

ESTIMACION DE EFECTOS GENETICOS Y  
HETEROTICOS EN VARIETADES DE MAIZ  
(*Zea mays* L.) MEJORADAS PARA CONDICIONES DE  
TEMPORALES ESCASOS.

HIRAM ABIB GUERRERO MADRILES

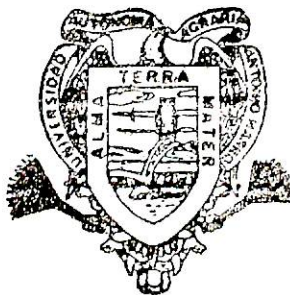
Universidad Autónoma Agraria  
Antonio Narro



BIBLIOTECA

TESIS

PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL  
PARA OBTENER EL GRADO DE  
MAESTRO EN CIENCIAS  
EN FITOMEJORAMIENTO



Universidad Autónoma Agraria  
Antonio Narro

PROGRAMA DE GRADUADOS

Buenavista, Saltillo, Coah.

MAYO DE 1990

Tesis elaborada bajo la supervisión del Comité Particular  
de asesoría y aprobada como requisito parcial para optar el  
grado de

MAESTRO EN CIENCIAS  
FITOMEJORAMIENTO




COMITE PARTICULAR  
BIBLIOTECA  
ECIDIO G. REBONATO  
BANCO DE TESIS  
U.A.A.A.N.

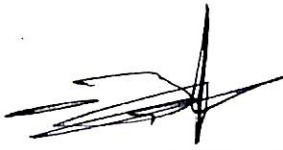
Asesor principal:

  
Dr. Enrique Navarro Guerrero

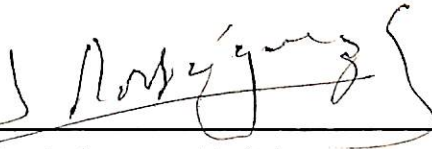
Asesor:


  
MC. Regino Morones Reza

Asesor:

  
MC. Fernando Borrego Escalante

Asesor:

  
MC. Jose G. Rodriguez Valdes

  
Dr. Eleuterio López Pérez

Subdirector de Asuntos de Postgrado

Buenavista, Saltillo, Coahuila. Mayo 1990.

## AGRADECIMIENTOS

Deseo expresar mis más profundos agradecimientos a las siguientes personas e Instituciones:

Al Ing. M.C. Sergio Alfredo Rodríguez Herrera por su apoyo otorgado durante mis estudios.

Al Instituto Mexicano del Maíz, y todo el personal que labora ahí, por su desinteresado apoyo en la realización de esta investigación.

A Lupe, Don Gil y Felipa por su ayuda en los trabajos de campo.

A mis compañeros y amigos Blanca y Alberto.

Agradecer muy especialmente a la Maestra Clara Rosa Leyva por todo el apoyo que me otorgo, por sus conocimientos que compartió y por su amistad durante y después de los estudios realizados, gracias.

## DEDICATORIA

A mis padres:

Hiram y Tere.

A mis hermanos:

Mario, Carlos y Gabriel.

A Laura.

## COMPENDIO

Estimación de Efectos Génicos y Heteróticos en Variedades de Maíz (*Zea mays* L.) Mejoradas para Condiciones de Temporales Escasos.

FOR

HIRAM ABIB GUERRERO MADRILES

MAESTRIA

FITOMEJORAMIENTO

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO  
BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA. MAYO DE 1990.

Dr. Enrique Navarro Guerrero. -Asesor-

Palabras claves: Efectos aditivos, efectos dominantes, efectos heteróticos, medias generacionales, modelo Gardner-Eberhart (1966).

En el presente estudio se utilizaron las variedades VS-201 y el Compuesto Norteño (C.N.), sus respectivos ciclos tres de selección recurrente a través de dos metodologías: selección de líneas  $S_1$  *per se* y selección de líneas  $S_1$  por cruces de prueba y dos poblaciones (Pob 32 y Pob. 21) y sus poblaciones derivadas. Para la estimación de efectos génicos acumulativos (aditivos y dominantes) y efectos heteróticos se utilizó el procedimiento del

iii

análisis I propuesto por Gardner-Eberhart (1966).

En el verano de 1989 se sembraron en Buenavista, Coahuila, las generaciones generadas según el análisis antes mencionado, bajo un diseño de bloques al azar con cuatro repeticiones. Donde cada parcela experimental constó de 44 plantas.

Se tomaron datos de los caracteres Rendimiento, días a floración masculina y femenina, altura de planta y de mazorca, acame de raíz y de tallo, y mazorcas por cien plantas.

Los resultados mostraron que los efectos aditivos fueron los más importantes en la explicación de la variación total entre medias generacionales, para los caracteres días a floración masculina, días a floración femenina, acame de raíz, acame de tallo y mazorcas por cien plantas, explicando el 51.52, 49.73, 24.45, 36.69 y el 15.08 por ciento de la variación observada entre medias generacionales, respectivamente. En los caracteres antes mencionados el efecto fué significativo al 0.01 de probabilidad.

Los efectos dominantes fueron significativos al 0.01 de probabilidad en los caracteres rendimiento, altura de planta y altura de mazorca contribuyendo con el 55.54, 59.31 y 63.54 por ciento de la variación entre medias

generacionales.

Los efectos heteróticos fueron significativos para rendimiento y acame de tallo al 0.05 de probabilidad y en días a floración masculina y femenina al 0.01 de probabilidad.

ABSTRACT

Estimation of Genetic and Heterotic Effects in Varieties of Maize (*Zea mays* L.) Improved for Scarce Rainfall Areas.

BY

HIRAM ABIB GUERRERO MADRILES

MASTER OF SCIENCE

PLANT BREEDING

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA. MAY 1990

Ph. D. Enrique Navarro Guerrero. -Advisor-

Key words: Additive effects, dominance effects, heterosis effects, generation means, Gardner-Eberhart (1966) model.

The following varieties were used for the estimation of cumulative gene effects and heterosis effects as outline by Gardner-Eberhart (1966) model, analisis I: varieties VS-201 and Compuesto Norteño (C.N.), their respective cycles three (C<sub>3</sub>) of recurrent selection developed by two methods of recurrent selection; S<sub>1</sub> lines and test-crosses. And two populations (Pob. 32 and Pob. 21).

In the summer of 1989 the generations derived from



the genetic material were planted at Buenavista, Coahuila, under a complete randomized block design with four replications and 44 plants per entry.

Data were recorder for: grain yield, days-to-male flower, days-to-female flower, plant and ear height, root and stalk lodged and ears per 100 plants.

The results showed that the cumulative additive effects were the most importants effects and accounted for 51.52, 49.73, 24.45, 36.69 and 15.08 percentage of the total variation among generation means for days-to-male flower, days-to-female flower, root and stalk lodged and ears per 100 plants, respectively. The additive effects were significant at the 0.01 level of probability for the traits mentioned above.

The cumulative dominance effects were the greatest contributing factor in the expression of grain yield, plant and ear height and accounted for 55.54, 58.31 and 63.54 percentage of the variation among generation means. This effects were significant at the 0.01 level of probability for the precedent traits.

The heterosis effects were significant for grain yield and stalk lodged at the 0.05 level of probability and significant for days-to-male and female flower at the 0.01 level of probability.

