

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA

ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA



Selección Familiar en una Población C₀ de Maíz Amarillo

Por:

Marselino Celestino Avendaño Sanchez

T E S I S

Presentada como Requisito Parcial para Obtener el Título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.

Junio de 2009

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA
ANTONIO NARRO
DIVISIÓN DE AGRONOMÍA
TESIS
SELECCIÓN FAMILIAR EN UNA POBLACIÓN C₀ DE MAÍZ AMARILLO
POR:
MARSELINO CELESTINO AVENDAÑO SANCHEZ

Que somete a consideración del H. jurado examinador como requisito para
obtener el título de
Ingeniero Agrónomo en Producción

Aprobado por:



Dr. Froylán Rincón Sánchez
Asesor Principal



Dra. Norma Angélica Buiz Torres
Sinodal



MC. Ricardo Cuellar Flores
Sinodal



Dr. Mario E. Vázquez Badillo
Coordinador de la División de Agronomía
División de Agronomía
Coordinación.

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA
"ANTONIO NARRO"


AGRADECIMIENTOS

Primeramente a Dios por darme la oportunidad de vivir, la fuerza necesaria para seguir adelante, el conocimiento y la inteligencia para alcanzar una de mis metas más importantes, también por estar conmigo en todo momento y ayudarme en cada instante de mi vida y por cuidar de mis familiares y amigos.

A mi “Alma Mater” Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, por haberme preparado en el ámbito profesional, y darme la oportunidad de crecer como persona.

Al Dr. Froylán Rincón Sánchez por su valiosa asesoría y conocimientos para la realización de esta investigación, también por su confianza y apoyo que me brindo durante la elaboración de este trabajo.

A los integrantes del comité de asesores la Dra. Norma A. Ruiz Torres y al M.C. Ricardo Cuellar Flores por sus valiosas sugerencias en la revisión del presente trabajo.

A todos mis profesores que contribuyeron en mi formación profesional y aportaron sus conocimientos en todo momento.

“POR SIEMPRE Y PARA SIEMPRE MIL GRACIAS POR TODO”

DEDICATORIA

A mis padres:

Soledad Sánchez Santiago y Fidel Avendaño Santiago por haberme brindado incondicionalmente todo el apoyo necesario en mi formación y que, con sacrificio hicieron posible que mi sueño se hiciera realidad el de convertirme en un profesionista y hacer de mí un hombre de bien, .gracias por su apoyo y confianza pero sobre todo por el amor y cariño depositados en mí a lo largo de mi vida.

Quiero dedicar este trabajo a mi esposa **Juana Elena Tapia López** y especialmente a mi hijo **Alan Edgardo Avendaño Tapia** que son mi mayor motivación para seguir adelante en esta vida.

A mis queridos abuelitos:

Susana Santiago Silva y Benito Avendaño Hernández. Quienes han sido el ejemplo para mí y me han brindado sus buenos consejos sobre la vida.

A mis hermanos:

Alejandra, Carmen, Santiago, Fernando, Jaime, Salvador y Cesar Antonio. Por su gran amistad, apoyo y comprensión haciendo posible la culminación de mi carrera. Así como también por el gran amor que nos ha unido y que ha sido el pilar en la unión de nuestra familia.

A mis queridos sobrinos:

Iván, Olga, Elsa, Antonio, Laura, Carlos, Jesús, Alex, Marisol, Ángel y Mayra, ojala y sea un ejemplo para ellos y le sirva de estímulo para su formación profesional.

A mis cuñadas:

Francisca, Maribel y Reyna por su apoyo moral que me brindaron cuando lo necesitaba y darme palabras de aliento para seguir adelante.

Y a todos mis familiares

Primos, primas, tíos, tías; que confiaron en mí y me aconsejaron para andar por el camino del bien y hoy más que nunca me siento orgullosamente feliz de tener una familia como ustedes.

A MIS AMIGOS DE LA GENERACIÓN:

Fernando (Chilango), Yuri, Denis, Cesia, Anita, Yesenia, Armando, Héctor, Gabriel, Roel, Rosauro, David (Barbas), Emmanuel (Tori), Niño, Rafa, Abner, Jau, Raul (Culichí), Marcos, Martín y Maga. A todos ellos gracias por su valiosa amistad, pero sobre todo el apoyo que me brindaron en los momentos difíciles, gracias por ser mis amigos y pasar conmigo esos momentos que nunca olvidaré.

A mis amigos de prepa:

Andrés Patricio (Cholo), Benito (Malo), Avelardo (Avestruz), Oscar (Acordeón), Humberto (Primo) Vicente (Huesero), Fausto, Mary, Marga, Feli, Ulises (abuelo) y Luchi. Siempre los recordaré por ser parte de mi vida y por su gran amistad que me brindaron.

ÍNDICE DE CONTENIDO

AGRADECIMIENTOS.....	i
DEDICATORIA.....	ii
ÍNDICE DE CONTENIDO.....	iv
ÍNDICE DE CUADROS.....	v
RESUMEN.....	vi
I. INTRODUCCIÓN.....	1
Objetivos.....	4
Hipótesis.....	4
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	5
Mejoramiento poblacional.....	5
Selección recurrente.....	6
Selección recurrente entre familias de hermanos completos (SRFHC).....	7
Selección para caracteres múltiples (índice de selección).....	14
Aspectos teóricos del índice de selección.....	15
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	17
Material genético.....	17
Constitución de la población y derivación de familias de hermanos completos.....	17
Evaluación y selección.....	18
Descripción de las localidades de evaluación.....	18
Variables evaluadas.....	19
Diseño experimental y análisis.....	21
Selección familiar (índices de selección).....	22
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	24
V. CONCLUSIONES.....	32
VI. LITERATURA CITADA.....	33

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro	1. Metas e intensidades utilizadas en la selección.....	23
Cuadro	2. Cuadrados medios del análisis del varianza para las variables en estudio, evaluación en 2008.....	25
Cuadro	3. Medias de rendimiento de grano y características agronómicas de las mejores 30 familias evaluadas en 2008.	27
Cuadro	4. Índices de selección con medias a través de localidades para cinco variables evaluadas en el 2008.....	29

