente, ii) determinar las pruebas fisiológicas de semillas más eficientes para detectar diferencias entre materiales genéticos.

La evaluación de la calidad fisiológica se determinó por medio de las pruebas de germinación y de vigor, que incluyeron: primer conteo de la prueba de germinación, envejecimiento acelerado, emergencia en invernadero, índice de velocidad de emergencia, y peso de materia seca de plántulas en la clasificación de normales fuertes.

Las pruebas de laboratorio fueron analizadas mediante un diseño experimental completamente al azar con arreglo factorial  $2^2$  y las pruebas de invernadero en diseño experimental de bloques completos al azar con arreglo factorial  $2^2$ .

Se analizaron semillas de algodón (*Gossypium hirsutum* L.), provenientes de cuatro cultivares, la variedad transgénica Bollgarem NuCOTN 35<sup>B</sup> se comparó con su homólogo convencional DP 5690 y la variedad transgénica BollgarcP NuCOTN 33<sup>B</sup> se comparó con DP 5415.

El análisis de varianza de las variables primer conteo, germinación y envejecimiento acelerado muestran que para la fuente de variación material genético no hubo un efecto diferencial estadístico, indicándonos que los dos grupos de variedades tuvieron similar comportamiento fisiológico.

La fuente de variación tipo de mejoramiento, presentó diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ), para las variables primer conteo, germinación y envejecimiento acelerado. Lo anterior probablemente debido a ventaja conferida por los genes insertados en el genoma de las variedades transformadas.

La prueba de rango múltiple a través de diferencia mínima significativa (DMS,  $P < 0.05$ ) detectó diferentes comportamientos entre variedades, siendo las variedades transgénicas de mejor desempeño. Para las variedades homólogas convencionales se encontró que las medias fueron inferiores que las variedades transgénicas.

En las evaluaciones fisiológicas en invernadero, el análisis de varianza para la fuente de variación material genético de las variables índice de velocidad de emergencia y peso seco de las plántulas fuertes, mostró diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ), mientras para la variable emergencia en invernadero no hubo diferencias significativas.

Con base en los resultados se concluyó que las pruebas de laboratorio e invernadero detectaron diferencias estadísticas entre las variedades transgénicas y las variedades homólogas convencionales, siendo en general las transgénicas las de mejor desempeño. Las pruebas de laboratorio de primer conteo, germinación y envejecimiento acelerado mostraron ser sensibles en detectar diferencias entre las variedades por el tipo de mejoramiento. Por otra parte, las pruebas fisiológicas a nivel de invernadero demuestran que la emergencia en invernadero no permite diferenciar entre materiales de un mismo material genético sean convencionales o transgénicas.

## LITERATURA CITADA

- Abdul-Baki, A.A., and J.D. Anderson. 1972. Physiological and biochemical deterioration of seeds. pp. 283-315. *In*: T.T. Kozlowski (ed.). Seed Biology. Academic Press, NY.
- Association of Official Seed Analysts, AOSA. 1976. Progress report on the seed vigor testing handbook. Newsletter of the Assoc. of Official Seed Analysts, USA. 50(2):1-78.
- \_\_\_\_\_. 1983. Seed vigor testing handbook. Contribution No. 32. to the handbook on seed testing, AOSA, USA. 88 p.
- Baskin, C.C. 1975. Seed storage biological aspects. pp. 77-80. *In*: Short course for seedsmen, 17th. Proceedings. Seed Technol. Mississippi State Univ., Mississippi.
- Berdegúe, D.M. y R.H. Gil. 1998. La experiencia de Monsanto en el manejo de plantas transgénicas en La Laguna durante el ciclo P-V 1997. pp. 35-40. *In*: Memoria: Métodos alternativos para el control de plagas. FAZ, UJED-ITESMCL, México.
- Delouche, J.C. 1968. Physiology of seed storage. Proceedings of the 23th corn and sorghum. Rec. Conf. Am. Seed Trade Assoc, USA. 23:83-90.
- \_\_\_\_\_. 1974. Maintaining soybean seed quality. pp. 46-63. *In*: Soybean: Production, marketing and use. Muscle Shoals, Tennessee Valley Authority, Bulletin Y-69, Alabama, USA.
- \_\_\_\_\_. 1975. Planting seed quality. pp. 53-67. *In*: Short course for seedsmen, 17th. Proceedings. Seed Technol. Laboratory. Mississippi State Univ., Mississippi.
- \_\_\_\_\_. 1976. Standardization of vigor tests. J. Seed Technol. 1(2):75-85.
- \_\_\_\_\_, and C.C. Baskin. 1973. Accelerated aging techniques for predicting the relative storability of seed lots. Seed Sci. Technol. 1(2):427-452.
- \_\_\_\_\_, and W.P. Caldwell. 1970. Seed vigor and vigor tests. pp. 17-22. *In*: Short course for seedsmen, 13th. Proceedings. Seed Technol. Laboratory. Mississippi State Univ., Mississippi.

- Deltapine. 1999. Cotton variety profile sheets. Disponible en línea con la información en: <http://www.deltapinseed.com/profiles/cotton.html> (Verificado 12 Sep. 1999).
- Dulmage, H.T., R.S. Soper, and D.B. Smith. 1981. The use of bacteria and fungi in insect control. Japan/USA. Symp. On IPM. Tsvkba, Japan. pp. 112-122.
- Fagundes, R.F. 1974. Como predizer a qualidade de um lote de sementes. Sementes, Brasilia. 10:14-18.
- Godoy, R., and J.T.M. Abrahao. 1978. Testes de vigor en sementes de algodao deslindadas mecanicamente. Pesq. Agropec. Bras., Brasilia. 13(3):83-92.
- Godoy-Avila, S. 1999. Variedades transgénicas: alternativa para reducir daños por plagas en algodonero. pp. 1-3. *In: X curso de actualización en tecnología de semillas: Semillas transgénicas.* UAAAN, 20-23 Oct. 1999, Saltillo, México.
- \_\_\_\_\_. 1998. Variedades transgénicas de algodonero: oportunidades y retos. La Laguna —INIFAP, Torreón, Coahuila, México. 13 p.
- \_\_\_\_\_, E.A. García C. y L.E. Moreno A. 1998. Evaluaciones de variedades transgénicas de algodonero resistentes a lepidópteros en la Comarca Lagunera. La Laguna —INIFAP, Torreón, Coahuila, México. 22 p.
- Grabe, D.F. 1976. Measurement of seed vigor. J. Seed Technol. 1(2):18-31.
- Heydecker, W. 1972. Vigour. pp. 209-252. *In: E.H. Roberts (ed.). Viability of Seeds.* Syracuse Univ. Press Syracuse, NY.
- International Seed Testing Association. ISTA. 1987. Handbook of vigor testing methods. 2da ed. ISTA, Switzerland. 72 p.
- \_\_\_\_\_. 1996. International rules for seed testing. Seed Sci. Technol. 343 p.
- Isely, D. 1957. Vigor tests. Proceedings of the association of official seed analysts. East Lansing, AOSA, USA. 47:176-182.
- James, C. 1999. Global review of commercialized transgenic crops: 1999. ISAAA Briefs No. 12. ISAAA, Ithaca, NY. 9 p.
- Jenkins, J.N. 1995. Use of *Bacillus thuringiensis* gens in transgenic cotton lepidopterous insects. pp. 267-280. *In: S. Duke, J.J. Menn, and J.R. Plimmer (eds.). Pest control with enhanced environmental safety.* ACS Symp., Ser. 524. Am. Chem. Soc., Washington, DC.

- Lackey, J. 1998. Biology of cotton. *In*: Biotechnology permits. USDA, APHIS, and BBEP, USA. Disponible en línea con la información en: <http://www.aphis.usda.gov/BBEP/cotton98.html> (Verificado 20 Ene. 2000).
- Maguire, J.D. 1961. Speed of germination: aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigor. *Crop Sci.* 2:176-177.
- McDonald Jr. M.B. 1975. A review and evaluation of seed vigor tests. *Proceedings of the association of official seed analysts, AOSA, USA.* 65:109-139.
- \_\_\_\_\_. 1980. Assessment of seed quality. *HortScience.* 15(6):784-788.
- McGee, D.C. 1983. Symposium: Deterioration mechanisms in seeds. *Phytopathology, USA.* 73(2):314-317.
- Monsanto. 1998a. Bollgard® and Roundup Ready® cotton performance — 1996-1997. Disponible en línea con la información en: <http://www.monsanto.com/ag/-asp/Monsanto.asp?MKTID=9999&DTID=0> (Verificado 10 Dic. 1998).
- \_\_\_\_\_. 1998b. B.t: facts and figures; key dates in B.t. history. Disponible en línea con la información en: <http://www.monsanto.com/ag/-asp/Monsanto.asp?MKTID=9999&DTID=0> (Verificado 10 Dic. 1998).
- MSTAT-C. 1990. A microcomputer program for the design, management, and analysis of agronomic research experiments. MSTAT, Michigan State Univ, USA.
- Popinigis, F. 1975. Qualidade fisiológica de sementes. *Sementes, Brasilia.* 1(1):65-79.
- \_\_\_\_\_. 1985. Fisiología da semente. 2da ed., Agiplan, Brasilia. 289 p.
- Pollock, B.M., and E.E. Roos. 1972. Seed and seedling vigor. pp. 314-388. *In*: T.T. Kozlowski (ed.). *Seed Biology.* Academic Press, NY.
- Roberson, R. 1999. Major world cotton producers. *World agricultura! production.* Disponible en línea con la información en: <http://www.brs.gov.au/agrifood/cotton99.html> (Verificado 20 Ene. 2000).
- Salisbury, F.B. y C.W. Ross. 1994. Fisiología Vegetal. Trad. por V. González Velásquez. Grupo Ed. Iberoamérica, S.A. de C.V., México. 759 p.
- Woodstock, L.W. 1973. Physiological and biochemical tests for seed vigor. *Seed Sci. Technol.* 1:127-57.

## CAPITULO IV

### EVALUACION DEL POTENCIAL GENETICO DE VARIETADES CRIOLLAS DE MAIZ TROPICAL

## **ABSTRACT**

Evaluation of Genetic Potential of Landrace Varieties of Tropical Maize

BY

HERNANDO MONTENEGRO TORRES

DOCTOR IN AGRICULTURAL SCIENCE

AREA: AGRICULTURAL PRODUCTION

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

BUENAVISTA, SALTILLO, COAH. MEXICO. AUG 2000

Ph.D. Norma Angélica Ruiz Torres — Advisor —

Key words: Tropical landrace varieties, general combining ability, specific combining ability, agronomic characteristics.

Two experiments were sown in two locations; Cotaxtia, Veracruz, and Tepalcingo, Morelos, Mexico, to evaluate the genetic potential of 36 accessions from the Caribbean m and 21 from the tropic in Mexico, with the following objectives: i) to evaluate and to select tropical maize accessions with high yield and agronomic characteristics; ii) to estimate GCA and SCA; iii) to identify the best tester to discriminate outstanding accessions, and iv) to identify the best crosses of landraces by populations and landraces by lines.

Based on the results of the testcross the presence of statistical differences was established in accessions and testers indicating that the genetic resources of the Mexican and of the Caribbean germplasm wide diversity and fenotypic and genotypic characteristics. The two tester types that discriminate efficiently the genetic effects, identified as Population 21 (Tuxpeño) and the CML-254 as those with the greater capacity. It can be inferred that the selection and homozygosis effects had an action since the populations (wide genetic base) presented highest GCA effects. While the lines (narrow genetic base) used as testers showed minor SCA values. The genetic analysis of the landraces by tester populations experiment identified the accessions TAM131, JAM285, CUBA137, SIN70 and RDOMGPI3 as those of best GCA effects, for the variables in study.

These accession could be included in following phases of improvement programs, employing improvement models to obtain synthetic varieties and high yielding simple hybrids and wide ecological adaptation. The genetic analysis for GCA in the landraces by tester lines experiment detected the accessions PUERGP5A and CUBA134 as the ones with the highest value, wich could be included subsequent improvement cicles to derive lines and could also be used as progenitors in a hybrid program.

Simple crosses with high SCA values include: CHIS567\*P0B21, PUERGP5A\*P0B21, OXA220\*P0B32, CHIS567\*P0B21, TAM164\*CML-247 and CUBA79\*CML-254 from which could be generated selfing progenies interpopulation hybrid formation.

## **INTRODUCCION**

El reconocimiento de México, Centro y Sudamérica como centros de diversidad genética de las especies cultivadas, y teniendo en cuenta el interés alimenticio y el uso en un considerable sector agrícola, representa que esta diversidad tenga un significado económico y social muy importante. Los recursos genéticos a través de los tiempos han sufrido alteraciones causadas principalmente por el proceso evolutivo y la selección natural, sin embargo, los cambios a cultivos más remunerables, el impacto del desarrollo industrial, las modificaciones en el uso de las tierras y el incremento de la población humana, ha desencadenado mudanzas en el comportamiento y uso de estos recursos vegetales.

En México, el cultivo del maíz constituye el principal cereal y dispone de una importante variación, acentuada por su amplia distribución en condiciones climáticas y edáficas. En los programas de mejoramiento genético modernos para este cultivo, el principal enfoque se encuentra orientado a paquetes tecnológicos para desarrollar alta uniformidad y adecuados potenciales de rendimiento. El área mundial sembrada de maíz en el trópico es de 58 millones de ha y de éstas, 36 millones están en el Trópico Bajo; 16 millones en el Subtrópico y Latitud media, y cercano de 6 millones en el Alto, además, alrededor del 85% del total de semilla producida y vendida es realizada por compañías multinacionales y nacionales privadas (Vasal *et al.*, 1999). Este conjunto

de acontecimientos ha contribuido a reducir las opciones de diversidad y a presentar una menor variabilidad genética en una amplia gama de materiales. El uso de individuos de características muy semejantes y dependencia de su manejo, representa una preocupación para el futuro de la agricultura, debido a que el germoplasma introducido ha sustituido muchos de los cultivares locales, como también la pérdida de material genético por desuso.

Teniendo en cuenta la amplia base genética conferida por el germoplasma del Caribe y del Trópico Mexicano y los criterios de selección realizados por el CIMMYT y el proyecto Latinoamericano del maíz (Rincón, 1996; LAMP, 1991) para diferentes condiciones ecológicas y propósitos, ha mostrado que estos materiales poseen condiciones favorables para emprender estudios de mejoramiento, asociados a características de rusticidad, tolerancia a enfermedades y alta productividad.

Profundizar el conocimiento de estos materiales desde las etapas iniciales constituye una estrategia importante para orientar satisfactoriamente las investigaciones, y un uso eficiente de recursos humanos y económicos. El comportamiento de las 57 accesiones en estudio para discriminar y evaluar la interacción de los genotipos en los ambientes, se desarrolló a través de cruzas de prueba en dos ambientes, evaluándose los efectos de aptitud combinatoria general y específica mediante cruzas simples obtenidas de cuatro probadores, correspondientes a las poblaciones 21 (Tuxpeño) y la población 32 (ETO) y dos líneas del CIMMYT, CML-247 y CML-254 derivadas de la P24 y Pop 21, respectivamente.

Los objetivos del presente trabajo fueron: i) evaluar y seleccionar accesiones de maíz tropical con buen comportamiento en rendimiento y características agronómicas; ii) estimar la aptitud combinatoria general y aptitud combinatoria específica con base en el potencial de rendimiento y características agronómicas para identificar las mejores accesiones; iii) identificar el mejor probador para discriminar las accesiones sobresalientes, y iv) identificar las mejores cruzas de criollos por poblaciones y criollos por líneas. Las hipótesis bajo las cuales se planteó el estudio fueron: i) las accesiones de maíz en estudio, muestran variabilidad genética y al menos una presenta características agronómicas y habilidades combinatorias aceptables; y ii) de los probadores participantes en las cruzas de prueba de criollos por poblaciones y de criollos por líneas, uno al menos presenta capacidad de discriminación de las accesiones.

## REVISION DE LITERATURA

**Recursos Genéticos del Maíz.** La domesticación y selección del maíz la iniciaron los indígenas, contribuyendo en la formación de variedades nativas y razas; los agricultores las han conservado por siglos y los científicos las han estudiado y clasificado para su conservación, mantenimiento y mejoramiento (Reyes, 1990).

Anderson y Cuter citan Hernández y Alanis (1970) fueron quienes propusieron la subdivisión interespecífica de *Zea mays* en razas y definieron la raza, como un grupo de individuos emparentados entre sí, con suficientes características en común que permite su reconocimiento como grupo. Hernández y Alanis (1970) añaden que la raza es una población con capacidad de transmitir con fidelidad dichas características a las generaciones posteriores y que ocupa una área ecológica específica. En adición, Reyes (1990) menciona que la formación de razas diferentes, es originada por distintas modalidades de aislamiento que restringen la reproducción a un cierto número de individuos; siendo estas barreras de naturaleza generalmente ecológicas.

Por otra parte, variedad es definida como un grupo de individuos de una especie y raza con rasgos diferenciales más estrechos que los manifestados por las razas, donde se cruzan libremente y forman poblaciones diferenciales. Las variedades nativas son aquellas que se originan en un lugar determinado y que ahí evolucionan, en tanto, las

variedades criollas son las introducidas y adaptadas a las condiciones existentes en el lugar de adopción, que multiplicándose libremente y por selección natural o dirigida han logrado producciones aceptables para los agricultores. Estudio realizado con poblaciones criollas de maíz en los estados de México y Puebla mostraron que éstas forman un *continuum* de variación, producto de hibridaciones recíprocas continuas entre todas las razas simpátricas presentes en esta zona (Ramos, 1978).

Las colecciones de variedades y razas de maíz indígena de los bancos de germoplasma en América, proporcionan una gama en diversidad genética para el mejoramiento en el mundo. Las hibridaciones entre las razas primitivas de maíz y las derivadas posteriormente con sus congéneres, y la selección consciente e inconsciente practicada por el hombre en diferentes ambientes, han conducido a una diversidad de tipos no igualada en ninguna otra especie cultivada (McClintock *et al.*, 1981).