## INDICE DE CONTENIDO

	Página
INDICE DE CUADROS	ix
INTRODUCCION	1
REVISION DE LITERATURA	4
PROGENIES S <sub>1</sub> Y CRUZAS DE PRUEBA	4
MODELO GARDNER-EBERHART (1966)	6
MATERIALES Y METODOS	20
MATERIAL GENETICO	20
METODOS	23
ANALISIS ESTADISTICO	29
RESULTADOS Y DISCUSION	36
RENDIMIENTO	36
DIAS A FLORACION MASCULINA Y FEMENINA	50
ALTURA DE PLANTA Y DE MAZORCA	68
ACAME DE RAIZ Y DE TALLO	85
MAZORCAS POR CIENTO PLANTAS	102
CONCLUSIONES	113
LITERATURA CITADA	116

## INDICE DE CUADROS

Cuadro		Pagina
1	Análisis de varianza del caracter rendimiento (ton /ha.) promediado sobre cuatro repeticiones en la localidad de Buenavista, Coahuila. 1989.	37
2	Contribución de cada parámetro y desviaciones en relación a la variación total de medias generacionales de rendimiento.	38
3	Estimadores de parámetros genéticos y medias predichas para rendimiento (ton. / ha.) <i>per se</i> ( $\hat{Y}_j$ ), autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ), y medias esperadas ( $\mu+a_j$ ) de un grupo de líneas endocriadas.	42
4	Estimadores de parámetros genéticos para el caracter rendimiento (ton. / ha.) de las cruzas entre ocho poblaciones de maíz.	45
5	Medias predichas para el caracter rendimiento de las cruzas ( $\hat{Y}_{jj}^r$ ), las cruzas autofecundadas ( $\hat{Y}_{jj}^{s^r}$ ), y las cruzas recombinadas ( $\hat{Y}_{jj}^{r^r}$ ).	48
6	Análisis de varianza para dos caracteres agronómicos (días a floración masculina y femenina), promediados sobre cuatro repeticiones en la localidad de Buenavista, Coahuila. 1989.	51
7	Contribución de cada parámetro y desviaciones en relación a la variación total de medias generacionales para los siguientes caracteres agronómicos. (días a	53

floración masculina y femenina)

- 8 Estimadores de parámetros genéticos y medias predichas para días a floración masculina *per se* ( $\hat{Y}_j$ ), autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ), y medias esperadas ( $\mu+a_j$ ) de un grupo de líneas endocriadas, de ocho poblaciones. 56
- 9 Estimadores de parámetros genéticos y medias predichas para días a floración femenina *per se* ( $\hat{Y}_j$ ), autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ), y medias esperadas ( $\mu+a_j$ ) de un grupo de líneas endocriadas, de ocho poblaciones. 57
- 10 Estimadores de parámetros genéticos para el caracter días a floración masculina de las cruzas entre ocho poblaciones de maíz. 60
- 11 Estimadores de parámetros genéticos para el caracter días a floración femenina de las cruzas entre ocho poblaciones de maíz. 62
- 12 Medias predichas para el caracter días a floración masculina de las cruzas ( $\hat{Y}_{jj}^c$ ), las cruzas autofecundadas ( $\hat{Y}_{jj}^{cs}$ ), y las cruzas recombinadas ( $\hat{Y}_{jj}^{cr}$ ). 64
- 13 Medias predichas para el caracter días a floración femenina de las cruzas ( $\hat{Y}_{jj}^c$ ), las cruzas autofecundadas ( $\hat{Y}_{jj}^{cs}$ ), y las cruzas recombinadas ( $\hat{Y}_{jj}^{cr}$ ). 66
- 14 Análisis de varianza para dos caracteres agronómicos (Altura de planta y de mazorca), promediados sobre cuatro repeticiones en la localidad de Buenavista, Coahuila. 1989. 69

15	Contribución de cada parámetro y desviaciones en relación a la variación total de medias generacionales para los siguientes caracteres agronómicos. (Altura de planta y de mazorca).	70
16	Estimadores de parámetros genéticos y medias predichas para altura de planta (cm) <i>per se</i> ( $\hat{Y}_j$ ), autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ), y medias esperadas ( $\mu+a_j$ ) de un grupo de líneas endocriadas, de ocho poblaciones.	73
17	Estimadores de parámetros genéticos y medias predichas para altura de mazorca (cm) <i>per se</i> ( $\hat{Y}_j$ ), autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ), y medias esperadas ( $\mu+a_j$ ) de un grupo de líneas endocriadas, de ocho poblaciones.	74
18	Estimadores de parámetros genéticos para el caracter altura de planta de las cruzas entre ocho poblaciones de maíz.	76
19	Estimadores de parámetros genéticos para el caracter altura de mazorca de las cruzas entre ocho poblaciones de maíz.	78
20	Medias predichas para el caracter altura de planta (cm) de las cruzas ( $\hat{Y}_{jj'}$ ), las cruzas autofecundadas ( $\hat{Y}_{jj'}^s$ ), y las cruzas recombinadas ( $\hat{Y}_{jj'}^r$ ).	81
21	Medias predichas para el caracter altura de mazorca (cm) de las cruzas ( $\hat{Y}_{jj'}$ ), las cruzas autofecundadas ( $\hat{Y}_{jj'}^s$ ), y las cruzas recombinadas ( $\hat{Y}_{jj'}^r$ ).	83
22	Análisis de varianza para dos caracteres	86

agronómicos (Acame de raíz y de tallo), promediados sobre cuatro repeticiones en la localidad de Buenavista, Coahuila. 1987.

23	Contribución de cada parámetro y desviaciones en relación a la variación total de medias generacionales para los siguientes caracteres agronómicos. (Acame de raíz y de tallo).	88
24	Estimadores de parámetros genéticos y medias predichas para acame de raíz <i>per se</i> ( $\hat{Y}_j$ ), autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ), y medias esperadas ( $\mu+a_j$ ) de un grupo de líneas endocriadas, de ocho poblaciones.	90
25	Estimadores de parámetros genéticos y medias predichas para acame de tallo <i>per se</i> ( $\hat{Y}_j$ ), autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ), y medias esperadas ( $\mu+a_j$ ) de un grupo de líneas endocriadas, de ocho poblaciones.	91
26	Estimadores de parámetros genéticos para el carácter acame de raíz de las cruzas entre ocho poblaciones de maíz.	93
27	Estimadores de parámetros genéticos para el carácter acame de tallo de las cruzas entre ocho poblaciones de maíz.	95
28	Medias predichas para el carácter acame de raíz de las cruzas ( $\hat{Y}_{jj}^c$ ), las cruzas autofecundadas ( $\hat{Y}_{jj}^s$ ), y las cruzas recombinadas ( $\hat{Y}_{jj}^r$ ).	98
29	Medias predichas para el carácter acame de tallo de las cruzas ( $\hat{Y}_{jj}^c$ ), las cruzas autofecundadas ( $\hat{Y}_{jj}^s$ ), y las cruzas	100

	recombinadas ( $\hat{Y}_{jj}^r$ ).	
30	Análisis de varianza para un carácter agronómico (mazorcas por cien plantas), promediado sobre cuatro repeticiones en la localidad de Buenavista, Coahuila. 1989.	103
31	Contribución de cada parámetro y desviaciones en relación a la variación total de medias generacionales para un carácter agronómico (mazorcas por cien plantas).	104
32	Estimadores de parámetros genéticos y medias predichas para mazorcas por cien plantas <i>per se</i> ( $\hat{Y}_j$ ), autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ), y medias esperadas ( $\mu + a_j$ ) de un grupo de líneas endocriadas, de ocho poblaciones.	106
33	Estimadores de parámetros genéticos para el carácter mazorcas por cien plantas de las cruzas entre ocho poblaciones de maíz.	109
34	Medias predichas para el carácter mazorcas por cien plantas de las cruzas ( $\hat{Y}_{jj}^c$ ), las cruzas autofecundadas ( $\hat{Y}_{jj}^s$ ), y las cruzas recombinadas ( $\hat{Y}_{jj}^r$ ).	111

## INTRODUCCION

En nuestro país es de gran importancia el mejoramiento que se ha venido realizando en maíz para incrementar la producción bajo condiciones de temporal, ya que la gran mayoría de superficie de maíz cultivado por campesinos y productores se establece bajo condiciones de temporal (6.5 millones de hectáreas) con bajos rendimientos dando como consecuencia que en el presente año se importaran tres millones de toneladas de maíz. De ahí la necesidad de establecer programas de mejoramiento de maíz para satisfacer adecuadamente las demandas de este grano básico a través de variedades y/o híbridos con una buena producción bajo condiciones de stress.

Como en todo programa de mejoramiento, es de vital importancia elegir el mejor germoplasma base, que permita alcanzar los objetivos del programa, y al mismo tiempo conocer la magnitud del potencial genético de los materiales bajo estudio y de los caracteres de importancia económica y así poder determinar la metodología más adecuada que permita fijar en nuestra población los alelos favorables.

Específicamente el Instituto Mexicano del Maíz Dr.



