

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO  
SUBDIRECCIÓN DE POSTGRADO



ESTIMACIÓN DE COMPONENTES GENÉTICOS Y SELECCIÓN DE  
FAMILIAS EN TRES POBLACIONES DE MAÍZ

Tesis

Que presenta ANTONIO DE JESÚS VELA COLORADO

Como requisito parcial para obtener el grado de MAESTRO EN CIENCIAS  
EN FITOMEJORAMIENTO

Saltillo, Coahuila

Enero 2018

ESTIMACIÓN DE COMPONENTES GENÉTICOS Y SELECCIÓN DE  
FAMILIAS EN TRES POBLACIONES DE MAÍZ

Tesis

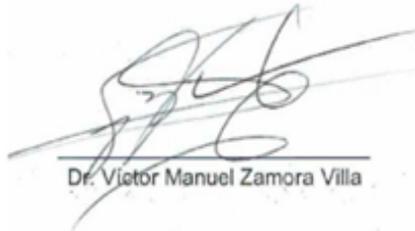
Elaborada por ANTONIO DE JESÚS VELA COLORADO

Como requisito parcial para obtener el grado de Maestro en Ciencias en  
Fitomejoramiento con la supervisión y aprobación del Comité de Asesoría



Dr. Humberto De León Castillo

Asesor Principal



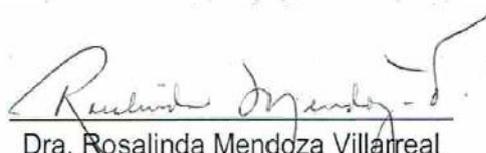
Dr. Víctor Manuel Zamora Villa

Asesor



Dra. Rosa Guerrero Chávez

Asesor



Dra. Rosalinda Mendoza Villarreal  
Subdirectora de Postgrado  
UAAAN

## AGRADECIMIENTOS

A, Dios,

Por darme la inteligencia y capacidad para seguir adelante

Al, Dr. Humberto, por guiarme en este trabajo de investigación y por su amistad y apoyo.

Al, Dr. Víctor Zamora, por brindarme el apoyo en la revisión de este trabajo de investigación.

A la, Ph. D. Rosa Guerrero Chávez, por brindarme el apoyo en la revisión de este trabajo de investigación.

A, Carmen por la grata compañía.

A, mis compañeros de generación Vero, Eustrain y Israel.

A, los compañeros de la maestría, Lalo, Carlos Luis, Samuel, Marco, Julio César, Manuel, Gollo, Cid, Pau, Carlos.

A, los tesisistas del Dr. Humberto que siempre apoyaron en el trabajo de campo, además de su amistad creada.

Al, consejo de ciencia y tecnología (CONACYT), por el apoyo económico brindado.

## DEDICATORIA

**A, mi madre.**

Carmen Colorado Ramos

**A, la memoria de mi padre.**

Darío Segundo Vela Ortiz (†)

Por darme la vida y cuidar de mí siempre, por ser la guía perfecta desde el primer día de mi existencia con sus sabios consejos y apoyo incondicional.

## RESUMEN

Estimación de Componentes Genéticos y Selección de Familias en tres Poblaciones de Maíz

Por

Antonio de Jesús Vela Colorado

Maestría en Ciencias en Fitomejoramiento

Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro  
Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Enero 2018

Dr. Humberto De León Castillo --- Asesor ---

Se realizó la evaluación agronómica, caracterización genética y selección de tres poblaciones de maíz con: 210, 170 y 160 familias hermanos completos generadas con los lineamientos del diseño de apareamiento Carolina del Norte I, con los objetivos; determinar varianzas genéticas y heredabilidades en tres poblaciones de maíz clasificadas por el color de semilla, variegada, roja y azul, para su caracterización genética; realizar un ciclo de selección de hermanos completos o líneas S1, auxiliados por la estrategia de un índice de selección básico; realizar la selección de los machos autofecundados superiores en la población variegada para posteriormente recombinar líneas S1; los ensayos de rendimiento se realizaron bajo el diseño bloques incompletos con un arreglo alfa látice con dos repeticiones por localidad, se detectaron diferencias estadísticas en las fuentes macho, hembra dentro de macho, macho por localidad y hembra dentro de macho por localidad; en la población variegada se encontró que la

varianza aditiva fue mayor que la varianza de dominancia en 92 % de las variables evaluadas, en la población roja 77 %, y en la azul 62 %, se estimaron tres tipos de heredabilidades, alta, intermedia y baja, se esperan rápidos avances en la mejora de las poblaciones por sus aceptables valores reproductivos; se realizó la selección del 10 % de las familias con buenos atributos agronómicos en las poblaciones roja y azul mismas que fueron sembradas y recombinadas, en la población variegada se seleccionó el 17 % de los machos autofecundados.

**Palabras clave:** Caracterización genética, Familias, Varianzas, Heredabilidad, índices de selección.

## ABSTRACT

Estimation of Genetic Components and Selection of Families in three Populations of Corn

By

Antonio de Jesús Vela Colorado

Master of Science in Plant Breeding

Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro  
Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Enero 2018

Dr. Humberto De León Castillo --- Adviser ---

The agronomic evaluation, genetic characterization and selection of three maize populations were carried out with: 210, 170 and 160 full sibs families generated with the mating design guidelines Carolina del Norte I, with the objectives; to determine genetic variances and heritability in three maize populations classified by the color of the seed, variegated, red and blue, for their genetic characterization; perform a selection cycle of full sibs and S1 lines, assisted by the basic selection index strategy; perform the selection of the superior self-fertilized males in the variegated population to subsequently recombine S1 lines; the experiment was carried out under the design incomplete blocks with an alpha lattice arrangement with two repetitions per locality, statistical differences were detected in the male, female within male, male by locality and male within male by locality sources; in the variegated population it was found that the additive variance was greater than the variance of dominance in 92% of the variables evaluated, in the red population 77%, and in the blue 62%, three types of heritability, high, intermediate and low,

rapid advances in the improvement of populations are expected due to their acceptable reproductive values; 10% of the families with good agronomic attributes were selected in the same red and blue populations that were planted and recombined, in the variegated population 17% of the self-fertilized males were selected.

**Key words:** Genetic characterization, Families, Variances, Heritability  
Selection indexes.

<b>ÍNDICE DE CONTENIDO</b>	<b>Paginas</b>
ÍNDICE DE CUADROS.....	x
ÍNDICE DE FIGURAS.....	xi
I. INTRODUCCIÓN.....	1
Objetivos .....	2
Hipótesis.....	3
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	4
Importancia del color de la semilla en el maíz .....	4
Caracterización genética de las poblaciones .....	10
Mejoramiento Poblacional.....	11
Diseño de Apareamiento .....	13
Componentes Principales.....	14
Interacción genotipo por ambiente .....	16
Índices de Selección .....	17
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	20
Material Genético.....	20
Cruzas .....	21
Ambientes de Evaluación.....	21
Manejo Agronómico.....	22
Variables de Evaluación .....	23
Diseño Experimental y Análisis .....	26
Estimación de esperanzas de cuadrados medios, individual y combinado para el Diseño I de Carolina del Norte .....	28
Modelos lineales para estimar componentes genéticos Individual y Combinado.....	29
Componentes de Varianza.....	30
Estimación de Parámetros Genéticos .....	30
Uso del gráfico Biplot mediante el modelo AMMI.....	32
Índice de Selección .....	34
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....	37
Cuadrados medios de los análisis estadísticos .....	37
Estimación de componentes y varianzas genéticas .....	47
Selección de familias para constituir el primer ciclo de selección en las tres poblaciones.....	53
V. CONCLUSIONES .....	61
VI. LITERATURA CITADA .....	62

## ÍNDICE DE CUADROS

Paginas

Cuadro 4.1 Cuadros medios del análisis de varianza de la población roja.....	39
Cuadro 4.1 Cuadros medios del análisis de varianza de la población roja.....	40
Cuadro 4. 3 Cuadros medios del análisis de varianza combinado de la población variegada. ....	42
Cuadro 4. 4 Promedios por localidad de las variables floración hembra, acame de raíz, fusarium y rendimiento. ....	44
Cuadro 4. 5 Componentes genéticos, varianzas y heredabilidad, estimados en la población Roja. ....	47
Cuadro 4. 6 Componentes genéticos, varianzas y heredabilidades, estimados a partir del análisis de varianza de la población Azul. ....	49
Cuadro 4.7 Componentes genéticos estimados a partir del análisis de varianza combinado de la población variegada.....	51
Cuadro 4. 8 Variables y sus heredabilidades elegidas para construir el índice de selección en cada una de las poblaciones. ....	57
Cuadro 4. 9 Selección del 10 % de las familias de la población roja. ....	59
Cuadro 4. 10 Selección del 10% de las familias de la población azul. ....	59
Cuadro 4. 11 Selección del 17 % de los machos de la población variegada. ....	60

## ÍNDICE DE FIGURAS

	Paginas
Figura 4.1 Biplot de la población roja.....	54
Figura 4.1 Biplot de la población azul.....	55
Figura 4.1 Biplot de la población variegada.....	56

## I. INTRODUCCIÓN

El principio de cualquier programa de mejoramiento genético es el pre-mejoramiento o mejoramiento poblacional, donde se requiere tener una idea clara de hacia donde se quiere llegar con las poblaciones, así como también de que metodología usar para depurar y seleccionar lo mejor de las poblaciones *per se*, el evaluar más de una población requiere de arduo esfuerzo, pero al final podrían brindar buenos resultados.

La diversidad en maíz muy grande, en México se encuentra la mayor diversidad en microrregiones de la parte centro y sur del país, principalmente en donde imperan condiciones de temporal o secano y sistemas agrícolas regionales de producción (Herrera *et al.*, 2000), por lo regular agricultores disponen de más de una variedad nativa adaptada a su ambiente, esto les permite asegurar producción en al menos una de sus poblaciones (Aceves *et al.*, 2002).

En las regiones de México es común que los grupos de maíz se diferencien de otro en precocidad, color de grano y usos, debido a que las poblaciones se siembra en un sitio particular del nicho o microrregión y en un periodo específico en esto tiene mucho que ver las reguladas condiciones climáticas, entonces es un nicho con un régimen higrotérmico específico, esto en parte condiciona el patrón varietal de las poblaciones como: color del grano, precocidad y otras características agronómicas, particularmente rendimiento de grano (Gil *et al.*, 2004).

El realizar apareamientos controlado de individuos dentro de una población permite la recombinación y acumulación de alelos cuantitativos favorables en nuevos genotipos que al ser seleccionados y recombinados paulatinamente darán origen a una población superior Nájera (2010) por lo tanto, las poblaciones mejoradas son fuente importante de germoplasma para programas de mejoramiento, la evaluación en más de un ambiente permite la

expresión de caracteres de interés para el fitomejorador, gracias a la expresión génica se puede identificar materiales sobresalientes.

La caracterización genética de poblaciones es un poco minuciosa, pero permite dar una identificación a cada población, uno de los valores cuantitativo importantes que caracteriza a las poblaciones es la heredabilidad ( $h^2$ ), criterio importante empleado para identificar metodologías eficientes para el manejo de cada población (Rovaris *et al.*, 2011).

La selección de individuos debe realizarse minuciosamente, asegurando que las familias elegidas sean los mejores de acuerdo a los objetivos establecidos por el fitomejorador.

Respecto a lo anterior, el Instituto Mexicano del Maíz ha venido trabajando en el mejoramiento genético de maíz, con el objetivo de obtener poblaciones de maíz elite, que puedan ser utilizadas en un nuevo programa de mejoramiento o directamente en la producción de grano.

## **Objetivos**

- I. Determinar varianzas genéticas y heredabilidades en tres poblaciones de maíz clasificadas por el color de su semilla, una variegada, otra roja y una azul que permitan su caracterización genética.
  
- II. Realizar un ciclo de selección de familias de hermanos completos, y machos autofecundados, auxiliados por la estrategia de índices de selección básica, más el agrupamiento en base a medias de los valores de los índices.
  
- III. Recombinar las familias seleccionadas en las poblaciones roja y azul.

## **Hipótesis**

- I. La estimación de las varianzas genéticas y heredabilidades de las variables agronómicas de cada población serán diferentes y serán útiles en la elección de caracteres en cada población.
  
- II. Al menos una familia dentro de cada población mostrara mejores efectos genéticos que el resto.
  
- III. Es posible la selección de machos autofecundados mediante la respuesta obtenida de su progenie.

## II. REVISIÓN DE LITERATURA

### Importancia del color de la semilla en el maíz

Existe una vasta diversidad genética en maíz, en México los maíces con tonalidades de color rojo y azul se han convertido en tema importante de investigación científica con objetivos en alimentación humana, desde el punto de vista bioquímico se ha encontrado que las antocianinas son las responsables de la coloración de la aleurona en el grano y estas pertenecen al grupo de los flavonoides, los cuales además de ser una fuente natural de colorantes poseen actividad antioxidante que contribuye al mantenimiento de la salud humana (Salinas-Moreno *et al.*, 2007).

Los maíces con presencia de pigmento en el grano son poblaciones que presentan deficiencias agronómicas que obstaculizan su rendimiento y sanidad, por lo tanto es necesario recurrir al mejoramiento genético para conocer las poblaciones y eliminar las deficiencias (Caraballosa-Torrecilla *et al.*, 2000).

El grano de maíz con pigmento tipo antociano (rojo, azul, etc.) obtiene su coloración debido a las antocianinas, que le dan la presentación a los pigmentos vegetales visibles al ojo humano. Las antocianinas, además de ser colorantes poseen importantes actividades biológicas como antioxidantes, antimutagénicas y anticancerígenas (López-Martínez *et al.*, 2009.). Por lo que son de interés para la industria alimenticia, farmacéutica y cosmética.

El maíz azul debe su color a las antocianinas y estas se encuentran en diferentes grados de ahí las tonalidades en su coloración; las antocianinas se encuentran localizadas en la aleurona, existen varios tipo de grano pigmentado en los cuales pueden predominar carotenoides o flavonoides del

tipo antocianinas, lo prueban los colores del grano y esto pueden ir desde un rojo ligero hasta el morado intenso (Salinas *et al.*, 2012).

Recientemente, se ha considerado que los pigmentos de los granos de maíz poseen actividad antioxidante por ello su interés nutricional por su contribución al mantenimiento de la salud humana debido a las propiedades benéficas de sus metabolitos secundarios; además de los carotenoides, las antocianidinas están presentes en cantidades apreciables en las variedades pigmentadas de maíz confiriéndoles actividad antioxidante lo que convierte al maíz como un producto potencial para el suministro de colorantes y antioxidantes naturales (Arroyo *et al.*, 2007).

El maíz azul es un antioxidante natural que retarda el envejecimiento celular, principalmente por los mecanismos de acción de la cianidina-3- $\beta$ -glucósido, pelargonidina-3- $\beta$ -glucósido, peonidina-3- $\beta$ -glucósido, ácidos fenólicos, quercetina y hesperidina (Salinas *et al.*, 2013).

En México existe una gran diversidad de variedades de maíz de color azul, las cuales corresponden a varias razas. También existe variabilidad en tamaño, densidad y dureza del grano, así como en su composición química. Estas variables, están definidas por el factor genético (Agama, *et al.*, 2011; Salinas, *et al.*, 2011).