Mientras los rendimientos han aumentado durante este siglo, la base genética de las especies cultivadas se ha reducido. La erosión genética en las zonas agrícolas tradicionales y de sus parientes silvestres ha sido originada por la práctica del monocultivo, los asentamientos humanos en hábitats de parientes de cultivos, el desmonte de tierras, la creación de reservas, el sobre pastoreo, el uso de madera para combustible y la extinción de cultivos tribales con su cornucopia de razas nativas únicas (Plucknett *et al.*, 1992). También, el mercado ha cambiado los rasgos culturales de los pobladores y a veces para siempre, la amplia variabilidad genética en las variedades criollas, siendo en ocasiones, rápidamente reemplazadas por las obtenidas en los centros de investigación, las que tiene en común estrecha base genética (Montes, 1978).

El ritmo y la escala de la erosión genética en el siglo veinte no tiene precedentes. Botánicos y agrónomos empezaron a manifestar su preocupación por la pérdida de variedades tradicionales a principios de 1900 y la tendencia hacia una agricultura genéticamente más uniforme ha sido pronunciada desde la década de los 40 (Plucknett *et al.*, 1992). Tallury y Goodman (1999) indican que el maíz comercial en los EUA tiene una base genética estrecha en los nuevos híbridos que se producen, en su mayor parte desde cruza de líneas élites endocriadas, que representan una muestra pequeña (predominando cerca de seis a ocho bases consanguíneas) de las fuentes genéticas *Stiff stalk* y *Lancaster*. La expansión de la diversidad genética en maíz ha sido un continuo desafío para los mejoradores, observándose al germoplasma tropical como una fuente útil de diversidad, aunque la integración del germoplasma tropical en líneas híbridas e híbridos sea laboriosa.

Si bien, según lo afirmado por Oyervides *et al.* (1985) la variabilidad genética es esencial para programas de mejoramiento continuo de muchas especies cultivadas, una fuente potencial es el uso de germoplasma exótico o inadaptado. No obstante, una considerable variabilidad genética puede estar disponible en los bancos de germoplasma, la introducción indiscriminada de germoplasma exótico puede bajar el valor élite seleccionado en las poblaciones adaptadas.

Las principales razones por que no se usan las colecciones en su forma original son:

- i) los materiales introducidos generalmente manifiestan cierto grado de inadaptación; ii) los cultivares nativos generalmente presentan considerable variación de sus poblaciones; iii) los cultivares nativos con frecuencia carecen de la arquitectura de planta

exigida por los agroecosistemas modernos; y iv) el nivel de heterosis en las poblaciones naturales no se compara con el que se puede lograr mediante cruzamientos controlados (Ortega, 1978).

De acuerdo con un análisis, entre los donantes de germoplasma a través de Consejo Internacional sobre Recursos Fitogenéticos (CIRF) entre 1974 - 1983, los países en vías de desarrollo aportaron el 91% del total del número de muestras y los países desarrollados el 9%, sobre un total analizado de 126,444 muestras. En contraste, los receptores de germoplasma a través de CIRF para el mismo período fueron: países en vías de desarrollo 15%, países desarrollados 42%, y los centros internacionales de CGIAR el 43% restante (Navarro y Enciso, 1991).

**Diversidad Genética en el Mejoramiento de Maíz.** Los ambientes tropicales son diversos y difíciles, donde se siembran aproximadamente 58 millones de ha de maíz y de éstas, 36 millones de ha están en el trópico bajo, 16 millones en la zona ecológicas subtropical y de altitud media, y alrededor de 6 millones en la región montañosa. En América Latina los países con una importante área sembrada de maíz por híbridos son: Brasil, México, Venezuela, Salvador, Guatemala, Panamá y Cuba. Otros países como Costa Rica, Nicaragua, Honduras, Bolivia, Colombia, Ecuador y Perú, siembran cerca del 10% de la área total de maíz por híbridos (Vasal *et al.*, 1999).

Muchos complejos raciales han sido identificados para la investigación del maíz híbrido, como Chandelle, Haitian amarillo y Perla, y señalándose a Tuxpeño, Cuba cristalino, Coastal cristalino tropical, ETO y Tuson, como los de amplio uso en todo el

mundo (Vasal *et al.*, 1999). Goodman (1999) además menciona que el germoplasma tropical ha sido tradicionalmente usado en EUA como una fuente de recurso para resistencia de enfermedades e insectos.

El Proyecto Latinoamericano de Maíz (LAMP) evaluando 12000 accesiones de 12 países para seleccionar germoplasma con destino a programas de mejoramiento comerciales, las cruzas de prueba identificaron germoplasma con igual o superior desempeño que los obtenidos en todos los países, indicando que éste puede ser usado para incrementar rendimiento, y que algunas accesiones que se desempeñaron bien en la mayoría de los países deberían incluirse para unir esfuerzos cooperativos de aumento (Salhuana *et al.*, 1998).

Estudios sobre el aporte del germoplasma indican que híbridos de cruzas simples con 50-60% de germoplasma tropical produjeron 8 t de grano, equivalente a la media de producción de los híbridos comerciales usados como testigos; los que contenían entre 10-60% rindieron dentro del rango de los híbridos comerciales testigos; en tanto, los de más de 60% tuvieron significativamente bajos rendimientos; y los del 100%, fueron los de menor rendimiento de todos los híbridos evaluados. Con base en los resultados, Tallury y Goodman (1999) concluyeron que las líneas híbridas que contienen germoplasma tropical no solamente son una fuente útil para aumentar la diversidad genética de híbridos comerciales de maíz, si no que también son competitivos en las cruzas con materiales templados, produciendo híbridos con altos rendimientos.

Oyervides *et al.* (1985) sugirieron que las respuestas heteróticas para México se pueden obtener de las cruzas: *Iowa stiff stalk synthetic* BSSS\*ETO; BSSS\*Tuxpeño; Lancaster\*ETO y Lancaster\*Tuxpeño. Para tal efecto, se condujeron ensayos en cada país para determinar respuesta de las poblaciones *per se* y sus cruzas poblacionales. Las poblaciones de la faja maicera de EUA, se comportaron mejor en México que las poblaciones mexicanas en la faja maicera de EUA y algunas de las cruzas de poblaciones mexicanas por poblaciones de la faja maicera de EUA probadas en México no difirieron del híbrido testigo. Las poblaciones de la faja maicera de EUA, mostraron mejor adaptación a los ambientes mexicanos que las poblaciones mexicanas a los ambientes de la faja maicera de EUA. De las poblaciones muestreadas, BS13(s)C2 derivada de *Stiff Stalk Synthetic* después de nueve ciclos de selección recurrente para rendimiento, tuvieron la más alta ACG con las poblaciones mexicanas mejoradas. Por consiguiente, parece que las poblaciones de la faja maicera de EUA pueden ser fuentes de alelos útiles para rendimiento, madurez temprana y porte bajo de plantas para programas mexicanos de mejoramiento localizados en áreas tropicales y subtropicales.

Beck *et al.* (1990) utilizando material tropical de maduración precoz e intermedia del CIMMYT, correspondiente a un complejo genético y de poblaciones, a través de un dialélico formado por 10 progenitores determinaron la aptitud combinatoria y heterosis para las características de rendimiento, altura de planta y mazorca, y días a floración en cinco localidades de México y una en Colombia, Ecuador, India y Tailandia. La ACG fue significativa para todos los tratamientos y la ACE fue significativa tan solo para altura de mazorca.

Crossa *et al.* (1990a) al evaluar el comportamiento de los patrones heteróticos de 25 razas mexicanas de maíz y 300 cruzas interraciales evaluadas en tres ambientes, obtuvieron que en partes altas (2249 m) las razas Cónico, Cónico Norteño y Chalqueño tuvieron rendimientos altos en comportamientos *per se* y en cruzas, en tanto que en partes intermedias (1800 m) las razas con mayores rendimientos *per se* y en cruzas fueron Comiteco, Harinoso de Ocho, Celaya, maíz dulce, Tabloncillo y Tuxpeño; y para las partes bajas (1300 m) los mayores rendimientos *per se* fueron exhibidos por Harinoso de Ocho, Celaya, Pepitilla y Tabloncillo. Con base en los resultados recomendaron que éstos pueden ser usados para: 1) introducir los patrones heteróticos encontrados a través de las razas a nuevas variedades comerciales o poblaciones; ii) búsqueda para colecciones de razas con mejores características agronómicas que pertenezcan a patrón heterótico de la raza; iii) mejorar complejos genéticos basados en patrones heteróticos raciales y de orígenes geográficos; iv) establecer selección recíproca recurrente entre dos razas que exhibieron heterosis cuando se cruzaron; o y) desarrollar híbridos basados en líneas derivadas de colecciones estudiadas en cada ambiente.

El uso del germoplasma tropical generalmente introduce más fuentes, mayor humedad a la cosecha, plantas altas y susceptibilidad para carbón. Esto ha sido reportado en varios estudios, sin embargo, se menciona que en la evaluación en el tercer ciclo de endocria de todo el germoplasma tropical, dos factores han restringido en todos los derivados del tropical, siendo los siguientes problemas mayores que los anteriores: i) pobre germinación y bajo vigor de las semillas cuando crecen en condiciones adversas, y ii) carencia de disponibilidad de alto rendimiento, maduración precoz, endogamia en el tropical bajo o híbridos (Goodman, 1999).

Beck et al. (1991) evaluaron la aptitud combinatoria y patrones heteróticos entre complejos de genes (pooles) y poblaciones de maíces subtropicales y de maduración intermedia de CIMMYT, mediante un dialélico de nueve progenitores en cinco ambientes de México y 11 de EUA, donde evaluaron: i) la aptitud combinatoria; y ii) el potencial de los materiales como fuente de germoplasma exótico para los programas de mejoramiento de áreas templadas. Las poblaciones 33x45 fueron la única cruce con significancia para ACE positiva en rendimiento. El promedio de rendimiento en los ambientes de EUA fue bajo ( $3.49 \text{ Mg ha}^{-1}$ ), debido parcialmente por problemas de adaptación y fecha de siembra tardía. Solamente el pool 41 tuvo un significativo y positivo efecto de ACG para rendimiento en EUA. Del estudio concluyeron que si bien los materiales del CIMMYT en general no se desempeñaron bien en el ambiente de EUA, el pool 41 y población 42 mostraron los mejores potenciales como fuentes de germoplasma exótico para programas de mejoramiento de ambientes templados.

Estudios realizados por Ordás (1991) para determinar la relación heterótica entre el germoplasma de España y EUA, e identificar el patrón heterótico para el uso en un sistema de mejoramiento, estableció que el germoplasma de maíz Español puede enriquecer la base genética de los programas de mejoramiento en las zonas templadas en corto tiempo, debido a la buena heterosis con el material de maíz de EUA y a la probabilidad de buena adaptación a las condiciones climáticas de esas áreas.

**Heterosis y Aptitud Combinatoria.** En el mejoramiento de cultivos con polinización cruzada se utilizan dos procedimientos básicos de hibridación. Los cruzamientos intervarietales e interespecíficos, y la utilización del vigor híbrido (Poelhman, 1979).

La importancia de la epistasis en el mejoramiento de poblaciones de maíz no es bien entendido. Para tal efecto, Eta-Ndu y Openshaw (1999) realizaron un estudio para probar los efectos epistáticos de los genes que controlan la producción de grano, con base en las cruzas de prueba; e investigar la relación entre la epistasis identificada y las cruzas de prueba de rendimiento de la F<sub>3</sub>, las retrocruzas de las plantas de F<sub>2</sub> de las líneas progenitoras, y las cruzas entre las líneas progenitoras. Con base en las medias de las cruzas de prueba de las familias derivadas de las plantas F<sub>2</sub> individuales, obtuvieron evidencias de epistasis para rendimiento de grano en las poblaciones, y cada probador mostró epistasis en un grupo de individuos F<sub>2</sub>. De otra parte, los análisis de varianza de los genotipos de las cruzas de prueba mostraron evidencias de epistasis en ambas poblaciones, pero no hubo evidencias de epistasis con base en el total de las medias de las cruzas de prueba. Asimismo, no se presentó ninguna asociación entre epistasis y los rendimientos de las cruzas de prueba de F<sub>3</sub> y las retrocruzas. De los resultados observados sugirieron que estos se debieron a la presencia de una interacción no alélica además de un desequilibrio de enlace en ambas poblaciones.

La predicción del comportamiento del híbrido ha sido siempre un principal objetivo en todos los programas de mejoramiento. El desarrollo de las técnicas de marcadores moleculares ha provisto de nuevas herramientas para la predicción de la heterosis y los marcadores de ADN se usan en investigaciones correlacionadas entre la distancia genética parental y el comportamiento F<sub>1</sub> o la significancia de la heterosis de medios progenitores (Melchinger, 1999).

Sprague y Tatum (1942) definieron los términos de aptitud combinatoria general (ACG) como el comportamiento promedio de un línea endocriada en combinaciones híbridas, y la aptitud combinatoria específica (ACE) es la empleada para conocer las combinaciones híbridas que son relativamente mejores o peores que lo esperado con base en el comportamiento promedio de sus progenitores. Por otra parte, afirmaron que la ACG se debe a efectos genéticos aditivos y la ACE al tipo de acción genética no aditiva, la cual puede ser el resultado de la dominancia, epistasis y las interacciones.

Moll *et al.* (1962) a partir de un grupo de seis variedades provenientes de tres regiones geográficas distintas (dos de cada región): Puerto Rico, Sudeste y Medio Oeste de Estados Unidos, cruzaron las poblaciones en todas las formas posibles para estudiar el comportamiento de las Fi. Los resultados mostraron que la mayor heterosis estuvo asociadas a progenitores menos relacionados que en los más estrechamente relacionados, el cual se atribuyó a mayor diversidad genética entre los progenitores. No obstante, las variedades de Puerto Rico dieron bajos rendimientos, los híbridos más rendidores se produjeron por las cruzas de variedades de Puerto Rico con las del sudeste de EUA. Esto sugirió que las cruzas entre variedades ampliamente divergentes pueden tener una utilidad potencial en el mejoramiento para rendimiento en beneficio de variedades con pobre adaptación provenientes de zonas distantes.

Continuando la investigación Moll *et al.* (1965) evaluaron dos poblaciones de cada una de regiones geográficas: sudeste y medio oeste de EUA, Puerto Rico y Sur de México, siendo las ocho poblaciones cruzadas en todas las formas posibles y las F1 derivadas se llevaron hasta F<sub>2</sub>. El grado de divergencia genética entre las poblaciones

progenitoras se dedujo de las relaciones ancestrales y separación geográfica con adaptación a diferentes ambientes. Las poblaciones  $F_1$  y  $F_2$  se cultivaron en las cuatro regiones y estudiaron la relación de la heterosis con el grado de divergencia genética dentro de un rango restringido, ya que cruza extremadamente divergentes resultaron con una heterosis decreciente. De lo anterior, concluyeron que la diversidad genética no debe ser muy grande, debido a que se produce un decremento de la heterosis.

Con respecto a los estudios y expectativa realizada por Moll *et al.* (1962 y 1965) tomando en cuenta la óptima distancia genética y el comportamiento híbrido, Melchinger (1999) señala que en ambos estudios la distancia geográfica del origen de las poblaciones fue usada en lugar de las medidas directas de la distancia genética.

Rojas y Sprague (1952) evaluando la importancia de la aptitud combinatoria y la interacción con localidades y años, concluyeron que el empleo de un probador homocigótico tiene algunas desventajas, como la interacción que cada mestizo tendría por años y localidades, y que está fuertemente afectada por la homocigosis del probador, o sea, por la adaptación más limitada. Por otra parte, encontraron que la ACG con la interacción localidad y años fueron más estables que la ACE.

Zambezi *et al.* (1986) al comparar los estimadores de ACG obtenidos por el uso de dos tipos de probadores utilizando 10 progenitores de una población (nueve líneas  $S_2$  y la población original) cruzadas en un diseño factorial con un conjunto semejante de progenitores de otra población y los 100 cruzamientos resultantes fueron probados en dos localidades. Valores significativos de ACG se obtuvieron en ambas poblaciones

para rendimiento de grano, altura de mazorca y porcentaje de plantas en pie, y los valores de ACE estimados fueron significativos, pero en menor grado que los de ACG.

Nevado y Cross (1990) estudiaron tres grupos dialélicos (cada uno con cruza entre plantas diferentes dentro de cada sintético) independientes entre los mismos ocho progenitores sintéticos a través de dialélicos simples en nueve ambientes durante tres años, usando el Método 4 de Griffing del modelo I. Los resultados mostraron correlaciones entre efectos de ACG para todos los tratamientos, además, el cuadrado medio para ACG fue altamente significativo para todas las características en uno o más de los dialélicos, mientras que los efectos de ACE fueron significativos en 50% de las pruebas de F. Las magnitudes parentales de las relaciones entre los cuadrados medios del componente de ACG contra el componente de ACG más ACE propusieron que es factible seleccionar progenitores que brinden progenies de buen desempeño para número de hileras de grano, peso de grano, tasa relativa de crecimiento, longitud de hojas y días a floración.

Al evaluar Walejko y Russell (1977) la selección recurrente por ACE en dos cultivares de polinización libre y como probador, utilizándose durante cinco ciclos; una crusa simple en el primero y una línea endocriada en los cuatro ciclos subsiguientes, concluyeron que la selección recurrente fue exitosa al incrementar la frecuencia de genes favorables en las cruza y que la sobredominancia es relativamente no importante en el cambio del potencial de rendimiento en las dos variedades, por lo tanto afirmaron que la selección recurrente al usar un probador endocriado seria un método eficiente para el mejoramiento poblacional.

Penny *et al.* (1962) evaluando los tipos de acción génica involucrada en el rendimiento por heterosis utilizaron dos poblaciones, la variedad de polinización libre Alph y las generaciones segregantes F2 de WF9\*B7, y la línea B14 como probador, obtuvieron ganancias de 8.4% para Alph y de 0.2% para WF9\*B7 en dos ciclos. Las poblaciones *per se* tuvieron ganancias de 13% para Alph y 7.9% para la F2 de WF9\*B7, y concluyeron que el tipo predominante de selección parecía deberse por los genes completos manifestados o dominancia parcial, o principalmente por los efectos aditivos.