Mario Castro Gil de la U.A.A.A.N. ha generado variedades mejoradas para condiciones de temporal escaso, tales como el VS-201 mejorado y el Compuesto Norteño (C.N.), ambos con hábito de crecimiento precoz que los hace factibles de escapar de períodos críticos de sequía, al estar menos expuestos al medio ambiente. Estas poblaciones han sido mejoradas a través de tres ciclos de selección recurrente para producción bajo condiciones de sequía usando 1.- selección de líneas *S<sub>1</sub> per se* y 2.- selección de líneas *S<sub>1</sub>* por cruzas de prueba (C.P.).

Las poblaciones antes mencionadas (VS-201 y C.N.), así como sus respectivos tres ciclos de selección, fueron utilizadas en el Análisis I de Gardner-Eberhart (1966) con los siguientes objetivos:

- a.- Obtener información de los efectos genéticos aditivos y de dominancia, así como efectos heteróticos entre las poblaciones derivadas.
- b.- Conocer cual de las dos metodologías utilizadas en el mejoramiento de VS 201 y CN ha sido la más adecuada para detectar material sobresaliente para temporal deficiente.
- c.- Con la información se determinará que efectos están siendo capitalizados por el método de líneas *S<sub>1</sub> per se* y el de cruzas de prueba y como influyen éstos en el rendimiento y otros caracteres bajo condiciones de stress.
- d.- Con la información generada también será

posible determinar patrones heteróticos, y así cuantificar la magnitud de los mismos y justificar la producción de híbridos entre las poblaciones y/o seguir un procedimiento de Selección Recíproca Recurrente.

## REVISION DE LITERATURA

Bastante se ha discutido y analizado sobre el método de líneas  $S_1$  *per se* y el de líneas  $S_1$  por cruzas de prueba, acerca de cual de los dos es el adecuado para seleccionar las mejores líneas y que éstas posteriormente serán recombinadas para obtener los alelos más favorables. La regla general es que la evaluación de líneas  $S_1$  *per se* capitaliza efectos de aditividad, cuando  $p=q=0.5$  o para un modelo genético completamente aditivo en ausencia de dominancia ( $d=0$ ) (Hallauer, 1981), mientras que las cruzas de prueba capitalizan efectos de dominancia o aptitud combinatoria específica.

Genter y Alexander (1966) al evaluar la selección recurrente en maíz, reportan que la media de rendimiento a través de las metodologías progenies  $S_1$  o cruzas de prueba, tendió a incrementarse. La media de rendimiento con líneas  $S_1$  se incrementó 31.4 por ciento en dos ciclos de selección, mientras que 17.9 por ciento de incremento se observó en dos ciclos de selección por evaluación de cruzas de prueba, en relación a la población parental.

Carangal *et al.* (1971) llevaron a cabo evaluaciones de progenies de líneas  $S_1$  y cruzas de prueba en un sintético de maíz formado por trece líneas. Obsevaron que

la ganancia genética esperada para rendimiento en el sintético derivado a través de selección basada en la evaluación de progenies  $S_1$ , fué mayor en relación a la selección basada en cruzas de prueba después de dos ciclos de selección. El mejoramiento esperado en la habilidad combinatoria (comportamiento de las cruzas de prueba) fué mayor para la selección basada en la progenie de cruzas de prueba después de dos ciclos de selección. En este mismo estudio, ellos observaron un mayor avance en el mejoramiento para rendimiento de grano en el sintético derivado a través de líneas  $S_1$  que para habilidad combinatoria en el sintético derivado por cruzas de prueba, después de dos ciclos de selección.

Finalmente los autores concluyen que el mejoramiento del sintético *per se* se obtiene a través de la evaluación de líneas  $S_1$ , mientras que el mejoramiento en la habilidad combinatoria aparece ligeramente mayor con la evaluación de las cruzas de prueba.

Lonnquist y Castro (1967) indicaron que el avance genético, utilizando el procedimiento de las líneas  $S_1$  *per se*, es una función del aspecto genético aditivo de las líneas evaluadas. Mientras que en la evaluación de las cruzas de prueba el comportamiento de las cruzas, es debido en parte a las contribuciones aditivas y no aditivas (dominancia) que se presenta entre la línea bajo selección y el probador. De tal suerte que las varianzas genéticas

dentro y entre líneas  $S_1$  seleccionadas como reproductoras, en base al comportamiento de cruza de prueba, reflejan una relación entre la varianza genética aditiva y la de dominancia, diferente a la relación dentro de aquellas que han sido seleccionadas en base al comportamiento de las líneas  $S_1$  *per se*.

Otro aspecto a considerar es que el probador que posea un razonable grado de diversidad genética en relación a las líneas con las cuales se cruza, puede resultar en una selección basada más en efectos genéticos no aditivos de lo que se pudiera considerar.

#### Modelo Gardner-Eberhart (1966)

Las cruza dialélicas han mostrado ser de considerable valor para los mejoradores de plantas, para tomar decisiones en cuanto al sistema de mejoramiento a usar y para seleccionar el material con mayor potencial genético.

También han sido usadas exitosamente por genetistas cuantitativos en búsqueda de tener un mejor entendimiento de la naturaleza de la acción génica involucrada en la determinación de los caracteres cuantitativos.

Los dialélicos han sido usados principalmente en la estimación de varianzas genéticas cuando los padres son individuos tomados al azar o líneas endocriadas de una

población de apareamiento aleatorio en equilibrio de ligamiento y para estimar efectos de habilidad combinatoria específica y general de cruzas de líneas élite.

Gardner (1982) hizo algunos comentarios al modelo Gardner-Eberhart (1966) enfatizando que el modelo fué desarrollado principalmente para obtener un mejor entendimiento de cruzas dialélicas entre variedades de maíz de polinización libre. Sin embargo, la inclusión de otro tipo de parientes (diferente grado de parentesco entre individuos o grupos de individuos) se ha encontrado que puede obtenerse más información genética con este modelo, aumentando las posibilidades para tomar decisiones correctas en la elección de fuentes germoplásmicas. Gardner señaló en éste artículo las ventajas del modelo:

1.- El modelo es completamente general: a) se aplica a cualquier carácter cuantitativo, sea morfológico, agronómico, fisiológico o bioquímico, b) se puede aplicar a cualquier grupo de progenitores y los descendientes derivados de ellos (variedades de polinización libre, líneas endogámicas o variedades de apareamiento mixto), c) el número de progenitores puede variar desde dos hasta los que puedan manejarse convenientemente.

2.- Las suposiciones involucradas son mínimas. Para las interpretaciones genéticas, se supone que los progenitores poseen el mismo grado de endogamia.

3.- La información genética que puede obtenerse es mayor que la de otros modelos genéticos debido a la inclusión de parientes adicionales a las cruzas dialélicas.

4.- Se pueden incluir sus progenitores y sus cruzas en cualquier clase de generaciones:

a.- progenitores	$Y_j$
b.- progenitores autofecundados ( cuando no sean homocigotos )	$Y_j^2$
c.- cruzas A x B	$Y_{jj}^2$
d.- cruzas autofecundadas	$\cdot Y_{jj}^2$
e.- apareamiento aleatorio de cruzas	$Y_{jj}^2$
f.- retrocruzas (A x B) x A	$Y_{jj}^2 \cdot j$
g.- cruzas de tres variedades (AxB)xC	$Y_{jj}^2 \cdot j^2$
h.- cruzas dobles (AxB) x (CxD)	$Y_{jj}^2 \cdot j^2 \cdot j^2$
i.- retrocruzas autofecundadas	$Y_{jj}^2 \cdot j^2$
j.- otros	

5.- No es necesario incluir todas las generaciones enlistadas en el punto anterior. Aún los progenitores pueden excluirse, lo cual es muy deseado en el caso de líneas endogámicas de maíz, debido a su pobre vigor y su alta susceptibilidad de incrementar la magnitud de la interacción genotipo-ambiente. Los parámetros genéticos a estimar se determinan por la clase de generaciones utilizadas.