Respecto a la actividad antioxidante de cinco variedades de maíz dónde la variedad azul presentó la mayor actividad antioxidante y una mayor cantidad de compuestos fenólicos y de antocianidinas, a los cuales se podían atribuir su actividad biológica y podrían servir para el mantenimiento o recuperación de la salud de sus consumidores. La presencia de fitoquímicos con actividad antioxidante en las variedades de maíz induce a pensar que es un alimento funcional y su consumo sería benéfico por su aportación de antioxidantes exógenos (Mex-Álvarez *et al.*, 2013).

El maíz rojo es excepcionalmente dulce por lo que es consumido en elote, ensaladas, a la parrilla en tartas en puré o al vapor, estos son solo algunos de sus usos. Las mazorcas suelen ser un poco más delgadas y los granos son de textura firme. Al igual que el maíz azul, el maíz rojo debe su coloración a las antocianinas que son flavonoides, antioxidantes que protegen a muchos sistemas del cuerpo, las antocianinas tienen propiedades antiinflamatorias que se han vinculado con revertir daños en el sistema nervioso como también pueden revertirse efectos de la diabetes. El maíz rojo contiene 20% más proteína y 350% más antioxidantes que el maíz amarillo o blanco común (Colorful Harvest Inc, 2016).

El maíz rojo tiene diferentes usos, un novedoso uso es la creación de una cerveza de tono rojo, el color es parecido al agua de Jamaica, posee un excelente sabor y excelente aroma original, esto a través de un novedoso proceso de fermentación y malteado, el valor agregado de esta cerveza de maíz rojo es contener las antocianinas naturales del maíz, las cuales tiene la capacidad de antioxidantes que son benéficos para la eliminación de radicales libres (El universal Ciencia., 2012).

La actividad antioxidante de cinco variedades de maíz, de color roja, morada, amarilla y dos blancas cultivadas en Campeche México, que fueron estudiadas por las técnicas de DPPH (2,2-difenil-1-picrilhidrazilo), DMPD (N, N,- dimetil-p-fenilendiamina), donde las variedades roja y morada tuvieron mayor índice de oxidación donde en el ensayo DMPD, la variedad roja tuvo una mejor capacidad reductora, el contenido de antioxidantes en las variedades de maíz de color, permite considerarlo como alimento funcional al aportar antioxidantes exógenos a su consumidor con sus consecuentes efectos protectores (Mex-Álvarez *et al.*, 2013).

El efecto de la nixtamalización sobre los compuestos fenólicos y actividad antioxidante de los fenotipos de maíz blanco, azul, rojo y morado contrastándolos con los resultados de los extractos preparados de granos crudos, la actividad antioxidante se determinó con los ensayos de poder reductor total, neutralización del radical peroxilo e inducción de quinona reductasa en hepatoma murino, la mayor actividad la mostraron las variedades pigmentadas (López-Martínez *et al.*, 2011).

La mayor diversificación del maíz se encuentra en México como centro de origen, existen alrededor de 3.2 millones de productores de maíz y es el cultivo de mayor superficie cosechada. La mayoría de estos productores se encuentran en el sector rural, en condiciones de desigualdad y marginación social. A pesar de esta diversidad genética y de representar alrededor de 65% de la superficie cultivada, existe poca atención dada al potencial de los maíces nativos en términos comerciales. La comercialización de maíces nativos se puede llevar a cabo en mercados locales tradicionales y en mercados de especialidad (Guadarrama *et al.*, 2014).

En México existen oportunidades de mercado para los maíces criollos, maíces para especialidades gastronómicas e industriales que incluyen maíces como: azul, negro, rojo, morado, amarillo, el pozolero, el palomero, entre otros. Los consumidores aprecian estos tipos de maíz por sus características culinarias, como el color, la textura, el sabor y porque se usan en la preparación de varios platillos típicos (Keleman y Hellin, 2013).

En cuanto al maíz variegado (granos con combinación de colores) se tiene que desde la mitad del siglo XX, un descubrimiento fuertemente resistido por la comunidad científica del momento, la investigadora Barbara McClintock, trabajando con plantas de maíz, descubrió que existían porciones de ADN que podían moverse dentro de un mismo cromosoma, o incluso entre distintos cromosomas. Estos elementos genéticos recibieron muchos nombres, entre

ellos “genes saltarines” lo que actualmente se llama “transposones.” Ahora como consecuencia de la secuenciación de los genomas, hoy se sabe que los elementos transponibles existen en prácticamente todos los organismos estudiados, incluyendo a los seres humanos (ArgenBio, 2007).

Las delaciones, duplicaciones, amplificaciones y reordenamientos de genes o segmentos mayores del ADN ocurren con frecuencia en los organismos. Estos cambios constituyen un importante causal de variabilidad. Algunos de ellos se deben a la presencia de elementos genéticos móviles denominados transposones. La presencia de este tipo de elementos y su vinculación con condiciones de estrés e inestabilidad genómica fue descrita por primera vez por B. McClintock en sus estudios con maíz (McClintock, 1984).

Los transposones son fragmentos de ADN que tienen la capacidad de moverse a lo largo del genoma que los transporta. El movimiento de estos fragmentos puede ocasionar diversos cambios en el genoma, que en ocasiones pueden traducirse en cambios fenotípicos. Su estudio ha permitido dilucidar aspectos básicos de la organización del genoma de plantas, además de que están siendo usados en técnicas de Ingeniería Genética (Cristancho, 1997)

En varias plantas modelo se ha demostrado que el movimiento de transposones es una causa de la variación somaclonal detectada durante cultivo de tejidos. Estos transposones también se activan durante otros estreses a que se ve sometida la planta, como es la presencia de patógenos o sequía, en este aspecto los transposones podrían ser un mecanismo de defensa de las plantas ya que parecen otorgarles una gran variabilidad (Cristancho, 1997).

Los reordenamientos del ADN, operando en forma programada o no programada, pueden configurar cambios que posibiliten la expresión de nuevas funciones (Shapiro, 2005).

Factores ambientales de estrés, como el daño al ADN y/o alteraciones en su replicación, inducen en las bacterias la respuesta SOS y por ende el aumento de la escisión y/o movilización de algunos transposones y de la frecuencia de la mutación puntual y de ciertos tipos de deleciones (Levy *et al.*, 1993; Chan y Nagel, 2004).

Es razonable pensar que el proceso de mutación esté sometido, como otros procesos celulares, a cambio y selección. La mutación no aparece así como un mecanismo autónomo e inmanente, sino como un proceso pasible de cambio. Señales internas y externas podrían modificar la expresión de los genes y la mutabilidad. Las condiciones del medio seleccionarían las variantes mejor adaptadas. La mutabilidad también sería una característica pasible de selección, y por ende de evolución (Kugler, 2007).

La activación de los elementos transponibles puede generar fenotipos de mosaico en los seres vivos. Las manchas en los granos de maíz son producto de la actividad de elementos transponibles que afectan a genes responsables de la síntesis de pigmentos en ambos casos. Mientras más temprano el elemento transponible se escinde del gen afectado, más grandes es el parche de tejido con actividad de síntesis de pigmentos restaurada (Feschotte, 2002).

El maíz variegado es un maíz de color rojo con presencia de franjas blancas longitudinales en la semilla, que le dan una coloración rayada al grano por efecto de transposones, la presencia de transposones en los maíces es de suma importancia para el ámbito científico, por ejemplo. Los elementos transponibles son un componente importante de muchos genomas eucariotas y constituyen la mayoría de ADN nuclear de la planta. Los transposones se

consideran generalmente como un componente nocivo o neutral de estos genomas. Sin embargo, existen interacciones complejas con los genes del hospedador por lo tanto el potencial de contribuir al regulamiento en la expresión génica, por ejemplo los transposones que se insertan cerca de un gen puede ser transcripcionalmente activos en respuesta a condiciones de estrés en el genoma del maíz, entonces si muchos tipos diferentes de transposones adjuntados con los genes pueden proporcionar un sistema ideal para estudiar la influencia de todo el genoma, en la regulación de genes (Makarevitch., *et al.*, 2015).

### **Caracterización genética de las poblaciones**

La estimación de parámetros genéticos en poblaciones segregantes de maíz proporciona información sobre la variación genética existente en la población y sustenta el avance del proceso de selección. La proporción de la varianza genética que es heredable se descompone en una porción aditiva asociada al efecto promedio de los efectos de los genes, una porción de dominancia, debida a la interacción alélica intralocus y a la epistasis (Hallauer, 1981).

La varianza aditiva mide la cantidad de variación presente en la población que se debe a efectos aditivos de los genes, en tanto que el coeficiente de variación genético aditivo permite cuantificar la magnitud de la variación genética que puede ser aprovechada por la selección recurrente mientras que la varianza de dominancia es la desviación por dominancia que surge de la interacción entre alelos de un locus. Es la sumatoria de los efectos producidos debido a las interacciones alélicas entre todos los pares de genes que determinan el carácter en un individuo. (Rovaris *et al.*, 2011).

La heredabilidad mide la importancia relativa de la varianza aditiva como proporción determinante de la varianza fenotípica en sentido estricto, la

estimación de la heredabilidad es indispensable para predecir la respuesta a la selección en una población, dicha respuesta se define como un cambio en la media poblacional de la generación siguiente (Garbuglio *et al.*, 2009).

La determinación de los parámetros genéticos en las poblaciones permite dilucidar la existencia de variación genética aditiva, lo anterior posibilita un mayor avance genético por ciclo de selección (Rebolloza *et al.*, 2016).

### **Mejoramiento Poblacional.**

La formación de poblaciones mejoradas de maíz es un proceso dinámico, porque requiere que las poblaciones superen a las anteriores en diferentes caracteres como son; rendimiento, acames, alturas, enfermedades foliares, entre otros. Las poblaciones regionales o adaptadas son de interés para los mejoradores de maíz, porque a través de selección inducida mediante estructuras familiares se han concentrado alelos de interés económico, sin embargo, estas tienen deficiencias agronómicas que limitan su aprovechamiento, de ahí la importancia de su mejoramiento (Vallejo *et al.*, 2000).

El aprovechamiento de las poblaciones locales puede ayudar a la preservación *in situ* de la diversidad genética local, la conservación se facilita si se conoce la diversidad genética en las condiciones de la agricultura tradicional (Herrera *et al.*, 2004).

Las poblaciones base de selección pueden formarse a partir del cruzamiento entre líneas endogámicas contrastantes, del cruzamiento entre variedades mejoradas, o por el entrecruzamiento de un grupo de líneas o poblaciones (pool genético), o pueden ser poblaciones nativas de maíz (poblaciones panmícticas). Las combinaciones germoplásmicas derivadas de poblaciones nativas x variedades mejoradas también pueden ser

germoplasma base para programas de mejoramiento genético en maíz (Dzib-Aguilar *et al.*, 2011).

La efectividad de 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 y Miranda, 1988).

La aplicación de selección recíproca recurrente de hermanos completos y lograron una reducción significativa en acame de tallo, de 4.9 % por ciclo. (Eyherabide y Hallauer 1991).

La selección familiar de hermanos completos es un método potente en el uso de la mejora de las poblaciones, este tipo de método ha sido usado en el CIMMYT y otros investigadores por mucho tiempo para incrementar el rendimiento de grano principalmente (Vasal y Mclean, 1994).

La selección de familiar de hermanos completos funciona para incrementar la sanidad en plantas, disminución de las alturas de las plantas y altura de mazorca, también incrementa el número de mazorcas por planta en 0.9 % por ciclo y con esto el rendimiento de grano (Pandey *et al.*, 1986).

Los resultados en la población PABGI-PR evidencian las ventajas de la selección recurrente en el mejoramiento de poblaciones de maíz para caracteres de importancia económica, la selección de familias de hermanos completos fue efectivo para incrementar el rendimiento y la sanidad de mazorca, pero por correlación se incrementó la altura de planta (Maya y Rodríguez 2002).

Los métodos de selección recurrente de progenies o líneas (S1) y dos (S2), son los métodos más agresivos y más usados para mejorar la resistencia a plagas y enfermedades en poblaciones (Tanner y Smith 1987).

El mejoramiento de poblaciones mediante selección recurrente intrapoblacional, involucra el mejoramiento de una población, y los métodos más comunes para hacerlo son la selección masal y la familiar mediante: medios hermanos paternos o maternos, hermanos completos y (líneas S1 ó S2). El método de hermanos completos es más eficiente que el masal y que el de medios hermanos debido a que permite un mejor control parental, por lo que la respuesta a la selección es de mayor magnitud (Márquez, 1985).

### **Diseño de Apareamiento**

Los diseños genéticos o diseños de apareamiento son planes de cruzamiento entre individuos de una población, con el objetivo de estudiar teóricamente los efectos y las varianzas genéticas que se presentan en las progenies (variables causales), para luego relacionar dichos efectos con los datos físicos de dichas progenies (variables observables), y así poder estimar los parámetros genéticos que interesan al mejorador. Generalmente dichos parámetros son: la varianza genética, la varianza ambiental y la varianza fenotípica, con las cuales se puede estimar la heredabilidad, para poder hacer predicciones de la respuesta a la selección (Márquez, 1992).

Los Diseños I, II y III de Carolina del Norte; juegan un papel primordial en el mejoramiento genético vegetal para estimar los componentes de varianza genética de una población de referencia, la medición de múltiples características bajo estos diseños permite también la estimación de componentes de covarianza, y las correlaciones fenotípicas y genotípicas entre las características medidas (Hallauer y Miranda, 1988). El diseño I se planteó en la Universidad Estatal de Carolina del Norte por Comstock y Robinson (1948). Este diseño de apareamiento genético se aplica a cualquier

planta alógama que permita en una población usar plantas como diferentes machos (m) y que estos se crucen cada uno con una serie de hembras (h), lo que se entiende como un grupo de hembras son cubiertas por un macho, de tal manera que existe efecto de anidamiento de las hembras dentro de los machos, en este tipo de diseño no nos interesa conocer el efecto de las hembras y también se piensa que no existe efectos maternos, en cada apareamiento las progenies de plantas obtenidas son: familias de medios hermanos por cada uno de los machos que se emplean en el cruzamiento y familias de hermanos completos por la combinación específica de macho-hembra.

En el Diseño I de Carolina del Norte se han hecho referencia a insuficiencias en el tamaño de la muestra de hembras: (Márquez y Hallauer 1970) encontraron que es más adecuado el uso de ocho hembras por macho que las cuatro originalmente sugeridas por Comstock y Robinson (1948), el diseño I es particularmente eficaz para maíz y ha sido utilizado con bastante frecuencia, no solo para estimar varianzas genéticas, sino también en un programa genético de orden práctico para identificar y solo recombinar las mejores familias. Además, la información que se genera sobre medios hermanos y hermanos completos permite hacer más eficiente la selección, (Márquez, 1992).

### **Componentes Principales**

La mayoría de las investigaciones que requieren la aplicación de la estadística demandan el análisis de muchos factores o variables y que por esto las técnicas del análisis de datos multivariados constituyen una herramienta poderosa para la toma de decisiones en las diferentes disciplinas, pues dan respuesta a necesidades palpables y plenamente identificables, cuando existen muchas variables es posible que parte importante de la información sea redundante, por lo tanto es necesario eliminar el exceso y dejar sólo variables que tengan representatividad dentro del conjunto. Esto se

consigue con la aplicación de las técnicas multivariantes de reducción de variables, como el análisis de componentes principales (ACP).

Entonces se puede decir que (ACP) es una técnica estadística de análisis multivariado que permite seccionar la información contenida en un conjunto de  $p$ , variables de interés en  $m$ , nuevas variables independientes, donde cada una explica una parte de información contenida en el análisis y mediante la combinación lineal de las variables originales se resume la información total en pocas componentes lo cual mejora la interpretación de los resultados obtenido (Peña, 2002 y Dallas, 2000).