En la evaluación de un número de genotipos, el establecimiento de grupos heteróticos conformados con germoplasma de similar respuesta heterótica o para demostrar la existencia de probadores, para la selección o agrupación de los materiales, es realizado generalmente, como en los casos citados por Beck *et al.* (1990, 1991), Crossa *et al.* (1990a), Gutiérrez *et al.* (1986) y Vasal *et al.* (1992b), una manera para mejorar la eficiencia de este enfoque podría estar evaluando primero la distancia genética del marcador base de los nuevos materiales genéticos de los grupos heteróticos existentes y con base en esta información evaluar únicamente los mestizos promisorios con probadores representativos (Melchinger, 1999).

**Probador.** Márquez (1988) menciona que cuando de una población o variedad original se extrae gran cantidad de líneas y se hace un diseño dialélico, la cruce de una línea con la variedad original de la cual deriva, se denominada población probadora de ACG o probador, siendo éste de base genética amplia (heterogénea) para determinar ACG. Si el probador es una línea homocigota, la aptitud que se determina es ACE y se denomina probador de base genética estrecha. Estos conceptos han sido ampliados a cualquier

tipo de poblaciones a los que se desee determinar su ACG y ACE, determinándose en estos casos su ACG y ACE promedio, pues conceptualmente cada una de estas poblaciones se puede considerar como una mezcla de líneas homocigóticas, tantas como gametos diferentes produzca al cruzarse con el probador del caso.

Rawlings y Thompson (1962) con el fin de determinar los niveles de comportamiento de los probadores definieron dos requisitos para un buen probador: i) debe clasificar correctamente con relación en un sentido de los tratamientos bajo selección; y ii) debe discriminar eficientemente los materiales bajo prueba; o sea, el mejor probador de una serie de probadores sería aquel que pudiera clasificar correctamente los tratamientos con la mínima cantidad más precisa de los tratamientos para una cantidad dada de prueba o permitiría la evaluación de más tratamientos para un nivel dado de precisión. Además, concluyeron y apoyaron la hipótesis que un probador de bajo rendimiento es mejor que un probador de alto rendimiento.

Según Márquez (1988) las características que debe reunir un probador para ACG, están: i) amplia base genética, ii) discriminación clara entre los mestizos, iii) alto rendimiento y iv) media alta de rendimiento de los mestizos. Sin embargo, los puntos i y ii se contraponen, asimismo, si se considera i y iii, el probador que más claramente discrimina entre los mestizos es la condición de estrecha base genética. Por otra parte, enfatiza que la función del probador parte del principio que es usado para cuantificar la ACG de las líneas, es decir, para ser cruzado, no para ser seleccionado.

Comstock (1979) define que en la selección recíproca recurrente las poblaciones son ligeramente superiores como probadores una de otra, que las líneas endocriadas extraídas de esas poblaciones. Estas conclusiones contrastan, cita Comstock (1979), con lo sugerido por Rusell y Eberthart que definen que los probadores endocriados pueden ser superiores.

Los probadores son esencial para el éxito de un programa de mejoramiento de híbridos. Todo tipo de materiales incluyendo poblaciones, sintéticos, híbridos y endocrías, son usados como probadores. En los últimos años el uso de probadores endocriados se han incrementado significativamente (Vasal *et al.*, 1999).

Salazar y Lonquist (1963) con el objeto de estudiar el efecto de muestras de polen recolectado de plantas de floración temprana y tardía de tres variedades como probadores fueron estudiadas en cruzas para cuatro líneas endocriadas de diferente maduración. Los probadores se utilizaron durante su floración, desde el inicio hasta el final de ésta. Los resultados demostraron la importancia de usar diferentes fechas de siembra del progenitor probador para evitar algún sesgo que pudiese introducirse en las diferentes comparaciones, siendo dos posibles métodos usarse: i) estratificar las líneas a ser probadas, de manera que las comparaciones sean hechas entre líneas de madurez comparable; ii) sembrar el probador progenitor en dos o tres fechas en intervalos semanales y entonces sembrar las líneas a ser probadas, después que la primera siembra del probador progenitor macho haya emergido. Del estudio los resultados mostraron un incremento al utilizar polen de la porción tardía de la floración del probador.

## MATERIALES Y METODOS

**Material Genético.** En el presente trabajo se utilizaron 57 accesiones procedentes del banco de germoplasma de maíz del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT); de éstos, 36 accesiones correspondieron al germoplasma del Caribe y 21 accesiones a tropicales mexicanas. Los materiales en estudio fueron identificados con base en evaluaciones realizadas por el CIMMYT y el proyecto Latinoamericano del Maíz (Rincón, 1996; LAMP, 1991). Las 57 accesiones fueron sometidas a cruzamientos utilizando cuatro probadores: Poblaciones 21 y 32, y dos líneas avanzadas CML-247 y CML-254 derivadas de P24 y Pop 21 del CIMMYT. La semilla de las accesiones y los cuatro probadores fue proporcionada por el CIMMYT. La descripción de los cruzamientos efectuados con cada accesión se presenta en el Cuadro 1, de donde se establecieron dos experimentos.

**Experimento 1.** Cruzas de Prueba Criollos por Probadores Poblaciones: El primer experimento consistió en la evaluación de las cruzas entre 42 accesiones con dos probadores, correspondientes a las poblaciones mejoradas: POB21 (Tuxpeño-1) y POB32 (ETO), según se indica en el Cuadro 1, y se incluyen los dos probadores como testigos. **Experimento 2.** Cruzas de Prueba Criollos por Probadores Líneas: El experimento fue establecido con las cruzas entre 31 accesiones con dos líneas avanzadas del CIMMYT: CML-247 y CML-254 según se indica en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Accesiones de maíz y cruzas con probadores evaluados en Cotaxtla, Ver. 1997 y Tepalcingo, Mor. 1998-99.

	CRIOLLOS	POBLACIONES		LINEAS	
		POB21(Tuxpeño-1)	P0832 (ETO)	CM L-247	CML-254
1	COAH53	X	X	X	X
2	PUER7	X	X	X	
3	RDOMGP12			X	
4	RDOMGP13	X	X	X	
5	PUERGP5A	X	X		X
6	CUBA79			X	X
7	PUER24			X	
8	PUER8	X	X		X
9	CUBA130				X
10	CUBA134				X
11	CUBA135			X	X
12	CUBA 137	X	X		
13	CUBA142	X	X	X	
14	CUBA 153	X	X		X
15	CUBA159				X
16	CUBA160	X	X	X	
17	CUBA 163	X	X	X	X
18	CUBA 165	X	X	X	
19	CUBA57	X	X		
20	CUBA77				X
21	CUBA94	X	X	X	X
22	RDOM119	X	X		
23	VER147				X
24	CUBA72				X
25	CUBA 91	X	X		
26	PUER3	X	X		
27	RDOM253	X	X		
28	RDOM254	X	X		
29	RDOM281	X	X		
30	SCRO2	X	X		
31	CUBA3	X	X		
32	CUBA26	X	X		
33	CUBA34	X	X		
34	CUBA48	X	X		
35	BRVI113	X	X		
36	CUBA28				X
37	CUBA62	X	X		
38	CUBA24	X	X		
39	JAL285	X	X		
40	SIN70	X	X	X	
41	DUR102	X	X		
42	SON72	X	X		X
43	TAM125	X	X	X	
44	CHIS429			X	
45	TAM129	X	X		
46	CHIS567	X	X		
47	OAX220	X	X		
48	BACS12			X	X
49	CHIS299	X	X		
50	CHIS463	X	X		
51	COL54	X	X		
52	DUR86			X	X
53	GRO376	X	X		
54	TAM103	X	X	X	
55	TAM146	X	X	X	X
56	TAM131	X	X		
57	CHIS645			X	
Total		42	42	20	19
Cruzas simples comunes		42		8	

La descripción del material genético utilizado como probador en la evaluación de 57 accesiones de maíz se presentan en el Cuadro 2.

Cuadro 2. Descripción del material genético utilizado como probador en la evaluación de maíz.

Germoplasma	Nombre/Fuente	Descripción
POB21 C2	Tuxpeño-1	Grano blanco dentado, maduración tardía, excelente estabilidad y planta relativamente baja. Tolerante a enfermedades foliares. Buen comportamiento en áreas tropicales bajas.
POB32 C2	ETO Blanco	Subtropical, de grano blanco cristalino duro, maduración tardía. Buena adaptación en el comportamiento en áreas tropicales bajas.
CML-247	Pob. 24	Grano de color amarillos, semidentado, de buena ACG; buen potencial de rendimiento. Altura promedio de planta 168 cm. Número de granos por hilera 14.
CML-254	Pob. 21	Grano de color amarillos, semidentado, de buena ACG; buen potencial de rendimiento. Altura promedio de planta 193 cm. Número de granos por hilera 8-10. <b>Fuente: CIMMYT, 1998.</b>

**Localidades de la Evaluación.** El trabajo se realizó en dos localidades, la primera evaluación se realizó en el campo experimental del INIFAP en Cotaxtla, Ver., y la segunda en terrenos del campo experimental de Tepalcingo, Mor., de la UAAAN. La siembra en Cotaxtla, Ver. se realizó en el ciclo de temporal (Cot 97B) y en Tepalcingo, Mor. durante el ciclo de riego (Tep. 98-99).

El campo experimental del INIFAP en Cotaxtla, se encuentra a una altitud de 15 msnm, y se localiza a 18° 50' de latitud Norte y 96° 10' de longitud Oeste. Posee un clima cálido subhúmedo Aw (w)(g), las temperaturas anuales promedio máxima es de 28.1°C y la mínima de 23.8°C, y las precipitaciones anuales promedio máxima es de 2107.7 mm y la mínima de 1228.7 mm (INEGI, 1999b).

El campo experimental de Tepalcingo, se ubica a 940 msnm y se encuentra localizado en los 18° 26' de latitud Norte y 98° 18' de longitud Oeste. El clima se clasifica como Aw (w)(i), las temperaturas promedio máxima es de 28.8°C y la mínima es de 21.3°C, y las precipitaciones anuales promedio máxima es de 1335.8 mm y la mínima de 576.3 mm (INEGI, 1999a).

**Diseño Experimental y Descripción del Experimento. Experimento 1. Cruzas de Prueba Criollos por Probadores Poblaciones:** Con las 84 cruzas de prueba (Cuadro 2) del primer grupo más dos testigos, se conformó un experimento las cuales se evaluaron utilizando un diseño experimental látice rectangular 9x10 con arreglo de bloques incompletos con dos repeticiones por localidad. **Experimento 2. Cruzas de Prueba Criollos por Líneas:** Se conformó con 39 cruzas de prueba (Cuadro 2) más un testigo y se evaluaron en un diseño de látice rectangular 6x7 con dos repeticiones por localidad.

En la localidad Cotaxtla, se sembraron los materiales a 20 cm entre plantas y a 80 cm entre surcos, mientras que en Tepalcingo la distancia entre plantas fue de 19 cm y de 75 cm entre surcos. Las unidades experimentales estuvieron constituidas por 16 plantas en Cotaxtla y 21 plantas en Tepalcingo, representando por lo tanto una densidad de población de 62,500 y 70,175 plantas ha<sup>-1</sup>, respectivamente.

**Caracterización de los Materiales. La parcela** útil consistió de 2.56 m<sup>2</sup> en Cotaxtla y de 3 m<sup>2</sup> en Tepalcingo donde se determinó el rendimiento y las características agronómicas como floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca, y prolificidad, las cuales se describen en el Cuadro 3.

Cuadro 3. Variables medidas para la caracterización agronómica y determinación de rendimiento.

Carácter	Sigla Medida		Descripción
Floración masculina	FM	d	Número de días desde la siembra hasta la emisión del polen en el 50% de las plantas.
Floración femenina	FF	d	Número de días desde la siembra hasta la emergencia del estigma en el 50% de las plantas.
Altura de planta	APTA	cm	Desde el punto de inserción de las raíces hasta la base de la espiga. Después del estado lechoso.
Altura de mazorca	AMAZ	cm	Desde el punto de inserción de las raíces hasta el nudo de la mazorca superior. Después del estado lechoso.
Prolificidad	PRO	oh	Número de mazorcas por planta. El índice se determinó con base en el número de mazorcas cosechadas con relación al número de plantas en la parcela experimental.
Peso de campo	PC	kg	Peso de las mazorcas cosechadas en la parcela experimental, con humedad de semilla de cosecha y conservando el raquis.
Humedad de semilla	HUM	o/o	Humedad de la semilla proveniente de una muestra de 10 mazorcas de la parcela experimental y estimada en medidor de humedad eléctrico.
Rendimiento	REN	kg	Rendimiento de grano al 15% de humedad.

Con el fin de estandarizar los rendimientos de campo se realizaron ajustes y correcciones mediante la aplicación de las siguientes fórmulas:

**Ajuste por la Diferencia de Plantas.** Teniendo en cuenta que algunas unidades experimentales presentaron diferente número de plantas, las unidades fueron ajustadas para las localidades de Cotaxtla y Tepalcingo. Para definir el mejor método de ajuste se realizaron análisis de varianza a las variables de rendimiento expresado en  $\text{kg ha}^{-1}$  provenientes de: i) datos originales de campo, ii) unidades experimentales ajustadas por la fórmula de la Universidad Estatal de Iowa, y iii) unidades experimentales ajustadas por análisis de covarianza. El mejor ajuste se obtuvo a través del análisis de covarianza y con base en este se realizaron todos los análisis del estudio (Martínez, 1988; Steel y Torde, 1985).

**Ajuste de Rendimiento para Expresión Comercial.** Los rendimientos de las unidades experimentales fueron ajustados a la expresión comercial de  $\text{kg ha}^{-1}$  en mazorcas al 15% de humedad a través de la siguiente fórmula:

$$\text{Rend} = \text{PCa} * (1 - \text{HUM}/100) * (100/85) * 10000/\text{APU}$$

Donde:

Rend. es el rendimiento en mazorca ajustado en  $\text{kg ha}^{-1}$  al 15% de humedad; PCa, es el peso de campo ajustado de la unidad experimental; HUM es la humedad de grano en la unidad experimental al momento de la cosecha; 85 es la constante derivada de la diferencia de 100 menos humedad deseada (15% en el estudio); APU es la área de la parcela útil en  $\text{m}^2$ .

**Análisis Estadístico.** Teniendo en cuenta la totalidad de tratamientos y de variables en estudio en cada uno de los experimentos se realizaron análisis de varianza combinado y para cada una de las localidades. En los análisis de varianza, tanto individual como combinado, los tratamientos (cruzas y testigos), las localidades (Cotaxtla y Tepalcingo) y la interacción localidad por tratamientos, fueron considerados efectos fijos, el resto de los efectos en los modelos fueron considerados efectos aleatorios. Los análisis realizaron utilizando los procedimientos PROC GLM y PROC MIXED de SAS (SAS, 1990; SAS, 1992). Las pruebas de  $F$  se realizaron utilizando modelos mixtos con PROC GLM, en tanto que los errores estándar fueron calculados con el procedimiento PROC MIXED.

**Análisis de Varianza Individual por Localidad.** El análisis de varianza para cada localidad fue realizado mediante el siguiente modelo lineal:

$$Y_{ijk} = \mu + (B/R)_j + T_k$$

$i$  es la  $1, 2, \dots, r$ , repeticiones;  $j$  es el  $1, 2, \dots, b$ , bloques;  $k$  es el  $1, 2, \dots, t$ , tratamientos.

Donde:

$Y_{ijk}$  es el valor de la característica a analizar;  $\mu$  es la media general;  $R_i$  es el efecto de la  $i$ -ésima repetición;  $(B/R)_j$  es el efecto del  $j$ -ésimo bloque dentro de la  $i$ -ésima repetición;  $T_k$  es el efecto del  $k$ -ésimo tratamiento (cruzas y testigos);  $e_{ijk}$  es el error experimental.

**Análisis de Varianza Combinado.** A las variables en estudio se les realizó un análisis de varianza combinado bajo el siguiente modelo lineal:

$$Y_{ijkl} = \mu + L_i + (R/L)_{ji} + (B/LR)_{jii} + T_k + e_{ijkl}$$

$i$  es la  $1, 2, \dots, r$ , repeticiones;  $j$  es el  $1, 2, \dots, b$ , bloques;  $k$  es el  $1, 2, \dots, t$ , tratamientos;  $l$  es el  $1, 2, \dots, 1$ , localidades.

Donde:

$Y_{ijkl}$  es el valor de la característica a analizar;  $\mu$  es la media general;  $L_i$  es el efecto de la  $i$ -ésima localidad;  $(R/L)_j$ , es el efecto de la  $i$ -ésima repetición dentro de la  $l$ -ésima localidad;  $(B/LR)_{jii}$  es el efecto del  $j$ -ésimo bloque dentro de la  $i$ -ésima repetición dentro

de la I-ésima localidad;  $\tau_k$  es el efecto del k-ésimo tratamiento;  $(TL)_{ki}$  es el efecto de la interacción del k-ésimo tratamiento y la I-ésima localidad;  $e_l$  es el error experimental.

**Análisis Genético.** Las variables se estudiaron utilizando un análisis factorial. Para el experimento 1, criollos por probadores poblaciones, se consideraron 42 cruza simples teniendo en cuenta el efecto de bloques del diseño experimental de látice rectangular. En el experimento 2, donde se evaluó las cruza simples entre 39 cruza, 20 con el probador CML-247 y 19 con CML-254.

**Análisis de Varianza Genético Individual.** El análisis de varianza en cada experimento se analizó utilizando el siguiente modelo lineal:

$$y_{ijkl} = \mu + R_i + (B/R)_{ij} + A_k + P_i + (A P)_{ki} + e_{ijkl}$$

i es el 1, 2 . . . . r, repeticiones; j es el 1, 2 . . . . b, bloques; k es el 1, 2 . . . . a, accesiones; l es el 1, 2 . . . . p, probadores.