6.- Los efectos genéticos que pueden ser estimados para cada progenitor y craza son ;

a.- efectos acumulativos aditivos	$a_j$
b.- efectos acumulativos de dominancia intra-varietal	$d_j$
c.- efectos acumulativos de heterosis inter-varietal	$h_{jj}^1$
d.- efectos acumulativos de epistasis aditiva x aditiva inter-varietal	$aa_{jj}^2$

7.- Si se desea, la heterosis puede subdividirse en heterosis promedio ( $\bar{h}$ ), heterosis de línea o variedad ( $h_j$ ), y heterosis específica ( $s_{jj}^2$ ). Sin embargo para esto se requiere usar cuando menos cuatro progenitores. De lo contrario los grados de libertad de  $s_{jj}^2$  son igual a cero.

8.- Se puede estimar los efectos maternos y recíprocos. Carbonell *et al* (1982) indica como estimar efectos ligados al sexo.

9.- Se puede calcular la proporción de la varianza genética total entre medias por generación, para los efectos mencionados anteriormente. Además, la "proporción debida a las desviaciones del modelo pueden atribuirse a tipos de epistasis dominante o a efectos de ligamiento.

10.- Los efectos genéticos (parámetros) estimados pueden utilizarse para predecir el comportamiento de :

- a.- cruzas simples
- b.- cruzas triples
- c.- cruzas dobles



## d.- sintéticos de progenitores múltiples

11.- Los efectos de heterosis sirven como indicadores de la diversidad genética entre los materiales bajo evaluación y proporcionan las bases para la elección y formación de fuentes germoplásmicas. Para formar una sola fuente germoplásmica, se puede escoger aquellos progenitores que proporcionen una media de expresión alta, gran variabilidad genética, y altas ganancias esperadas al practicar selección recurrente. Para formar dos fuentes germoplásmicas con el propósito de programas de selección recíproca recurrente es importante escoger los progenitores que exhiban las medias altas, máxima heterosis interpoblacional, y altas ganancias en la selección recíproca recurrente.

12.- El modelo puede usarse para evaluar el progreso en programas de selección recurrente. Se pueden usar como progenitores compuestos de diferentes ciclos de selección. Algunas modificaciones fueron hechas por Hammond y Gardner (1974) y por Smith (1979) tales como los cambios en las frecuencias génicas y en la endogamia que pudiera haber ocurrido durante el proceso de selección ya que el cambio de la media de la población mejorada es en función del cambio promedio en las frecuencias alélicas y el cambio de depresión endogámica en las poblaciones mejoradas. (Smith, 1979).

Gardner y Paterniani (1967) publicaron resultados de un dialélico usando seis progenitores (variedades de polinización libre), generaciones F<sub>2</sub> (plantas F<sub>1</sub> apareadas al azar) y las retrocruzas de cada F<sub>1</sub> hacia sus dos progenitores. En este trabajo los efectos de homocigotes ( $a_j$ ) y los heterocigotes ( $d_j$ ) dentro de variedades no pudieron ser separados debido a la carencia de progenitores o cruza autofecundadas, representando ambos el 69.4 por ciento de la variación total entre medias en rendimiento de grano. Para la misma característica, la heterosis intervarietal aportó el 17.4 por ciento de la variación total entre medias generacionales, siendo la heterosis promedio ( $\bar{h}$ ) la única que fué estadísticamente significativa al 0.05 de probabilidad. La epistasis aditiva por aditiva contribuyó con el 4.5 por ciento y las desviaciones debidas a los tipos de epistasis de dominancia y / o ligamiento explicaron el 8.8 por ciento de la variación total entre medias generacionales.

Castro *et al.* (1968) evaluaron cinco progenitores de maíz (cinco razas) y sus poblaciones derivadas (progenitores autofecundados, cruza, F<sub>1</sub> autofecundadas, progenies producidas por apareamiento aleatorio dentro de las cruza y los progenitores.) utilizando el modelo Gardner-Eberhart (1966). Ellos encontraron que para el caracter rendimiento, el 52.4 por ciento de la variación total fue atribuido a los efectos de dominancia intravarietal ( $d_j$ ). Los efectos aditivos ( $a_j$ ) contribuyeron

con un 39.2 por ciento y la heterosis o efectos dominantes intervarietales (hj) contribuyeron con sólo un 6.5 por ciento, los tres efectos fueron significativos al 0.01 de probabilidad, dejando sin explicar una porción no significativa de 1.8 por ciento. Caracteres talos como días a flor, altura de planta y número de mazorcas por diez plantas siguieron la misma tendencia entre ellos mismos, ya que los efectos aditivos contribuyeron 87.9 por ciento, 79.3 por ciento, y 60.5 por ciento de la variación total, respectivamente. Solamente una porción muy pequeña de la variación total fué atribuida a heterosis, siendo esto para días a floración y altura de planta, respectivamente. Para rendimiento la heterosis promedio en las cruzas fué a razón de 5.1 por ciento de la variación total, donde los efectos varietales y específicos contribuyeron con una porción mínima de la variación y fueron éstos no significativos estadísticamente. Para las características días a flor masculina y altura de planta la heterosis fue significativa al 0.01 de probabilidad y para el carácter mazorcas por diez plantas fué no significativa.

Hooks *et al* (1971) usaron siete líneas de *Ricinus communis* L. para realizar una serie de cruzas dialélicas y obtener información de la magnitud de la varianza genética y heterosis entre las  $F_1$ 's, tomando como modelo el de Gardner-Eberhart (1966). Caracteres tales como días a floración, nudos al primer racimo, nudos a racimos secundarios, número de racimos por planta, rendimiento de

semilla, peso de volumen, y porcentaje de aceite, fueron tomados en consideración. De los resultados se desprende que la varianza para los efectos lineales fué significativa al 0.05 de probabilidad para todas las características, excepto para rendimiento de semilla. La heterosis se observó en todas las características excepto para el número de nudos en los racimos primarios y secundarios. Para todas las características el efecto de la heterosis promedio fué el más importante entre los componentes heteróticos. La heterosis de cada línea y la heterosis específica fueron significativas al 0.01 de probabilidad sólo para días a floración, número de racimos por planta, y contenido de aceite. Para contenido de aceite se encontró que éste varió significativamente entre las entradas evaluadas. Los efectos aditivos y no aditivos, influyeron en el porcentaje de aceite, ya que los efectos aditivos y heteróticos fueron significativos al 0.01 de probabilidad. El alto contenido de aceite se expresó con un grado de dominancia parcial hasta de dominancia completa.

Johnson (1974) en su estudio formó un dialélico con trece líneas endogámicas de maíz como progenitores, sus 78 cruzaes simples directas, la progenie autofecundada de las cruzaes simples y un grupo balanceado de híbridos triples e híbridos dobles. Él observó que cuando se incluyeron los progenitores endogámicos, se obtuvo considerable heterosis, representando ésta casi un 90 por ciento de la variación total entre medias generacionales. La heterosis promedio

contribuyó con 83.5 por ciento, la heterosis de líneas un 2.3 por ciento, y la heterosis específica 4.0 por ciento todos ellos significativos al 0.01 de probabilidad, a excepción de las desviaciones.

Martín (1976) realizó un estudio donde comparó las variedades Hays Golden (H.G.) y dos poblaciones mejoradas de H.G. a través de nueve ciclos de selección masal. Estudió su estructura genética antes y después de selección; para tal efecto usó grupos de cuatro líneas para generar todas las cruzas simples, triples, y dobles. El encontró en los análisis realizados pequeñas diferencias entre las tres poblaciones con respecto a su contribución porcentual a la variación total entre medias generacionales. Por ejemplo, para rendimiento de grano, la variación total entre medias generacionales fue menor en las poblaciones seleccionadas, debido probablemente a una reducción de la variabilidad genética y a los cambios de las frecuencias génicas en los alelos favorables. La contribución de los efectos a la variancia total entre medias de híbridos fue como sigue: genes aditivos de 41 a 43 por ciento, dominancia (heterosis) de 8 a 13 por ciento, epistasis aditiva por aditiva de 19 a 21 por ciento y epistasis de tipo de dominancia y/o ligamiento (desviaciones del modelo) fue de 24 a 32 por ciento.