RESUMEN

El desarrollo de variedades de polinización libre representa una alternativa para incrementar la productividad de maíz amarillo en México. Estas variedades deben poseer entre otras características, precocidad y buen potencial de rendimiento. El presente estudio inició con la evaluación de familias derivadas de los cruzamientos entre el Pool33 x Pool34 y Pool34 x Pool33 desarrollados en el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y trigo (CIMMYT). A partir de la evaluación de las combinaciones genéticas, se realizó una selección de 100 mazorcas (familias de medios hermanos (FMH)) dentro de cada combinación, las cuales fueron utilizadas para constituir una población de maíz amarillo. Los objetivos del estudio fueron constituir una población de maíz amarillo, así como, evaluar y seleccionar familias de hermanos completos en dos localidades contrastantes. Se obtuvieron las mejores 100 FHC, las que fueron evaluadas en dos localidades contrastantes en 2008, en la región cercana a Saltillo, Coah.: El Mezquite, Galeana, N.L. (1890 msnm) y General Cepeda, Coah. (1350 msnm). En la evaluación agronómica se determinó el rendimiento de grano ($t\ ha^{-1}$), floración masculina (días), altura de planta (cm), mala cobertura (%) y prolificidad. Los resultados mostraron que las localidades fueron diferentes en floración masculina, floración femenina ($P \leq 0.01$), mientras que en la altura de planta, prolificidad y mala cobertura se observaron diferencias ($P \leq 0.05$); en tanto que en el rendimiento de grano y mazorca por planta no se encontraron diferencias significativas. Las familias

mostraron diferencias significativas para las variables floración masculina, mala cobertura y prolificidad ($P \leq 0.01$), mientras que para las variables rendimiento y floración femenina mostraron diferencias significativas ($P \leq 0.05$). La interacción familias por localidades fue significativa sólo para mala cobertura ($P \leq 0.01$) y prolificidad ($P \leq 0.05$), de lo cual se deduce que en general, el material genético tiene un comportamiento similar en las dos localidades, y por lo tanto, su adaptación a las condiciones del sureste de Coahuila. Además del rendimiento de grano, en la selección de familias de hermanos completos se realizó índices de selección con medias a través de localidades de cinco variables: rendimiento, floración masculina, altura de planta, mala cobertura y prolificidad. Como resultado del trabajo experimental se constituyó una población de maíz amarillo con adaptación a las condiciones ambientales del sureste de Coahuila. La evaluación y selección de las mejores 10 familias serán utilizadas para la recombinación genética y de esta manera formar el primer ciclo de selección.

Palabras clave: *Zea mays*, maíz amarillo, selección recurrente de hermanos completos, índice de selección.

I. INTRODUCCIÓN

El maíz es el segundo cultivo del mundo por su producción, después del trigo, mientras que el arroz ocupa el tercer lugar. Es el primer cereal en rendimiento de grano por hectárea y es el segundo, después del trigo, en producción total. El maíz es de gran importancia económica a nivel mundial ya sea como alimento humano, como alimento para el ganado o como fuente de un gran número de productos industriales. La diversidad de los ambientes bajo los cuales es cultivado el maíz es mucho mayor que la de cualquier otro cultivo.

El maíz fue de gran importancia entre los pueblos de Mesoamérica. Constituyó su base alimenticia por ser uno de sus alimentos de mayor valor y por ser preparado en multitud de formas como los atoles, tamales, pozoles y tortillas que siguen siendo hasta nuestros días, elementos indispensables en la alimentación del pueblo mexicano.

México es considerado el centro de origen y domesticación del maíz. Durante cuatro mil años nuestros ancestros produjeron una enorme cantidad de razas adaptadas a las condiciones ambientales más diversas (Reyes, 1990).

El maíz se le considera un cereal de la familia de las gramíneas, que se caracterizan por su alto contenido de almidones (72.40 %), de ahí su alto valor alimenticio ya sea para consumo humano como para forraje. La composición del grano distingue además de otros componentes como son: grasa (4.70 %), proteína (9.60 %), cenizas (1.43 %), azúcares (1.94 %) y fibra (9.93 %) (Reyes, 1990).

El cultivo de maíz en México se caracteriza por la producción de una amplia gama de variedades, por lo que es posible generar una gran cantidad de productos finales: tortillas, forraje para animales, almidones, glucosa, fructosa, dextrosa, aceites, botanas, etanol como insumo en la producción de biocombustible.

El maíz es el cultivo más importante de México, desde el punto de vista alimentario, político y social. Este grano se produce en dos ciclos productivos: primavera-verano y otoño-invierno, bajo las más diversas condiciones agroclimáticas, de humedad (temporal y riego).

Durante el periodo 1996-2006 se produjo un promedio anual de 19.3 millones de toneladas de maíz, que incluye maíz blanco y amarillo. La superficie sembrada promedio anual durante el periodo de análisis (1996-2006) fue

equivalente a 8.4 millones de hectáreas, de las cuales el 88 % corresponden al ciclo Primavera Verano, proporción que representa 7.4 millones de hectáreas promedio anual y el 12 % al ciclo Otoño Invierno, es decir, 1.0 millón de hectáreas promedio anual (SAGARPA-SIAP, 2007).

Por lo que se refiere a la modalidad hídrica, el 85.5 % del total se cultiva en superficie de temporal, proporción que representa 7.2 millones de hectáreas promedio anual; mientras que 1 millón 217 mil hectáreas se siembran bajo condiciones de riego, que representa 14.5 % del total.

El desarrollo de variedades de polinización libre representa una alternativa para incrementar la productividad de maíz en México, que se adapte a condiciones de temporal. Estas variedades deben poseer precocidad y buen rendimiento. El maíz amarillo es utilizado para cubrir las demandas de la industria de alimentos de animales, por lo que se importan grandes cantidades del producto. Se registran importaciones de 6 a 8 millones de toneladas de grano de maíz amarillo, sólo la industria de derivados químicos y alimenticios del maíz (Idaquim) procesa 2.3 millones de toneladas, de las cuales se producen actualmente 500 mil toneladas (SAGARPA, 2005).