Donde:

$y_{ijkl}$  es el valor de la característica a analizar;  $\mu$  es la media general;  $R_i$  es el efecto de la i-ésima repetición;  $(B/R)_{ij}$  es el efecto del j-ésimo bloque dentro de la i-ésima repetición;  $A_k$  es el efecto de la k-ésima accesión;  $P_i$  es el efecto del I-ésimo probador;  $(AP)_{ki}$  es el efecto de la interacción entre la k-ésima accesión y el I-ésimo probador;  $e_{ijkl}$  es el error experimental.

**Análisis de Varianza Genético Combinado.** Se efectuó el análisis de varianza para combinar los experimentos de las dos localidades, utilizando el siguiente modelo lineal:

$$Y_{ijklm} = \mu + L_i + (R/L)_{ij} + (B/R)_{i-j} + A_m + P_k + (A \cdot P)_{km} + (L \cdot P)_{ik} + (L \cdot A)_{im} + e_{ijklm}$$

$i$  es la 1, 2 . . . .  $r$ , repeticiones;  $j$  es el 1, 2 . . . .  $b$ , bloques;  $k$  es el 1, 2 . . . .  $p$ , probadores;  $I$  es la 1, 2 . . . .  $I$ , localidades;  $m$  es la 1, 2 . . . .  $a$ , accesiones.

Donde:

$Y_{ijklm}$  es el valor de la característica a analizar;  $\mu$  es la media general;  $L_i$  es el efecto de la  $i$ -ésima localidad;  $(R/L)_{ij}$  es el efecto de la  $i$ -ésima repetición dentro de la  $i$ -ésima localidad;  $(B/R)_{i-j}$  es el efecto del  $j$ -ésimo bloque dentro de la  $i$ -ésima repetición y la  $i$ -ésima localidad;  $A_m$  es el efecto de la  $m$ -ésima accesión;  $P_k$  es el efecto del  $k$ -ésimo probador;  $(A \cdot P)_{km}$  es el efecto de la interacción entre la  $m$ -ésima accesión y el  $k$ -ésimo probador;  $(L \cdot A)_{im}$  es el efecto de la interacción de la  $i$ -ésima localidad y la  $m$ -ésima accesión;  $(L \cdot P)_{ik}$  es el efecto de la interacción de la  $i$ -ésima localidad y el  $k$ -ésimo probador;  $(L \cdot A \cdot P)_{idm}$  es el efecto de la interacción entre la  $i$ -ésima localidad, la  $m$ -ésima accesión y el  $k$ -ésimo probador;  $e_{ijklm}$  es el error experimental.

**Coeficiente de Variación.** La eficiencia en la conducción de los experimentos se midió a través del coeficiente de variación para cada una de las características evaluadas en cada localidad y combinado utilizando la siguiente fórmula:

$$C.V = \frac{C.M.E.E.}{\bar{Y}} * 100$$

Donde:

CV es el coeficiente de variación (%); CMEE es el cuadrado medio del error experimental; X es la media general de tratamientos; 100 es la constante para convertir a porcentaje.

**Efecto de la Aptitud Combinatoria General (ACG).** La ACG de cada accesión para la variable rendimiento en cada localidad y para el combinado, se calculó comparando el comportamiento de todas sus cruzas, con el promedio general de las cruzas comparables, mediante la siguiente ecuación:

$$g_i = y_{ij} - y_{..}$$

$$g_i = y_i - y_{..}$$

Donde:

$g_i$  es el efecto de la ACG de la accesión  $i$ ;  $g_j$  es el efecto de la ACG del probador  $j$ ;  $y_{ij}$  es la media de la accesión  $i$  cruzada con los dos probadores;  $y_{..}$  es la media general del total de las cruzas de prueba del  $i$ -ésimo progenitor (accesión) con el  $j$ -ésimo progenitor (probador).

**Efecto de la Aptitud Combinatoria Específica (ACE).** La ACE de cada craza para la variable rendimiento en cada localidad y para el combinado, fue calculada mediante la fórmula:

$$= y_{ij} - y_{i.} - y_{.j}$$

Donde:

$S_{ij}$  es el efecto de la ACE de la cruce  $ij$ -ésima del genotipo;  $y_{ij}$  es el efecto de la ACG de la cruce del  $i$ -ésimo progenitor (accesión) con el  $j$ -ésimo progenitor (probador);  $y_{.i}$  es la media de la ACG del  $i$ -ésimo progenitor (accesión);  $y_{.j}$  es la media de la ACG del  $j$ -ésimo progenitor (probador);  $y_{..}$  es la media general del total de las cruces de prueba del  $i$ -ésimo progenitor (accesión) con el  $j$ -ésimo progenitor (probador).

## **RESULTADOS Y DISCUSION**

Los resultados estadísticos de los dos experimentos de evaluación de las accesiones de maíz tropical por medio de cruzas de prueba utilizando dos probadores de poblaciones, en el primer experimento, y con dos líneas avanzadas, en el segundo, en Cotaxtla, Ver., y Tepalcingo, Mor., se presentan para sus análisis separadamente y en cada uno de ellos se evalúa en forma combinado y por localidad. En un aparte general del presente capítulo se presenta el análisis conglomerado de los dos experimentos.

### **Experimento I. Criollos por Probadores Poblaciones**

Los análisis estadísticos para las cruzas simples de probadores con las accesiones de maíz en estudio, en cada una de las localidades y en los respectivos ciclos de siembras, se realizaron inicialmente por medio de análisis de varianza individuales y combinado para las variables rendimiento y características agronómicas en evaluación. Posteriormente, se seleccionaron las mejores 20 cruzas, y finalmente, se realizó un análisis genético.

**Análisis de Varianza Individual.** El Cuadro 4 muestra los cuadrados medios de los análisis de varianza individual para Cotaxtla, Ver., y Tepalcingo, Mor., de todos los tratamientos (86) bajo un diseño de látice rectangular para las variables rendimiento, días a floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca y prolificidad.

Cuadro 4. Cuadrados medios de los análisis de varianza para las cruzas de criollos por probadores poblaciones en las localidades de Cotaxtla, Ver., 1997 y Tepalcingo, Mor., en el ciclo invierno-primavera 1998-99.

Fuentes de variación	GL	REN t ha'	FM d	FF d	APTA cm	AMAZ cm	PRO mip
<b>Localidad: Cotaxtla</b>							
Repeticiones	1	0.273 ns	0.041 ns	1.644 ns	1801.236 *	1570.829 *	0.075 ns
Bloques/Repeticiones	18	0.792 ns	0.975 ns	1.149 ns	120.921 ns	195.820 *	0.010 ns
Tratamientos	85	3.632 **	2.084 **	2.267 **	271.307 **	262.900 "	0.014 ns
Error	67	1.042	0.819	0.972	121.312	90.252	0.016
CV (%)		12.53	1.67	1.79	4.85	7.07	13.81
Media		8.147	54.28	55.09	227.22	134.30	0.93
Error estándar (promedio)		0.702	0.649	0.712	8.497	7.703	0.088
<b>Localidad: Tepalcingo</b>							
Repeticiones	1	1.208 ns	49.474 ns	58.349 ns	548.346 ns	22.784 ns	0.010 ns
Bloques/Repeticiones	18	6.108 **	16.673 **	16.731 **	677.605 **	474.761 **	0.018 ns
Tratamientos	85	2.999**	11.487 **	11,304**	281.418 ns	211.116 *	0.018 ns
Error	67	1.305	3.848	4.378	200.289	128.717	0.018
CV (%)		11.43	1.87	1.95	6.84	10.40	12.93
Media		9.994	104.95	107.48	206.74	109.04	1.03
Error estándar (promedio)		0.898	1.578	1.683	10.904	8.798	0.095

" , \*= Niveles de significancia al 0.01 y 0.05, respectivamente. ns = No significativo.

REN = Rendimiento en mazorca; FM = Floración masculina; FF = Floración femenina; APTA = Altura de planta; AMAZ = Altura de mazorca; PRO = Prolificidad.

Para la fuente de variación repeticiones se observa que en las dos localidades las variables tuvieron comportamientos diferentes. Solo en Cotaxtla se encontró diferencias significativas en altura de planta y mazorca ( $P < 0.05$ ), indicando que el bloqueo general otorgado por la repetición mostró eficiencia para estas variables. Para la fuente de variación bloques dentro de repeticiones para la localidad de Cotaxtla, tan solo hubo diferencia significativa ( $P < 0.05$ ) para la variable altura de mazorca, en tanto que en Tepalcingo, correspondieron las diferencias estadísticas al nivel de  $P < 0.01$  para rendimiento, floración masculina y femenina, altura de planta y de mazorca, indicándonos que el efecto de bloqueo dentro de la repetición dentro del diseño experimental fue eficiente al detectar diferencias.

Con respecto a la fuente de variación tratamientos (cruzas simples) en las dos localidades, mostraron que genéticamente se presentan diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ) en todas las variables a excepción de prolificidad en Cotaxtla, que fue no significativa y en Tepalcingo, la altura de mazorca ( $P < 0.05$ ) y no significancia para altura de planta. Lo anterior, en forma general muestra que en las cruza de prueba existe diversidad en las fuentes de germoplasma y que presentan rendimientos y características agronómicas superiores y estadísticamente diferentes entre éstas.

Los coeficientes de variación (CV) encontrados en cada localidad, con respecto a rendimiento y a las características agronómicas indican que los valores son bajos, y aceptables, con un rango que va de 1.67 a 13.81%, lo cual demuestra la confiabilidad en la conducción de los experimentos (Cuadro 4).

**Análisis de Varianza Combinado.** En el Cuadro 5 se presentan los cuadrados medios de los análisis de varianza combinado para cada una de las variables evaluadas.

En la fuente de variación localidades se presentaron diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ) en las variables REN, FM y FF, y significativas ( $P < 0.05$ ) para APTA, AMAZ y PRO, debido esto a las diferencias de las condiciones agroclimáticas de los lugares donde se establecieron los experimentos lo cual permitió la expresión contrastada de las características de los materiales.

Diferencias altamente significativas se obtuvieron en la fuente de variación bloques dentro de repeticiones por localidades, en todas las variables a excepción de prolificidad, indicándonos que en las localidades el efecto de bloque del diseño experimental fue efectivo, al extraer diferencias del bloqueo interno dentro de las repeticiones y realizar ajustes entre éstos.

La fuente de variación tratamientos mostró diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ) en las variables, REN, FM, FF, APTA, AMAZ y no significativa para PRO, mostrando lo anterior la diversidad genética detectada en las cruzas evaluadas, lo cual permitió además prever que se puede realizar una selección entre éstas, puesto que al menos un genotipo a través de localidades es superior en las variables en estudio a excepción de la característica de prolificidad que tiene similar comportamiento.

Cuadro 5. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado para las cruzas de prueba de criollos por probadores poblaciones en las localidades de Cotaxtla, Ver., 1997 y Tepalcingo, Mor., en el ciclo invierno-primavera 1998-99.

Fuentes de variación	GL	REN t	FM	FF	APTA cm	AMAZ cm	PRO m/p
Localidad (Loc)	1	280.301 **	218006.973 **	233136.144 **	35279.850 *	55015.210 *	0.953 *
Repeticiones(Rep.)/Loc.	2	0.741 ns	24.757 ns	29.996 ns	1174.791 ns	796.806 ns	0.042 ns
Bloques/Rep./Loc.	36	3.450 **	8.824 **	8.940 **	399.263 **	335.291**	0.014 ns
Tratamientos	85	4.495 **	9.409 **	9.442 **	374.746 **	303.711**	0.018 ns
Tratamientos* Loc.	85	1.885 **	4.295 "	4.210 **	171.151 ns	166.869 *	0.013 ns
Error	134	1.173	2.334	2.675	160.801	109.484	0.017
CV (%)		11.94	1.92	2.01	5.84	8.60	13.35
Media		9.071	79.62	81.29	216.98	121.67	0.98
Error estándar (promedio)		0.588	0.858	0.918	6.933	5.765	0.065

\*\* , \*= Niveles de significancia al 0.01 y 0.05, respectivamente. ns = No significativo.

REN = Rendimiento en mazorca; **FM** = Floración masculina; FF = Floración femenina; APTA = Altura de planta; AMAZ = Altura de mazorca; PRO = Prolificidad.

Con respecto a la fuente de variación de la interacción tratamiento por localidades se detectó significancias (**P** < 0.01) para REN, FM y FF, y (P < 0.05) para AMAZ, lo cual se debió a la diferencia de comportamiento y adaptabilidad de las cruzas permitida en las localidades de estudio.

Los valores encontrados para el coeficiente de variación (CV) nos muestran una buena confiabilidad de los resultados obtenidos, los cuales se ubicaron entre un rango de 1.92 a 13.35%.

**Características Agronómicas de las Cruzas Simples.** En el Cuadro 6 se presentan las mejores 20 cruzas simples seleccionadas de criollos por probadores poblaciones a través de localidades. Los criterios establecidos en la selección en cada una de las variables se realizó con base en la distribución normal de las medias. A la variable rendimiento se le otorgó la mayor importancia, la variable prolificidad la segunda, y a las variables altura de planta y mazorca, se les dio un valor intermedio, en tanto que a las variables floración masculina y femenina fueron las de valor inferior.

En la selección de las cruzas simples se observa altos potenciales de rendimiento en mazorca, al encontrarse resultados que superan al mejor probador en 18%; con respecto a la media general, se observó un incremento de 2.574 t ha<sup>1</sup>, correspondiendo este valor a la mejor cruz seleccionada CHIS567\*P01321 (Cuadro 6).

Cuadro 6. Selección de las mejores 20 cruza simples de criollos por probadores poblaciones a través de las localidades de Cotaxtla, Ver., y Tepalcingo, Mor., con base en el desempeño de rendimiento y características agronómicas.

Cruzas	Rendimiento t ha <sup>1</sup>	Floración masculina d	Floración Femenina d	Altura de planta cm	Altura de mazorca cm	Prolificidad m/p
CH1S567*P0B21(TM)	11.430	81	83	218	132	1.11
CUBA94*P0B21	11.002	80	82	245	133	1.02
RDOMGP13*POB21(C)	10.925	79	80	215	117	0.99
CUBA24*POB21(C)	10.832	79	82	237	133	1.01
PUERGP5A*P0B21(C)	10.829	82	83	216	119	1.12
CUBA165*POB21(C)	10.789	78	80	229	128	1.05
CUBA160*P0B21(C)	10.769	79	81	210	118	1.00
TAM131*P0B32(TM)	10.676	82	84	239	134	1.11
SIN70*P0B21(TM)	10.637	80	82	231	133	1.03
TAM146*POB21(TM)	10.629	79	80	201	111	1.15
SCRO2*POB21(C)	10.428	80	81	220	124	1.05
TAM129*POB21(TM)	10.421	80	82	225	133	0.88
S0N72*P0B21(TM)	10.261	79	81	209	121	1.02
JAL285*POB21(C)	10.243	80	82	229	120	0.90
TAM131*POB21(TM)	10.236	85	86	244	144	0.97
CUBA137*P0B21(C)	10.219	80	82	223	138	1.00
CUBA137*P0B32(C)	10.116	80	82	219	127	1.02
CH15463*P0B32(TM)	9.953	79	80	214	123	1.04
CUBA142*POB21(C)	9.916	81	83	223	129	1.11
RDOM119*P0B21(C)	9.911	79	80	221	111	1.09
Media general	8.856	79	81	215	120	0.98
Error estándar (promedio)	0.588	0.858	0.918	6.933	5.765	0.065
Máximo general	11.430	86	87	264	167	1.14
Mínimo general	6.615	74	76	193	100	0.54
Probadores						
POB21 C2	9.695	81	83	204	107	0.98
POB32 C2	8.512	81	82	198	97	0.95

(C) = Germoplasma del Caribe; (TM) = Germoplasma Tropical Mexicano.

Tomando en cuenta los valores máximos y mínimos obtenidos de las variables correspondientes a las cruza y probadores, muestra la amplia variabilidad de los genotipos evaluados. Por otra parte, el mayor porcentaje de las accesiones (60%) que conformaron las cruza simples seleccionadas correspondieron al germoplasma del Caribe.

Es importante resaltar que la selección de las cruzas obedece al comportamiento *per se*, sin considerar el tipo de probador. Por esta razón, solo tres cruzas de las 20 corresponden a la crusa con la población 32, indicando el efecto sobresaliente de la Pob21 usada como probador. Asimismo, considerando los criterios de la selección anterior, las accesiones responden de manera diferencial a la crusa con los probadores. Sin embargo, se puede observar que las accesiones CUBA137 y TAM131 combinan satisfactoriamente con los dos probadores (Cuadro 6).

**Análisis Genético de Criollos por Probadores Poblaciones.** El análisis genético se realizó para la variable principal del componente genético, que lo constituye el rendimiento, siendo evaluadas mediante un análisis factorial de  $2 \times 42$ , el cual se presenta a través de localidades y por localidad en el Cuadro 7.

Para la fuente de variación de localidades presentó diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ) indicando que los genotipos expresaron comportamientos diferentes entre las dos localidades y que es de gran importancia realizar estos estudios en más de una localidad. De la misma manera, se encontraron diferencias estadísticas ( $P < 0.01$ ) en las fuentes de variación bloques dentro de repetición dentro de localidades, accesiones, probadores, accesiones por probadores, localidad por accesiones y de localidad por probadores. Considerando la información anterior, es importante comentar los resultados de las dobles interacciones como son  $Acc.*Prob.$ ,  $Acc.*Loc.$  y  $Prob.*Loc.$

La interacción  $Acc.*Prob.$  indica la respuesta de las accesiones a cada uno de los probadores utilizados. Es decir, se puede identificar a grupos de accesiones que

combinan bien con cada probador, lo que permitirán discriminarlos para estudios posteriores del uso de este germoplasma. Evidencia de la discriminación de accesiones con base al comportamiento *per se* se puede observar en el Cuadro 6.