En otro trabajo llevado a cabo por Cortez *et al* (1985) evaluaron 10 poblaciones de maíz adaptadas a zonas

tropicales y subtropicales . Ellos observaron que los efectos de dominancia fueron los factores que mayor contribuyeron a la expresión de rendimiento de grano, sugiriendo que existe variabilidad genética dentro de las poblaciones. La fuente de variación debida a los homocigotes ( $aj$ ) fué significativa al 0.01 de probabilidad para todas las características (rendimiento, porcentaje de desgrane, días a floración masculina, altura de planta y altura de mazorca), pero de menor magnitud que los efectos de dominancia ( $dj$ ) que fueron significativos al 0.01 de probabilidad. Para rendimiento, las cruza poblacionales superaron los valores medios parentales, con una heterosis ( $h_{jj}^2$ ) altamente significativa al 0.01 de probabilidad, aunque ésta, solo contribuyó con un 5.37 por ciento de la variación total entre medias generacionales. En cuanto a los patrones heteróticos de las poblaciones ( $h_j$ ) concluyeron que fueron las mismas cuando estuvieron cruzadas con el resto de las poblaciones. La heterosis específica ( $s_{jj}^2$ ) fué también significativa al 0.05 de probabilidad, pero esta solo contribuyó con un 2.59 por ciento de la variación entre medias generacionales.

Crossa *et al.* (1987) analizaron trece poblaciones con diferentes niveles de germoplasma adaptado (0, 50, 100 por ciento) usando el Análisis II Propuesto por Gardner-Eberhart (1966) . El análisis de varianza combinado para rendimiento mostró que el 60 por ciento de la suma de cuadrados total fué debido a efectos genéticos aditivos

(Vj) y el 40 por ciento restante fué debido a efectos no aditivos ( $h_j'$ ). La contribución de la heterosis específica ( $S_{jj}$ ) fué solo del orden del 12 por ciento en relación a la suma de cuadrados total.

Alvarado (1987) evaluó nueve cultivares de maíz para obtener información sobre la magnitud e importancia relativa de los efectos génicos, tales como aditividad, dominancia y heterosis para el carácter rendimiento de grano en maíz; usando el análisis II del modelo Gardner-Eberhart (1966). Observó que para rendimiento la contribución de los efectos aditivos fué altamente significativa al 0.01 de probabilidad en ambos dialélicos (maíces blancos y maíces amarillos). En el caso de los materiales blancos, el 25.8 por ciento de la variación total entre medias generacionales, fué atribuida a los loci homocigóticos ( $a_j$ ), para el carácter rendimiento. Los cultivares de endospermo amarillo mostraron mayor contribución de efectos aditivos, para el mismo carácter. Para rendimiento, al subdividir la heterosis en los maíces de grano blanco, la heterosis promedio fue significativa al 0.05 de probabilidad, indicando que las cruza varietales fueron superiores a los valores medios de los padres.

Vasal *et al.* (1987) formaron tres dialélicos con germoplasma tropical de maíz de endospermo normal, el primer dialélico incluyó pools y poblaciones con germoplasma amarillo tardío, un segundo con materiales

tropicales blancos tardíos, y un último con materiales tropicales, precoces e intermedios con granos blancos y amarillos. En ese mismo estudio también formaron otro dialélico con germoplasma de alta calidad proteínica de materiales tropicales tardíos con granos blancos y amarillos. Utilizaron para el análisis de los dialélicos el Diseño IV de Griffing. El criterio de selección para los cuatro dialélicos fué el caracter rendimiento. Los resultados del primer dialélico mostraron que la fuente de variación progenitores y la de cruza fueron significativas al 0.05 y 0.01 de probabilidad, respectivamente. Para el caracter rendimiento la varianza de aptitud combinatoria general (ACG) fue altamente significativa al 0.01 de probabilidad, mientras que la aptitud combinatoria específica (ACE) fué sólo significativa al 0.05 de probabilidad. La heterosis con respecto al progenitor superior en las mejores cinco cruza mostró un rango de 110 a 115 por ciento (Rdto.).

En el análisis de varianza del segundo dialélico, ambos ACG y ACE fueron significativos al 0.01 de probabilidad. La heterosis con respecto al mejor progenitor en las cinco mejores combinaciones heteróticas tuvieron un rango de 107 por ciento a 113 por ciento.

En el tercer dialélico la ACG fué significativo al 0.01 de probabilidad no siendo así para la ACE. La heterosis con respecto al mejor progenitor en cinco



combinaciones heteróticas tienen un rango de 106 por ciento a 111 por ciento.

En el último dialélico, la ACG fué significativo al 0.01 de probabilidad, mientras que una falta de significancia se observó en la ACE. La heterosis con respecto al mejor progenitor en cinco combinaciones heteróticas tuvieron un rango de 107 por ciento a 120 por ciento.

Tomando en consideración la información generada de este estudio de dialélicos, diferentes materiales de maíz del CIMMYT fueron seleccionados de acuerdo a los diferentes tipos de efectos genéticos para practicar mejoramiento inter e intrapoblacional.

Castellanos *et al.* (1987) evaluaron el potencial de rendimiento y otras características agronómicas entre líneas S<sub>3</sub> de grano blanco y de grano amarillo. En las líneas de grano blanco se observó significancia para ACE y ACG al 0.01 de probabilidad, respectivamente. Las mejores cinco cruzas superaron en más de 800 kg. (14.48 por ciento) al híbrido testigo con rendimiento promedio de 5526 kg./ha.

En el dialélico entre líneas de grano amarillo, se observó significancia en ambos ACE y ACG y fueron significativos al 0.01 de probabilidad. Las cinco mejores

cruzas superaron en más de 500 kg. (9.82 por ciento) al mejor híbrido testigo con un rendimiento promedio de 5093 kg. /ha.

Considerando los resultados obtenidos, fué posible identificar líneas y cruzas con buena aptitud combinatoria para futuros trabajos de hibridación. Se logró predecir 32 híbridos (triples y dobles) de grano blanco y 28 de grano amarillo con rendimiento superior a los testigos.