El nuevo contexto mundial hace un llamado para el reordenamiento agro-productivo en función de los cultivos con mayor potencialidad de desarrollo y sostenibilidad, pues Estados Unidos y Brasil están promoviendo la producción de etanol a base de maíz amarillo. Esto ha incrementado los precios y afectado a la industria avícola.

El maíz amarillo tiene una tendencia positiva ya que existe el interés por parte de los productores, la industria y el gobierno de fomentar la producción de este grano básico bajo el esquema de agricultura por contrato.

Objetivos

- 1) Constituir una población de amplia base genética de maíz amarillo.

- 2) Evaluar y seleccionar familias de hermanos completos en dos localidades contrastantes.

Hipótesis

Las familias derivadas de una población base cuentan con variación genética para aplicar selección en características de interés agronómico.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Mejoramiento poblacional

El mejoramiento de poblaciones mediante selección recurrente puede ser inter o intrapoblacional. La selección intrapoblacional involucra el mejoramiento de una población, y los métodos más comunes para hacerlo son la selección masal y la familiar en cualquiera de sus variantes: medios hermanos paternos o maternos, hermanos completos y de autohermanos (líneas S_1 ó S_2).

Chávez (1995) señala que el mejoramiento poblacional consiste en formar nuevas poblaciones, en donde se incrementará la media de rendimiento después de cada ciclo de selección. Este incremento se debe a que los individuos seleccionados poseen genes superiores, que al recombinarse al azar producen nuevos genotipos de mayor producción, por lo tanto, se espera que la población mejorada sea más rendidora en promedio que la anterior. El incremento que se logre en cada ciclo de selección estará en función de la variabilidad genética de la población bajo mejoramiento.

El mejoramiento de poblaciones de maíz mediante selección recurrente ha sido efectivo para incrementar la frecuencia de alelos favorables de importancia económica. Estas poblaciones mejoradas se han utilizado

comercialmente como variedades de polinización libre y en híbridos intervarietales, así como fuente de líneas endocriadas (Hallauer, 1990).

Selección recurrente

La selección recurrente es un método de mejoramiento de la población diseñado para aumentar las frecuencias de alelos deseables para un carácter cuantitativo mediante entrecruzamientos frecuentes entre genotipos superiores dentro de la población. Idealmente, se aíslan fenotipos superiores después de cada ciclo de apareamiento y se cruzan entre sí para producir la siguiente generación.

Un ciclo de selección recurrente incluye los siguientes pasos: 1) Identificación en una población fuente de genotipos que sean superiores en cuanto al carácter cuantitativo específico que se está mejorando, y 2) el interapareamiento subsecuente de los genotipos superiores para producir nuevas combinaciones de genes que posean la expresión mejorada del carácter (Poehlman, 2003). Es el método de selección en la que de manera sistemática se escogen las mejores plantas deseables de una población, seguida por una recombinación de las mismas para formar una nueva población, y tiene por objetivo incrementar la frecuencia de los genes deseables en las poblaciones variables al seleccionar y recombinar generaciones tras generaciones las plantas que llevan estos genes.

La efectividad de esta selección depende de la variabilidad genética, frecuencias génicas de la población y la heredabilidad de las características bajo selección. Por otro lado debe resaltarse que la selección recurrente explota en mayor grado la varianza aditiva, mejora la media poblacional, mantiene la variabilidad genética, e incrementa la probabilidad de desarrollar híbridos y variedades mejoradas superiores (Chávez, 1995).

La selección recurrente es reconocida porque incrementa la frecuencia de genes favorables de una o más características agronómicas bajo selección y mantiene la variabilidad genética para continuar la selección; esto implica un proceso cíclico de muestreo, evaluación y recombinación (Hallauer, 1992).

Ramírez *et al.* (2000) reportan que al utilizar selección recurrente lograron una reducción en la altura de planta y mazorca de 7.48 y 5.83 cm, respectivamente, así como también se logró disminuir el porcentaje de mazorcas podridas en un 0.97 % y acame de raíz en un 1.7 % por ciclo.

Selección recurrente entre familias de hermanos completos (SRFHC)

Este es uno de los métodos de mayor eficacia para el mejoramiento de una población. Sin embargo, no ha sido usado tan ampliamente como otros

sistemas de selección recurrente intrapoblacional. El método fue descrito por Mather y Jinks (1949) como cruzas biparentales:

Primera generación. De una población de amplia base genética, se seleccionan 400 plantas agronómicamente superiores para formar 200 cruzas en forma directa y recíproca entre pares de plantas que representa a las familias de hermanos completos (FHC). Al cosechar, se juntan las dos mazorcas de cada crusa (directa y recíproca) y se mezclan las semillas, que se usarán en la evaluación de rendimiento en la siguiente generación.

Segunda generación. Se evalúan las 200 familias en ensayo de rendimiento y características agronómicas deseables con dos o tres repeticiones, en tres o cuatro localidades durante el mismo año. A la cosecha, se selecciona el 10 % de las mejores FHC. Una vez determinadas las mejores 20, se recurre a la semilla remanente de éstas, y se toman 60 semillas de cada una de ellas para formar un compuesto balanceado de 1200 semillas, que dará origen a la población C_1 , e iniciar el segundo ciclo de selección en la siguiente generación.

Tercera generación. Se siembra el compuesto balanceado de 1200 semillas, en la floración se forman 200 cruzas de la misma manera que en la

primera generación para formar las 200 FHC e iniciar el segundo ciclo de selección.

Para este método se necesitan dos generaciones por ciclo y el control parental es igual a 1.

Con esta metodología se corre el riesgo de cruzar plantas de la misma familia, lo que ocasionaría endogamia; para evitar este fenómeno se recomienda lo siguiente:

Modificación práctica al método de selección recurrente de familias de hermanos completos (SRFHC).