Cuadro 7. Cuadrados medios de los análisis de varianza combinado y por localidad de la evaluación genética para las cruzas de criollos por probadores poblaciones en las localidades de Cotaxtla, Ver., 1997 y Tepalcingo, Mor., en el ciclo invierno-primavera 1998-99.

Fuentes de variación	GL	REN t ha <sup>-1</sup>	
		Cotaxtla	Tepalcingo
Repeticiones	1	0.170 ns	1.214 ns
Bloques/Repeticiones	18	0.798 ns	5.631 **
Accesiones	41	2.700 **	2.901 **
Probadores	1	103.090**	18.493**
Accesiones * Probadores	41	1.588 ns	2.374 *
Error	65	1.058	1.342
CV (%)		12.58	11.55
Media		8.177	10.030
<b>Combinado</b>			
Localidades (Loc)	1	279.937 **	
Repeticiones(Rep)/Loc.	2	0.692 ns	
Bloques/Rep./Loc.	36	3.214 **	
Accesiones (Acc.)	41	3.231 **	
Probadores (Prob.)	1	103.475 "	
Acc.*Prob.	41	2.898 **	
Loc.*Acc.	41	2.257 **	
Loc.*Prob.	1	16.172 **	
Loc.*Acc.*Prob.	41	1.011 ns	
Error	130	1.200	
CV (%)		12.03	
Media		9.104	

\*\* = Niveles de significancia al 0.01 y 0.05, respectivamente. ns = No significativo.  
REN = Rendimiento en mazorca; t ha<sup>-1</sup> = Toneladas por hectárea.

La interacción localidades\*accesiones indica que las accesiones utilizadas en el estudio tienen una expresión fenotípica en cada ambiente y que el aumento a la interacción Acc.\*Prob., hace que se dificulte la selección de cruzas en forma *per se*. De igual manera, los probadores tuvieron un comportamiento diferente en las dos localidades, lo cual queda demostrado con la significancia estadística de Loc.\*Prob.

El análisis de los resultados por cada localidad permite observar que en la fuente de variación accesión se encontró diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ) en Cotaxtla y Tepalcingo, lo que indica que las cruza simples pudieron expresar la variabilidad y permitir de esta forma una selección de los genotipos. La fuente de variación probadores presentó diferencias significativas al nivel de 0.01 de probabilidad en Cotaxtla y Tepalcingo, dejando inferir que la variable rendimiento fue expresada eficientemente por los dos probadores en las dos localidades, lo cual representa además la característica de mayor importancia y cumple con los objetivos establecidos en el estudio para definir las mejores cruza. En las fuentes de variación de la interacción de accesión por probadores en Cotaxtla no se encontró diferencias estadísticas, en tanto que en Tepalcingo se encontró únicamente diferencias significativas ( $P < 0.05$ ), lo cual nos indica que para la variable rendimiento permite realizar selección. Los coeficientes de variación (CV) estimados en los análisis genéticos, tanto para el combinado y por localidad se presentan en el Cuadro 7, los valores demuestran una aceptable confiabilidad en los datos en la conducción de los experimentos.

**Aptitud Combinatoria.** De acuerdo con los análisis de varianza y basados en la demostración que se tiene variabilidad genética, se procedió a seleccionar los materiales con base en la aptitud combinatoria, tomándose como referencia la variable rendimiento y ordenas por clasificación (C) descendente, mostrándose en las respectivas columnas de clasificación (C) el lugar ocupado en cada uno de sus análisis individuales. Los análisis se realizaron a través de localidades y por localidad para ACE y ACG.

**Efecto de la Aptitud Combinatoria Específica (ACE).** Con base en los valores de las medias ajustadas de la variable de REN se realizó el análisis combinado y por localidad de la ACE para las cruzas simples. En el Cuadro 8 se presentan las mejores trece cruzas simples para ACE. El análisis combinado para las trece cruzas seleccionadas muestra para la variable rendimiento efectos positivos con un rango de ACE que va de 1.415 a 0.672 t ha<sup>-1</sup>, siendo la cruz CHIS567\*POB21 la de mayor ACE con 1.415 t ha<sup>-1</sup>, y por otra parte, fue en Tepalcingo donde se obtuvo los valores más altos, presentando también la cruz CHIS567\*POB21 como la de mayor valor de ACE (1.792 t ha<sup>-1</sup>).

Cuadro 8. Efecto de la aptitud combinatoria especifica (ACE) para las mejores trece cruzas respecto al rendimiento a través de localidades y por localidad en las evaluaciones de criollos por probadores poblaciones.

Cruzas simples	Combinado			Cotaxtia			Tepalcingo		
	C	ACE	REN t ha <sup>-1</sup>	C	ACE	REN t	C	ACE	REN t ha <sup>-1</sup>
CH1S567*90B 21	1	1.415	11.430	6	1.039	11.095	1	1.792	11.765
PUERGP5A*POB 21	2	1.148	10.829	21	0.534	10.525	2	1.763	11.134
0AX220*POB 32	3	0.987	9.076	17	0.598	7.528	5	1.376	10.624
CUBA3*POB 21	4	0.917	9.631	4	1.229	10.012	19	0.605	9.250
PUERB*POB 32	5	0.881	9.970	12	0.662	7.227	7	1.100	10.714
CHS463*POB 32	6	0.858	9.953	2	1.313	9.068	28	0.404	10.838
TAM146*POB 21	7	0.848	10.629	11	0.716	9.554	9	0.980	11.704
TAM131*POB 32	8	0.811	10.676	16	0.630	10.106	8	0.993	11.246
SCRO2*POB 21	9	0.772	10.428	49	-0.164	8.290	4	1.707	12.566
CUBA142*POB 21	10	0.745	9.916	3	1.283	10.168	32	0.207	9.663
C0L54*POB 32	11	0.737	9.038	13	0.656	8.037	13	0.817	10.039
CUBA24*POB 21	12	0.727	10.832	7	0.976	10.089	26	0.477	11.574
CH1S299*POB32	13	0.672	7.821	58	-0.400	6.248	3	1.744	9.393

C = Clasificación del efecto ACE en cada cruz simple; REN = Rendimiento en mazorca; t ha<sup>-1</sup> = Toneladas por hectárea.

Al comparar las cruzas simples seleccionadas con base al comportamiento *per se* (Cuadro 6), se observa que ocho cruzas son comunes Cuadro 8. De éstos, seis accesiones fueron cruzadas con la Pob21 y dos con la Pob32 (Cuadro 8). La selección con base a ACE muestra que la Pob21 es el mejor probador en la discriminación de las accesiones evaluadas en el presente trabajo. Asimismo, se observa en el Cuadro 8 que

los valores de ACE son diferentes en cada localidad, esto como resultado de la interacción Acc.\*Pro. Con respecto a la interacción, solo dos accesiones mostraron efectos de ACE negativos en Cotaxtla, los cuales son: SCRO2 y CHIS299 que fueron cruzados con Pob21 y Pob32, respectivamente.

**Efecto de la Aptitud Combinatoria General (ACG).** El efecto de la ACG, se presenta en el Cuadro 9. La variable rendimiento presentó efectos de ACG positivos tanto para el combinado como por localidad, en las 13 accesiones seleccionadas por mejor comportamiento, a excepción del efecto de Tepalcingo en la accesión CUBA94. El rango de ACG para el combinado presentó valores de 1.353 a 0.433 t ha<sup>-1</sup>, y la localidad de Cotaxtla presentó los mayores valores con un rango de 2.189 a 0.016 t ha<sup>-1</sup>.

Cuadro 9. Efecto de la aptitud combinatoria general (ACG) para las mejores trece accesiones respecto a la variable de rendimiento a través de localidades y por localidad en las evaluaciones de criollos por probadores poblaciones.

Accesiones	Combinado			Cotaxtla			Tepalcingo		
	C	ACG	REN t ha <sup>-1</sup>	C	ACG	REN t ha <sup>-1</sup>	C	ACG	REN t ha <sup>-1</sup>
TAM131	1	1.353	10.456	2	2.189	10.366	16	0.517	10.547
CUBA137	2	1.064	10.167	4	1.084	9.261	4	1.043	11.074
JAL285	3	0.834	9.938	3	1.182	9.359	17	0.486	10.517
SIN70	4	0.797	9.901	16	0.152	8.329	1	1.443	11.473
RDOMGPI3	5	0.731	9.835	13	0.271	8.448	2	1.192	11.222
CUBA94	6	0.677	9.780	1	2.194	10.371	35	-0.840	9.190
PUER3	7	0.647	9.750	17	0.130	8.306	3	1.164	11.194
RDOM119	8	0.624	9.728	7	0.565	8.742	11	0.683	10.714
CHIS463	9	0.582	9.686	9	0.468	8.644	9	0.697	10.728
CUBA160	10	0.564	9.667	15	0.237	8.414	7	0.891	10.921
CUBA165	11	0.506	9.610	12	0.357	8.534	12	0.655	10.685
S0N72	12	0.486	9.590	22	0.016	8.193	6	0.957	10.987
TAM129	13	0.433	9.537	14	0.256	8.433	13	0.611	10.641

C = Clasificación del efecto ACG en cada accesión; REN = Rendimiento en mazorca; t ha<sup>-1</sup> = Toneladas por hectárea.

De las 13 accesiones seleccionadas con base en ACG (Cuadro 9), solo la accesión PUER3 no participó en las cruza seleccionadas con base al comportamiento *per se* (Cuadro 6). Lo anterior demuestra que en la selección de cruza en forma *per se*, se

encuentran confundidos los efectos genéticos, indicando con esto, la importancia del análisis genético para identificar cruzas específicas que suelen utilizarse con objetivos muy particulares en las siguientes fases del programa de utilización de germoplasma.

**Efecto de la Aptitud Combinatoria de los Probadores.** El desempeño de los probadores para estimar el efecto de ACG en la variable rendimiento se presenta en el Cuadro 10. A través de localidades y por localidad el mayor efecto para ACG correspondió para el probador Población 21 (POB21 C2).

Cuadro 10. Efecto de la aptitud combinatoria general (ACG) para los probadores respecto a la variable de rendimiento a través de localidades y por localidad en las evaluaciones de criollos por probadores poblaciones.

Probador	REN			REN			REN		
	C	ACG	t ha'	C	ACG	t ha <sup>-1</sup>	C	ACG	t
	Combinado			Cotaxtla			Tepalcingo		
P0821 C2	1	0.592	9.066	1	0.889	9.066	1	0.294	10.324
P0832 C2	2	-0.592	8.511	2	-0.889	7.287	2	-0.294	9.737

C = Clasificación del efecto ACG en cada probador, REN = Rendimiento en mazorca; t ha<sup>-1</sup> = Toneladas por hectárea.

**Estructura Genética.** En el Cuadro 11 se observa la estructura genética de las mejores veinte (20) cruzas simples seleccionadas con base en el desempeño promedio de la variable rendimiento, indicando además, los efectos de ACG y la ACE a través de localidades. Las 20 cruzas simples corresponden a las cruzas seleccionadas con base al comportamiento *per se* de rendimiento y características agronómicas (Cuadro 6). El mejor comportamiento de las cruzas de prueba correspondió a RDOMGP13\*P01321 con un rendimiento de 10.925 t ha<sup>-1</sup>, aportado por la media de rendimiento 9.104 t ha<sup>-1</sup> y por los efectos genéticos de las accesión (ACG,) con 0.731 t ha<sup>-1</sup>, por el efecto de la craza del probador (ACG) con 0.592 t ha<sup>-1</sup> y por el efecto de la craza accesión por probador

(ACE1) en 0.499 t ha<sup>-1</sup>. En tanto que para la segunda cruz de mejor comportamiento fue para CUBA160\*P0B21.

Cuadro 11. Estructura genética de las mejores veinte cruzas de criollos por probadores poblaciones a través de localidades con base en la variable rendimiento.

Cruzas simples	Rendimiento t ha <sup>-1</sup>	Media rend. t	ACG; Accesión	ACG; Probador	ACE <sub>ri</sub> Acc. * Prob.
RDOMGP13*P0B21(C)	10.925	9.104	0.731	0.592	0.499
CUBA160*P0B21(C)	10.769	9.104	0.564	0.592	0.510
SCRO2*P0B21(C)	10.428	9.104	-0.039	0.592	0.772
CH1S567*P0B21(TM)	11.430	9.104	0.320	0.592	1.415
CUBA165*P0B21(C)	10.789	9.104	0.506	0.592	0.588
S0N72*P0B21(TM)	10.261	9.104	0.486	0.592	0.080
CUBA137*P0B32(C)	10.116	9.104	1.064	-0.592	0.540
PUERGP5A*P0B21(C)	10.829	9.104	-0.014	0.592	1.148
S IN70*P0B21(TM)	10.636	9.104	0.797	0.592	0.144
CHIS463*P0B32(TM)	9.953	9.104	0.582	-0.592	0.858
CUBA24*POB21(C)	10.832	9.104	0.409	0.592	0.727
CUBA137*P0B21(C)	10.219	9.104	1.064	0.592	-0.540
RDOM119*P0B21(C)	9.912	9.104	0.624	0.592	-0.408
JA1285*P0B21(C)	10.243	9.104	0.834	0.592	-0.286
CUBA142*P0B21(C)	9.916	9.104	-0.524	0.592	0.745
CUBA94* POB21	11.002	9.104	0.677	0.592	0.630
TAM129*P0B21(TM)	10.421	9.104	0.433	0.592	0.293
TAM146*P0B21(TM)	10.629	9.104	0.086	0.592	0.848
TAM131*P0B32(TM)	10.676	9.104	1.353	-0.592	0.811
TAM131*P0B21(TM)	10.237	9.104	1.353	0.592	-0.811

ACG<sub>i</sub> = Aptitud combinatoria general aportada por la accesión; ACG<sub>i</sub> = Aptitud combinatoria general aportada por el probador; ACE<sub>ri</sub> = Aptitud combinatoria específica aportada por la cruz.

La estructura genética para las 20 cruzas seleccionadas muestra que los efectos de ACE de CHIS567\*P0B21 y PUERGP5A\*P0B21 fueron altos (ACE > 1.0 t ha<sup>-1</sup>), un efecto intermedio (ACE 1.0-0.5 t ha<sup>-1</sup>) mostraron CUBA160\*P0B21, SCRO2\*P0B21, CUBA165\*P0B21, CUBA137\*P0B32, CHIS463\*P0B32, CUBA24\*POB21, CUBA142\*POB21, CUBA94\*POB21, TAM146\*P0B21 y TAM131\*P0B32, y fueron bajos (ACE 0.5-0.0 t ha<sup>-1</sup>) con respecto a RDOMGP13\*P0B21, SON72\*POB 21 y SIN70\*P0B21, mientras que con el resto de las cruzas su efecto fue negativo.

El efecto del probador población 21 en las cruzas, presentó una ACG de efecto aditivo (ACG 0.592 t ha<sup>-1</sup>), en tanto que el probador población 32, el efecto fue no aditivo (ACG -0.592 t ha<sup>-1</sup>), siendo su efecto contribuido por el ACE. Los efectos de ACG más altos en las accesiones se obtuvieron en TAM131, CUBA137 y JAL285.

De las 20 cruzas seleccionadas (Cuadro 11), se pueden identificar tres grupos de accesiones. En el primer grupo pueden agruparse a seis accesiones con buen ACG promedio (TAM131, CUBA137, JAL285, RDOM119, SIN70 y SON72); el segundo grupo puede constituirse de seis accesiones con buen ACE con el probador (CHIS567, PUERGP5A, SCRO2, CHIS463, CUBA142 y TAM146); y finalmente, un grupo donde pueden agruparse a seis accesiones con un efecto compartido entre la accesión, el probador y Acc\*Prob. (RDOMGP13, CUBA160, CUBA165, CUBA24, CUBA94 y TAM129).

## **Experimento II. Criollos por Probadores Líneas**

Las cruzas simples de prueba para las accesiones de criollos por probadores líneas para cada una de las localidades y para combinado son evaluadas a través de análisis *de* varianza, efectos de la aptitud combinatoria específica y general, como también, por medio del comportamiento de la estructura genética.

**Análisis de Varianza Individual.** Los cuadrados medios de los análisis de varianza para las localidades de Cotaxtia, Ver. y Tepalcingo, Mor. respecto a las variables REN, FM, FF, APTA, AMAZ y PRO, se presentan en el Cuadro 12.

Cuadro 12. Cuadrados medios de los análisis de varianza para las cruzas de criollos por probadores líneas en las localidades de Cotaxtla, Ver., 1997 y Tepalcingo, Mor., en el ciclo invierno-primavera 1998-99.

Fuentes de variación	GL	REN t ha <sup>3</sup>	FM d	FF d	APTA cm	AMAZ cm	PRO m/p
<b>Localidad: Cotaxtla</b>							
Repeticiones	1	5.400 ns	1.036 ns	0.381 ns	621.564 ns	1084.573 ns	0.002 ns
Bloques/Repeticiones	12	1.314 ns	0.674 ns	0.769 ns	185.554 ns	141.726 *	0.009 ns
Tratamientos	39	3.498 **	2.688 **	2.944 **	291.798 **	247.705 **	0.027 **
Error	27	1.081	0.506	0.716	92.450	64.936	0.008
CV (%)		12.47	1.28	1.51	4.09	5.85	9.46
Media		8.341	55.70	56.18	234.93	137.79	0.95
Error estándar (promedio)		0.789	0.526	0.602	7.801	7.123	.064
<b>Localidad: Tepalcingo</b>							
Repeticiones	1	2.291 ns	2.371 ns	0.092 ns	76.022 ns	1174.356 ns	0.077 ns
Bloques/Repeticiones	12	2.741 *	7.185 **	6.465 *	975.108 "	628.825 "	0.014 ns
Tratamientos	39	2.895 **	13.869 **	12.626 **	267.490 *	266.151 ns	0.034 **
Error	27	1.126	2.177	2.367	127.915	156.763	0.012
Total	79	2.577	10.068	14.298	373.402	357.945	0.026
CV (%)		10.20	1.36	1.387	5.42	11.14	9.67
Media		10.402	108.59	110.88	208.63	112.44	1.115
Error estándar (promedio)		0.838	1.193	1.221	9.975	10.519	0.083

\*\* , \* = Niveles de significancia al 0.01 y 0.05, respectivamente. ns = No significativo.