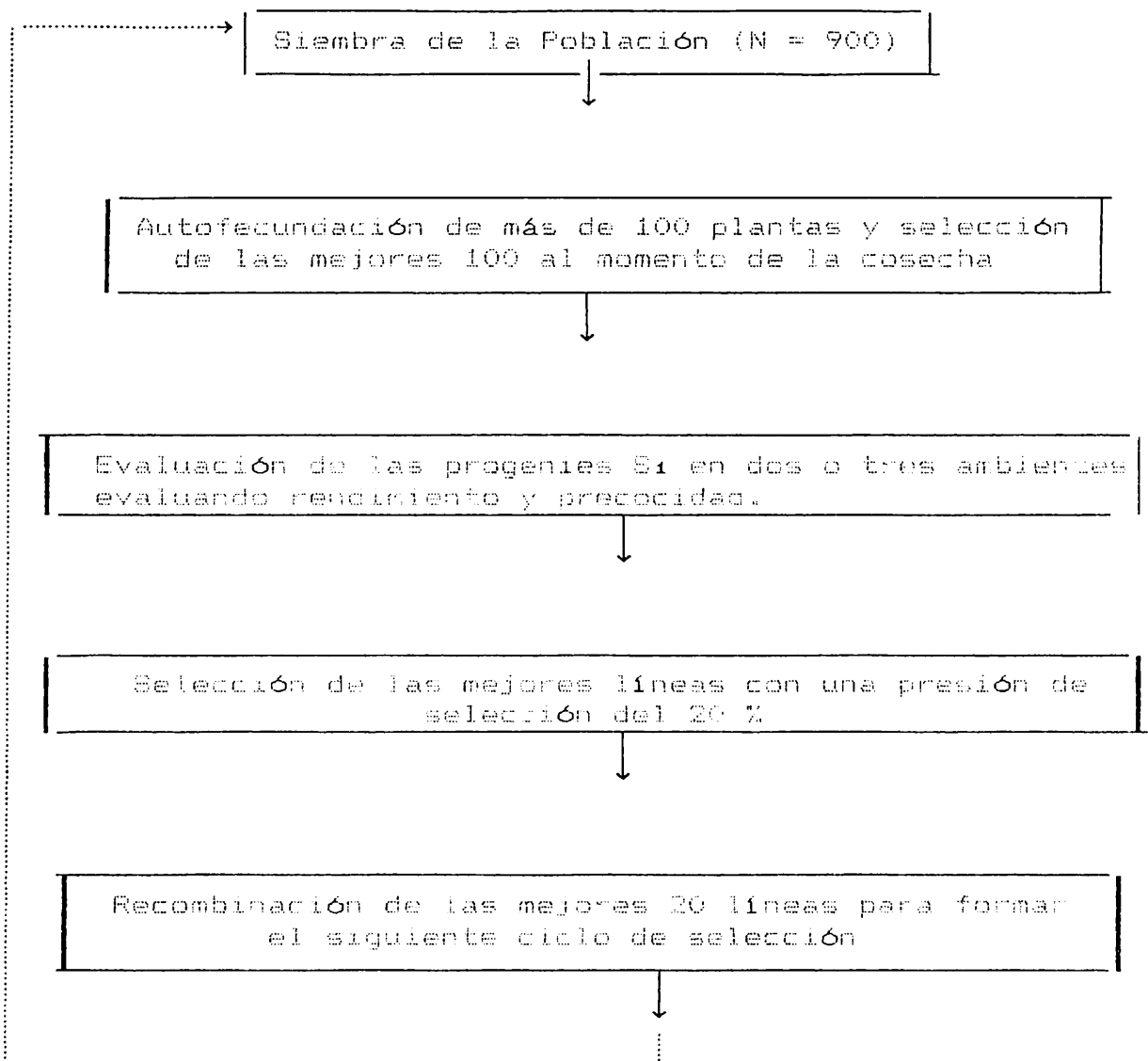
## MATERIALES Y METODOS

### Material Genético

El material genético utilizado en este estudio fueron las poblaciones VS-201 y Compuesto Norteño (C.N.). El VS-201 se formó después de haber practicado varios ciclos de selección a una mezcla de colecciones precoces de los Valles altos de Oaxaca, el Compuesto Norteño se originó a partir de colecciones realizadas en el norte del país de maíces cónicos y precoces. A dichas poblaciones se les ha practicado tres ciclos de selección recurrente por dos metodologías; líneas *Si per se* ( $S_1$ ) y cruza de prueba (C.P.). Las poblaciones básicas (VS-201 y C.N.) fueron mejoradas para condiciones de temporal deficientes durante tres ciclos de selección recurrente, considerando como criterio de selección rendimiento y precocidad. Los esquemas de las metodologías utilizadas se presentan en las Figuras I y II. En este estudio se utilizaron las poblaciones originales y sus respectivos  $C_3$  de selección de cada población. Los materiales básicos utilizados en la presente investigación, para la determinación de los efectos génicos y heteróticos fueron los siguientes.

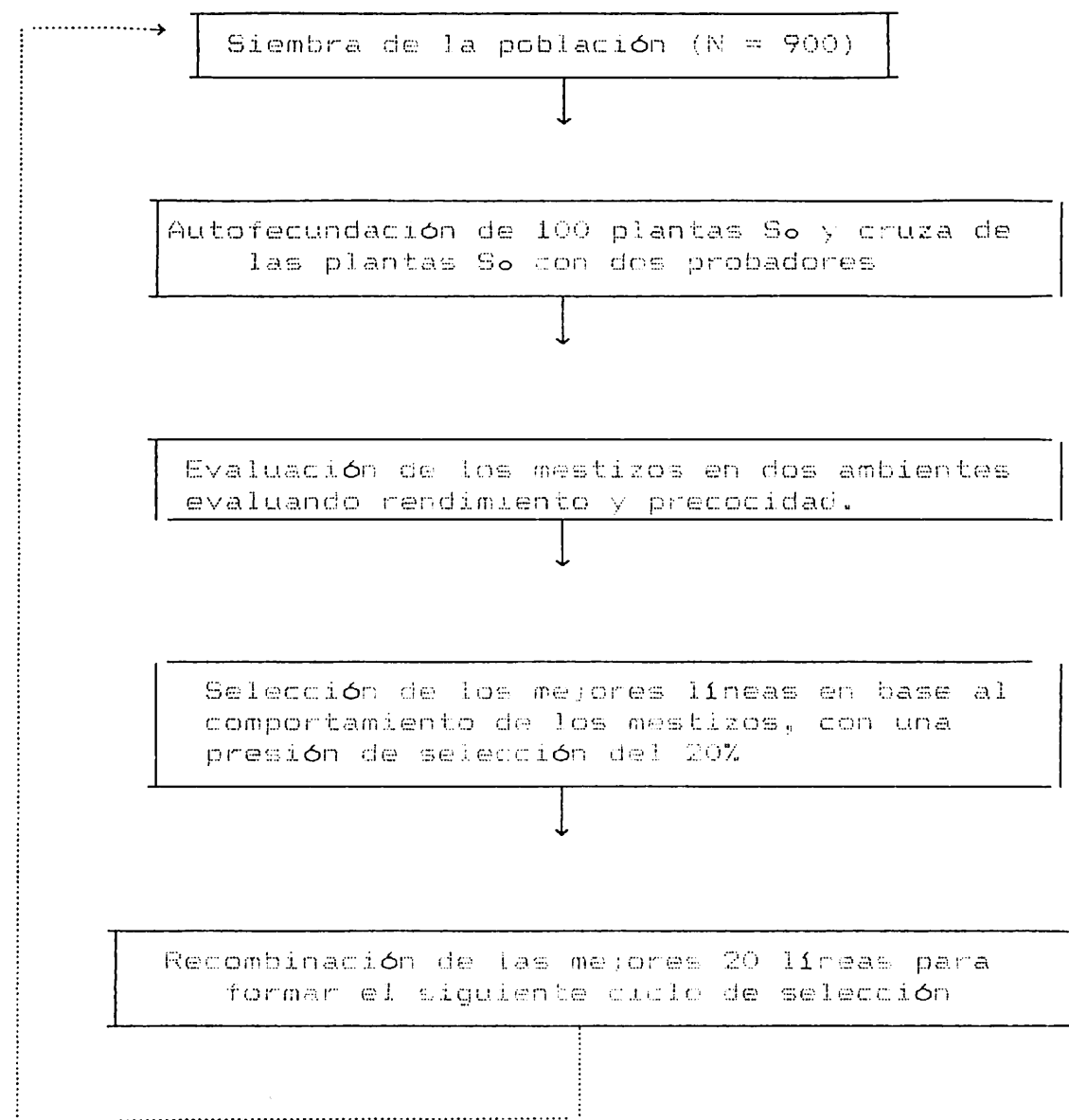
- 1 - Compuesto Norteño  $C_0$  [ C.N.-( $C_0$ ) ]
- 2 - Compuesto Norteño  $C_3$  [ C.N.-(S)- $C_3$  ]  
obtenido a través de líneas *Si per se*
- 3 - Compuesto Norteño  $C_3$  [ C.N.-(CP)- $C_3$  ]  
obtenido a través de cruza de prueba

Figura 1. Esquema del método de líneas  $S_1$  *per se* usado para mejorar las poblaciones VS-201 y Compuesto Norteño.



Etapas para obtener un ciclo de selección. Las poblaciones han sido mejoradas durante tres ciclos de selección recurrente.

Figura 2. Esquema del método de cruza de prueba utilizado para mejorar las poblaciones VS-201 y Compuesto Norteño.



Etapas para obtener un ciclo de selección. Las poblaciones han sido mejoradas durante tres ciclos de selección recurrente.

- 4- El VS-201 Co [ V.S-201 Co ]
- 5- El V.S.-201 C<sub>3</sub> obtenido [ V.S-201 (S)-C<sub>3</sub> ]  
a través de líneas S<sub>1</sub> per se
- 6- El V.S-201 C<sub>3</sub> obtenido [ V.S-201 (CP)-C<sub>3</sub> ]  
a través de cruzas de prueba
- 7- La población 32 [ Pob-32 ]
- 8- La población 21 [ Pob-21 ]

De estos materiales se derivaron las siguientes generaciones: progenitores autofecundados, progenitores recombinados, cruzas posibles entre los progenitores, las cruzas autofecundadas y las cruzas recombinadas. Dichas generaciones fueron utilizadas para la estimación de efectos génicos y heteróticos siguiendo el procedimiento del análisis (I) de Gardner-Eberhart (1966).