El análisis de componentes principales es una técnica estadística multivariada de síntesis de la información. Las nuevas variables artificiales que genera componentes principales tantas como variables se hayan incluido en el análisis, son combinaciones lineales de las variables originales que, en conjunto, explican el 100% de la variancia observada en los datos, pero la porción de la variancia que explica cada una de ellas es independiente de la fracción que explican las restantes. El siguiente paso es dar una buena interpretación de la información resultante a los componentes generados y deducir a partir de la observación la relación entre las nuevas variables CP1, CP2 y las variables reales introducidas originalmente (Di Masso *et al.*, 2010).

La aplicación de esta técnica para analizar el desempeño conjunto de caracteres de crecimiento y caracteres de la carcasa en una población experimental F2 de pollos (*Gallus gallus*), se concluyó que la técnica permitió reducir el número de variables consideradas en cada candidato facilitando su evaluación global en el marco de un programa de mejoramiento genético (Batista *et al.*, 2006).

El análisis de componentes principales permitió conocer los componentes que sintetizan la variabilidad total asociada a un multiespacio, determinándose dos componentes de tipo ortogonal que resumen en un gran porcentaje la dinámica de comportamiento de tres variedad de pastos Ryegrass, (Restrepo *et al.*, 2012).

El análisis de componentes principales mostró agrupamientos dónde de acuerdo con los vectores propios, en el primer componente las variables con mayor peso fueron: número de hojas arriba de la mazorca, área foliar de la hoja de la mazorca, calificación de planta, diámetro de médula y diámetro de olote. En el segundo componente, las variables de mayor importancia fueron: longitud de la mazorca, número de hileras por mazorca, diámetro de mazorca y ancho de grano. El tercer componente estuvo fuertemente influido por las variables: días a floración femenina, longitud de grano y grosor de grano, (Ángeles-Gaspar *et al.*, 2010).

### **Interacción genotipo por ambiente**

La razón principal por la cual el modelo (AMMI) se considera apropiado para la investigación agrícola es que la parte del ANOVA de este modelo permite separar los efectos principales de genotipos y ambientes, de los efectos de la interacción con relativa facilidad y adicionalmente la parte relativa a los componentes principales permite separar la mayor proporción de la variación debida a la IGA en los primeros CPs, mientras descarta la proporción de la variación debida al error en los últimos CPs (Gauch *et al.*, 2008).

El modelo AMMI fue útil para entender la compleja interacción genotipo por ambiente existente en caracteres cuantitativos como el rendimiento de grano, lo que permite ganar comprensión de la interacción, mejorar el proceso de

selección y sumar eficacia experimental al poder formar grupos de ambientes de igual respuesta, así como grupos de ambientes que poco contribuyen a la interacción y a la discriminación de genotipos, (Santacruz-Varela *et al.*, 2015).

Si no existiera interacción genotipo x ambiente entonces en un solo híbrido o variedad de maíz o cualquier otro tipo de cultivo podría alcanzar aquel tan buscado rendimiento y este podría rendir más en todo el mundo, y además el ensayo de cultivos se podría realizar en una sola ubicación y proporcionar resultados globales (Gauch y Zobel 1997).

Es recomendable realizar la evaluación de un cultivar en más de un ambiente de interés ya que la interacción  $G \times A$  se debe a factores impredecibles del ambiente (Sprague y Eberhart 1977).

El fitomejorador de plantas tiene que atender los efectos de la interacción  $G \times A$  bajo un modelo eficiente para así poder obtener el ideotipo buscado (Crossa y Cornelius, 1997).

### **Índices de Selección**

En la actualidad existen varios métodos para el mejoramiento genético simultáneo de varios caracteres los tres que mayor auge e importancia se les ha dado son selección en tándem, selección simultánea de caracteres independientes e índice de selección (IS). Los índices de selección, permiten separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres (Cerón y Sahagún 2005).

En maíz, es importante utilizar una metodología para determinar que caracteres deben incluirse en la selección simultánea, a fin de mejorar la producción, por lo general las características utilizadas en un índice de selección deben ser de mayor heredabilidad que el rendimiento *per se*, y estar significativamente correlacionadas con este, (Milligan *et al.*, 2003).

Un Índice de selección es la metodología utilizada para realizar selección de manera simultánea por varias características, la cual toma en consideración además de los aspectos genéticos, la importancia económica de las características involucradas. Está conformado esencialmente por dos ecuaciones; la primera, es aquella en la cual se incluyen las características que se desea mejorar, es decir, las que comprenden el objetivo de selección y se denomina genotipo agregado; la segunda se constituye con las características sobre aquellas que se hace la selección, las cuales se denominan criterios de selección (Yáñez, 2005).

Se debe buscar que exista correlación positiva entre variables seleccionadas y el genotipo que se está buscando, y así obtener progreso genético para las características consideradas en el estudio, de acuerdo con el valor de la correlación entre el índice y el genotipo agregado (0.54). El animal que presentó mayor índice fue el 287 – 1 y el de menor índice 473 – 2. De acuerdo con lo anterior, para seleccionar los individuos deben ordenarse los animales de acuerdo con el valor del índice, seleccionando aquellos que muestran índices superiores. Estos animales presentarán un balance económico y productivo entre PN y PD. Los animales con mayor índice son los de mayor valor económico, ya que se esperaría que tuvieran el mejor genotipo para mejorar las características en estudio, y por lo tanto su valor como reproductor, haciendo énfasis en el PD, puesto que se asignó un mayor valor económico relativo (0.7), (Montes *et al.*, 2008).

Un índice de selección es el mejor predictor lineal del valor de mejoramiento por unidad de selección y toma forma la forma de regresión múltiple del valor de mejoramiento, sobre todas las fuentes de información, (Betancur *et al.*, 2012).

Se encontró que la selección basada solo en rendimiento de forraje verde presentó una eficiencia relativa de 0.34% y que los índices que involucran a dos caracteres dieron eficiencias similares a lo anterior, los índices que involucran a tres caracteres dieron las eficiencias relativas más altas  $I(1, 2, 3)=1,57\%$ ,  $I(1, 2, 4)=1,53\%$  ,  $I(2, 3, 4)=1,34\%$ , en la construcción de índices es necesario aplicar la lógica y el sentido común además de las herramientas estadísticas al seleccionar los caracteres que lo conformaran (Tucuch-Cauich *et al.*, 2011). En el presente trabajo fueron elegidos tres caracteres en cada población para obtener una mejor eficiencia en la selección de familias y machos.

### III. MATERIALES Y MÉTODOS

#### Material Genético

En el presente trabajo se utilizaron tres poblaciones cuyas características principales se mencionan a continuación.

Población Roja; Población de plantas de porte normal que se caracterizan por una coloración roja intensa en la aleurona del grano, un excelente tamaño de mazorca, buena profundidad de grano y de forma dentada, un alto contenido de azúcares lo cual le da una excelente calidad para su uso en elote y un amplio uso en platillos gastronómicos de especialidad, así como la importante ingesta de antioxidantes al consumirlo, responde muy bien al manejo agronómico y uso de insumos agrícolas, presenta madurez diversa ya que dentro de la población se encuentran familias precoces intermedias y tardías, presenta entre nudos largos, espigas compactas y de elote rojo.

Población Azul. Población de plantas de porte normal y de grano profundo, se caracteriza por un alto contenido de antocianinas las cuales brindan el color azul intenso al grano, lo que permite su amplio uso culinario, he ingesta de antioxidantes naturales, responde muy bien al manejo agronómico y uso de insumos agrícolas, presenta madurez diversa ya que dentro de la población se encuentran familias precoces intermedias y tardías, presenta entre nudos largos espigas compactas el grano es de tipo dentado y profundo.

Población Variegada. Población de plantas de porte normal que se caracterizan por ser semilla de color rojo que presenta franjas de color blanco en posición longitudinal, generadas por una alta frecuencia de transposones, lo que le da interés de uso científico, responde muy bien al manejo agronómico y uso de insumos agrícolas, presenta madurez diversa ya que dentro de la

población se encuentran familias precoces intermedias y tardías, presenta entre nudos largos espigas compactas el grano es de tipo dentado.

## **Cruzas**

La obtención de cruzas de cada población fue durante el ciclo Primavera-Verano del año 2015, en el campo experimental de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, ubicado en el campus de la universidad sede Saltillo, Coahuila, la obtención de las estructuras se realizó atendiendo los lineamientos del diseño de apareamiento del Carolina del Norte I, donde un grupo de machos tomados al azar, pero identificados, se cruza con un grupo de hembras al azar también debidamente identificadas, lo que permitió generar; 160, 170 y 210 estructuras de FHC de las poblaciones; variegada, azul y roja respectivamente.

Originalmente se planteó solamente la exploración de cada población, con el fin de detectar comportamiento genético que permita depurar y caracterizar cada población *per se*, como agregado o segunda parte, fue seleccionar individuos sobresalientes de cada una de las poblaciones implicadas que permitan reconstituirlas para obtener cada población mejorada.

## **Ambientes de Evaluación**

Los grupos de familias obtenidas dentro de cada población se evaluaron en la localidad de Buenavista dentro de las instalaciones de la Universidad Autónoma agraria Antonio Narro, campo experimental el Bajío, de clima seco semi-calido, la ubicación geográfica son: 25°21', Latitud Norte, 101°02', longitud Oeste, con una precipitación anual total de 355-400 mm y un altitud de 1,742 msnm y una temperatura media anual de 19.8 °C.

Las fechas de siembra por ambiente de evaluación fueron: Bajío, UAAAN, el 3 de abril de 2016 para las poblaciones, roja y azul; en Bajío, UAAAN, el 4 de marzo y 6 de junio de 2016; y en Bajío UAAAN, el 27 de abril del 2017, para la población variegada.

### **Manejo Agronómico**

El manejo en relación a las prácticas culturales, fertilización y control de plagas fueron de acuerdo a las necesidades de la localidad.

Siembra; se realizó manualmente depositando alternamente dos semillas una semilla por golpe, en el ciclo primavera verano (P-V) de los años 2016 y 2017, siendo la unidad experimental de un surco de 3.70 m, de largo por 0.80 m de ancho, con espaciamento de 0.16 m entre plantas, con una densidad de 78, 125 plantas por hectárea

Fertilización; La fórmula aplicada en los cinco ensayos de rendimiento fue 200-100-100 kg ha<sup>-1</sup> de nitrógeno, fósforo y potasio respectivamente, todo el fósforo, potasio y la mitad del nitrógeno fueron aplicados a los 30 días de la siembra cuando la planta se observaba en etapa V3, el resto del nitrógeno se aplicó se en el primer cultivo, adicionalmente se realizó una aplicación de micronutrientes vía foliar en etapa V6, acompañado de insecticidas.

Riegos; Los riegos fueron aplicados vía cintilla, y estos fueron variables y estuvieron en función de la humedad disponible en cada ambiente de evaluación, el único común fue el de siembra.

Control de malezas; En todos los ambientes de evaluación se utilizó un herbicida pre-emergente con el nombre comercial de calibre 90, (cuyo ingrediente activo es Atrazina) a razón de 2 kg ha<sup>-1</sup>, aplicado después del

riego de siembra y herbicida pos-emergente con el nombre comercial de Convey, (cuyo ingrediente activo es Topramezone 29.73% SC) a razón de 100 ml ha<sup>-1</sup>.

Control de plagas; En todos los ambientes de evaluación se utilizaron los siguientes insecticidas, Proclaim (Benzoato de Emamectina) y Topgar (cyromacina), para el control de gusano cogollero y minador respectivamente.

Aclareo; El aclareo se realizó en etapa V5, el objetivo fue dejar 23 plantas por parcela útil.

Cosecha: La cosecha se realizó de forma manual, posteriormente se obtuvieron los datos de peso de campo, peso hectólitrico y humedad.

### **Variables de Evaluación**

Floración macho (FM). Días en que se tarda la planta en hacer presencia de las primeras partes de la inflorescencia masculina, tomando como base la fecha de siembra hasta que estas aparecen.

Floración hembra (FH). Días en que se tarda la planta en hacer presencia de las primeras partes de la inflorescencia femenina, tomando como base la fecha de siembra hasta que estas aparecen.

Altura de planta (AP). Distancia medida en decímetros, comprendidos desde la base del tallo a nivel del surco hasta la inserción de la hoja bandera.

Altura de mazorca (AM). Distancia medida en decímetros comprendida desde la base del tallo a nivel del surco hasta el nudo de la inserción de la mazorca principal.

Acame de raíz (AR). Número de plantas que presentan un ángulo de inclinación menor a 90° con respecto a la posición vertical de la planta, el valor se expresó en porcentaje.

Acame de tallo (AT). Es el porcentaje de plantas que se encontraron acamadas por parcela, considerándose como acamadas aquellas plantas que presentaron el tallo totalmente quebrado por debajo de la mazorca principal.

Calificación de planta (CP). Valor expresado como calificación de las plantas por parcela útil que considera; porte, sanidad, vigor, potencial de rendimiento y precocidad, la escala de calificación va de 1 a 9 (1 muy mala 9 muy buena).

Mala cobertura (MC). Es el número de mazorcas que presentan un mal envolvimiento de por el totomoxtle, el valor fue expresado en porcentaje.

Fusarium (FUS). Es el número de plantas expresado en porcentaje, que se encontraron con muerte prematura o dobladas por parcela, considerándose como plantas con fusarium aquellas plantas que presentaron muerte prematura.

Calificación de mazorca (CM). Calificación visual en base al total de mazorcas cosechadas por parcela útil que tienen un buen llenado de grano, tamaño, uniformidad, sanidad y calidad de semilla, la escala va de 1 a 9 (1 muy mala 9 muy buena).

Peso hectolitrito (PH) Representa el peso del grano contenido en un recipiente de 100 litros, denotado por ( $\text{kg hl}^{-1}$ ) es muy importante para la comercialización de granos pues se traduce a la cantidad de materia seca de grano que hay en un volumen determinado y fue obtenido con el determinador de humedad de la marca Dickey John.

Porcentaje de humedad (% H). Fue tomada al momento de la cosecha con un determinador de humedad de la marca Dickey John.

Para sacar el peso seco se aplicó la siguiente fórmula.

$$ps = \frac{(100 - \%H)}{100} \times pc$$

Dónde:

%H= porcentaje de humedad del grano al momento de cosecha y PC = peso de campo en kg.

Rendimiento de grano (REND) Es la producción estimada por parcela experimental reportada en  $\text{t ha}^{-1}$  de mazorcas al 15.5% de humedad, este se obtuvo dividiendo la equivalencia de la hectárea sobre el producto del peso seco (PS) por el área de parcela útil y dividido en la equivalencia de una tonelada.

$$RENDIMIENTO = \frac{(10,000m^2)}{\frac{APU \times PS}{1,000}}$$

$$RENDIMIENTO * 0.155 = RENDIMIENTO AJUSTADO AL 15\% DE HUMEDA$$

Dónde:

APU = Área de parcela útil, determinado por la distancia entre surcos por la distancia de estos y por el número de plantas por parcela; 0.155 = Constante para obtener el rendimiento al 15.5 % de humedad; 1,000 = Constante para obtener el rendimiento en t ha<sup>-1</sup>; 10,000 m<sup>2</sup>, equivalente a una hectárea.

### **Diseño Experimental y Análisis**

Se realizó la evaluación de las estructuras familiares de hermanos completos provenientes de tres poblaciones denominadas por el color de su grano, tales poblaciones son: población variegada, población roja y población azul bajo un diseño de bloques incompletos con un arreglo alfa-látice, con dos repeticiones por localidad, siendo la unidad experimental de un surco de 3.70 m, de largo por 0.80 m de ancho, con 23 plantas por parcela.