REN = Rendimiento en mazorca; FM = Floración masculina; FF = Floración femenina; APTA = Altura de planta; AMAZ = Altura de mazorca; PRO = Prolificidad.

En la fuente de variación repeticiones no se presentaron significancias estadísticas en todas las variables en estudio en las dos localidades, mostrando que el bloqueo general que marca la repetición no detectó diferencias entre éstas. En cuanto a la fuente de variación de bloques dentro de repeticiones en la localidad de Cotaxtla tan solo se encontró diferencias significativas al nivel del 0.05 de probabilidad en las variable AMAZ y para Tepalcingo, se encontró diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ) para las variables FM, APTA y AMAZ, y diferencias significativas ( $P < 0.05$ ) para REN y FF, lo cual deja prever que el bloqueo interno en la repetición fue eficiente en estas variables.

Para la fuente de variación tratamientos (cruzas), fueron establecidas diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ) en todas las variables en la localidad de Cotaxtla, y en Tepalcingo mostraron diferencias significativas al nivel de 0.01 de probabilidad en la variables REN, FM, FF y PRO, y del 0.05 de probabilidad para APTA. Los resultados obtenidos indican que en las variables con niveles de significancia, son efectos debidos a la variabilidad genética de los materiales en estudio.

Los coeficientes de variación (CV) mostraron valores bajos distribuyéndose entre 1.28 a 12.47%, dejando prever la uniformidad y confiabilidad del manejo de los experimentos.

**Análisis de Varianza Combinado.** Los análisis se realizaron con base en la variable REN, FM, FF APTA, AMAZ y PRO, los cuales se presentan en el Cuadro 13.

Cuadro 13. Cuadrados medios de los análisis de varianza combinado para las cruzas de prueba de criollos por probadores líneas en las localidades de Cotaxtla, Ver., 1997 y Tepalcingo, Mor., en el ciclo invierno-primavera 1998-99.

Fuentes de variación	GL	REN t ha <sup>-1</sup> d	FM	FF d	APTA cm	AMAZ cm	PRO mlp
Localidad (Loc.)	1	166.830 *	110444.986 **	118309.847 **	26914.909 *	25102.673 *	1.139 *
Repeticiones (Rep.)/Loc.	2	3.846 ns	1.704 ns	0.237 ns	348.793 ns	1129.465 ns	0.039 ns
Bloques / Rep. / Loc.	24	2.027 *	3.930 **	3.617 **	580.331 **	385.275 **	0.011 ns
Tratamientos (Trt.)	39	3.199 **	10.850 **	10.013 **	396.610 **	291.660 **	0.048 **
Trt.*Loc.	39	2.902 **	3.814 **	3.591 **	155.340 ns	221.268 **	0.013 ns
Error	54	1.104	1.341	1.541	110,182	110.849	0.010
CV (%)		11.21	1.41	1.49	4.73	8.42	9.62
Media		9.372	82.14	83.53	221.77	125.11	1.03
Error estándar (promedio)		0.580	0.655	0.687	6.299	6.372	0.053

\*\* , \* = Niveles de significancia al 0.01 y 0.05, respectivamente. ns = No significativo.

REN = Rendimiento en mazorca; FM = Floración masculina; FF = Floración femenina; APTA = Altura de planta; AMAZ = Altura de mazorca; PRO = Prolificidad.

En la fuente de variación de localidades se encontró diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ) en las variables FM y FF, y de diferencias significativas ( $P < 0.05$ ) en REN, APTA y AMAZ; las diferencias observadas demuestran que las evaluaciones se realizaron en dos ambientes contratantes. Para la fuente de variación repeticiones dentro de localidades no se presentaron diferencias estadísticas, indicando que las condiciones ambientales en cada repetición fueron similares. Por otra parte, para la fuente de variación bloques dentro de repeticiones dentro de localidades se encontraron diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ) para FM, FF, APTA y AMAZ, y al nivel del 0.05 de probabilidad para REN, mostrando que el diseño utilizado permitió considerar la variación dentro de las repeticiones y de esta manera mejorar la precisión del mismo en las variables antes mencionadas.

Para la fuente de variación tratamientos mostraron diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ) en todas las variables, lo que indica que entre las cruzas existe variabilidad y que es posible seleccionar genotipos para las variables en estudio, acción manifestada tanto por las accesiones como por los probadores que intervinieron en las cruzas. La fuente de variación de la interacción tratamientos por localidad presentó tan solo diferencias al nivel de 0.01 de probabilidad en las variables REN, FF, FM y AMAZ, lo anterior muestra la variabilidad genética de los materiales al ser favorecida por el desarrollo del estudio en ambientes diferentes y que por lo menos en alguno de éstos se puede expresar una o más variables en estudio. Los valores de los coeficientes de variación (CV) nos indican que los resultados obtenidos son confiables y estos se ubicaron dentro del rango de 1.41 a 11.21%.

**Características Agronómicas de las Cruzas.** La selección de las mejores 20 cruzas simples de criollos por probadores líneas a través de localidades se observa en el Cuadro 14. En la selección de las cruzas simples se realizó considerando la distribución normal de las medias de cada una de las variables. La variable rendimiento fue considerada la de mayor importancia para establecer la clasificación, seguida por prolificidad, luego por altura de planta y mazorca, en tanto que para las variables floraciones masculina y femenina tuvieron una menor consideración.

Cuadro 14. Selección de las mejores 20 cruzas simples de criollos por probadores líneas a través de las localidades Cotaxtia, Ver., y Tepalcingo, Mor., con base en el desempeño de rendimiento y características agronómicas.

Cruzas	Rendimiento t ha"	Floración masculina d	Floración Femenina d	Altura de planta cm	Altura de mazorca cm	Prolificidad m/p
CUBA79*CML-254(C)	12.278	82	84	223	124	1.09
CUBA134*CML-254(C)	11.130	84	85	220	135	1.22
PUERGP5A*CML-254(C)	11.998	83	79	233	139	1.09
SIN70*CML-247(TM)	10.005	81	83	223	127	0.93
CUBA77*CML-254(C)	10.148	83	84	228	134	1.07
CUBA130*CML-254(C)	9.957	84	85	222	129	1.09
CUBA72*CML-254(C)	10.856	84	85	239	132	1.15
PUER24*CML-247(C)	9.807	82	84	217	119	0.95
CH1S429*CML-247(TM)	9.974	83	84	221	116	0.90
CHIS645*CML-247(TM)	9.893	83	84	227	134	1.08
COAH53*CML-247(TM)	9.599	82	82	221	124	1.03
SON72*CML-254(C)	9.694	82	85	216	115	1.12
CUBA28*CML-254(C)	11.126	81	82	231	135	1.37
RDOMGP12*CML-247	9.457	81	84	231	127	1.01
BACS12*CML-254(TM)	9.359	81	81	207	128	1.18
PUER8*CML-254(C)	9.468	84	85	229	130	1.10
COAH53*CML-254(TM)	10.232	85	88	234	140	1.12
DUR86*CML-254(TM)	9.952	77	79	221	115	1.29
CUBA163*CML-254(C)	9.547	84	85	244	116	1.08
VER147*CML-254(TM)	9.837	84	86	247	141	1.05
Media general	9.371	82	84	<u>222</u>	125	1.03
Error estándar (promedio)	0.580	0.655	0.687	6.299	6.372	0.053
Máxima general	13.587	86	87	262	162	1.40
Mínima general	4.922	76	77	178	102	0.69

(C) = Germoplasma del Caribe; (TM) = Germoplasma Tropical Mexicano.

Una alta variabilidad se observa al detallar los valores de las medias de las variables en estudio, con relación a los rangos máximos y mínimos, dejan prever que las accesiones provenientes del Caribe como del Trópico Mexicano poseen componentes genéticos diferentes, al igual que las líneas probadores. De las 20 cruzas seleccionadas el 55% correspondió al germoplasma del Caribe y el 45% al Tropical Mexicano. Las primeras tres cruzas tuvieron participación de germoplasma del Caribe y del probador línea CML-254 contribuyó en las tres primeras. La principal crusa seleccionada correspondió a CUBA79\*CML-254 y en segundo lugar a CUBA134\* CML-254. Se puede observar en el Cuadro 14, que 14 de las 20 cruzas seleccionadas corresponden a la crusa de accesiones con la línea CML-254; y seis con la línea CML-247, lo cual indica la contribución del probador en las cruzas con las accesiones para poder agrupar las accesiones en función de un grupo heterótico.

**Análisis Genético Criollos por Probadores Líneas.** Los análisis de varianza para las cruzas simples en las localidades de Cotaxtla y Tepalcingo, y combinado, fueron realizados por medio de un análisis factorial de 2x31 (Cuadro 15).

El análisis combinado referente a fuente de variación localidades presentó diferencias significativas ( $P < 0.05$ ), indicando poseer las localidades condiciones contrastantes climatológicas y/o edáficas que favorecieron la expresión de las características de los materiales.

En la fuente de variación accesiones se encontraron diferencias estadísticas altamente significativas ( $P < 0.01$ ), lo cual indica la variabilidad de las accesiones para

combinarse y la potencialidad para suministrar altos rendimientos. En tanto que para la fuente de variación probadores no se encontró diferencias estadísticas a través de localidades. En la fuente de variación de la interacción accesiones por probadores se presentaron diferencias significativas al nivel de 0.05, lo cual muestra que el comportamiento de los probadores con las diferentes accesiones presentan diferencias al realizarse las cruas.

Cuadro 15. Cuadrados medios de los análisis de varianza combinado y por localidad de la evaluación genética del rendimiento para las cruas de criollos por probadores líneas en las localidades de Cotaxtla, Ver., 1997 y Tepalcingo, Mor., en el ciclo invierno-primavera de 1998-99.

Fuentes de variación	GL	REN t ha <sup>-1</sup>	
		Cotaxtla, Ver.	Tepalcingo, Mor.
Repeticiones	1	6.914 ns	2.617 ns
Bloques/Repeticiones	12	1.374 ns	2.772 *
Accesiones	30	2.819 "	2.992 '
Probadores	1	9.245 '	3.046 ns
Accesiones *	7	2.817 *	2.184 ns
Probadores Error	26	0.956	1.147
CV (%)		11.76	10.257
Media		8.319	10.442
Combinado			
Localidades (Loc.)	1	155.987 *	
Repeticiones(Rep)/Loc.	2	4.765 ns	
Bloques/Rep./Loc.	24	2.073 *	
Accesiones (Acc.)	30	2.945 "	
Probadores (Prob.)	1	0.914 ns	
Acc.*Prob.	7	2.731	*
Loc.*Acc.	30	2.656 **	
Loc.*Prob.	1	11.524 **	
Loc.* Acc.*Prob.	7	2.060 ns	
Error	52	1.052	
CV (%)		10.93	
Media		9.380	

\*\* , \* = Niveles de significancia al 0.01 y 0.05, respectivamente. ns = No significativo.  
REN = Rendimiento en mazorca; t ha<sup>-1</sup> = Toneladas por hectárea.

Para la fuente de variación de la interacción de localidad por accesión se encontró diferencias altamente significativas (P < 0.01), lo anterior indica que los efectos de las accesiones en las localidades muestran capacidad para diferenciar materiales por su

capacidad de rendimiento. Para la fuente de variación de la interacción de localidad por probador encontró diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ), lo que indica que (os probadores presentaron la habilidad de diferenciar las accesiones a través de las cruzas para la característica rendimiento en por lo menos en una de las localidades.

En las localidades Cotaxtla y Tepalcingo, para la fuente de variación repeticiones no se encontraron diferencias estadísticas, indica lo anterior que en el bloqueo general las condiciones ambientales fueron similares. En la fuente de variación bloques dentro de repeticiones únicamente se encontró diferencias significativas ( $P < 0.05$ ) en Tepalcingo, Mor. lo cual muestra que el efecto de bloque interno de repeticiones fue eficiente en esta localidad. Para la fuente de variación accesiones se detectó diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ) en Cotaxtia y en Tepalcingo, lo que nos deja prever la variabilidad de las accesiones en una característica importante de selección, como lo representa rendimiento. Para la variable probador se encontró diferencias altamente significativas ( $P < 0.01$ ) en la localidad de Cotaxtla, Ver., en tanto que en Tepalcingo, Mor., no se determinó diferencias estadísticas, lo cual muestran que Cotaxtia fue la que ofreció mejores condiciones ambientales para permitir expresar las características de los materiales. Para las fuentes de variación de la interacción accesiones por probadores fueron encontradas únicamente diferencias estadísticas al nivel 0.05 de probabilidad en Cotaxtia.

De los resultados anteriores se infiere que en Cotaxtia se permitió expresar mejor las características de las cruzas simples debido a las condiciones favorables encontradas por las diferentes accesiones y a las condiciones agroclimáticas. Los

análisis presentados en el Cuadro 15 muestran las pruebas de los efectos por cada ambiente y el combinado. Es importante resaltar que las pruebas en los análisis son aproximadas debido a que se tiene un experimento desbalanceado. En el experimento, un grupo de accesiones se cruzó con un probador, en tanto que el resto con el otro probador. De esta manera, las interacciones accesiones por probador se estimó solo con las cruzas que tienen a los dos probadores en común. De igual manera se estimó los efectos de la triple interacción localidad por accesión por probador.

Con respecto a los coeficientes de variación (CV) tanto en el combinado y por localidad se obtuvieron valores aceptables, demostrándose la confiabilidad de las evaluaciones realizadas (Cuadros 15), distribuyéndose en un rango de 10.26 a 11.76%.

**Aptitud Combinatoria.** Teniendo en cuenta la variabilidad genética detectada y con el fin de observar sus efectos, se realizaron a través de localidades y por localidad los efectos de la ACE y para ACG. Además, con base en la clasificación (C) de la variable rendimiento ordenadas en forma descendiente se indica la clasificación individual obtenida en cada una de éstas.

**Efecto de la Aptitud Combinatoria Especifica (ACE).** La determinación de la ACE se realizó teniendo en cuenta los valores de las medias para rendimiento en mazorca. El Cuadro 16 presenta las 13 mejores cruzas seleccionadas con base a los efectos de ACE.

Cuadro 16. Efecto de la aptitud combinatoria específica (ACE) para las mejores trece cruzas respecto a la variable de rendimiento a través de localidades y por localidad en las evaluaciones de criollos por probadores líneas.

Cruzas simples	Combinado			Cotaxtla			Tepalcingo		
	C	ACE	REN t ha <sup>1</sup>	C	ACE	REN t ha <sup>1</sup>	C	ACE	REN t ha <sup>1</sup>
TAM146*CML-247	1	1.269	9.322	2	0.913	7.772	2	1.626	10.873
CUBA79*CML-254	2	1.218	12.278	3	0.796	11.672	1	1.648	12.884
CUBA135*CML-247	3	0.978	8.950	1	1.181	8.017	4	0.773	9.883
TAM125*CML-247	4	0.400	8.361	11	0.757	7.398	18	0.044	9.323
CUBA165*CML-247	5	0.400	7.527	14	0.757	6.370	19	0.044	8.684
PUER7*CML-247	6	0.400	7.832	7	0.757	6.317	17	0.044	9.348
SIN70*CML-247	7	0.400	10.005	8	0.757	7.726	11	0.044	12.284
CHIS429*CML-247	8	0.400	9.974	4	0.757	9.645	13	0.044	10.303
CHIS645*CML-247	9	0.400	9.898	5	0.757	9.547	14	0.044	10.239
PUER24*CML-247	10	0.400	9.807	12	0.757	7.133	10	0.044	12.480
RDOMGP12*CML247	11	0.400	9.457	37	0.757	6.322	9	0.044	12.592
TAM103* CML-247	12	0.400	9.126	10	0.757	7.456	15	0.044	10.796
CUBA160*CML-247	13	0.400	8.682	6	0.757	8.924	20	0.044	8.439

C = Clasificación del efecto ACE en cada craza simple; REN = Rendimiento en mazorca; t ha<sup>-1</sup> = Toneladas por hectárea.

El efecto ACE combinado para la variable rendimiento en las cruzas seleccionadas presentó valores con rangos de 1.269 a 0.400 t ha<sup>-1</sup>, siendo los más importantes en las cruzas TAM146\*CML-247, CUBA79\*CML-254 y CUBA135\*CML-247. Por otra parte, en Tepalcingo fue donde se observó los valores más altos de ACE, 1.626 y 1.648 t ha<sup>-1</sup>, correspondientes a TAM146\*CML-247 y CUBA135\*CML-254, respectivamente.

De las cruzas seleccionadas con base a los efectos de ACE (Cuadro 16), cinco de ellos fueron seleccionados con base en el comportamiento *per se* (Cuadro 14). Es importante señalar que en el Cuadro 14, en el 70% de las cruzas intervino la línea CML-254 como probador, en tanto que en el Cuadro 16, 12 de las 13 cruzas seleccionadas fueron cruzadas con la línea CML-247

**Efecto de la Aptitud Combinatoria General (ACG).** El efecto de ACG para las mejores 13 accesiones se presentan en el Cuadro 17, los cuales corresponden al desempeño a

través de localidades y en cada una de éstas. La variable rendimiento para el efecto ACG combinado presentó rangos de 2.618 a 0.426 t ha<sup>-1</sup>. Los mayores valores de ACG se obtuvieron en Cotaxtla y el mayor efecto se encontró en la accesión PUERGP5A para las dos localidades. Los resultados de los Cuadros 16 y 17 corroboran la significancia estadística encontrada en las interacciones Acc.\*Loc. y Acc.\*Prob. Lo anterior se puede comprobar con el análisis de los valores promedio y por localidad de las cruza simples seleccionadas (Cuadro 16), y con los valores de ACG del Cuadro 17.