Una vez determinadas las mejores 20 familias, en el lugar de formar un compuesto balanceado de 1200 semillas, se forman 60 compuestos balanceados de 20 semillas cada uno. Después se siembra el compuesto por surco, en la floración se cruzan pares de plantas dentro de cada surco y así se inicia el segundo ciclo de selección. Con este procedimiento no se corre el riesgo de cruzar las plantas de la misma familia.

El objetivo de esta metodología es reducir y/o evitar la endogamia así como favorecer las combinaciones de genes para formar genotipos superiores.

El método de FHC modificado se puede llevar a cabo también siguiendo el mismo patrón utilizando en métodos ya descritos.

Márquez (1985) señala que en este método la unidad de evaluación es la familia de hermanos completos que se obtiene de un cruzamiento fraternal planta a planta (PaP).

El método toma sólo dos años, ya que en el tercero la recombinación genética por cruza PaP cumple la función de generar las nuevas familias.

Técnica de campo de la selección familiar de hermanos completos

1er. Año. Obtención de familias

Sembrar una muestra masiva de semillas de la variedad original (V.O.).

Hacer 200 cruza PaP utilizando 400 plantas (dos por cruza). Si es posible, hacer la cruza directa y la recíproca para contar con suficiente semilla.

2º. Año. Prueba y selección de familias

Establecer experimentos con las 200 familias (familia por surco de 20 plantas) en tres ó cuatro localidades con dos repeticiones. Seleccionar las 20 mejores familias ($p=10\%$) con base en su promedio en las localidades.

3er. Año. Recombinación genética

Hacer un CB con semilla remanente de las 20 familias seleccionadas: 20 familias x 20 semillas/familia=400 semillas. Sembrar el CB y hacer 200 cruza PaP para generar otras tantas familias de HC para iniciar el siguiente ciclo.

Poehlman (2003) se refiere a que en el caso de la selección de familias de hermanos completos, los cruzamientos se hacen entre pares de plantas seleccionadas de la población fuente, y la semilla cruzada se utiliza para las pruebas de progenie y para reconstruir la nueva población.

La selección de familias de hermanos completos mide la aptitud combinatoria derivada del apareamiento de pares específicos de plantas, y sólo aquellos pares con rendimiento superior en la progenie formaran parte de la

mezcla. Este método se puede aplicar en muchas especies de polinización cruzada.

La selección de familias de hermanos completos (FHC) es uno de los métodos de mejoramiento intrapoblacional de mayor eficiencia y efectividad. Sin embargo, requiere de un gran número de polinizaciones manuales, lo que implica gran cantidad de trabajo y materiales de polinización. Quizás, esta sea la razón principal por la que este esquema no ha sido usado tan frecuentemente como los métodos de selección masal (SM), familias de medios hermanos (FMH) y progenies endocriadas (Hallauer, 1992).

Al respecto Hallauer y Miranda (1981) mencionan que para cubrir un ciclo de SRHC, al menos se requiere de tres generaciones. Posteriormente Compton y Lonquist (1982) realizaron una modificación en la cual por ciclo de selección se requieren dos generaciones. Años después, Gómez *et al.* (1986) desarrollaron el método de selección recurrente de hermanos completos con pedigrí, que permite evaluar los genotipos con base en su aptitud combinatoria general (ACG).

El éxito de la selección depende en gran medida de la estructura genética de la población base que se somete a la selección. Aunque con varios métodos es posible obtener una población con variabilidad genética, no se sabe mucho acerca de los genes individuales en tal población, por lo que es de suponer que en la mayoría de los casos, segregan algunos genes mayores, un número de genes de efecto intermedio o pequeño y muchos con efecto muy pequeño (Eilert, 1985).

De León (1987) al efectuar selección recurrente en familias de hermanos completos con pedigrí en maíz, concluye que al derivar líneas directamente de familias de HC, resulta ser más eficiente que el derivarlas de la población donde se encuentran ya recombinadas. Así mismo, menciona que al utilizar la SRFHC con pedigrí, se evita la endogamia en cada ciclo de selección, ya que este método permite conocer los ancestros comunes en la formación de las nuevas FHC.

Fischer *et al.* (1984) informan que se alcanzan resultados más rápidos, cuando en el procedimiento de selección se incluyen más caracteres, que cuando sólo se estudia el rendimiento del grano. Evaluaron 85 familias de hermanos completos en la población Tuxpeño-1, y después de tres ciclos de selección recurrente para resistencia a sequía, obtuvieron 9.5 % de ganancia máxima de rendimiento por ciclo. Determinaron que estas características (tamaño reducido de la espiga, el área foliar y altura de planta) se encuentran

asociadas principalmente con una disminución de plantas que no producen mazorcas.

García (1999) trabajó con selección recurrente de familias de hermanos completos con pedigrí en una población de maíz con amplia base genética denominada "POOL-24" con el objetivo de mejorarla, y avanzar un ciclo más de selección, aplicando un 25 % de presión de selección logrando identificar 66 familias sobresalientes por su rendimiento y otras características agronómicas.

Selección para caracteres múltiples (índice de selección)

Un índice de selección es la metodología utilizada para hacer selección de manera simultánea por varias características, la cual toma en consideración además de los aspectos genéticos, la importancia económica de las características involucradas (Yañez, 2005).

Barreto *et al.* (1991) desarrollaron un algoritmo computacional (Software) para aplicar índices de selección, útil en la evaluación agronómica y mejoramiento genético. El objetivo principal de este software es ilustrar la utilidad de algoritmos matemáticos y las computadoras como complemento a los métodos tradicionales utilizados por los investigadores en la selección de genotipos (líneas, familias, sintéticos, variedades, etc.), cuando ésta se basa en múltiples características evaluadas simultáneamente.

Aspectos teóricos del índice de selección

El programa índice de selección (Barreto *et al.*, 1991), utiliza dos parámetros básicos que son la meta y la intensidad de selección que se desea aplicar en el germoplasma evaluado.