En el caso de la población variegada cada repetición estuvo conformada de 8 bloques y a su vez cada bloque estaba formado por 20 parcelas, en la evaluación de la población roja cada repetición estuvo conformada de 21 bloques que a su vez cada bloque estaba formado por 10 parcelas, para la población azul, fue conformada cada repetición por 17 bloques que a su vez contenían 10 parcelas, cada parcela contuvo una familia de hermanos completos.

Se realizó análisis de varianza para cada localidad y para cada población, los análisis fueron individuales para cada variable, para observar el comportamiento de los machos través de las hembras y obtener posteriormente la estimación de los parámetros genéticos, el diseño genético empleado fue el de Carolina del Norte I.

El modelo lineal empleado para el diseño de bloques incompletos individual y combinado fue el siguiente:

Individual:

$$Y_{jkl} = \mu + R_i + B_{k(i)} + T_l + E_{jkl}$$

Combinado:

$$Y_{ijkl} = \mu + A_i + R_{j(i)} + B_{k(i,j)} + T_l + AT_{il} + E_{ijkl}$$

$Y_{ijkl}$  = Es el valor observado de los tratamientos (l), en el ambiente (i), en la repetición (j), dentro del bloque (k).

$\mu$  = es la media general.

$A_i$  = Es el efecto del i-ésimo ambiente.

$R_{j(i)}$  = Es el efecto de la j-ésima repetición dentro del i-ésimo ambiente.

$B_{k(i)}$  = Es el efecto del k-ésimo bloque dentro del i-ésima repetición.

$T_l$  = Es el efecto del l-ésimo tratamiento.

$AT_{il}$  = Es el i-ésimo ambiente en interacción con el l-ésimo tratamiento.

$E_{ijkl}$  = Es el efecto del error aleatorio no controlado.

### Estimación de esperanzas de cuadrados medios, individual y combinado para el Diseño I de Carolina del Norte

Cuadro 3. 1 Esperanzas de cuadrados medias del diseño genético I, de Carolina del Norte.

F.V.	G.L.	C.M.	E.C.M.
(Rep)	r-1		
(M)	m-1	M3	$\sigma^2_{E+} + r \sigma^2_{H/M} + rh \sigma^2_M$
(H)/M	m-(h-1)	M2	$\sigma^2_{E+} + r \sigma^2_{H/M}$
Error	(mh-1) (r-1)	M1	$\sigma^2_E$
Total	rmh-1		

F.V.= Fuentes de Variación GL=Grados de Libertad; CM= Cuadrado Medio; ECM= Esperanza de cuadrados medios; (Rep)= Repetición; (M)= Macho; (H)/M= Hembra dentro de macho.

Cuadro 3. 2 Esperanzas de cuadrados medios del diseño genético I, de Carolina del Norte.

F.V.	G.L.	C.M.	E.C.M.
(Loc)	l-1		
(Rep)/Loc	(r-1) l		
(Blq)/Rep/Loc	(b-1)(r)(l)		
(M)	m-1	M5	$\sigma^2_{E+} + r\sigma^2_{(H)M^*L} + rh\sigma^2_{M^*L} + rl\sigma^2_{(H)M} + rhl\sigma^2_M$
(H)/M	(h-1) (m)	M4	$\sigma^2_{E+} + r\sigma^2_{(H)M^*L} + rl\sigma^2_{(H)M}$
M*Loc	(m-1)(l-1)	M3	$\sigma^2_{E+} + r\sigma^2_{(H)M^*L} + rh\sigma^2_{M^*L}$
(H)/M*Loc	(hm-1)(l-1)	M2	$\sigma^2_E + r\sigma^2_{(H)M^*L}$
Error	(hm-1)(r-1)(l-1)	M1	$\sigma^2_E$
Total	lrbmh-1		

F.V.= Fuentes de Variación; GL=Grados de Libertad; CM= Cuadrado Medio; ECM= Esperanza de cuadrados medios; Loc=Localidad; (Rep)/Loc= Repeticiones dentro de localidad; (Blq)/Rep/Loc=Bloques dentro de repeticiones y dentro de localidad; (M)=Macho; (H)/M= Hembras dentro de macho; M\*L=Macho por localidad; (H)/M\*L= Hembras dentro de macho por localidad.

## Modelos lineales para estimar componentes genéticos Individual y Combinado

Se realizó un análisis individual para las poblaciones roja y azul ya que solo se evaluó en una localidad y un análisis combinado para la población variegada ya que esta población se evaluó en tres ambientes.

Individual:

$$G_{jkmo} = \mu + R_j + B_{k(i)} + M_m + H_{o(m)}$$

Combinado:

$$G_{ijkmo} = \mu + A_i + R_{j(i)} + B_{k(i,j)} + M_m + H_{o(m)} + AM_{im} + AH_{io(mi)} + E_{ijkmo}$$

$G_{ijkmo}$  = Es el valor observado de los tratamientos (l), en el ambiente (i), en la repetición (j), dentro del bloque (k).

$\mu$  = es la media general.

$A_i$  = Es el efecto del i-ésimo ambiente.

$R_{j(i)}$  = Es el efecto de la j-ésima repetición dentro del i-ésimo ambiente.

$B_{k(i,j)}$  = Es el efecto del k-ésimo bloque dentro del i-ésimo ambiente y la j-ésima repetición.

$M_m$  = Es el efecto del l-ésimo macho.

$H_{o(m)}$  = Es el efecto de la m-ésima hembra dentro del l-ésimo macho.

$AM_{im}$  = Es el efecto del l-ésimo macho en interacción con el i-ésimo ambiente.

$AH_{io(mi)}$  = Es el efecto del i-ésimo ambiente en interacción con m-ésima hembra dentro del l-ésimo macho en interacción con el i-ésimo ambiente.

$E_{ijkmo}$  = Es el efecto aleatorio del error experimental.

## Componentes de Varianza

La estimación de los componentes de varianza fue a través del comando varcomp de SAS (SAS, System 9.0), que se utilizó en cada análisis de varianza dónde al ejecutarlo se obtuvieron, varianza de machos, varianza de hembras dentro de machos, varianza del error, esto para el caso de los análisis individuales y en el caso del análisis combinado se agregó varianza de interacción macho por localidad y de interacción hembra dentro de macho por localidad.

## Estimación de Parámetros Genéticos

Con la estimación de los componentes de varianza antes descritos se calcularon las varianzas o parámetros genéticos como son: varianza aditiva ( $\sigma^2_A$ ), varianza de dominancia ( $\sigma^2_D$ ), y sus respectivos errores estándar, siguiendo el método de Hallauer y Miranda (1981). varianza genética ( $\sigma^2_G$ ), varianza fenotípica ( $\sigma^2_F$ ) y heredabilidad ( $h^2$ ), en el caso de la población variegada además de los parámetros anteriores también se estimaron varianza aditiva por localidad ( $\sigma^2_{A*L}$ ), varianza de dominancia por localidad ( $\sigma^2_{D*L}$ ) y genética por localidad ( $\sigma^2_{G*L}$ ).

La estimación en los casos individuales y combinado, fue de la siguiente manera:

Análisis individual:

Varianza Aditiva,  $\sigma^2_A = 4 \sigma^2_M$ ;

Varianza de Dominancia,  $\sigma^2_D = 4 (\sigma^2_{H(M)} - \sigma^2_M)$ ;

Varianza Genética,  $\sigma^2_G = (\sigma^2_A + \sigma^2_D)$ ;

Varianza Fenotípica,  $\sigma^2_F = (\sigma^2_{E/R}) + \sigma^2_A + \sigma^2_D$ ;

Heredabilidad  $h^2 = \sigma^2_A / \sigma^2_F$ ;

$$V(v_A) = \frac{16*2}{(rh)^2} \left[ \frac{(CMm)^2}{gl+2} + \frac{(CMh/m)^2}{gl+2} \right]$$

$$V(v_D) = \frac{16*2}{(rh)^2} \left[ \frac{(CMm)^2}{gl+2} + \frac{(h+1)^2 * (CMh/m)^2}{gl+2} + \frac{h^2 * (CMe)^2}{gl+2} \right]$$

$$V(v_E) = \frac{2*(CMe)^2}{gl+2}$$

$$V(h^2) = \frac{V(\sigma^2_A)}{\sigma^2_F}$$

Análisis combinado:

Varianza Aditiva,  $\sigma^2_A = 4 \sigma^2_M$ ;

Varianza de Dominancia,  $\sigma^2_D = 4 (\sigma^2_{H(M)} - \sigma^2_M)$ ;

Varianza Aditiva,  $\sigma^2_{A*L} = 4 \sigma^2_{M*L}$

Varianza de Dominancia,  $\sigma^2_{D*L} = 4 (\sigma^2_{H(M)*L} - \sigma^2_{M*L})$ ;

Varianza Genética,  $\sigma^2_{G*L} = (\sigma^2_{A*L} + \sigma^2_{D*L})$ ;

Varianza Fenotípica,  $\sigma^2_F = (\sigma^2_{E/RL}) + (\sigma^2_{A*L} + \sigma^2_{D*L})/L + \sigma^2_A + \sigma^2_D$ ;

Heredabilidad  $h^2 = \sigma^2_A / \sigma^2_F$ ;

$$V(v_A) = \frac{16*2}{(rh)^2} \left[ \frac{(CMm)^2}{gl+2} + \frac{(CMh/m)^2}{gl+2} \right]$$

$$V(v_D) = \frac{16*2}{(rh)^2} \left[ \frac{(CMm)^2}{gl+2} + \frac{(h+1)^2 * (CMh/m)^2}{gl+2} + \frac{h^2 * (CMe)^2}{gl+2} \right]$$

$$V(v_E) = \frac{2*(CMe)^2}{gl+2}$$

$$V(h^2) = \frac{V(\sigma^2_A)}{\sigma^2_F}$$

## Uso del gráfico Biplot mediante el modelo AMMI

Posterior a los análisis de varianza antes realizados y la obtención de los parámetros genéticos, se planteó realizar la selección de las mejores estructuras familiares de las poblaciones roja, azul y de los mejores machos en el caso de la población variegada, avanzados como líneas S1.

Para ambos casos la selección se realizó con la herramienta estadística índices de selección (IS), el cual se construye con pocas variables que representen a todo el conjunto de variables obtenidas dentro de cada población, para hacer esto fue necesario visualizar el agrupamiento natural mediante un gráfico Biplot y este fue obtenido a través de un análisis AMMI, así identificar y tomar una variable de cada grupo de acuerdo con los criterios de selección más adelante descritos.

El primer paso para analizar y observar si existe agrupamiento por correlación entre los caracteres obtenidos en campo, es necesario trabajar con las mismas unidades, dado a que cada carácter fue tomado en diferente unidad como son: días, kg, cm, porcentaje etc., las variables deben ser estandarizadas y la formula que se utilizó fue la siguiente:

$$Z = \frac{Y_i - \bar{Y}}{\sigma}$$

Dónde:

Z = Valor estandarizado;  $Y_i$  = Valor observado;  $\bar{Y}$  = Promedio de  $Y_i$ ;  $\sigma$  = Desviación estándar de la variable en cuestión.

Después de tener los datos estandarizados de las 13 variables se prosiguió al acomodo de la siguiente manera, dónde los genotipos fueron la primera

columna de forma vertical y las variables de forma horizontal, por lo tanto cada genotipo contenía valores estandarizados a través de cada una de las variables. Posteriormente se corrió el modelo AMMI, con el interés de observar el gráfico Biplot, bajo la rutina propuesta por Crossa y Vargas (2000), para observar los agrupamientos naturales existentes entre las 13 variables anteriormente descritas, por lo tanto, el modelo aditivo de efectos principales e interacciones multiplicativas, AMMI se representa en la siguiente fórmula matemática:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Dónde:

$Y_{ij}$  = Comportamiento del  $i$ -ésimo genotipo en la  $j$ -ésima variable.

$\mu$  = media general.

$g_i$  = efecto del  $i$ -ésimo genotipo.

$e_j$  = efecto de la  $j$ -ésima variable.

$P$  = Numero de ejes de componentes principales considerados en el modelo AMMI que van desde que  $k=1$ .

$\lambda_k$  = Raíz cuadrada del vector característico del  $k$ -ésimo eje del ACP.

$\alpha_{ik}$  = Calificación del ACP para el  $k$ -ésimo eje del  $i$ -ésimo genotipo.

$\gamma_{jk}$  = Calificación del ACP para el  $k$ -ésimo eje de la  $j$ -ésima variable.

$\varepsilon_{ij}$  = Error aleatorio de  $i$ -ésimo genotipo en la  $j$ -ésima variable.

## Índice de Selección

Después de identificar los grupos de variables, los criterios para seleccionar variables fueron: importancia económica del carácter y correlacionalidad con otros caracteres en un mismo grupo, heredabilidad del carácter ( $h^2$ ), objetivos del programa de fitomejoramiento en cada población y los criterios del fitomejorador, por lo tanto. Las variables seleccionadas que conformaron el índice de selección en cada caso fueron los siguientes:

En la población roja, las variables fueron; (FH), (AP), (REND), en esta población se requiere precocidad y menor altura de planta, pero sin perder el rendimiento.

En la población azul, de igual manera se buscó obtener la precocidad con la variable (FH), sin perder el rendimiento (REND), se optó por seleccionar plantas con el menor problema de acame de raíz (AR), con esto se seleccionó indirectamente plantas con menor problema de fusarium, pues la población base tuvo alta incidencia de acames y estos se correlacionaron con problemas por fusarium.

En la población variegada, al igual que en las anteriores se seleccionó la variable (FH), como carácter para precocidad, calificación de planta (CP), como carácter correlacionado con las variables rendimiento y calificación de mazorca, además de ser la variable que más discrimina dentro de los grupos formado por el gráfico Biplot, con el vector más largo, que al ser tomada como carácter lleva implícita, los criterios como; vigor, porte, sanidad, precocidad y potencial de rendimiento, por lo tanto las plantas con alto rendimiento tuvieron alta calificación, también se utilizó la variable fusarium (FUS), ya que es importante seleccionar plantas con resistencia a fusarium. Los métodos empleados para mejorar los caracteres en las poblaciones son: selección masal, hermanos completos y líneas S1, dependiendo de su heredabilidad  $h^2$ .

Los índices se construyeron con base a la metodología propuesta por (Barreto *et al.*, 1991), dónde la ecuación empelada para estimar el índice fue la siguiente:

$$IS = \{[(Y_j - M_j)^2 * I_j] + [(Y_i - M_i)^2 * I_i] + \dots + [(Y_n - M_n)^2 * I_n]\}^{1/2}$$

Dónde:

IS = Índice de selección;  $Y_{j...n}$  = variable en unidades Z;  $M_{j...n}$  = meta de selección;  $I_{j...n}$  = intensidad de selección.

La meta de selección asignada a cada variable se refiere a las unidades de desviación estándar del promedio que se desea lograr en la selección. La meta toma valores de -3. a +3, con valor negativo la selección será para aquellos genotipos que se encuentren por debajo de la media de la población para la variable en evaluación, por el contrario, valores positivos son aquellos genotipos que se encuentren por arriba de la media de la población y para seleccionar genotipos que se encuentren cercanos al promedio se utilizan metas con valor de cero.