#### Métodos

De acuerdo a los requerimientos mínimos del Análisis I propuesto por Gardner-Eberhart (1966), las generaciones necesarias para ser uso de este análisis fueron las siguientes: Las variedades ( $V_j^F$ ), las variedades autofecundadas ( $V_j^S$ ), las cruzas ( $F_i^s$ ) obtenidas del dialéctico de las variedades ( $F_{jj}^F$ ), las  $F_i^s$  autofecundadas ( $F_{jj}^S$ ) y las  $F_i^s$  recombinadas ( $F_{jj}^R$ ). Las generaciones antes mencionadas fueron obtenidas de la siguiente manera:

En la primavera de 1988 se sembraron en Buenavista, Coahuila las ocho poblaciones base:

Pob-21

C.N.-Co

C.N. (S)-Ca

C.N. (CP)-Ca

VS-201-Co

VS-201 (S)-Ca

VS-201 (CP)-Ca

obteniendo las F<sub>1</sub>'s de la siguiente forma : Se sembraron 20 surcos de 10m de longitud de cada entrada, 30 plantas por surco, a una distancia de 80cm. entre surcos y 33cm. entre plantas. Se sembraron dos semillas por golpe y se aclaró posteriormente a una planta. Al momento de la floración, se realizaron todas las cruzas posibles directas y recíprocas entre las ocho poblaciones utilizadas, generando 28 cruzas. Se tomó polen de 50 plantas de una población y se mezcló éste, utilizándose para polinizar 50 plantas de otra población y así obtener las cruzas directas, y viceversa para obtener las cruzas recíprocas, se tomó precaución en cosechar 100 mazorcas de cada craza poblacional.

En la cosecha se tomaron 100 mazorcas de la craza poblacional formándose dos compuestos balanceados de 20 semillas de cada mazorca, y así tener una muestra representativa de cada población. De los dos compuestos formados, uno fué usado como remanente y otro se utilizó para generar las cruzas recombinadas y autofecundadas.

En Diciembre de 1988 en Tepalcingo, Morelos se

sembraron las 28 cruzas ( $F_1$ 's) y los ocho progenitores, para generar las cruzas recombinadas, las cruzas autofecundadas, las cruzas, los progenitores recombinados y los progenitores autofecundados ( $F_{jj}^r$ ,  $F_{jj}^s$ ,  $F_{jj}^p$ ,  $V_j^r$  y  $V_j^s$  respectivamente). Para generar las generaciones el tamaño de la unidad experimental fué de cuatro surcos de 6.60 mts de largo, conteniendo 120 plantas por parcela experimental.

Para obtener las cruzas recombinadas ( $F_{jj}^r$ ), se sembraron las 28 cruzas obtenidas en Buenavista, el año anterior. La recombinación fué de la forma siguiente: En cada parcela experimental se efectuaron polinizaciones planta a planta, utilizando la espiga una sola vez, totalizando 100 mazorcas por parcela.

Para obtener las cruzas autofecundadas ( $F_{jj}^s$ ) las 28  $F_1$ 's fueron sembradas una por parcela. Dentro de cada parcela, cada planta fué autofecundada hasta obtener un mínimo de 100 autofecundaciones por parcela.

Para obtener los progenitores recombinados y autofecundados, los ocho progenitores se sembraron uno por parcela, totalizando 16 parcelas; la mitad de ellas usadas para recombinar los progenitores y el resto para generar los progenitores autofecundados. Los procedimientos de recombinación y autofecundación fueron similares a los efectuados en cruzas recombinadas y autofecundadas.



Para generar las 28 cruces posibles (F<sub>1</sub>'s) se sembraron los progenitores en parcelas apareadas, al momento de floración se tomó polen de 60 plantas de una parcela (polen que fué mezclado) y se polinizaron 60 plantas de la parcela contigua y viceversa para obtener un mínimo de 100 mazorcas por cruz poblacional (50 directas y 50 recíprocas). Se generaron nuevamente las cruces para evitar el efecto ambiental, ya que las cruces que se tenían fueron generadas el año anterior en Buenavista, Coahuila.

Al momento de la cosecha de todas las polinizaciones realizadas en Tepalcingo, Morelos en el año de 1989, se cosecharon 100 mazorcas por parcela y se hicieron dos compuestos balanceados. Uno fué utilizado para evaluación y el otro para remanente.

A continuación se puede resumir las generaciones obtenidas y el número de entradas por cada generación:

Generación	entradas
Progenitores recombinados	8
Progenitores autofecundados	8
F <sub>1</sub> 's	20
F <sub>1</sub> 's autofecundadas	20
F <sub>1</sub> 's recombinadas	14
total	68

En el verano de 1989 en Buenavista, Coahuila, se sembraron las 100 entradas en un diseño de bloques al

azar, de la siguiente manera:

Las 100 entradas se agruparon en base a su vigor generándose cinco grupos; 1)  $V_j^r$ , 2)  $V_j^s$ , 3)  $F_{jj}^r$ , 4)  $F_{jj}^s$ , 5)  $F_{jj}^{r^r}$ . Se sembraron cuatro repeticiones, los cinco grupos fueron aleatorizados dentro de cada repetición y las entradas de cada grupo fueron aleatorizadas dentro de cada grupo y éstas asignadas a las unidades experimentales. La parcela experimental de cada entrada consistió de dos surcos de 4.62m de 22 plantas cada uno, a una distancia entre surco de 80cm. y entre plantas de 22cm, dando una densidad de población de 56,818 plantas /ha. Se sembraron dos semillas por golpe al momento de la siembra, aclarándose posteriormente a una planta por golpe, y así obtener un total de 44 plantas por entrada en cada repetición.

Se fertilizó con una fórmula de 100-80-00, dándose tres riegos, uno de siembra, otro a los 35 días y uno último al momento de floración.

Los siguientes caracteres agronómicos fueron medidos durante el experimento:

1. Días a floración masculina: número de días transcurridos desde la fecha de siembra al 50 por ciento de plantas con espiga soltando polen.
2. Días a floración femenina: número de días transcurridos desde la fecha de siembra a un 50

por ciento de plantas con estigmas receptivos.

3. Altura de planta : medida de la planta desde la base del suelo hasta la punta de la espiga expresándolo en cm. (se midieron 20 plantas por parcela.).
4. Altura de mazorca : medida de la planta desde la base del suelo hasta el nudo de la mazorca principal. (se midieron 20 plantas por parcela).
5. Acame de raíz (%) : se consideraron como plantas acanadas aquellas que tuvieron una inclinación mayor de  $30^{\circ}$  con respecto a la vertical, con respecto al número total de plantas por parcela. Expresándose en por ciento.
6. Acame de tallo (%) : número de plantas con el tallo quebrado abajo de la mazorca, con respecto al número total de plantas por parcela. Expresándose en por ciento.
7. Mazorca por cien plantas : este dato se obtuvo en base al número total de mazorcas por parcela y dividido por el total de plantas al momento de la cosecha y multiplicado por cien.
8. Rendimiento de grano: se considero el rendimiento por área de parcela útil expresándolo en ton./ha ajustado a un 13 por ciento de humedad del grano. Utilizando la siguiente expresión:  

$$\text{Rdto. Ton. /ha} = \text{P.S.} \times 1.18 \times 2.9408$$

donde:

P.S. = peso seco por área de parcela útil ( $3.52m^2$ )  
 1.18 = factor para ajustar a 15 por ciento de humedad  
 2.8409 = factor para convertir el peso por parcela  
 útil en toneladas por hectárea.

### Análisis Estadístico

Para normalizar y analizar estadísticamente los resultados obtenidos en el campo, se transformaron aquellas variables calculadas en por ciento utilizando la siguiente transformación:

$$X' = \text{Arc Sen} \sqrt{\frac{X + 0.005}{100}}$$

donde :

$X'$  = valor de la variable transformada

$X$  = variable medida en por ciento

El modelo para el análisis de cada caracter para 100 entradas, cuatro repeticiones fué el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + R_i + \delta_j + E_{ij}$$

$i = 1, 2, \dots, r$  (repeticiones)

$j = 1, 2, \dots, g$  (generaciones)

$$E_{ij} = \dots \dots \dots N(0, \sigma^2)$$

donde :

$Y_{ij}$  = observación de la  $j$ -ésima entrada en la  $i$ -ésima repetición .