La meta de selección es la desviación estándar del promedio, la cual se debe considerar de acuerdo a lo que el usuario desea lograr con la selección. El programa acepta valores desde -3.0 hasta 3.0 (con un decimal de precisión). Valores positivos intentan seleccionar aquellos genotipos que se encuentran por arriba del promedio poblacional (en unidades de desviación estándar), valores negativos intentan seleccionar genotipos que se encuentran por abajo del promedio y valores de cero seleccionan genotipos iguales al promedio.

La intensidad de selección refleja la importancia relativa de las diferentes variables a utilizarse en el índice de selección. Esto puede ser diferente para cada variable, según el criterio del fitomejorador. El programa acepta valores que van desde 0 a 10. Mientras más grande sea el valor de la intensidad, mayor peso tiene a variable en cuestión. En caso de que la variable tenga valor de cero, el programa no le da importancia a la variable para calcular el índice de selección. Cabe mencionar que este programa, en ningún momento es un sustituto al criterio y la experiencia del fitomejorador, solamente facilita el

proceso de selección cuando se involucran muchas características en el estudio y el número máximo de variables a considerar en el índice otro limitante para la estimación de índice de selección.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético

El presente estudio inicio con la evaluación de familias derivadas de los cruzamientos entre el Pool33 x Pool34 y Pool34 x Pool33 desarrollado en el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y trigo (CIMMYT). La evaluación se realizó en General Cepeda, Coahuila en 2007. A la cosecha se realizó una selección de 200 mazorcas (familias de medios hermanos (FMH)) correspondiente a 100 FMH a cada una de los cruzamientos. Posteriormente se realizó un compuesto con los dos grupos de familias.

Constitución de la población y derivación de familias de hermanos completos

En Tepalcingo, Morelos, en el ciclo agrícola otoño-invierno 2007-2008, fueron sembrados los dos compuestos para realizar la recombinación usando cruza fraternales planta a planta (# PaP), para formar la población base de selección (C_0). Antes de la aparición de los estigmas, se cubrió el jilote de cada planta involucrada en la crusa para evitar contaminación con polen de plantas indeseables y llevar en todo momento un buen control parental. Cuando los estigmas alcanzaron una longitud aceptable se procedió a la recolección del polen, esta actividad se realizó por la mañana antes de que las anteras

comenzaran a liberar polen, subiendo una bolsa de papel estraza para la recolección del mismo, las cuales se marcaron con el símbolo de fraternal (#) y el tipo de cruza, en este caso (#PaP). Una vez recolectado el polen se procedió a realizar las cruza. A la cosecha se descartaron mazorcas podridas, enfermas, mal formadas, y de plantas con pobre apariencia fenotípica. A partir de la recombinación se aprovecho para derivar familias de hermanos completos (FHC). Dentro de cada combinación se identificaron las mejores familias con base en la expresión y aspecto de la mazorca y de estos se seleccionaron las mejores 50 FHC para la evaluación agronómica en 2008.

Evaluación y selección

Las 100 FHC fueron evaluadas en dos localidades contrastantes en 2008, en la región cercana a Saltillo, Coah.; El Mezquite, Galeana, N.L. (1890 msnm) y General Cepeda, Coah. (1350 msnm).

Descripción de las localidades de evaluación

Localidad: El Mezquite

La localidad el Mezquite se localiza en el estado de Nuevo León en el municipio de Galeana a una altitud de 1890 msnm, con coordenadas 25° 18.06' latitud Norte y 101° 16.69' longitud Oeste. En esta localidad se realizó la siembra el 21 de mayo de 2008; la distancia entre plantas fue de 0.20 m, la

distancia entre surcos fue de 0.92 m con una densidad de población de 55,555 plantas ha⁻¹.

Localidad: General Cepeda

La segunda localidad de evaluación está ubicada en el municipio de General Cepeda, Coah. Se encuentra localizada a una altitud de 1350 msnm, con coordenadas 25° 26' latitud Norte, y 101° 27' longitud Oeste. La siembra fue realizada el 12 de Junio de 2008, a una distancia entre plantas de 0.20 m y una distancia entre surcos de 0.80 m con una densidad de planta de 62,500 plantas ha⁻¹.

Variables evaluadas

Floración masculina (FM). Se determinó considerando los días transcurridos desde la siembra hasta que el 50 % de las plantas de la unidad experimental comenzaron a liberar polen de las espigas o llegaron a la antesis.

Floración femenina (FF). Corresponde al número de días transcurridos desde el momento de la siembra, hasta que el 50 % de las plantas en cada parcela posean estigmas receptivos.

Altura de planta (APTA). Se identificó una planta promedio de la unidad experimental y se midió la altura en centímetros, la medición se realizó desde la base de la planta hasta el inicio de la ramificación de la espiga.

Altura de mazorca (AMAZ). En la planta promedio de la unidad experimental se le tomó la altura en cm, desde la base hasta el nudo de la mazorca principal.

Mala cobertura (MCOB). Es el porcentaje de plantas cuya mazorca no se encontró cubierta totalmente por el totomoxtle (brácteas) en relación con el total de plantas establecidas en cada parcela.

Prolificidad (PRO). Se determinó como la relación entre el número de mazorcas a la cosecha y el número de plantas en la unidad experimental.

Humedad de grano (HUM). Es el contenido de agua del grano al momento de ser cosechado y se expresa en porcentaje. Se determinó en campo por medio de un aparato DICKEY JOHN[®], que proporciona una estimación del contenido de humedad de manera directa al momento de la cosecha.

Rendimiento de grano (REND). El rendimiento de grano expresado en $t\ ha^{-1}$, fue calculado al 15 % de humedad y considerando el porcentaje de desgrane de 85 %, se calculó bajo la siguiente ecuación.

$$REND = PC * \left(\frac{100 - \%HC}{100 - \%HD} \right) * D * \frac{10000m^2}{APUm^2}$$

Donde: REND = Rendimiento de grano en $t\ ha^{-1}$; PC = Peso de campo; %HD = Contenido de humedad de grano a la cosecha; %HC = Contenido de humedad deseada (15 %); D = Coeficiente de desgrane; APU = Área de parcela útil (distancia entre surco x distancia entre planta x número de plantas establecidas).