Cuadro 17. Efecto de la aptitud combinatoria general (ACG) para las mejores trece accesiones respecto a la variable de rendimiento a través de localidades y por localidad en las evaluaciones de criollos por probadores líneas.

Accesiones	REN			REN			REN		
	C	ACG	t	C	ACG	t ha	C	ACG	t
	Combinado			Cotaxtla, Ver.			Tepalcingo, Mor.		
PUERGP5A	1	2.618	11.998	1	2.786	11.105	1	2.450	12.891
CUBA134	2	1.750	11.130	5	1.867	10.186	2	2.150	12.592
CUBA28	3	1.745	11.126	3	1.959	10.278	6	1.532	11.974
CUBA72	4	1.475	10.856	2	2.686	11.005	13	0.264	10.706
CUBA79	5	1.259	10.639	6	1.769	10.088	8	0.749	11.191
CUBA77	6	0.768	10.148	16	0.043	8.362	7	1.492	11.934
SIN70	7	0.624	10.005	18	-0.593	7.726	4	1.842	12.284
CHIS429	8	0.593	9.974	8	1.223	9.547	18	-0.139	10.303
CUBA130	9	0.577	9.957	13	0.467	8.786	9	0.686	11.128
COAH53	10	0.535	9.915	10	0.741	9.060	12	0.329	10.771
CHIS645	11	0.512	9.893	8	1.228	9.547	19	-0.203	10.239
VER147	12	0.456	9.837	9	0.836	9.155	15	0.076	10.518
PUER24	13	0.426	9.807	24	-1.186	7.133	3	2.038	12.480

C = Clasificación del efecto ACG en cada accesión; REN = Rendimiento en mazorca; t ha<sup>-1</sup> = Toneladas por hectárea.

**Efecto de la Aptitud Combinatoria de los Probadores.** El efecto de ACG para los probadores tanto para el combinado y por localidad se presenta en el Cuadro 18. El efecto ACG combinado y para las localidades de Cotaxtla y Tepalcingo mostró que el mejor probador correspondió a la línea CML-254. El efecto ACG del combinado de los probadores no fue de una contribución alta, mostrando la línea CML-254 un efecto de 0.421 t ha<sup>-1</sup> y la línea CML-247 de - 0.400 t ha<sup>-1</sup>. El efecto más importante de ACG se

presentó en Cotaxtla, Ver., con  $0.798 \text{ t ha}^{-1}$ . Los resultados anteriores coinciden con la información de los Cuadros 14 y 16, donde se realizó la selección con base en el comportamiento *per se* de las cruzas y con base en la ACE respectivamente. De esta manera, la línea CML-254 es útil para identificar accesiones, en tanto que la línea CML-247 es importante para la expresión fenotípica de las accesiones en cruzas específicas. La diferencia en los valores de ACG de los probadores se debe a que el experimento está desbalanceado. Sin embargo, los valores son muy similares.

Cuadro 18. Efecto de la aptitud combinatoria general (ACG) para los probadores respecto a la variable de rendimiento a través de localidades y por localidad en las evaluaciones de criollos por probadores líneas.

Probador	Combinado			Cotaxtia			Tepalcingo		
	C	ACG	REN $\text{t ha}^{-1}$	C	ACG	REN $\text{t ha}^{-1}$	C	ACG	REN $\text{t ha}^{-1}$
CML-247	2	-0.400	8.980	2	-0.757	7.563	2	-0.044	10.398
CML-254	1	0.421	9.801	1	0.796	9.115	1	0.046	10.488

C = Clasificación del efecto ACG en cada probador; REN = Rendimiento en mazorca;  $\text{t ha}^{-1}$  = Toneladas por hectárea.

**Estructura Genética.** Apoyándose con los análisis de los efectos de ACE y ACG, se determinó la estructura genética, basada en el comportamiento a través de localidades. El orden de presentación conserva la clasificación determinada en la selección de las mejores cruzas (Cuadro 19). La mejor craza correspondió a CUBA79\*CML-257 teniendo ésta un rendimiento de  $12.278 \text{ t ha}^{-1}$ , con aportes de acuerdo a su descomposición de  $9.380 \text{ t ha}^{-1}$  por efecto de la media, y por la acción de los efectos positivos por la ACG de las accesiones y probadores, como también por su interacción por efecto de la craza (ACE), de 1.259, 0.421 y  $1.218 \text{ t ha}^{-1}$ , respectivamente. La segunda craza en orden de importancia correspondientes a CUBA134\*CML-254.

Los efectos de ACE en la estructura genética fueron altos ( $ACE > 1.0 \text{ t ha}^{-1}$ ) en la cruce CUBA79\*CML-254, en tanto, fueron bajos ( $ACE < 0.5 \text{ a } 0.0 \text{ t ha}^{-1}$ ) en SIN70\*CML-247, PUER24\*CML-247, CHIS429\*CML-247, CHIS645\*CML-247, COAH53\*CML-247, RDOMGP12\*CML-247 y presentando el resto de cruces seleccionadas efectos negativos.

El efecto ACG de los probadores no fue importante, mostrando la línea CML-254 un efecto de  $0.421 \text{ t ha}^{-1}$  y la línea CML-247 de  $-0.400 \text{ t ha}^{-1}$ . Un efecto importante de ACG para las accesiones se observó en PUERGP5A, CUBA79, CUBA134 y CUBA28.

Cuadro 19. Estructura genética de las mejores veinte cruces de criollos por probadores líneas a través de localidades con base en la variable rendimiento.

Cruzas simples	Rendimiento t	Media rend. t ha"	ACG, Accesión	ACG; Probador	ACE; Acc. * Prob.
CUBA79*CML-254(C)	12.278	9.380	1.259	0.421	1.218
CUBA134*CML-254(C)	11.130	9.380	1.750	0.421	-0.421
PUERGP5A*CML-254(C)	11.998	9.380	2.618	0.421	-0.421
SIN70*CML-247(TM)	10.005	9.380	0.624	0.421	0.400
CUBA77*CML-254(C)	10.148	9.380	0.768	0.421	-0.421
CUBA130*CML-254(C)	9.957	9.380	0.577	0.421	-0.421
CUBA72*CML-254(C)	10.856	9.380	1.475	0.421	-0.421
PUER24*CML-247(C)	9.807	9.380	0.426	-0.400	0.400
CHIS429*CML-247(TM)	9.974	9.380	0.593	-0.400	0.400
CHIS645*CML-247(TM)	9.893	9.380	0.512	-0.400	0.400
COAH53*CML-247(TM)	9.599	9.380	0.535	-0.400	0.083
SON72*CML-254(C)	9.694	9.380	0.313	0.421	-0.421
CUBA28*CML-254(C)	11.126	9.380	1.746	0.421	-0.421
RDOMGP12*CML-247	9.457	9.380	0.077	-0.400	0.400
BACS12*CML-254(TM)	9.359	9.380	-0.345	0.421	-0.098
PUER8*CML-254(C)	9.468	9.380	0.088	0.421	-0.421
COAH53*CML-254(TM)	10.232	9.380	0.535	0.421	-0.104
DUR86*CML-254(TM)	9.952	9.380	-0.489	0.421	-0.360
CUBA163*CML-254(C)	9.547	9.380	-0.121	0.421	-0.134
VER147*CML-254(TM)	9.837	9.380	0.456	0.421	-0.421

ACG, = Aptitud combinatoria general aportada por la accesión; ACG = Aptitud combinatoria general aportada por el probador; ACE,\*; = Aptitud combinatoria específica aportada por la cruce.

La composición genética de las cruces en el Cuadro 19, indica que después de los efectos de la media general, en 15 cruces de las 20 seleccionadas el principal

componente fue los efectos de ACG de las accesiones; en tanto que en seis cruzas, los efectos de ACE fueron importantes en la contribución de las cruzas. De estas, las cruzas CUBA79\*CML-254 y SIN70\*CML-247 reciben una contribución importante del probador y de los efectos de la accesión\*probador, después de los efectos de la ACG de la accesión.

**Discusión General de los Experimentos.** Los resultados de los análisis de varianza por localidad y combinado, para la fuente de variación tratamientos, tanto para criollos por probadores poblaciones y de criollos por probadores líneas (Cuadros 4, 5, 12 y 13), se obtuvieron diferencias estadísticamente significativas ( $P < 0.01$ ) en todas las variables a excepción de prolificidad en el estudio de criollos por poblaciones, lo cual indica la variabilidad genética de las accesiones en estudio, material proveniente del Caribe como del Trópico Mexicano, y de los tipos de probadores.

Teniendo en cuenta el efecto ambiental en el estudio (Cuadros 5 y 13), se encontró diferencias estadísticas en la fuente de variación de la interacción Tratamiento\*Localidad en las variables REN, FM, FF ( $P < 0.01$ ) y AMAZ ( $P < 0.05$ ), en criollos por probadores poblaciones, y de REN, FM y AMAZ, en criollos por probadores líneas, lo cual deja prever la inestabilidad del comportamiento de algunas accesiones y probadores para las variables antes señaladas. En tanto, las variables altura de planta y prolificidad mantuvieron estabilidad en los dos experimentos, aspecto que favorece la selección de los materiales para estas características. Márquez (1988) menciona respecto al comportamiento de los genotipos que estos realizan una serie de cambios para poder

crecer y desarrollarse, los cuales generan la interacción genotipo—ambiente, donde se puede presentar resultados superiores o menores bajo cierta influencia ambiental.

Con respecto a los resultados de las medias en los dos experimentos (Cuadros 4 y 12), en Tepalcingo se presentaron incrementos para REN, FM, FF, APTA, AMAZ y PRO de 1.847 t ha<sup>-1</sup>, 0.1%, 51 días y 52 días respectivamente, en el primer experimento (Cuadro 4), en tanto que para criollos por probadores líneas fueron de 2.061 t ha<sup>-1</sup>, 17%, 53 días y 55 días, respectivamente (Cuadro 12). Sin embargo, el comportamiento respecto a altura de planta y mazorca, los mayores valores se obtuvieron en Cotaxtla en los dos experimentos, con un incremento para criollos por probadores poblaciones de 20.5 y de 25.3 cm, y en el segundo experimento se presentaron incrementos de 26.3 y 25.4 cm, respectivamente.

De los resultados observados se deduce que la localidad de Cotaxtla determinó una amplia precocidad debida posiblemente a la mayor expresión génica en esta localidad, principalmente por los probadores que se caracterizan por maduración tardía o también adicionalmente deberse a otros factores que aportan las diferencias entre ambientes como la ubicación geográfica de las localidades referente a altitud y latitud, y el efecto que puede contribuir estas ubicaciones para la acción del fotoperíodo (Castillo y Goodman, 1989).

Los resultados anteriores sugieren que la realización del trabajo en más de un ambiente, es un factor importante a considerarse cuando se evaluó los genotipos, debido

a que permite diferenciar y seleccionar el valor fenotipo de los efectos proporcionados por la interacción accesiones por ambiente o localidad.

Con relación a los análisis genéticos igualmente para los dos experimentos (Cuadro 7 y 15), el comportamiento individual de las accesiones y probadores mostró diferencias estadísticas que implicaron la presencia de variabilidad, la cual se consideró satisfactoria para realizar una selección de las accesiones en estudio.

Con respecto a los probadores, la Población 21 para el primer experimento, fue el que mejor discriminó las accesiones, y para el experimento criollos por probadores líneas, la línea de mejor comportamiento correspondió a CML-254. Al respecto Hiorth (1985) al considerar el tipo de probador señala que los probadores heterogéneos como cruza dobles y variedades de polinización libre pueden mejorar el rendimiento *per se* de las cruza, aunque estos por lo general son menos eficientes que las líneas homogéneas de las cruza simples, sin embargo, en el estudio estos factores no mostraron una alta evidencia de comportamiento.

En las interacciones del análisis combinado de la fuente de variación Accesiones\*Probadores (Cuadro 7 y 15), en los cuales los resultados presentaron diferencias estadísticas  $P < 0.01$  y  $P < 0.05$  en criollos por probadores poblaciones y en criollos por probadores líneas, respectivamente, no facilitan la selección de las mejores accesiones por su carácter de estabilidad, puesto que la presencia de genes favorables en alguno de los progenitores no se identificaría fácilmente. Para el caso del estudio de criollos por probadores líneas, es posible que los efectos ACG contribuyen en

rendimientos y las características agronómicas por el origen de la selección de los progenitores. Teniendo en cuenta el comportamiento de los probadores, parece ser favorable para determinadas variables el señalamiento de Brauer (1987) quien recomienda que siempre que sea posible no se utilice un solo probador para los mestizos, sino dos o tres y que estos no estén emparentados entre sí, de lo contrario existe la posibilidad de estar evaluando más bien la ACE.

En el comportamiento de los efectos de ACG y ACE para las accesiones en los dos experimentos tanto por localidad y combinado (Cuadros 8, 9, 16 y 17) se observa una amplia variabilidad de los dos tipos de efectos de aptitud combinatoria, y que las accesiones tuvieron comportamientos contrastantes por localidad y cuando se emplearon los dos tipos de probadores. Estos resultados no concuerdan con las afirmaciones realizadas por Rojas y Sprague (1952) quienes señalan que la ACG es más estable para localidades y años que la ACE. Sin embargo, una explicación a los efectos observados podría deberse a la presencia de genes dominantes favorables en algunos progenitores.

Con el propósito de realizar un análisis detallado de las accesiones comunes que intervinieron en las cruzas, respecto a la variable de rendimiento de grano, se presenta en el Cuadro 20 los efectos de ACG y ACE.

De los dos experimentos realizados, criollos por poblaciones y criollos por líneas, se encontraron únicamente cuatro accesiones comunes que fueron cruzadas por los cuatro probadores. Los resultados muestran que no existe una tendencia claramente

definida para conocer cuales fueron los efectos genéticos que contribuye con los altos rendimiento obtenidos. En las accesiones COAH53 y CUBA163, los mayores rendimientos se obtuvieron cuando se utilizó en la crusa la CML-254 y en CUBA163 fueron las POB21 y CML-254, debido en la primera accesión por efectos aditivos aportados principalmente por el progenitor accesión, en tanto que para la segunda accesión el efecto fue aportado por el progenitor probador. Para las accesiones CUBA94 y TAM146, los mayores aportes se debieron a efectos aditivos del progenitor accesión para el primero de éstos y al efecto no aditivos, para el segundo.

Cuadro 20. Efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE) de la variable de rendimiento de las accesiones comunes cruzadas por los dos tipos de probadores.

Accesión	Probadores	Rendimiento t	Media rend. t	ACG Accesión	ACG Probador	ACE r; Acc. * Prob.
COAH53	Pob. 21	8.728	9.103	-0.375	0.592	-0.592
	Pob. 32	8.728	9.103	-0.375	-0.592	0.592
	CML-247	9.599	9.380	0.535	-0.400	0.083
	CML-254	10.232	9.380	0.535	0.421	-0.104
CUBA163	Pob. 21	9.549	9.103	-0.023	0.592	-0.123
	Pob. 32	8.613	9.103	-0.023	-0.592	0.123
	CML-247	8.973	9.380	-0.121	-0.400	0.113
	CML-254	9.547	9.380	-0.121	0.421	-0.134
CUBA94	Pob. 21	11.002	9.103	0.677	0.592	0.630
	Pob. 32	8.559	9.103	0.677	-0.592	-0.630
	CML-247	8.461	9.380	-0.575	-0.400	0.055
	CML-254	9.150	9.380	-0.575	0.421	-0.076
TAM146	Pob. 21	10.629	9.103	0.086	0.592	0.848
	Pob. 32	7.750	9.103	0.086	-0.592	-0.848
	CML-247	9.322	9.380	-0.928	-0.400	1.269
	CML-254	7.584	9.380	-0.928	0.421	-1.290

ACG, = Aptitud combinatoria general aportada por la accesión; ACG, = Aptitud combinatoria general aportada por el probador, ACEr; = Aptitud combinatoria específica aportada por la crusa.

Con base en los resultados anteriores de los análisis de cruza de prueba por localidad y combinado, se puede inferir que no se presentó una tendencia consistente por alguno de los efectos genéticos, lo cual permite que de acuerdo a los objetivos que se planteen en los programas de mejoramiento que se podría recurrir a estas accesiones

para que a través de metodologías de mejoramiento se aproveche adecuadamente la accesión genética, de otra parte es importante también tenerse en cuenta el señalamiento realizado por Sprague y Miller (1950) afirman que la selección de un probador depende del interés para el mejoramiento donde si el objetivo es determinar la ACG, el probador debe ser heterocigoto, lo que hace un probador de amplia base genética y si es ACE debe ser una línea endocriada.

Para tal efecto se propone como una metodología de investigación que con base en los datos obtenidos se podría proseguir la investigación a través de la Selección Familiar Combinada Alternante, como también la selección familiar de progenies autofecundadas, metodologías que a través de evaluaciones realizadas por Clure et al. (1993) incrementan la capacidad de rendimiento de variedades originales de maíz y por medio del segundo método se pueden producir híbridos de cruce simple de alta capacidad de rendimiento.

Para el manejo de Selección Familiar Combinada Alternante, se iniciaría de la selección de las accesiones de mejores características agronómicas y de mayor valor de ACG, donde esta metodología combina, en forma alternante, un ciclo de selección familiar de progenies autofecundadas con uno de selección modificada de mazorca por surco. Por otra parte, además del mejoramiento genético de las poblaciones, facilita la selección de líneas Si de alto rendimiento y amplia adaptación ecológica en la fase de selección de progenies autofecundadas de cada ciclo de este método de mejoramiento. A través de estas líneas sería posible obtener variedades sintéticas e híbridos simples de alto rendimiento y amplia adaptación ecológica (Molina, 1979).