La intensidad de selección es el grado de importancia que se le asignan a cada una de las variables a ser utilizadas en la selección y toma valores de 1 a 10. Este valor es diferente para cada una de las variables, según el criterio del investigador. El valor de intensidad más pequeño (1) es asignado a la variable de menor interés y el valor más alto (10) representa la variable de mayor importancia.

La estimación se realizó para cada una de las repeticiones, dentro de las poblaciones; roja y azul, en el caso de la población variegada se realizó la estimación por repetición y por localidad.

Los valores obtenidos del índice fueron usados como variable de respuesta en un análisis de varianza, también se utilizó la prueba de medias Tukey ( $p < 0.05$ ), los individuos seleccionados fueron los que tuvieron el índice más bajo, dado que son las distancias más cercanas a la meta deseada y que según Barreto *et al.*, (1991) son los individuos superiores respecto a los genotipos buscados.

## IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los datos fenotípicos que fueron recabados de un conjunto de variables, de cada una de las tres poblaciones en estudio, fueron analizados bajo el Diseño de Carolina del Norte I., en la población roja y azul el análisis de varianza se realizó de forma individual mientras que, en la población variegada (la que se sembró en tres ambientes diferentes) fue un análisis combinado, todo lo anterior, con la finalidad de conocer el comportamiento de cada una de las poblaciones.

Se iniciará este capítulo discutiendo los resultados de los análisis de varianza, luego la caracterización genética y por último la selección de familias para constituir el primer ciclo de selección en las tres poblaciones.

### **Cuadrados medios de los análisis estadísticos**

En el cuadro 4.1 y en el cuadro 4.2 se presentan los cuadrados medios del análisis de varianza y sus significancias de las características evaluadas de las poblaciones de maíz roja y azul respectivamente.

En la población roja en la fuente de variación machos se encontraron diferencias altamente significativas en todas las variables de evaluación, en la caso de la población azul las diferencias fueron altamente significativas y significativas en 11 de las variables evaluadas, esto indica que dentro de cada población los machos elegidos para construir estructuras familiares en el diseño de cruzamiento son diferentes según lo expresan las familias evaluadas.

En la población roja, la fuente de variación hembra dentro de macho, se detectaron diferencias altamente significativas y significativas en 8 de las 13 variables evaluadas, por lo tanto estas diferencias permiten saber que se

puede hacer selección de familias, respecto a la población azul, en esta fuente de variación sólo se detectaron diferencias altamente significativas, para altura de mazorca y significativas para las variables, altura de planta, calificación de mazorca, acame de raíz, esto indica que pudiera existir mayor variabilidad en la población roja.

Las diferencias estadísticas encontradas en las fuentes de variación machos y hembras dentro de machos, son atribuibles a que existen diferencias del material genético en cada una de las poblaciones (De La Cruz *et al.*, 2005).

Cuadro 4. 1 Cuadrados medios del análisis de varianza de la población Roja.

F.V.	G.L.	FH (d)	FM (d)	AP (dm)	AM (dm)	CP (1-9)	CM (1-9)	AR (%)	AT (%)	FUS (%)	MC (%)	HUM (%)	PH (kg hl <sup>-1</sup> )	REND (t ha <sup>-1</sup> )
Repeticiones	1	115.23**	46.01**	15158.42**	15005.01**	8.86**	5.49*	6248.18**	538.53**	315.32ns	2931.99**	43.48ns	1.63ns	5.46ns
Bloques/Repeticiones	40	10.42*	9.25**	535.89**	767.82**	1.67**	2.07**	652.95*	104.43**	282.88ns	196.19**	21.73*	17.47ns	15.97**
Machos	50	20.62**	14.84**	593.99**	530.64**	1.95**	1.847**	855.09**	107.94**	420.94**	314.66**	31.31**	15.04ns	12.63**
Hembras/Machos	159	9.94**	7.94**	239.98ns	238.99ns	1.01ns	1.293*	543.67ns	84.94**	295.84**	148.33**	17.48*	15.13ns	8.85**
Error		6.15	4.64	191.32	199.05	0.86	0.90	427.42	53.63	191.79	100.01	13.28	13.10	5.64
Media		86	84	22.5	14.1	3.2	4.5	30	7	19	17	24	69	9.843
E.E. $\bar{X}$		1.93	1.68	10.77	10.97	0.72	0.74	16.10	5.70	10.79	7.79	2.84	2.82	1.85

\*, \*\*=significancia al 0.05, al 0.01 de probabilidad respectivamente; ns=no significativo; F.V= Fuentes de variación; E.E.X=Error estándar de la media; G.L=Grados de libertad; FH=Floración hembra; FM=Floración macho; AP= Altura de Planta; AM=Altura de mazorca; CP= Calificación de planta; CM= Calificación de mazorca; AR = Acame de raíz; AT= Acame de tallo; FUS= Fusarium; MC= Mala cobertura; HUM= Porcentaje de humedad; PH= Peso hectolítrico; REND= Rendimiento;

Cuadro 4. 2 Cuadrados medios del análisis de varianza de la población Azul.

F.V.	G.L.	FH (d)	FM (d)	AP (dm)	AM (dm)	CP (1-9)	CM (1-9)	AR (%)	AT (%)	FUS (%)	MC (%)	HUM (%)	PH (kg hl <sup>-1</sup> )	REND (t ha <sup>-1</sup> )
Repeticiones	1	33.04ns	84.00**	1755.61**	2846.65**	7.95**	1.98ns	1510.20ns	3370.65**	10115.98**	139.64ns	21.75**	0.0040ns	17.47*
Bloques/Repeticiones	32	63.58**	53.65**	1439.35**	1042.27**	0.90*	2.20**	1685.58**	179.63*	250.27ns	285.53**	2.40ns	44.42ns	6.92**
Machos	45	15.52*	13.62**	380.52**	388.05**	0.86*	1.39**	1038.04**	117.71ns	364.10**	235.38*	4.59*	41.67ns	6.29**
Hembras/Machos	124	8.99ns	9.07ns	202.54*	216.40**	0.45ns	1.08*	575.52*	131.91ns	193.98ns	188.92ns	3.84ns	32.57ns	4.04ns
Error		9.30	7.48	139.36	126.21	0.53	0.74	391.69	106.06	189.17	155.73	0.08	30.98	3.61
Media		90	87	20.4	13.0	3	3.7	28.6	11.6	18	21	20.5	71	6.516
E.E. $\bar{X}$		2.37	2.12	9.17	8.72	0.57	0.67	15.37	7.98	10.68	9.69	1.36	4.32	1.48

\*, \*\*=significancia al 0.05, al 0.01 de probabilidad respectivamente; ns=no significativo; F.V= Fuentes de variación; E.E.X=Error estándar de la media; G.L=Grados de libertad; FH=Floración hembra; FM=Floración macho; AP= Altura de Planta; AM=Altura de mazorca; CP= Calificación de planta; CM= Calificación de mazorca; AR= Acame de raíz; AT= Acame de tallo; FUS= Fusarium; MC= Mala cobertura; HUM= Porciento de humedad; kg hl<sup>-1</sup>= Peso hectolítrico; REND= Rendimiento.

En ambas poblaciones la fuente de variación repeticiones y bloques dentro de repeticiones mostraron diferencias significativas para la mayoría de los caracteres, lo que indica que los bloques tienen diferente comportamiento, esta situación favorece la eficiencia del diseño ya que estas diferencias fueron eliminadas del error.

Los promedios de cada variable demuestran comportamiento diferente en ambas poblaciones y la medida de confiabilidad de los promedios estimados por variable indican que sin excepción todos fueron bien estimados en las tres poblaciones, ya que dos veces el valor del error estándar siempre fue menor que los promedios estimados.

En el cuadro 4.3 se presentan los cuadrados medios del análisis de varianza combinado y las significancias de las variables evaluadas en la población variegada.

En la fuente de variación que correspondió a machos se detectaron diferencias altamente significativas y significativas en todas las variables evaluadas, lo que indicó que al menos uno de los machos fue estadísticamente diferente al resto. Esta significancia fue atribuida a la amplia variabilidad existente en la población, la cual fue expresada en los machos, dicha variación fue aprovechada para realizar selección de machos, (que en esta población si será factible porque además de que fueron utilizados para formar medios hermanos también fueron fecundados).

En la fuente de variación hembras dentro de machos, se detectaron diferencias altamente significativas y significativas en 11 de las variables evaluadas, esto indica que existen familias que muestran diferente comportamiento, dicha variación fue dada por la interacción de alelos o información genética así como el efecto ambiental.

Cuadro 4. 3 Cuadrados medios del análisis de varianza combinado de la población variegada.

F.V.	G.L.	FH (d)	FM (d)	AP (dm)	AM (dm)	CP (1-9)	AR (%)	AT (%)	FUS (%)	MC (%)	PH (kg hl <sup>-1</sup> )	HUM (%)	CM (1-9)	REND (t ha <sup>-1</sup> )
Loc	2	5642.42**	3988.48**	149730.16**	78720.88**	2.39ns	19647.51**	4056.60**	24846.34**	6653.40**	905.66**	1531.95**	58.44**	1508.04**
Rep/Loc	3	692.57**	454.61**	21021.73**	2487.74ns	7.54**	3647.33**	281.71*	563.45**	2436.96**	58.67**	38.69**	1.84ns	82.70**
Blq/Rep/Loc	41	18.38**	15.84**	624.58**	2153.61ns	1.56ns	292.57**	105.14ns	139.52ns	173.84*	8.03ns	4.96**	2.63**	6.38ns
M	42	103.16**	73.16**	1317.10**	3551.72**	4.76**	265.96**	131.12*	241.61**	573.01**	19.46**	7.91**	4.81**	28.85**
H/M	117	33.58**	16.52**	329.57**	2119.25ns	2.29**	168.22**	108.36ns	147.73*	195.52**	11.22**	4.89**	2.16**	10.80**
M*Loc	84	23.26**	9.12ns	193.79ns	1769.82ns	1.36ns	130.47ns	143.83**	132.16ns	178.60**	8.41ns	3.44**	1.32ns	7.26*
H/M*Loc	234	23.76**	7.9ns	239.65ns	2045.09ns	1.32ns	129.48ns	98.84ns	114.78ns	117.13ns	7.51ns	2.72ns	1.00ns	5.38ns
Error		5.76	7.13	207.57	1845.26	1.30	116.10	91.35	114.58	110.99	7.24	2.31	24.38	5.04
Media		80	77	21.4	12.8	3.7	4.5	10	8	15	16	20	4.5	9.396
E.E. $\bar{X}$		1.02	1.14	6.14	18.13	0.49	4.60	4.07	4.56	4.49	1.15	0.65	0.46	0.96

\*, \*\* = Significancia estadística al 0.05 y 0.01 respectivamente; ns=no significativo; F.V.= Fuentes de variación; Loc= Localidad; Rep/Loc= Repeticiones dentro de localidades; Blq/Rep/Loc= Bloques dentro de repeticiones y dentro de localidades; M= Macho; H/M= Hembras dentro de machos; M\*Loc= Macho por localidad; H/M\*Loc= Hembras dentro de machos por localidad; E.E.  $\bar{X}$  =Error estándar de la media; G.L.=Grados de libertad; FH=Floración hembra; FM=Floración macho; AP= Altura de Planta; AM=Altura de mazorca; CP= Calificación de planta; AR = Acame de raíz; AT= Acame de tallo FUS= Fusarium; MC= Mala cobertura PH= Peso Hectolítrico; Hum=Humedad; CM=Calificación de mazorca; REND=Rendimiento.

Para la fuente de interacción M\*Loc, se encontraron diferencias altamente significativas y significativas en 5 de las 13 variables evaluadas esto, indica que los machos ocupan diferentes órdenes relativos en cada uno de los ambientes, ello implica tener mucho cuidado en la selección, en base al promedio ya que este promedio puede ser sesgado por el efecto de interacción.

Para la fuente de interacción H/M\*Loc, se detectaron diferencias altamente significativas en la variable FH, esto indica que el ambiente tiene efecto sobre los días a floración hembra.

En la fuente de variación machos por localidad se detectaron más efectos de interacción, esto genero diferentes respuestas en machos a través de localidades.

Relación entre genotipo y entorno, correlación entre ambiente y genes, es la interacción que se produce entre los genes y el ambiente, que da lugar a diversos efectos fenotípicos, es un fenómeno que merece gran importancia en la evaluación de familias desarrolladas para diferentes ambientes de producción, los efectos del ambiente cambian la magnitud de la respuesta de las familias en ambientes contrastantes (Córdova, 1991).

La interacción genotipo ambiente, cualquiera que sea su naturaleza da lugar a un componente de varianza adicional, esta varianza es el componente de interacción genotipo por ambiente (Falconer, 1983), la interacción tiene que ver con la adaptación de los individuos a las condiciones locales y que el mejor genotipo en un ambiente no podría serlo en otro.

Los programas de fitomejoramiento enfocados a la obtención de genotipos con mayor rendimiento y estables en una amplia gama de condiciones

ambientales enfrentan factores ambientales que enmascaran el potencial de los genotipos, la interacción genotipo  $\times$  ambiente (G  $\times$  A) puede hacer que esta predicción no sea precisa (Santacruz-Varela *et al.*, 2015).

En las localidades (ambientes) se detectaron diferencias altamente significativas para todas las variables excepto calificación de planta, por lo tanto, a pesar de que la ubicación de la localidad es la misma las diferentes fechas de siembra condicionan al efecto del ambiente, con tal información se pudo indicar que el efecto ambiental tiene alta influencia sobre los caracteres antes mencionados,

En el caso particular de este trabajo de investigación se pretende seleccionar genotipos que permitan reconstituir la población con los siguientes atributos: potencial de rendimiento, sanidad, buen porte de planta y precocidad; de una forma sencilla y como información complementaria para observar en qué ambiente fue el mejor para la población variegada se realizó el cuadro 4.3 promedios por localidad de las variables floración hembra, acame de raíz, fusarium y rendimiento,

Cuadro 4. 4 Promedios por localidad de las variables floración hembra, acame de raíz, fusarium y rendimiento.

Ambientes	FH Media	AR Media	FUS Media	REND Media
1	84 A	3.2 C	16 B	7.181 C
2	75 C	18.6 A	24 A	9.357 B
3	80 B	8.6 B	6 C	11.636 A

FH=Floración Hembra; AR= Rendimiento; Fus=Fusarium; Rend= Rendimiento;

La estimación de promedios por ambiente o fecha de siembra permite observar que los ambientes estadísticamente son diferentes y que en la fecha de siembra número tres fue la más favorable para la población variegada, ya que se obtuvo el mayor rendimiento y la menor incidencia de plantas enfermas

por fusarium, y un promedio aceptable respecto a los días a floración femenina y acames de raíz.

En general y con base a los promedios obtenidos de las tres poblaciones se puede destacar que las más rendidoras son: la población roja y población variegada, la roja tiene una media de rendimiento numéricamente superior a la población variegada, en cuanto a sanidad la población variegada tiene la menor incidencia de plantas con acames y con fusarium, las poblaciones roja y azul presentaron una sanidad inferior a la población variegada, la población con mejor porte de planta así como tamaño y sanidad de mazorca es la población variegada, la población que presento mayor altura en planta y en mazorca fue la población roja y la inferior fue la población azul, respecto a precocidad la población variegada obtiene los menores días a floración por lo tanto se considera la población más precoz.

Como discusión personal se podría decir que de acuerdo a las diferencias significativas detectadas en los análisis de varianza es posible hacer selección de familias para reconstituir poblaciones mejoradas, por ejemplo con atención a los días a floración, si se pretendiera sembrar un cultivo de invierno o el ciclo de producción de maíz fuera muy corto, las tres poblaciones permiten hacer selección de familias con menores días a floración, en caso contrario la selección se puede hacer con plantas intermedias-tardías si el ciclo de producción es largo o no se sembrara un cultivo de invierno, esto tipo de poblaciones beneficiaria la producción ya que las poblaciones tardías son más rendidoras.