Diseño experimental y análisis

Las 100 FHC fueron establecidas para evaluación en experimentos repetidos utilizando un diseño de bloques incompletos con arreglo α -látice con dos repeticiones por localidad.

El análisis de los datos fue realizado de acuerdo al establecimiento de los experimentos en campo, para lo cual se utilizó el siguiente modelo lineal:

$$Y_{ijkl} = \mu + l_i + r_{j(i)} + b_{k(j)} + T_l + Tl_{il} + \varepsilon_{ijkl}$$

Donde:

μ = Efecto de la media general; l_i = Efecto de la i -ésima localidad; r_{j0} = Efecto del j -ésimo repetición dentro de la i -ésima localidad; $b_{k(j)}$ = Efecto del k -ésimo bloque incompleto dentro de la i -ésima localidad por el j -ésimo repetición; T_l = Efecto de la l -ésima familia; Tl_{il} = Efecto de la interacción entre la l -ésima familia de HC por la i -ésima localidad; ϵ_{ijkl} = Error experimental.

El análisis de datos se realizó obteniendo un análisis de varianza de acuerdo al modelo lineal establecido. Los análisis fueron obtenidos con el procedimiento GLM de SAS (SAS, 2004). La comparación de medias de localidades y poblaciones se realizó con la prueba de comparación múltiple de medias de Tukey $\alpha=0.05$.

Selección familiar (Índices de selección)

La selección de las familias de hermanos completos (FHC) se llevó a cabo con el software índices de selección (Barreto *et al.*, 1991), con la participación de cinco variables (floración masculina, altura de planta, mala cobertura, prolificidad y rendimiento) haciendo selección a favor del rendimiento de grano y prolificidad, en contra de la mala cobertura y floración

masculina, tratando de mantener la media de la población para altura de planta. Las metas e intensidades como parámetros para obtener el índice de selección se presentan en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Metas e intensidades utilizadas en la selección.

Variable	Meta	Intensidad
Floración masculina (d)	-1	6
Altura de planta (cm)	0	5
Mala cobertura (%)	-2	7
Prolificidad	2	6
Rendimiento (t ha⁻¹)	2.5	8

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados del análisis de varianza (Cuadro 2) indican que las localidades mostraron diferencias en floración masculina, floración femenina ($P \leq 0.01$), mientras que para las variables altura de planta, prolificidad y mala cobertura se observaron diferencias significativas ($P \leq 0.05$); en tanto que en el rendimiento de grano y mazorca por planta no se encontraron diferencias significativas. Lo anterior indica que las localidades utilizadas en la evaluación son diferentes en tipo de suelo, fertilidad y las condiciones climáticas, lo cual se expresa en los caracteres agronómicos.

Las diferencias encontradas en bloques dentro de repeticiones por localidades indican que existe variación ambiental que es importante separar y que contribuye en una mejor estimación de las fuentes de variación en el modelo y consecuentemente, en las comparaciones entre poblaciones y familias dentro de poblaciones.

Las familias mostraron diferencias significativas para las variables floración masculina, mala cobertura y prolificidad ($P \leq 0.01$), mientras que para las variables rendimiento y floración femenina mostraron diferencias significativas ($P \leq 0.05$).

Cuadro 2. Cuadrados medios del análisis de varianza para las variables en estudio, evaluación en 2008.

F.V.	GL	REND (t ha ⁻¹)	FM (días)	FF (días)	APTA (cm)	AMAZ (cm)	PRO	MCOB (%)
Localidades (Loc)	1	19.035	25008.351 **	26579.994 **	4358.045 *	141.095	0.461 *	19562.002 *
Repeticiones (Rep) / Loc	2	1.681	8.013	1.204	84.963	27.989	0.012	913.190
Bloques / (Rep X Loc)	36	2.243 **	34.821 **	49.097 **	446.723 **	324.693 **	0.030 **	295.406 **
Familias	99	1.320 *	12.984 **	15.450 *	197.826	216.988	0.025 **	322.337 **
Familias X Loc	95	1.051	5.287	7.984	164.434	135.772	0.024 *	222.771 **
Error	127	0.902	7.393	10.429	189.317	168.822	0.016	109.637
C V %		16.715	2.996	3.497	7.921	16.981	12.383	57.351

** , * = significativo al 0.01 y 0.05 de probabilidad, respectivamente; F.V. = Fuente de variación; GL = Grados de libertad; REND = Rendimiento; FM = Floración masculina; FF= Floración femenina; APTA = Altura de planta; AMAZ = Altura de mazorca; PRO = Prolificidad; MCOB = Mala cobertura y CV % = Coeficiente de variación.

La interacción familias por localidades fue significativa sólo para las variables mala cobertura ($P \leq 0.01$) y prolificidad ($P \leq 0.05$), de lo cual se deduce que en general, el material genético tiene un comportamiento similar en las dos localidades, y por lo tanto, su adaptación a las condiciones del sureste de Coahuila.

El Cuadro 3 presenta las mejores 30 familias con base en el rendimiento de grano a través de localidades.

En cada variable se hace una distinción de las familias con valores superiores e inferiores al valor obtenido por $\mu \pm 2 * EE$. De esta manera, para rendimiento de grano, las familias 81, 42, 93, 9, 92, 8 y 66 son superiores y por lo tanto si se considerara este carácter serían las seleccionadas para el siguiente ciclo de selección.

De igual manera, la identificación de las mejores familias incluyendo las cinco variables permite realizar una mejor selección familiar, considerando las demás características agronómicas deseables.

Cuadro 3. Medias de rendimiento de grano y características agronómicas de las mejores 30 familias evaluadas en 2008.