Para las accesiones de valores predominantes de ACE, se podría seleccionar las variedades a partir de F2 para obtener líneas autofecundadas de ciclo avanzados, empleando el método de Selección Familiar de Progenies autofecundadas, con esta metodología inicialmente se selecciona en una población las mejores familias de medios hermanos maternos y luego a las mejores plantas autofecundadas dentro de cada una de las familias. Después se continua con una recombinación para formar un compuesto balanceado, para sucesivamente realizar familias de medios hermanos en ciclos de selección sucesivos (Molina, 1988). Considerando los materiales criollos tal como se utilizó en el presente trabajo, esta sería una posible metodología para la incorporación de germoplasma nuevo a los materiales objeto de selección y mejoramiento.

Existen cruzas simples con altos valores de ACE como las obtenidas por CHIS567\*P0B21, PUERGP5A\*P0B21, OAX220\*P0B32, TAM164\*CML-247 y CUBA79\*CML-254 de las cuales se podría generar progenies autofecundadas para la formación de híbridos interpoblacional.

## **CONCLUSIONES**

Con base en los resultados obtenidos y la discusión presentada se derivan las siguientes conclusiones:

Las diferencias estadísticas observadas para accesiones y probadores muestran que los recursos genéticos del Trópico Mexicano y del Caribe, poseen características fenotípicas y genotípicas, que responden en diferente medida a través de las localidades y en comportamiento en cruza.

El comportamiento de los probadores, Población 21 (Tuxpeño) y Población 32 (ETO), mostraron que poseen características diferentes para discriminar eficientemente los efectos genéticos, aspecto que también lo presentan las líneas derivadas de la P24 y Pop21, correspondientes a la línea CML-247 y CML-254. Los dos tipos de probadores que se identificaron como los de mayor capacidad para discriminar las accesiones en estudio correspondieron a la Población 21 y a la Línea CML-254.

Los efectos de la selección y homocigosis se deduce que tuvieron acción en los probadores, al obtenerse que los probadores poblaciones (base genética amplia) presentaron efectos de aptitud combinatoria general más altos, mientras que las líneas

(base genética estrecha) utilizadas como probadores registraron valores menores de aptitud combinatoria general.

Con base en los análisis genéticos del experimento criollos por poblaciones las accesiones, CUBA94, TAM131, JAM285 y CUBA137 se identificaron como las de mayores efectos de ACG para las variables en estudio, las cuales podrían participar en siguientes fases en programas de mejoramiento, empleándose modelos de mejoramiento para obtener variedades sintéticas e híbridos simples de alto rendimiento y amplia adaptación ecológica.

De acuerdo con los efectos del análisis genético para ACG del experimento criollos por líneas y considerando en conjunto las variables evaluadas, las accesiones PUERGP5A, CUBA134, CUBA28, CUBA72 y CUBA79 demostraron altos valores que facilitarían la participación en las subsiguientes etapas de mejoramiento para derivar líneas y participar como progenitores en la formación de híbridos.

Existen cruzas simples con altos valores de aptitud combinatoria específica como las obtenidas por CHIS567\*P0B21, PUERGP5A\*P0B21, OAX220\*P0B32, TAM146\*CML-247 y CUBA79\*CML-254 de las cuales se podría generar progenies autofecundadas para la formación de híbridos interpoblacional.

## RESUMEN

Los recursos genéticos a través del tiempo han sufrido alteraciones principalmente por la selección natural, sin embargo, los cambios a cultivos más remunerables, el impacto del desarrollo industrial, en el uso de las tierras y el incremento de la población humana, ha desencadenado mudanzas en el comportamiento y uso de estos recursos vegetales. El área mundial sembrada de maíz en el trópico es de 58 millones de ha y de éstas, 36 millones de ha están en el Trópico Bajo, 16 millones en el Subtrópico y Latitud media, y alrededor de 6 millones en el Trópico Alto. Además, alrededor del 85% del total de semilla producida y vendida es realizada por compañías multinacionales y nacionales privadas (Vasal et al., 1999). Estos aspectos han motivado a que se tenga en cuenta la amplia base genética conferida por las variedades criollas de maíz tropical, para diferentes condiciones ecológicas y propósitos como fuentes importantes para programas de mejoramiento.

En el presente trabajo se evaluaron 57 accesiones de maíz de las cuales 21 corresponden al Trópico Mexicano y 36 a germoplasma del Caribe. La evaluación consistió en utilizar la metodología de probadores y posteriormente la evaluación de los genotipos en dos ambientes, Cotaxtla, Ver. y Tepalcingo, Mor. Los materiales utilizados como probadores fueron las Poblaciones 21 (Tuxpeño) y la Población 32 (ETO) y dos líneas derivadas de P24 y Pop21 del CIMMYT (CML-247 y CML-254), respectivamente.

Los objetivos planteados fueron: i) evaluar y seleccionar accesiones de maíz tropical con buen comportamiento en rendimiento y características agronómicas sobresalientes; ii) estimar la ACG y ACE para identificar las mejores accesiones; iii) identificar el mejor probador para discriminar las accesiones sobresalientes; y iv) identificar las mejores cruza de criollos por probadores poblaciones y criollos por probadores líneas.

Las evaluaciones se realizaron a través de dos experimentos. El primer experimento definido como cruza de prueba criollos por probadores poblaciones (CxP), consistió en cruzar 42 accesiones con los probadores Pob.21 y Pob.32. Las 84 cruza de prueba más los probadores, se conformó un experimento de 86 entradas las cuales se evaluaron en un diseño experimental de bloques incompletos (látice rectangular 9x10) con dos repeticiones por localidad. En el segundo, denominado cruza de prueba criollos por probadores líneas (CxL), se cruzaron 31 accesiones con las líneas; CML-247 y CML-254. Se evaluaron un total de 40 entradas, usando un diseño de bloques incompletos (látice rectangular 6x7) con dos repeticiones por localidad.

Los análisis de varianza por localidad y combinado, para la fuente de variación tratamientos de CxP y CxL, se obtuvieron diferencias estadísticas ( $P < 0.01$  y  $P < 0.05$ ) en la mayoría de las variables en estudio, lo cual indica la importante variabilidad genética de las accesiones en estudio.

Teniendo en cuenta el efecto ambiental, se encontró diferencias estadísticas en la fuente de variación de la interacción Tratamiento\*Localidad en las variables REN, FM, FF ( $P < 0.01$ ) y AMAZ ( $P < 0.05$ ), en CxP, y de REN, FM y AMAZ ( $P < 0.01$ ), en CxL, lo

cual dejó prever la inestabilidad del comportamiento de algunas accesiones y probadores en estas variables.

Las accesiones a través de sus cruzas presentaron valores contrastantes en cada localidad y por el tipo de experimento, obteniéndose en Tepalcingo, Mor., en el experimento 1 incrementos para REN, PRO, FM y FF de 1.847 t ha<sup>-1</sup>, 0.1 mazorcas/plantas, 51 y 52 días, y para el experimento 2 de 2.061 t ha<sup>-1</sup>, 1.7 mazorcas/plantas, 53 y 55 días, respectivamente. En tanto para altura de planta y mazorca los mayores valores se obtuvieron en Cotaxtla con 26.3 y 25.35 cm para el experimento 1 y 2, respectivamente.

Con base en los análisis genéticos de CxP las accesiones TAM131, JAM285, CUBA 137, SIN70 y RDOMGPI3 se identificaron como las de mayores efectos de ACG para la variable rendimiento, las cuales podrían participar en siguientes fases en programas de mejoramiento, empleándose modelos de mejoramiento para obtener variedades sintéticas e híbridos simples de alto rendimiento y amplia adaptación ecológica.

De acuerdo con los efectos del análisis genético para ACG de CxL y considerando en conjunto las variables evaluadas, las accesiones PUERGP5A y CUBA134 demostraron altos valores que facilitarían la participación en las subsiguientes etapas de mejoramiento para derivar líneas y participar como progenitores en la formación de híbridos.

Existen cruzas simples con altos valores de ACE como las obtenidas por CHIS567\*P0B21, PUERGP5A\*P0B21, OXA220\*P0B32, TAM164\*CML-247 y CUBA79\*CML-254 de las cuales se podría general progenies autofecundadas para la formación de híbridos interpoblacional.

## LITERATURA CITADA

- Beck, D.L., S.K. Vasal, and J. Crossa. 1990. Heterosis and combining ability of CIMMYT's tropical early and intermediate maturity maize (*Zea mays* L.) germplasm. *Maydica*. 35:279-285.
- \_\_\_\_\_. 1991. Heterosis and combining ability among subtropical and temperate intermediate-maturity maize germplasm. *Crop Sci*. 31:68-73.
- Brauer, H.O. 1987. *Fitogenética aplicada*. 9na ed, Limusa, México. 519 p.
- Castillo G., F., and M.M. Goodman. 1989. Agronomic evaluation of Latin American maize accessions. *Crop Sci*. 29:853-861.
- CIMMYT. 1998. A complete listing of improved maize germplasm from CIMMYT. Maize program special report. México, DF. 94 p.
- Claire I., V.T., J.D. Molina G., S.K. Vasal y A. Martínez G. 1993. Aumento del potencial de rendimiento medio selección e hibridación en maíz I. Comportamiento de compuestos de selección y de cruas simples. *Agrociencia*. 4(2):41-51.
- Comstock, R.E. 1979. Inbred lines vs. the populations as testers in reciprocal recurrent selection. *Crop Sci*. 19:881-886.
- Crossa, J., S. Taba, and E.J. Wellhausen. 1990a. Heterotic patterns among mexican races of maize. *Crop Sci*. 30:1182-1190.
- \_\_\_\_\_, S.K. Vasal, and D.L. Beck. 1990b. Combining ability estimates of CIMMYT's tropical late yellow maize germplasm. *Maydica*. 35:273-278.
- Eta-Ndu, J.T., and S.J. Openshaw. 1999. Epistasis for grain yield in two F2 populations of maize. *Crop Sci*. 39:346-352.
- Goodman, M.M. 1999. Broadening the genetic diversity in maize breeding by use of exotic germplasm: pp. 139-148. *In*: J.G. Coors and S. Pandey (eds.). *Genetics and exploitation of heterosis in crops*. ASA, CSSA, and SSSA, Madison, WI.
- Gutiérrez G., M.A., H. Cortez M., E.N. Wathika, C.O. Gardner, M. Oyervides G., A.R. Hallauer, and L.L. Darrah. 1986. Testcross evaluation of Mexican maize populations. *Crop Sci*. 26:99-104.

Hernández X., E. y G. Alanis F. 1970. Estudio morfológico de cinco nuevas razas de maíz de la Sierra Madre Occidental de México: implicaciones citogenéticas y fitogeográficas. *Agrociencia*. 1:3-30.

Hiorth, G. 1985. *Genética cuantitativa II: fundamentos biológicos*. Universidad Nacional de Córdoba, facultad de ciencias agropecuarias, Córdoba, Argentina. 223 p.

Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática, INEGI. 1999. Anuario estadístico del estado de Morelos, México. 440 p.

Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática, INEGI. 1999. Anuario estadístico del estado de Veracruz, México. 604 p.

LAMP. 1991. Catálogo de germoplasma de maíz. Tomo I y II. Proyecto Latinoamericano de maíz (LAMP), November, 1991. Database manager CRIN, Database management unit, Beltsville, MD.

Márquez S., F. 1988. *Genotecnia vegetal, métodos, teoría y resultados*. Tomo 11. AGT. Ed., México. 665 p.

Martínez G., A. 1988. *Diseños experimentales, métodos y elementos de teoría*. Trillas, México. 753 p.

McClintock, B., T.A. Kato y A. Blumenschein. 1981. *Constitución cromosómica de las razas de maíz. Su significado en la interpretación de relaciones entre las razas y variedades en las Américas*. Colegio de postgraduados. Chapingo, México.

Meichinger, A.E. 1999. Genetic diversity and heterosis. pp. 99-118. *In: J.G. Coors and S. Pandey (eds.). Genetics and exploitation of heterosis in crops*. ASA, CSSA, and SSSA, Madison, WI.

Molina G., J.D. 1979. Selección familiar de progenies autofecundadas. *Agrociencia*. 37:131-138.

\_\_\_\_\_ . 1988. Selección familiar combinada alternante. *Agrociencia*. 74:65-71.

Moll, R. H., J.H. Lonquist, J.V. Fortuno, and E.C. Johnson. 1965. The relationship of heterotic and genetic divergence in maize. *Genet*. 52:139-144.

Molí, R.H., W.S. Salhuana, and H.F. Robinson. 1962. Heterosis and genetic diversity in variety crosses of maize. *Crop Sci*. 2:197-198.

Montes M., J. 1978. Estrategia para la conservación de los recursos genéticos. pp. 29-35. *In: S. Cervantes (ed.). Recursos genéticos disponibles a México*. SOMEFI, A.C., Chapingo, México.

- Navarro G., H. y F.J. Enciso D. 1991. Políticas sobre recursos fitogenéticos y la creación del CARFIT como parte de una estrategia Latinoamericana. pp. 417-437. *In*: R. Ortega P., G. Palomino H., F. Castillo G., V.A. González H. y M. Livera M. (eds.). Avances en el estudio de los recursos fitogenéticos en México. SOMEFI, A.C., Chapingo, México.
- Nevado, M.E., and H.Z. Cross. 1990. Diallel analysis of relative growth rates in maize synthetics. *Crop Sci.* 30:549-552.
- Ordás A. 1991. Heterosis in crosses between American and Spanish populations of maize. *Crop Sci.* 31:931-935.
- Ortega P., R. 1978. Evaluación de recursos genéticos. pp. 37-48. *In*: S. Cervantes T. (ed.). Recursos genéticos disponibles a México. SOMEFI, A.C., Chapingo, México.
- \_\_\_\_\_, J.J. Sánchez G., J.M. Castillo G. y J. Hernández C. 1991. Estado actual de los estudios sobre maíces nativos de México. pp. 161-185. *In*: R. Ortega P., G. Palomino H., F. Castillo G., V.A. González H. y M. Livera M. (eds.). Avances en el estudio de los recursos fitogenéticos en México. SOMEFI, A.C., Chapingo, México.
- Oyervides, G.M., A.R. Hallouer, and M.H. Cortez. 1985. Evaluation of improved maize populations in Mexico and the U.S. Corn Belt. *Crop Sci.* 25:115-120.
- Penny, L.H., W.A. Russell, and G.F. Sprague. 1962. Types of gene action in yield heterosis in maize. *Crop Sci.* 2:341-343.
- Plucknett, D.L., J.T. Williams, N.J.H. Smith y N.M. Aníshetty. 1992. Bancos genéticos: un recurso mundial. pp. 19-34. *In*: Los bancos genéticos y la alimentación mundial. IICA y CIAT, Costa Rica.
- Poelhman, J.M. 1979. Mejoramiento genético de las cosechas. Trad. por N. Sánchez Durón. 2da ed., Limusa S.A., México. 453. p.
- Ramos R., A. 1978. Clasificación del germoplasma: 1. El problema sistemático en especies domesticadas. pp. 13-15. *In*: S.T. Cervantes (ed.). Recursos genéticos disponibles a México. SOMEFI, A.C., Chapingo, México.
- Rawlings, 10., and D.L. Thompson. 1962. Performance level as criterion for the choice of maize tester. *Crop Sci.* 2: 217-220.
- Reyes C., P. 1990. El maíz y su cultivo. AGT Ed., México. 460 p.
- Rincón S., F. 1996. The use of multivariate analysis in developing subsets of a Caribbean collection of maize. Ph.D. diss. Univ. of Nebraska-Lincoln.

- Rojas B.A., and G.F. Sprague. 1952. A comparison of variance components in corn yield trials. III. General and specific ability and their interaction with location and year. *Agron. J.* 44:462-466.
- Salazar, A., and J.H. Lonquist. 1963. Tester sampling bias in the topcrossing of inbred lines of corn. *Crop Sci.* 3:317-319.
- Salhuana, W., L.M. Pollak, M. Ferrer, O. Paratori, and G. Vivo. 1998. Breeding potential of maize accessions from Argentina, Chile, USA, and Uruguay. *Crop Sci.* 38: 866-872.
- SAS Institute Inc. 1990. SAS/ STAT User's guide. Version 6, 4th ed. Vol. 2. SAS Inst. Inc., Cary NC.
- SAS Institute Inc. 1992. SAS Technical Report p-229. SAS/ STAT Software: Changes and enhancements, Release 6.07. SAS Inst. Inc., Cary. NC.
- Sprague, G.F., and P.A. Miller. 1950. A suggestion for evaluating current concepts of the genetic mechanics of heterosis of corn. *Agron. J.* 42:161-162.
- Sprague, G.F., and L.A. Tatum. 1942. General vs. Specific combining ability in single crosses of corn. *J. Am. Soc. Agron.* 34:923-932.
- Steel, R.G. y J.H. Torrie. 1985. *Bioestadística: principios y procedimientos*. Trad. por R. Martínez B. 2da ed., McGraw-Hill, NY. 622 p.
- Tallury, S., and M. Goodman. 1999. Experimental evaluation of the potential of tropical germplasm for temperate maize improvement. *Theor. Appl. Genet.* 98 (1):54-61.
- Vasal, S.K., G. Srinivasan, F. González C., G.C. Han, S. Pandey, D.L. Beck, and J. Crossa. 1992a. Heterosis and combining ability of CIMMYT's tropical x subtropical maize germplasm. *Crop Sci.* 32:1483-1489.
- \_\_\_\_\_, J. Crossa, and D.L. Beck. 1992b. Heterosis and combining ability of CIMMYT's subtropical and temperate early-maturity maize germplasm. *Crop Sci.* 32:884-890.
- \_\_\_\_\_, H. Cordova, S. Pandey, and H.G. Srinivasan. 1999. Tropical maize and heterosis. pp. 363-373. *In: J.G. Coors and S. Pandey (eds.), The genetics and exploitation of heterosis in crops*. ASA, CSSA, and SSSA, Madison, WI.
- Walejko, R.N., and W.A. Russell. 1977. Evaluation of recurrent selection for specific combining ability in two open-pollinated maize cultivars. *Crop Sci.* 17:647-651.
- Zambezi, B.T., E.S. Horner, and F.G. Martin. 1986. Inbred lines as testers for general combining ability in maize. *Crop Sci.* 26:908-910.