Respecto a las alturas pueden formarse poblaciones tanto bajas como altas, dependiendo del objetivo, en ambas se pueden hacer uso del grano y del forraje, en una población con plantas altas la cantidad de forraje está dado por la altura de la planta, en una población baja por una mayor densidad de plantas por hectárea (Tucuch-Cauich *et al.*, 2011)

En las tres poblaciones pueden seleccionarse familias con alto rendimiento de grano, sin embargo, se recomienda que además de ser rendidoras las familias también deben de presentar tolerancia a fusarium, acames precoces y de buen porte.

Los objetivos de mejorar las poblaciones coinciden con lo propuesto por (Antuna *et al.*, 2003) quienes comentan que es recomendable ir formando poblaciones de porte bajo que toleren altas densidades de siembra y resistencias al acame, sin descuidar la relación positiva de altura de planta con el potencial de rendimiento de grano.

### Estimación de componentes y varianzas genéticas

En el cuadro 4.5 y cuadro 4.6 se presentan los componentes genéticos, varianzas genéticas, heredabilidades y sus errores estándar, de la población roja y azul, estimados en un solo ambiente, para todas las variables.

Cuadro 4. 5 Componentes genéticos, varianzas y heredabilidad, estimados en la población Roja.

ESTIMADOR	FH (d)	FM (d)	AP (dm)	AM (dm)	CP (1-9)	CM (1-9)	AR (%)	AT (%)	FUS (%)	MC (%)	HUM (%)	PH (kg hl <sup>-1</sup> )	REND (t ha <sup>-1</sup> )
$\sigma^2_M$	1.40	0.77	43.84	38.59	0.10	0.05	62.22	2.07	5.69	21.95	1.85	0.78	0.57
$\sigma^2_{(H)/M}$	2.06	1.91	10.52	9.90	0.01	0.08	27.38	12.03	53.92	22.32	1.17	0.22	0.82
$\sigma^2_A$	5.60	3.07	175.37	154.35	0.39	0.21	248.90	8.27	22.77	87.80	7.41	3.14	2.29
$\sigma^2_D$	2.64	4.58	0.00	0.00	0.00	0.11	0.00	39.86	192.93	1.50	0.00	0.00	0.97
$\sigma^2_G$	8.23	7.65	175.37	154.35	0.39	0.32	248.90	48.13	215.70	89.30	7.41	3.14	3.26
$\sigma^2_E$	6.46	4.80	212.62	211.33	0.94	1.04	447.43	59.57	203.00	107.17	14.15	13.65	6.41
$\sigma^2_F$	11.46	10.05	281.68	260.01	0.86	0.84	472.61	77.91	317.20	142.88	14.48	9.96	6.47
$h^2$	0.49	0.31	0.62	0.59	0.45	0.25	0.53	0.11	0.07	0.61	0.51	0.31	0.35
E.V.A	2.12	2.48	112.54	100.89	0.37	0.36	165.36	21.24	82.01	59.92	6.01	3.05	2.46
E.V.D	2.67	1.99	76.08	72.63	0.29	0.31	140.18	18.68	68.19	41.22	4.66	3.68	2.03
E.E	0.66	0.50	20.69	21.52	0.09	0.97	46.22	5.80	20.74	10.81	1.44	1.41	0.61
E.E.h <sup>2</sup>	0.18	0.28	0.40	0.38	0.43	0.43	0.35	0.27	0.26	0.42	0.41	0.31	0.38

$\sigma^2_M$  = Varianza de machos;  $\sigma^2_{(H)/M}$  = Varianza de hembras dentro de machos;  $\sigma^2_A$  = Varianza aditiva;  $\sigma^2_D$  = Varianza de dominancia;  $\sigma^2_G$  = Varianza genética;  $\sigma^2_E$  = Varianza del error;  $\sigma^2_F$  = Varianza fenotípica;  $h^2$  = Heredabilidad; E.V.A = Error estándar de la varianza aditiva; E.V.D = Error estándar de la varianza de dominancia; E.E = Error estándar; E.E  $h^2$  = Error estándar de la heredabilidad.

La varianza aditiva ( $\sigma^2_A$ ), fue mayor que la varianza de dominancia ( $\sigma^2_D$ ), en la mayoría de los caracteres aquí evaluados, lo cual indica que el valor reproductivo de dichas variables es aceptable, esto puede ser atribuido a que los productores se han encargado de ir seleccionando lo mejor de las poblaciones en forma empírica; si se pretendiera aumentar el valor reproductivo sería conveniente llevar la población a un programa de selección recurrente donde puedan ser acumulados alelos aditivos favorables que permitan obtener una población más precoz, con menor probabilidad de acame, mejor apariencia y mayor potencial de rendimiento.

En las variables FUS, AT y FM, donde la varianza de dominancia fue mayor que la varianza aditiva, será necesario incrementar la varianza aditiva para que el mejoramiento sea efectivo; se sugiere hacer mejoramiento para estas variables mediante el uso de líneas S1, y con una fuerte presión de selección.

En el cuadro 4.6 se presentan las estimaciones de los componentes genéticos, varianzas y heredabilidades de la población azul.

La varianza aditiva observada en las variables sugiere que la selección recurrente permitirá avances significativos en la mejora de la mayoría de las variables en los primeros ciclos de mejoramiento, a excepción de la variable acame de tallo donde el valor aditivo es cero, por lo tanto en las variables con valores reproductivos bajos se sugiere mejorarlos mediante esquemas de selección con progenies endogámicas.

Las varianzas genéticas son efectos funcionales de las frecuencias génicas y número de loci operando así como el grado de dominancia, entonces el promedio de una población en apareamiento aleatorio está en función de estos efectos, (Dudley, 1982).

Cuadro 4. 6 Componentes genéticos, varianzas y heredabilidades, estimados a partir del análisis de varianza de la población Azul.

ESTIMADOR	FH (d)	FM (d)	AP (dm)	AM (dm)	CP (1-9)	CM (1-9)	AR (%)	AT (%)	FUS (%)	MC (%)	HUM (%)	PH (kg hl <sup>-1</sup> )	REND (t ha <sup>-1</sup> )
$\sigma^2_M$	1.25	0.71	29.28	24.35	0.08	0.07	85.08	0.00	28.79	6.48	0.14	1.88	0.38
$\sigma^2_{(H)/M}$	0.00	0.90	35.41	50.55	0.00	0.19	103.02	14.49	2.70	18.60	0.43	0.89	0.24
$\sigma^2_A$	4.99	2.85	117.13	97.38	0.31	0.27	340.30	0.00	115.17	25.92	0.57	7.51	1.51
$\sigma^2_D$	0.00	0.74	24.50	104.80	0.00	0.49	71.77	57.95	0.00	48.48	1.14	0.00	0.00
$\sigma^2_G$	4.99	3.59	141.63	202.18	0.31	0.76	412.07	57.95	115.17	74.40	1.71	7.51	1.51
$\sigma^2_E$	9.30	7.48	139.37	126.21	0.53	0.74	391.70	106.06	189.17	155.73	3.08	30.98	3.62
$\sigma^2_F$	9.64	7.33	211.31	265.29	0.58	1.13	607.92	110.98	209.76	152.26	3.25	23.00	3.31
$h^2$	0.52	0.39	0.55	0.37	0.54	0.24	0.56	0.00	0.55	0.17	0.17	0.33	0.45
E.V.A	1.91	1.72	46.11	47.37	0.10	0.18	126.59	17.62	44.12	31.18	0.62	5.48	0.79
E.V.D	3.12	2.71	61.74	61.72	0.17	0.28	171.60	34.63	67.29	53.50	0.76	10.00	1.26
E.E	1.12	3.15	64.01	15.01	0.07	0.66	334.64	7.56	25.74	15.93	0.01	30.38	0.89
E.E.h <sup>2</sup>	0.20	0.23	0.21	0.18	0.18	0.16	0.21	0.16	0.21	0.20	0.19	0.24	0.23

$\sigma^2_M$  = Varianza de machos;  $\sigma^2_{(H)/M}$  = Varianza de hembras dentro de machos;  $\sigma^2_A$  = Varianza aditiva;  $\sigma^2_D$  = Varianza de dominancia;  $\sigma^2_G$  = Varianza genética;  $\sigma^2_E$  = Varianza del error;  $\sigma^2_F$  = Varianza fenotípica;  $h^2$  = Heredabilidad; E.V.A = Error estándar de la varianza aditiva; E.V.D = Error estándar de la varianza de dominancia; E.E = Error estándar; E.E h<sup>2</sup> = Error estándar de la heredabilidad.

En general en esta población muestra heredabilidades intermedias-altas, esto puede ser atribuido a que los productores se han encargado de ir seleccionando lo mejor de las poblaciones en forma empírica y por lo tanto esto permitirá obtener una pronta respuesta en la mejora de la población, esto beneficia la rápida derivación de líneas.

En el cuadro 4.7 se presentan los componentes genéticos, varianzas y heredabilidades de la población variegada.

Una mejor estimación de componentes genéticos en un programa de mejoramiento es cuando se establece el mismo experimento en diferentes ambientes, lo que permite estimar con mayor precisión el valor de las varianzas genéticas y separar el efecto genético ambiental, (Márquez, 1992).

La varianza aditiva estimada en las variables sugiere que al igual que la población anterior la selección recurrente lograra avances significativos en la mejora de esas variables, la varianza aditiva en la variable acame de tallo es cero por lo que se recomienda mejorar de forma agresiva el carácter, esto se puede hacer empleando la estrategia de mejoramiento mediante líneas S1.

La varianza aditiva por localidad ( $\sigma^2_{A*L}$ ), indica la desviación genética ocasionada por el ambiente en la expresión de un genotipo dado, entre mayor sea esta interacción menos confiable es el estimado de la heredabilidad, de no existir este tipo de desviación genotípica la varianza aditiva tendría una correlación cercana a 1, con la heredabilidad, por lo tanto los estimados en esta población son aceptables y no afectados por el ambiente (Meneses-Márquez *et al.*, 2001).

Lo anterior se corrobora con lo mencionado por (Quintero *et al.*, 2007) quien expresa que cuando el efecto del ambiente es permanente y el carácter es de alta heredabilidad, el estimado del efecto genético aditivo ( $\sigma^2_A$ ) disminuye, además la varianza del efecto del ambiente explica parte de la variación total del comportamiento de los individuos.

Cuadro 4. 7 Componentes genéticos, estimados a partir del análisis de varianza combinado de la población Variegada.

Estimadores	FH (d)	FM (d)	AP (dm)	AM (dm)	CP (1-9)	AR (%)	AT (%)	FUS (%)	MC (%)	CM (1-9)	HUM (%)	PH (kg hl <sup>-1</sup> )	REND (t ha <sup>-1</sup> )
$\sigma^2_M$	3.75	2.73	47.90	79.26	0.12	4.89	0.00	3.88	15.31	0.11	0.16	0.35	0.87
$\sigma^2_{(H)/M}$	0.00	1.58	16.54	11.08	0.18	6.92	2.29	6.02	14.33	0.21	0.35	0.65	0.91
$\sigma^2_{M^*L}$	0.00	0.22	0.00	0.00	0.00	0.76	5.24	2.68	8.55	0.05	0.07	0.13	0.30
$\sigma^2_{(H)/M^*L}$	9.56	0.40	17.04	106.15	0.01	7.11	3.98	0.11	3.26	0.00	0.21	0.14	0.18
$\sigma^2_A$	14.98	10.94	191.61	317.05	0.47	19.55	0.00	15.52	61.22	0.44	0.62	1.41	3.49
$\sigma^2_D$	0.00	0.00	0.00	0.00	0.24	8.14	9.18	8.56	0.00	0.38	0.77	1.18	0.13
$\sigma^2_G$	14.98	10.94	191.61	317.05	0.71	27.69	9.18	24.07	61.22	0.83	1.40	2.58	3.62
$\sigma^2_{A^*L}$	0.00	0.90	0.00	0.00	0.01	3.02	20.96	10.70	34.21	0.21	0.28	0.52	1.20
$\sigma^2_{D^*L}$	38.25	0.72	68.16	424.61	0.02	25.42	0.00	0.00	0.00	0.00	0.57	0.06	0.00
$\sigma^2_{G^*L}$	38.25	1.62	68.16	424.61	0.04	28.44	20.96	10.70	34.21	0.21	0.86	0.58	1.20
$\sigma^2_E$	5.76	7.14	207.58	1845.30	1.31	116.10	91.36	114.58	110.99	1.18	2.32	7.24	5.04
$\sigma^2_F$	28.69	12.66	248.93	766.14	0.94	56.52	31.39	46.74	91.12	9.07	2.07	3.81	4.86
$h^2$	0.52	0.86	0.77	0.41	0.50	0.35	0.00	0.33	0.67	0.04	0.30	0.37	0.72
E.V.A	5.02	3.19	58.93	237.40	0.28	18.50	11.14	16.41	28.39	0.27	0.54	1.27	1.49
E.V.D	4.32	2.95	54.09	192.51	0.22	14.30	8.51	12.99	24.65	0.22	0.41	0.99	1.26
E.E	0.39	0.48	14.04	124.83	0.09	7.85	6.18	7.75	7.51	0.08	0.16	0.49	0.34
E.E.h <sup>2</sup>	0.17	0.25	0.23	0.31	0.29	0.32	0.36	0.35	0.31	0.03	0.26	0.33	0.31

$\sigma^2_M$ = Varianza de machos;  $\sigma^2_{(H)/M}$ =Varianza de hembras dentro de machos;  $\sigma^2_{M^*L}$ = Varianza de machos por localidad;  $\sigma^2_{(H)/M^*L}$ = Varianza de hembras dentro de machos por localidad;  $\sigma^2_A$  =Varianza aditiva;  $\sigma^2_D$  = Varianza de dominancia;  $\sigma^2_G$  = Varianza genética;  $V_{A^*L}$  = Varianza aditiva por localidad;  $\sigma^2_{D^*L}$ =Varianza de dominancia por localidad;  $\sigma^2_{G^*L}$  = Varianza genética por localidad;  $\sigma^2_E$  = Varianza del error;  $\sigma^2_F$  = Varianza fenotípica;  $h^2$ = Heredabilidad; E.V.A = Error estándar de la varianza aditiva; E.V.D = Error estándar de la varianza de dominancia; E.E = Error estándar; E.E h<sup>2</sup>= Error estándar de la heredabilidad.

Los efectos aditivos son de suma importancia ya que son los valores de cría de los individuos por tanto mientras mayor sea el valor de cría de un individuo en un carácter con mayor facilidad podrá ser transmitido y la selección será más factible, para mejorar la población; Márquez (1985) mencionó que en una correcta selección de los mejores individuos de una población, son aprovechados los efectos aditivos tanto intra locus como inter loci y que estos son utilizados como progenitores de la siguiente generación, de esa manera se da la iniciación de un ciclo de selección en la población proveniente de el apareamiento de los individuos seleccionados.

Los valores altos en la varianza de dominancia en cualquier variable implican que los valores reproductivos están bajos por lo tanto el mejoramiento de esas variables se dificulta, pensando en solucionar esto se deben emplear métodos de mejoramiento agresivos como progenies endogámicas que permitan aumentar rápidamente la varianza aditiva, de no lograr estos objetivos la selección sería ineficiente.