Orden	Entrada	Genealogía	REND (t ha ⁻¹)	FM (d)	AP (cm)	MCOB (%)	PRO
1	81	P34x33#31	8.037 *	88.7	196.3 *	46.3 *	1.05
2	42	P33x34#42	7.574 *	99.5 *	169.5	6.7	1.00
3	93	P34x33#43	7.381 *	88.7	190.0 *	19.2 *	1.09
4	9	P33x34#9	7.089 *	89.3	186.8	14.2	1.08
5	92	P34x33#42	7.009 *	86.3 *	176.3	8.2	1.01
6	8	P33x34#8	6.973 *	85.8 *	187.8	24.9 *	1.02
7	66	P34x33#16	6.872 *	87.5 *	182.8	26.3 *	0.89
8	63	P34x33#13	6.700	94.3 *	166.0	26.4 *	1.08
9	97	P34x33#47	6.611	88.8	168.8	24.4 *	1.28 *
10	91	P34x33#41	6.526	90.5	190.5 *	9.9	1.02
11	28	P33x34#28	6.505	89.3	169.0	18.1	1.14
12	75	P34x33#25	6.483	85.5 *	176.5	17.0	1.17 *
13	64	P34x33#14	6.444	92.3	182.8	28.8 *	1.16 *
14	56	P34x33#6	6.337	84.5 *	181.3	24.3 *	1.11
15	39	P33x34#39	6.315	96.3 *	171.7	25.2 *	1.18 *
16	52	P34x33#2	6.237	89.0	173.3	27.7 *	1.07
17	58	P34x33#8	6.233	87.0 *	169.5	15.5	1.01
18	24	P33x34#24	6.229	89.3	173.5	13.2	1.08
19	10	P33x34#10	6.209	93.3	177.8	11.8	1.03
20	87	P34x33#37	6.203	88.0	168.0	39.6 *	1.07
21	71	P34x33#21	6.202	88.5	177.8	11.3	1.06
22	4	P33x34#4	6.199	91.3	173.3	22.3 *	1.03
23	6	P33x34#6	6.176	87.8	195.5 *	16.6	0.98
24	73	P34x33#23	6.175	94.0 *	170.7	37.1 *	1.10
25	12	P33x34#12	6.117	95.0 *	185.0	7.4	1.06
26	84	P34x33#34	6.097	90.3	170.5	11.4	0.93
27	35	P33x34#35	6.049	89.5	187.8	22.8 *	1.01
28	83	P34x33#33	6.045	89.8	170.5	14.3	0.94
29	68	P34x33#18	6.033	92.5	177.5	21.4 *	1.00
30	50	P33x34#50	6.011	84.8 *	173.0	11.7	1.01
		Medias	5.682	90.7	173.7	18.3	1.02
		EE	0.552	1.6	7.9	6.3	0.07

*= Identificación de las familias con valores superiores a $\mu \pm 2 * EE$, REND= Rendimiento, FM= Floración masculina, AP= Altura de planta, MCOB= Mala cobertura, PRO=Prolificidad y EE=Error estándar.

Selección familiar para caracteres múltiples

La selección para características múltiples (índice de selección) fue realizada con el promedio de familias a través de localidades debido a que en general no se encontraron diferencias significativas en la interacción familias por localidades (Cuadro 2). Los parámetros indicados en la selección (Cuadro 1), consideran la identificación de las familias en cinco caracteres simultáneos.

Los resultados del índice de selección muestran las mejores 15 familias de hermanos completos (FHC) (Cuadro 4), los cuales están identificados por el número de entrada que fue asignado en campo. En el proceso de selección, se le indicó al programa obtener las mejores 15 familias y de acuerdo a la metodología el valor del índice entre más pequeño sea, indica que esta familia es la que se acerca más a las metas e intensidades deseadas.

Para este caso de índice de selección el objetivo fue seleccionar a favor del rendimiento de grano y prolificidad, en contra de la mala cobertura y floración masculina, tratando de mantener la media de la población para altura de planta. Con esta metodología no se seleccionan solo a las familias de más alto rendimiento (Cuadro 3), es decir, las familias seleccionadas cuentan con características y atributos deseables además del rendimiento de grano. Los

criterios de selección fueron establecidos considerando los atributos de la planta de interés para el investigador.

Cuadro 4. Índices de selección con medias de familias a través de localidades para cinco variables evaluadas en el 2008.

ORDEN REND	ORDEN ÍNDICE	ENT	FM	APTA	MCOB	PRO	REND	ÍNDICE
5	1	92 *	86.333	176.333	8.238	1.013	7.009	5.896
4	2	9 *	89.250	186.750	14.160	1.080	7.089	6.368
12	3	75	85.500	176.500	17.043	1.173	6.483	6.419
11	4	28	89.250	169.000	18.099	1.137	6.505	6.756
18	5	24	89.250	173.500	13.210	1.077	6.229	7.069
21	6	71	88.500	177.750	11.291	1.063	6.202	7.092
3	7	93 *	88.667	190.000	19.246	1.089	7.381	7.458
10	8	91	90.500	190.500	9.936	1.019	6.526	8.166
9	9	97	88.750	168.750	24.395	1.277	6.611	8.166
17	10	58	87.000	169.500	15.476	1.014	6.233	8.288
30	11	50	84.750	173.000	11.693	1.015	6.011	8.498
19	12	10	93.250	177.750	11.756	1.028	6.209	8.527
38	13	48	89.500	182.000	9.478	1.036	5.822	8.691
39	14	14	92.000	169.667	14.286	1.089	5.818	8.834
44	15	20	90.000	192.500	7.208	1.170	5.717	8.868
		M.F.S.	88.833	178.233	13.701	1.085	6.390	
		M.Pob.	90.748	173.715	18.257	1.015	5.682	
		D.S.	-1.915	4.518	-4.556	0.70	0.708	

ENT = Entrada, **REND** = Rendimiento, **FM** = Floración masculina, **APTA** = Altura de planta, **MCOB** = Mala cobertura, **PRO** = Prolificidad, **ÍNDICE** = Índice de selección, **M.F.S** = Media de la fracción seleccionada, **M.Pob** = Media de la población, **D.S** = Diferencial de selección, * = Entradas que coinciden con las mas rendidoras.

Se realizó una comparación entre la media de la población (promedio de todas las familias involucradas en la selección) y la media de la fracción seleccionada (promedio de las familias seleccionadas) y el diferencial de

selección (diferencia estimada que existe entre la población original y la fracción seleccionada). De acuerdo a estos parámetros, el rendimiento de grano estimado de la fracción seleccionada es mayor a la media de la población en un 12.5 %.