Respecto a la heredabilidad ( $h^2$ ) las variables con valores  $> 0.5$ , se consideran de alto valor reproductivo, lo que indica que son caracteres que pueden ser transmitidos fácilmente entonces el mejoramiento de esas características serían relativamente sencillo, los métodos sugeridos son selección recurrente, que no requiera control artificial de la polinización y por lo tanto la eficiencia debe redundar en un mayor éxito.

Las variables con valores estimados de heredabilidad ( $h^2$ ) comprendidos entre 0.2 y 0.5 son consideradas heredabilidades intermedias, por lo tanto, si se plantea mejorar estas variables deberán ser manejadas bajo un esquema de hermanos completos que ha demostrado ser una excelente herramienta cuando las heredabilidades son intermedias (Vasal *et al.*, 1997).

En las variables donde la heredabilidad ( $h^2$ ) es menor de  $<0.2$ , se recomienda mejorarlas con el uso de progenies endogámicas éstas permiten aumentar el valor reproductivo de los individuos de una manera más rápida.

Las medidas de confiabilidad en los estimados indican que se deben tomar con cautela aquellos valores donde el valor estándar es dos veces mayor que el estimado ya que los valores pudieran estar sobre estimados, si el error estándar no es mayor que el valor de los estimados entonces los valores de los estimados son confiables.

Las estimaciones de la varianza de dominancia ( $\sigma^2_D$ ), que dieron como resultado un valor negativo, fueron igualadas a cero para cuestiones de poder estimar la heredabilidad ( $h^2$ ), esto puede ser ocasionado por la insuficiencia de muestreo del diseño de apareamiento, Carolina del Norte I, como lo menciona Márquez (1970), o bien, debido a problemas experimentales no controlados.

### **Selección de familias para constituir el primer ciclo de selección en las tres poblaciones**

Para poder seleccionar familias existen diferentes formas, estas pueden ir desde la simple observación, hasta el uso de un índice de selección sofisticado que permita realizar la correcta elección de familias, en lo particular se empleó un índice de selección básico (IS) propuesto por (Barreto *et al.*, 1991), para construirlo utilizamos tres variables de las trece evaluadas en cada población, una representativa de potencial de rendimiento, otra de sanidad y otra atendiendo el porte y la precocidad de las familias.

La elección de las variables para construir el índice fue con el auxilio del agrupamiento natural que existió entre ellas, el cual fue obtenido mediante el gráfico Biplot, generado por el análisis estadístico del AMMI, dentro de cada

agrupo natural se eligió la variable que presentara mayor diversidad en base a la longitud de su vector así como el grado de heredabilidad, importancia económica y agronómica.

En la figura 4.1 corresponde a un gráfico del patrón de agrupación de las variables de la población roja, que permita reducir el total de las variables en un número menor las cuales se emplearan para construir el índice de selección.

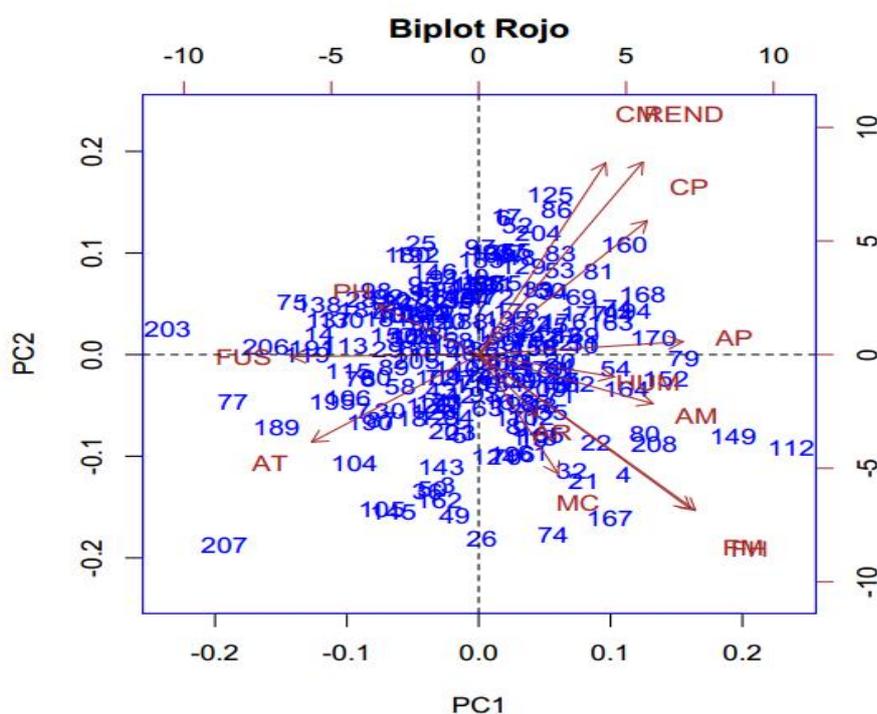


Figura 4. 1 Biplot de la población roja.

La figura 4.1 informa del agrupamiento correlacionado de las variables, esto permite detectar si existe más de una variable que está explicando información similar, en el grafico Biplot se generaron tres grupos de variables, en el cuadrante uno, se correlacionaron variables que contribuyen al potencial de rendimiento, lo que sigue que las calificaciones otorgadas por el fitomejorador se relacionaron positivamente con el rendimiento y altura de planta, obviamente estas tiene otras implicaciones, de este grupo se eligió rendimiento y altura de planta esta última fue con el objetivo de mejorar el

porte y tolerancia al acame de tallo ya que la media de altura de plantas en la población es alta.

Entre el cuadrante dos y tres se agruparon las variables que se asocian con sanidad y fueron, fusarium, acame de tallo y acame de raíz, de este grupo no se eligió ninguna variable dado a que la sanidad de la población es aceptable y esto puede constatarse en los promedios obtenidos en el cuadro 4.1.

En el cuadrante cuatro, se agruparon las variables, cobertura, altura de mazorca, humedad, días a floración hembra y macho, este último grupo de variables se asocian con la precocidad y porte, en este grupo fue elegida la variable floración hembra para mejorar la precocidad.

En la población azul se realizó el mismo procedimiento que en la población roja, en la figura 4.2 se obtuvieron los siguientes agrupamientos

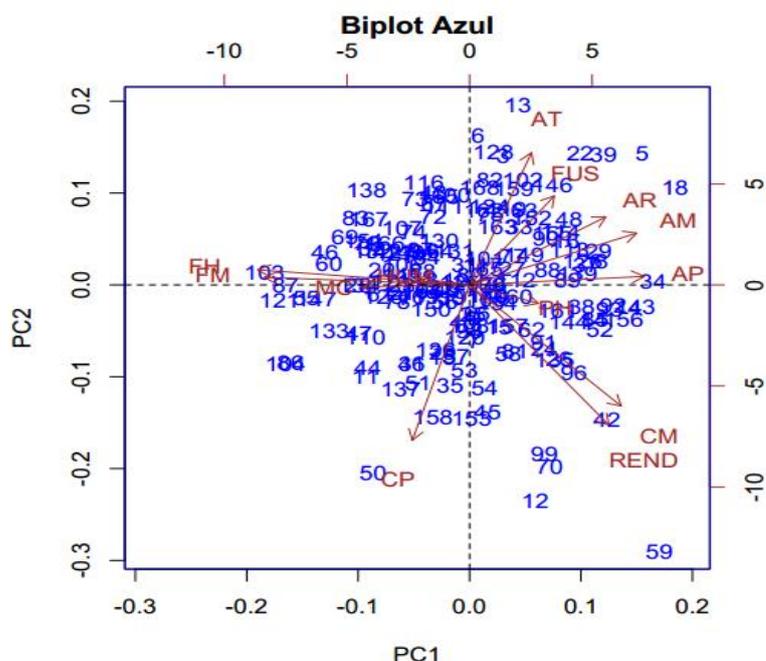


Figura 4. 2 Biplot de la población azul.



El siguiente grupo de variables que se asocian con la precocidad y el porte, se localizó en el cuadrante número dos, aquí la variable elegida fue floración hembra.

Por último el tercer cuadrante corresponde a las variables que contribuyen al rendimiento, aquí se eligió la variable calificación de planta, por su excelente correlación con rendimiento y el aporte de llevar implícita la sanidad y porte de planta.

Los gráficos Biplots permitieron visualizar y analizar el total de la información, esta herramienta ayudó en la correcta elección de variables, como lo menciona Crossa y Vargas (2000), para construir el índice de selección en cada una de las poblaciones los cuales se resumen en el Cuadro 4.8.

Cuadro 4. 8 Variables y sus heredabilidades elegidas para construir el índice de selección en cada una de las poblaciones.

Población	Variable	Variable	Variable	Objetivo
Roja	FH	AP	REND	Población baja, rendidora y precoz
$h^2$	0.49	0.62	0.35	
Azul	FH	AR	REND	Población precoz rendidora y sin problemas de acame
$h^2$	0.52	0.56	0.45	
Variegada	FH	CP	FUS	Población precoz de buen porte, rendidora y sana
$h^2$	0.52	0.50	0.33	

$h^2$ = Heredabilidad de los caracteres en cada población; FH=Floración hembra; AP=Altura de planta; AR= Acame de raíz; CP= Calificación de planta; REND= Rendimiento; FUS= Fusarium.

La selección de familias en cada población, se llevó acabo, con la herramienta estadística IS, dentro de cada población se eligieron las tres variables bajo los siguientes criterios 1) la variable debe estar asociada en un grupo de variables y esta debe de ser la más representativa del grupo, 2) se tomó en cuenta la heredabilidad ( $h^2$ ) del carácter representado en cada variable 3) el objetivo del fitomejorador fue de suma importancia, esto permite direccionar hacia dónde quiere llegar con la población.

Los índices de selección fueron hechos por repetición en cada una de las poblaciones, los valores obtenidos fueron analizados a través de un análisis de varianza y agrupados con la prueba de medias Tukey ( $p \leq 0.05$ ), las familias seleccionadas fueron las de los grupos inferiores ya que de acuerdo con (Barreto *et al.*, 1991) los valores del índice están dados por distancias euclidianas, entonces las familias que presentan los valores más bajos del índice son consideradas las familias superiores.

En los cuadros 4.9 y 4.10 se presentan el 10 % de las familias seleccionadas de la población roja y la población azul, en el cuadro 4.11 se presentan el 17 % de los mejores machos autofecundados de la población variegada, el porcentaje de selección fue aumentado debido a que el número de machos es menor que el número de hembras y para prevenir la reducción de la variabilidad, se decidió incrementar el porcentaje de selección, por lo tanto las tres selecciones fueron hechas en base a las variables y criterios antes discutidos y dieron los siguientes resultados.

Cuadro 4. 9 Selección del 10 % de las familias de la población roja.

FAMILIA	FH	AP	REND
6	84.5	210.0	15.138
17	85.0	211.5	13.300
25	82.5	225.5	11.661
28	84.0	193.0	11.256
39	84.5	220.7	11.613
52	85.5	217.5	13.147
75	82.0	207.5	9.185
90	84.0	207.0	11.371
98	84.0	206.0	11.453
107	86.0	187.0	10.816
113	84.5	203.0	8.910
127	84.0	212.5	11.651
153	84.0	225.5	12.851
181	84.5	195.5	8.055
181	84.0	202.5	9.007
182	83.5	212.0	11.755
183	82.5	218.5	12.073
187	82.5	200.5	11.344
192	83.5	218.0	11.968
203	81.5	204.5	8.073

FH= Floración hembra; AP= Altura de planta; REND= rendimiento.

Cuadro 4. 10 Selección del 10% de las familias de la población azul.

FAMILIA	FH	AR	REND
4	85.0	39.0	9.262
12	87.5	2.1	11.115
24	85.5	23.2	8.502
26	84.5	24.3	8.949
38	83.0	12.5	8.154
42	82.5	23.8	10.020
45	87.5	0.0	8.163
59	84.0	19.4	13.008
62	86.0	24.7	8.180
70	87.0	11.1	10.255
96	84.0	13.2	9.445
99	87.0	34.4	10.901
105	87.0	9.3	7.426
135	89.5	21.1	10.175
153	87.5	2.1	7.979
156	83.0	38.0	8.588
161	85.0	27.3	7.362

FH=Floración hembra; AR= Acame de raíz; REND= Rendimiento.

Cuadro 4. 11 Selección del 17 % de los machos de la población variegada.

MACHO	FH	CP	FUS
7	79.0	5	12.2
8	80.3	4	16.7
10	78.8	4	16.8
15	76.8	4	21.5
22	78.8	4	22.4
29	81.4	4	15.4
36	80.3	4	4.2

FH= Floración hembra; CP=Calificación de planta; FUS=Fusarium.

Las familias seleccionadas de la población roja y azul fueron sembradas y recombinadas en el ciclo primavera-verano del año 2017, con estas se formaron dos compuestos balanceado de 5,000 semillas, que darán origen a las nuevas poblaciones, respecto a la población variegada las líneas S1 de los machos seleccionados, serán recombinados y darán origen a la población mejorada en el próximo ciclo.

## V. CONCLUSIONES

La estimación de las varianzas y heredabilidades fue funcional en la exploración y caracterización genética de las poblaciones, se encontró que la población variegada obtuvo mayor número de caracteres con valores reproductivos aceptables, en segundo lugar la población roja y por último la población azul.

Se encontraron heredabilidades altas intermedias y bajas en las tres poblaciones, por lo tanto se podrán emplear selección recurrente con tres métodos de mejoramiento diferentes que son como siguen: estructuras familiares de medios hermanos para caracteres de alta heredabilidad, estructuras de hermanos completos para heredabilidades intermedias y progenies endogámicas para caracteres con heredabilidades bajas, en esta última podría complementarse con selección indirecta de otro carácter.

Los análisis individuales y combinados demostraron la existencia de variabilidad entre familias y en machos en cada una de las poblaciones, basados en los análisis combinados dicha variabilidad fue aprovechada para realizar selección de familias en las poblaciones roja, azul y machos autofecundados en la población variegada con buenos atributos agronómicos.

La población roja se presentó el valor cercano a uno en la varianza de dominancia para la variable rendimiento de grano, esto sugiere que podría buscarse la forma de explotar este tipo de varianza mediante selección recíproca recurrente.

## VI. LITERATURA CITADA

- Aceves, R. E. Turrent, F. A. Cortes, F. J. I. Volke, H. V. (2002).** Comportamiento agronómico del híbrido H-137 y materiales criollos de maíz en el Valle de Puebla. *Rev. Fitotec. Mex.* 25:339-347.
- Agama, A. E. Salinas, M. Y. Pacheco, V. G. Bello, P.L.A. (2011).** Características físicas y químicas de dos razas de maíz azul: morfología del almidón. *Rev. Mex. Cienc. Agríc.* 2:317-329.
- Ángeles-Gaspar, E. Ortiz-Torres, E. López, P. A. López-Romero, G. (2010).** Caracterización y rendimiento de poblaciones de maíz nativas de Molcaxac Puebla. *Rev. Fitotec. Mex.* Vol. 33 (4) p. 287– 296.
- Antuna, G. O. Rincón, S. F. Gutiérrez del R. E. Ruiz, T. N. A. Bustamante, G. L. (2003).** Componentes genéticos de caracteres agronómicas y de calidad fisiológica de semillas en líneas de maíz. *Rev. Fitotec. Mex.* 26:11-17.
- ArgenBio. (2007).** Los elementos “transponibles”: pasado, presente y futuro. 2016. Consejo Argentino para la Información y el Desarrollo de la Biotecnología. Sitio web: <http://www.porquebiotecnologia.com.ar/index.php?action=cuaderno&opt=5&tipo=1-e=129#>. Consulta, 15/04/2016.
- Arroyo, J. Ruez, E. Rodríguez, M. Chumpitaz, V. Burga, J. De la Cruz, W. Burga, J. Valencia, J. (2007).** Reducción del colesterol y aumento de la capacidad antioxidante por el consumo crónico de maíz morado (*Zea mays* L.) en Ratas Hipercolesterolémicas. *Rev Peru Med Exp Salud Publ* 24: 157 - 162.
- Barreto, H. J. Bolaños, A.J. Córdova, S. H. (1991).** Programa de índices de selección, Guía para la operación de software. CIMMYT. México, D.F. 27 p.
- Betancur, J. G. Yoda, M. & Tomari, Y. (2012).** miRNA-like duplexes as RNAi triggers with improved specificity. *Frontiers in Genetics*, 3, 127. <http://doi.org/10.3389/fgene.2012.00127>.

- Carabaloso, T. V. Mejía C. A. Valderrama, C. S. Carballo, C.A. González, C.F.V. (2000).** Divergencia en poblaciones de maíz nativas de valles altos de México. *Agrociencia* 34:167-174.
- Cerón, R. J. J. Sahagún, C. J. (2005).** Un índice de selección basado en componentes principales. *Agrociencia* 39:667-677.
- Chan, A. Nagel, R. (2004).** The participation of RecB in the induction of mini-Tn10 precise excision in a *dnaB* thermosensitive mutant, *Mutat.Res.* 548: 47-52.
- Comstock, R.E. Robinson, G.F. (1948).** The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics* 4:254-266.
- Córdova, S. H (1991).** Respuestas diferenciales para rendimiento de híbridos de maíz evaluados en ambientes contrastantes de Latinoamérica PCCMCA 1990. *Agron. Mesoam.* 3:1-8.
- CRISTANCHO, A. M.A. (1997).** Retrotransposones: nuevas herramientas en el estudio genético de las plantas y sus patógenos, Seminario, Septiembre 5, 1997. Centro Nacional del café, CENICAFE, Chinchina, Colombia.
- Crossa, J. Cornelius, P.L. (1997).** Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. *Crop Science* 37:406-415.
- Crossa, J. Vargas, H. M. (2000).** El análisis AMMI y la gráfica del biplot en SAS. 42 p.. Mexico, DF (Mexico). CIMMYT.
- Dallas, J. E. (2000).** Métodos multivariados aplicados al análisis de datos. México: Thomson Paraninfo S.A.
- De la Cruz, L. E. Rodríguez H. S. Estrada B. M. A. Mendoza, P. J. D. (2005).** Análisis dialéctico de líneas de maíz QPM para características forrajeras. *Univ. y Ciencia* 21:19-26.

- Di Masso, R.J. Pippa C, Silva, O.S. Font, M.T. (2010).** Componentes principales como fenotipos de sistemas biológicos complejos. Relación músculo-hueso en el ratón (*Mus musculus*). *BAG, J Basic Appl Genet* 2010; 21:1852-1857.
- Dudley, J. W. (1982).** Theory for transfer of alleles. *Crop Sci.* 22:631-637.
- Dzib-Aguilar, L. A. Segura-Correa, J. C. Ortega-Paczka, R. y Latournerie-Moreno, L. (2011).** Cruzas dialélicas entre poblaciones nativas de maíz de Yucatán y poblaciones mejoradas. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 14 (2011) p. 119 -127.
- Eyherabide, G. H. and Hallauer, A.R. (1991).** Reciprocal full-sib recurrent selection in maize: I. Direct and indirect responses. *Crop Sci.* 31: 952-959.
- Falconer, D.S. (1983).** Introducción a la genética cuantitativa. Traducción al español de la 2ª edición en Inglés por Fidel Márquez S. Ed. Continental, S.A. México.430 p.
- Feschotte, C. Zhang, X. Wessler, S. R. (2002).** Miniature Inverted-Transposable Elements and Their Relationship to Establish DNA Transposons. Edited by N.L Craig, Sitio web: <http://feschotte.genetics.utah.edu/pdfs/MobileDNA2.pdf>. Consulta 20/04/2016.
- Garbuglio, D. D. De Miranda Fihlo, J. B. y Cella, M. (2009).** Variabilidade genética em famílias S1 de diferentes populações de milho. *Acta Sci. Agron.* Maringá. 31(2):209-213.
- Gauch, H. G, Piepho, H. P. and Annicchiarico, P. (2008).** Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: Further considerations. *Crop Sci.* 48:866–889.
- Gauch, H.G. and Zobel, R.W. (1997).** AMMI analysis of yield trials, p. 85-122. In: M.S Kang and H.G. Gauch, jr (Eds.), Genotype-by-environment interaction, CRC Press, Boca Raton, FL.

- Gil, M. A. López, P.A. Muñoz O.A. López S. H. (2004).** Variedades criollas de maíz (*Zea mays* L.) en el Estado de Puebla, México: diversidad y utilización. *In: Manejo de la Diversidad de los Cultivos en los Agroecosistemas Tradicionales.* J L Chávez-Servía, J Tuxill y D I Jarvis (eds). Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos. Cali, Colombia. pp:18-25.
- Guadarrama, A. Aragón, F. y Willcox, M. (2014).** Mejoramiento de maíces nativos. *Enlace.* 5(22):11-15.
- Guillén-Sánchez, J. Mori-Arismendi, S. Pacuar-Menacho, L. M. (2014).** Características y propiedades funcionales del maíz morado. *Scientia Agropecuaria* 5:211-217.
- Hallauer, A. R. and Miranda F. J. B. (1988).** Quantitative Genetic in Maize Breeding. Iowa University Press. Ames Iowa. pp:236-237.
- Hallauer, A.R. and Miranda F. J. B. (1981).** Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press/ Ames. 468 p.
- Herrera, C. B. E. Castillo G. F. Sánchez G. J.J. Hernández C. J. M. Ortega P. R. A. Goodman, M. M. (2004).** Diversidad del maíz Chalqueño. *Agrociencia* 38:191-206.
- Herrera, C. B. E. Castillo, G. F. Sánchez, G. J. J. Ortega, P. R. and Goodman, M. M. (2000).** Caracteres morfológicos para valorar la diversidad entre poblaciones de maíz en una región: caso la raza Chalqueño. *Rev. Fitotec. Mex.* 23:335-354.
- Keleman, A. Hellin, J. (2013).** Las variedades criollas del maíz, los mercados especializados y las estrategias de vida de los productores. Junio de 2013, de Agricultures Sitio web: <http://www.agriculturesnetwork.org/magazines/latin-america/mercados/variedades-criollas-maiz>. Consulta, 18/04/2016.
- Kugler, S.J. Nagel, A.C. (2007).** Putzig is required for cell proliferation and regulates notch activity in *Drosophila*. *Mol. Biol. Cell* 18(10): 3733--3740.

- López-Martínez, L. X. Olart-Ros, R. M. Valerio-Alfaro, G. Lee, C. H. Parkin, K.L. García, H. S. (2009).** Antioxidants activity, phenolic compounds and anthocyanins content of eighteen strains of Mexican maize. *LWT - Food Sci. Technol.* 42:1187-1192.
- López-Martínez, L. X. Parkin, K. L. García H. S. (2011).** Phase II-inducing, polyphenols content and antioxidant capacity of corn (*Zea mays* L.) from phenotypes of white, blue, red and purple colors processed into masa and tortillas. *Plant Foods Hum Nutr* 66: 41 - 47.
- Makarevitch, I. Waters, A. J. West, P.T. Stitzer, M. Hirsch, C. N. Ross-Ibarra, J. (2015).** Transposable Elements Contribute to Activation of Maize Genes in Response to Abiotic Stress. *PLOS Genetics* 11(10): e1005566. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1005566>
- Marquez, S. F. and Hallauer, A. R. (1970).** Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I. Grain yield. *Crop Sci.* 10:357-361.
- Márquez, S. F. (1985).** Genotecnia Vegetal. Tomo I. Métodos, Teoría y Resultados. AGT Editor, S. A. 357 p.
- Márquez, S. F. (1992).** Genotecnia Vegetal Métodos, Teoría y Resultados. Tomo I. A.G.T. editor, S.A. México, D.F.357 p.
- Maya, L. J. B. y Ramirez D. J. L. (2002).** Selección recurrente en tres poblaciones de maíz para el subtropico de México, *Rev. Fitotec. Mex.* Vol. 25 (2): 201-207.
- McClintock, B. (1984).** The significance of responses of the genome to challenge. *Science* 226: 792-801.
- Meneses-Márquez, I. Villanueva-Verduzco, C. Sahagún-Castellanos, J. (2001).** Cambios en la calidad de fruto maduro de una población sintética de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) *Revista Chapingo Serie Horticultura*, vol. 15, núm. (3) pp. 269-274.

- Mex-Álvarez, R.M.J. Bolívar-Fernandez, N. J. Garma-Quen, P. M. Tut-Heredia, J. A. Romero-Guilen, K. I. (2013).** Actividad antioxidante de cinco variedades de maíz cultivadas en Campeche, México. *Boletín Latinoamericano y del Caribe de Plantas Medicinales y Aromáticas*. 12(6): 558-571. ISSN 0717 7917.
- Milligan, S. Balzarini, B. and White, W. H. (2003).** Broad sense heritabilities genetic correlations and selection indices for sugarcane borer resistance and their relation to yield loss. *Crop Sci*. 43:1729-1735.
- Montes, V. D. Vergara G. O. y Prieto M. E. (2008).** Determinación de un índice de selección Para el peso al nacer y al Destete en Ganado Bovino de la Raza Brahman. *Revista MVZ Córdoba* 13(2): 1365-1368.
- Nájera, C. L.A. Rincón S. F. Ruiz T. N. A. Castillo, G. F. (2010).** Potencial de rendimiento en poblaciones criollas de maíz de Coahuila México. *Rev. Fitotec. Mex.* Vol. 33 (Núm. Especial 4): 31 – 36.
- Pandey, S. Diallo, A. O. Islam, T. M. T. and Deutsch, J. (1987).** Response to full-sib selection in four medium maturity maize populations. *Crop Sci*. 27: 617-622.
- Peña, D. (2002).** Análisis de datos multivariados. Madrid: McGraw Hill; 2002.
- Quintero, J. C. Triana, J. G. Quijano, J. H. Elkin, A. (2007).** Influencia de la inclusión del efecto materno en la estimación de parámetros genéticos del peso al destete en un hato de ganado de carne. *Rev. Col. Cienc. Pec.* 20:117-123.
- R Core Team (2013).** R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <http://www.R-project.org/>.
- Rebolloza H. H. Castillo G. A. Carapia, R. V. E. Andrade, R. M. Villegas, T. O. G. Núñez, V. M. E. Suárez R. R. Perdomo, R. F. (2016).** Estimación den parámetros genéticos y selección de líneas S1, en una población segregante de maíz tropical. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas Vol.7 Núm. (8) p.* 1893-1904.

**Red Corn, Speciality Produce. (22 de Abril del 2016).** Colorful Harvest Inc.  
Recuperado de  
[http://www.specialtyproduce.com/produce/Red\\_Corn\\_2852.php](http://www.specialtyproduce.com/produce/Red_Corn_2852.php).

**Rovaris, S. R. S. Araújo, P. M. Garbuglio, D. D. Prete, C. E. C. Zago, V. S. and Silva, L. J. F. (2011).** Estimates of genetic parameter in maize commercial variety IPR 114 at Paraná State, Brazil. *Acta Scientiarum. Agron. Maringá.* 33(4):621-625.

**Salinas, M. Y. López R. J. J. González F. G. B. Vázquez, C. G. (2007).** Compuestos fenólicos del grano de maíz y su relación con el oscurecimiento de masa y tortilla. *Agrociencia* 41:295-305.

**Salinas-Moreno, Y. Aragón-Cuevas, F. Ybarra-Moncada, C. Aguilar-Villarreal, J. Altunar-López, B. Sosa-Montes, E. (2013).** Caracterización física y composición química de razas de maíz de grano azul/morado de las regiones tropicales y subtropicales de Oaxaca. *Rev. Fitotec. Mex.* 36:23-31.

**Salinas-Moreno, Y. Cruz-Chávez, F.J. Díaz-Ortiz, S. A. Castillo-González, F. (2012).** Granos de maíces pigmentados de Chiapas, características físicas, contenido de antocianinas y valor nutracéutico. *Rev. Fitotec. Mex.* 35:33-41.

**Santacruz-Varela, A. Lozano-Ramirez, A. San-Vicente-García, F. Crossa, J. Burgueño, J. Molina-Galán, J. D. (2015).** Modelación de la interacción Genotipo x Ambiente en rendimiento de híbridos de maíz blanco en ambientes múltiples. *Revista Fitotecnia Mexicana.* Vol. 38 (4) 337-347.

**SAS Institute (2004).** SAS/STAT 9.0. User's Guide. SAS Institute Inc. Cary, NC. pp:1731-1900.

**Shapiro, J. A. (2005).** Structural approaches to sequence evolution: genome system architecture, repetitive DNA and natural genetic engineering. *Gene* 345: 91-100.

**Sprague, G. F. and Eberhart, S. A. (1977).** Corn breeding. *In: Corn and Corn Improvement.* Sprague, W. F. (ed.). Am. Soc. Agron. Madison, Wis. pp: 335-336.

**Tanner, A. H. Smith, O. S. (1987).** Comparison of half-sib and S1 recurrent selection in Krug Yellow Dent maize populations. *Crop Sci.* 27: 509-513.

**Tucuch, C.C. A. Rodríguez, H. S. A. Reyes, V. M. H. Pat, F. J. M. Tucuch, C. F. M y Córdova, O. H. S. (2011).** Índices de Selección para Producción de maíz forrajero. *Agronomía Mesoamericana* 22(1): 123-132.

**UAM Fabrica Cerveza de maíz. (17 de octubre del 2012).** El Universal Ciencia. Recuperado de <http://archivo.eluniversal.com.mx/articulos/74167.html#1>

**Vallejo, D. H. L. Ramírez D. J. L. Ron P. J. Sánchez, G. J. J. Chuela, B. M. Venegas, S. H. Delgado, M. H. Aguilar, S. M. Vidal, M. V. A. García, A. (2000).** Aptitud combinatoria de líneas de maíz derivadas de dos poblaciones subtropicales adaptadas. *In:* F Zavala G, R Ortega P, J A Mejía C, I Benítez R, H Guillén A (eds). Memorias del XVIII Congreso Nacional de Fitogenética: Notas Científicas. SOMEFI. Chapingo, Edo. de México. p 121.

**Vasal, S. K. Mclean, S. (1994).** The lowland tropical maize subprogram. Maize Program Special Report. México, CIMMYT. D.F.

**Vasal, S.K. Cordova, H. Beck, D.L. & Edmeades, G.O. (1997).** Choices among breeding procedures and strategies for developing stress tolerant maize germplasm. In EDMEADES, G.O., BÄNZIGER, M., MICKELSON, H.R. & PENA-VALDIVA, C.B. (Eds.), Developing Drought and Low N Tolerant Maize. References / Ph.D. dissertation 174 Proceedings of a Symposium, March 25-29, 1996, CIMMYT, El Batán, Mexico. Mexico, D.F.: CIMMYT, pp.336-347.

**Yáñez, C.L.F. (2005).** Índices De selección: Sugerencias para su utilización. Manual de Ganadería Doble Propósito. pp. 106-110.