En las variables floración masculina y prolificidad, hay pocos cambios entre la media de la población y la fracción seleccionada. Para prolificidad, se seleccionaron los genotipos que se ubicaron por arriba de la media. En la altura de planta no se realizó selección debido a que se dejó como la media de la población y en las plantas con mala cobertura de mazorca, la media de la fracción seleccionada se redujo en un 24.5 %.

En el caso de días a floración masculina, el objetivo fue disminuir el tiempo de madurez en la media de la población 2.15 %, con un diferencial de selección negativo lo cual indica que las entradas seleccionadas por el índice son un poco más precoces, lo cual es lo que se intenta realizar. En lo que se refiere a la mala cobertura, el diferencial de selección fue negativo, ya que el objetivo fue seleccionar plantas que no presenten esta característica y el peso que se le asignó fue importante.

Al realizar la comparación de las familias seleccionadas por el software índice de selección y las medias de las familias más rendidoras se observa que en el rendimiento de grano, las familias 81, 42, 93, 9, 92, 8 y 66 (Cuadro 3) son las más rendidoras significativamente. Al comparar estos resultados con el índice de selección, se observa que solamente las familias 93, 9 y 92 ocupan el primero, segundo y séptimo lugar en el índice de selección (Cuadro 4). Es decir, estas tres familias son de alto rendimiento (Cuadro 3), pero además cuentan con atributos importantes utilizadas en el índice de selección por lo que fueron ubicados dentro de los primeros 10 familias seleccionadas (Cuadro 4).

Aunado a lo anterior, se puede mencionar que las familias 81 y 42 que son las más rendidoras y que no están incluidos en el índice de selección. Estas familias cuentan con características no deseables en la selección, como más tardías y con altos índice de mala cobertura. Es por ello que se trató de sacrificar el rendimiento por incluir en la selección los demás caracteres agronómicos.

De aquí la importancia de usar la herramienta de índice de selección para ayudar a obtener mejores familias y ser más eficientes en la metodología de selección usando criterios de selección múltiple. Con base en los análisis de los resultados de la selección en cada una de las poblaciones, se decidió obtener las mejores 10 familias identificadas por el índice.

V. CONCLUSIONES

1. Se constituyó una población de maíz amarillo con adaptación a las condiciones ambientales del sureste de Coahuila.
2. La población cuenta con variación genética en los caracteres agronómicos para continuar con el siguiente ciclo de selección.
3. Se identificaron las mejores 10 familias de hermanos completos (FHC) para formar el primer ciclo de selección.

VI. LITERATURA CITADA

- Barreto, H.J., J.A. Bolaños y H.S. Córdova. 1991. Programa índice de selección. Guía para la operación del Software. CIMMYT. México, D.F. 27 p.
- Chávez A., J.L. 1995. Mejoramiento de Plantas II. Primera edición. Editorial TRILLAS S.A. México. 136 p.
- Compton, W. A. and J.H. Lonquist 1982. A multiplicative selection index applied to four cycles of full-sib recurrent selection in maize. *Crop Sci.* 22: 981-983.
- De León C., H. 1987. Selección Recurrente en Familias de Hermanos Completos con Pedigrí en Maíz. Tesis de Maestría en Ciencias. UAAAN. Saltillo, Coah. Méx. 56 p.
- Eilert, H. G. 1985. Genética cuantitativa II. Selección. Ed. Pugliese Siena S.R.L. Córdoba, República de Argentina. 249 p.
- Fischer, K.S., E.C. Johnson y G.O. Edmeades. 1984. Mejoramiento y selección de maíz tropical para incrementar su resistencia a la sequía. CIMMYT. El Batán, México. 92 p.
- García E., J.G. 1999. Selección Recurrente de Familias De Hermanos Completos con Pedigrí y Evaluación del quinto ciclo de Selección en una Población de Maíz denominado POOL – 24. Tesis de Licenciatura, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Buenavista, Saltillo. Coah. Méx. 96 p.
- Gómez, G. J., H. De León C., y S. Rodríguez H. 1986. Selección recurrente de hermanos completos con pedigrí. XI Congreso Nacional de Fitogenética. Guadalajara, México. 318 p.
- Hallauer, A. R. 1990. Methods used in developing maize inbreds. *Maydica* 36: 1-19.

- Hallauer, A. R. 1992. Recurrent selection in maize. *Plant Breeding Reviews*. 9:115-179.
- Hallauer, A. R., and J. B. Miranda. 1981. *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. 2nd ed. Iowa State Univ. Press. Ames, Iowa, USA. 468 p.
- Márquez S., F. 1985. *Genotecnia Vegetal*. Tomo I. Métodos, Teoría y Resultados. AGT Ed. México, D. F. 356 p.
- Mather K. and J. L. Jinks. 1949. *Biometrical Genetics*. 3rd edition. London. Chapman and Hall. 456 p.
- Poehlman, J. M. 2003. *Mejoramiento Genético de las Cosechas*. Ed. Limusa. México, D. F. 511 p.
- Ramírez D., J.L., J. Ron P., J de J. Sánchez G. y M. Chuela B. 2000. Selección recurrente en la población de maíz subtropical PABGT-CE. *Agrociencia* 34: 33-39.
- Reyes C., P. 1990. *El maíz y su cultivo*. Ed. trillas. México. 470 p.
- SAGARPA-SIAP. 2007. *Situación actual y perspectivas del maíz en México 1996-2012*. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP), Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA). México, D.F.
- SAGARPA. 2005. *Oferta y demanda del maíz en México*. Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA). México, D.F.
- SAS Institute, Inc. 2004. *SAS/STAT® 9.1 User's Guide*. Cary, N.C. SAS Institute Inc. USA. 5121 p.
- Yáñez C., L.F. 2005. *Manual de ganadería doble propósito. Índices de selección: sugerencias para su utilización*. Universidad Nacional Experimental Sur del Lago Venezuela. 695 p.