$R_i$  = efecto de la  $i$ -ésima repetición.

$G_j$  = efecto de la  $j$ -ésima población.

$E_{ij}$  = error aleatorio de la  $j$ -ésima población en la  $i$ -ésima repetición.

El pertinente análisis de varianza del modelo anterior puede ser visto en el anexo que a continuación se ilustra.

F.V.	g.l.	S.C.	C.M.
Repeticiones	( r - 1 )	S <sub>r</sub>	M <sub>r</sub>
Generaciones	( g - 1 )	S <sub>g</sub>	M <sub>g</sub>
Error	( r - 1 )( g - 1 )	S <sub>e</sub>	M <sub>e</sub>
Total	( rg - 1 )	S <sub>t</sub>	M <sub>t</sub>

Este análisis de varianza fué utilizado para la estimación de parámetros genéticos según el modelo de Gardner-Eberhart (1966). Donde cada media generacional ( $\psi$ ) ésta en función ( $\phi$ ) de los siguientes parámetros genéticos:

$$\psi = \phi ( \mu , a_j , d_j , h_{jj} )$$

donde :

$\mu$  = media esperada de un grupo aleatorio de líneas autofecundadas de las poblaciones .

$a_j$  = efectos acumulativos aditivos .

$d_j$  = efectos acumulativos de dominancia intrapoblacional.

$h_{jj}$  = efectos acumulativos de heterosis interpoblacional, los que pueden ser

subdivididos en, heterosis promedio ( $\bar{h}$ ), heterosis poblacional ( $h_j$ ) y heterosis específica ( $s_{jj'}$ ):

$$h_{jj'} = \bar{h} + h_j + h_{j'} + s_{jj'}$$

donde:

$\bar{h}$  = es la heterosis promedio contribuida por el conjunto particular de las variedades usadas en las cruzas.

$h_j$  = es la heterosis promedio contribuida por la variedad  $j$  y sus cruzas, medida como una desviación de la heterosis promedio. ( $\sum h_j = 0$ )

$s_{jj'}$  = es la heterosis específica que ocurre cuando la variedad  $j$  se cruza con la variedad  $j'$ .

$$\sum_j s_{jj'} = \sum_{j'} s_{jj'} = \sum_{j < j'} s_{jj'} = 0$$

Las medias de las variedades y sus poblaciones afines utilizadas en este estudio son:

$$V_j = \mu + a_j + d_j$$

$$V_j^s = \mu + a_j + \frac{1}{2} d_j$$

$$F_{jj'} = \mu + \frac{1}{2} (a_j + a_{j'}) + \frac{1}{2} (d_j + d_{j'}) + h_{jj'}$$

$$F_{jj'}^s = \mu + \frac{1}{2} (a_j + a_{j'}) + \frac{1}{4} (d_j + d_{j'}) + \frac{1}{2} h_{jj'}$$

$$F_{jj'}^r = \mu + \frac{1}{2} (a_j + a_{j'}) + \frac{1}{2} (d_j + d_{j'}) + \frac{1}{2} h_{jj'}$$

Los símbolos y/o literales fueron definidos previamente.

En términos de regresión múltiple se puede expresar las esperanzas de medias generacionales para cada población

mediante la siguiente expresión ejemplificando la cruce de la variedad  $j$  con la variedad  $j'$ .

$$F_{jj'} = \sum_{i=0}^5 \beta_i X_i$$

donde  $\beta_i$  son los parámetros genéticos (coeficientes de regresión) y  $X_i$  son los coeficientes apropiados para cada parámetro genético en cada media. En notación matricial se tiene:

$$\underline{Y} = \underline{\beta} [ X ]$$

$\underline{Y}$  = vector de medias generacionales.

$X$  = matrix de coeficientes.

$\underline{\beta}$  = vector de parámetros genéticos desconocidos.

Para resolver para  $\underline{\beta}$ :

$$\hat{\underline{\beta}} = [ X' X ]^{-1} [ X' Y ]$$

donde:

$\hat{\underline{\beta}}$  = estimador del vector de parámetros genéticos desconocidos  $\underline{\beta}$ .

$X'$  = es la transpuesta de la matrix de coeficientes genéticos.

$[X' X]^{-1}$  = es la inversa de la matrix  $X' X$  cuyos elementos de la diagonal principal son sumas de cuadrados y el resto se refieren a productos cruzados, de los coeficientes genéticos.

$X' Y$  = es el producto de la transpuesta de la matrix  $X$  por el vector  $Y$ .

La suma de cuadrados para cualquier grupo de parámetros es:

$$S.C. = \hat{\underline{\beta}}' [ X' Y ] = \hat{\underline{\beta}}' \underline{0}$$

donde  $B = [X' Y]$  y  $\hat{\beta}$  estimador transpuesto del vector  $\beta$ .

La suma de cuadrados atribuida a cada tipo de efectos genéticos es como sigue:

Modelo	Constantes	S.C.
1	$\mu, a$	$(\beta' B)_1$
2	$\mu, a, d$	$(\beta' B)_2$
3	$\mu, a, d, \bar{h}$	$(\beta' B)_3$
4	$\mu, a, d, \bar{h}, h_j$	$(\beta' B)_4$
5	$\mu, a, d, \bar{h}, h_j, s_{jj}$	$(\beta' B)_5$

En este caso se ha subdividido el efecto heterótico ( $h_{jj}$ ) en sus componentes  $\bar{h}$ ,  $h_j$ , y  $s_{jj}$ .

La suma total de cuadrados corregidos de las medias poblacionales puede ser estimada como sigue:

F.V.	g.l.	S.C.
Poblaciones	$[n(3n+1)/2] - 1$	S
$a_j$	$n - 1$	$S_1 = (\beta' B)_1 - F.C.$
$d_j$	$n$	$S_2 = (\beta' B)_2 - (\beta' B)_1$
$h_{jj}$	$n(n-1)/2$	$S_3 = (\beta' B)_5 - (\beta' B)_2$
$\bar{h}$	1	$S_{31} = (\beta' B)_3 - (\beta' B)_2$
$h_j$	$n - 1$	$S_{32} = (\beta' B)_4 - (\beta' B)_3$
$s_{jj}$	$n(n-3)/2$	$S_{33} = (\beta' B)_5 - (\beta' B)_4$
Residual	$n(n-4)$	$S_4 = S - S_1 - S_2 - S_3$



$n$  = número de progenitores utilizados.

$S$  = la suma de cuadrados de las poblaciones o tratamientos.

$S_1$  = suma de cuadrados debido a los efectos aditivos.

$S_2$  = suma de cuadrados debido a los efectos de dominancia.

$S_3$  = suma de cuadrados debido al efecto de heterosis.

$S_{31}$  = suma de cuadrados debido al efecto de heterosis promedio.

$S_{32}$  = suma de cuadrados debido a la heterosis varietal.

$S_{33}$  = suma de cuadrados debido a la heterosis específica.

$S_4$  = suma de cuadrados debido a las desviaciones del modelo.

Posteriormente se calculó la contribución porcentual de cada clase de efecto génico con respecto a la suma de cuadrados de tratamiento para obtener la magnitud de explicación de cada parámetro a la variación total de medias generacionales. Además se calcularon los estimadores de las esperanzas de los parámetros por cada generación poblacional consideradas en el experimento.

Con los parámetros estimados de cada generación fue posible predecir medias que a continuación se enlistan, para cada carácter estudiado, a través de los componentes de cada media generacional:

$\hat{Y}$  = media *per se* de las ocho poblaciones base utilizadas.

$\hat{Y}^s$  = media predicha de las ocho poblaciones autofecundadas.

$\mu + a_j$  = media esperada de un grupo aleatorio de líneas

endocriadas desarrolladas de cada población.

$H_{jj'}$  = media predicha de heterosis de la cruza  $j \times j'$ .

$F_{jj'}$  = media predicha de la cruza  $F_1$  de  $j \times j'$ .

$F_{jj'}^s$  = media predicha de la cruza  $j \times j'$  autofecundada.

$F_{jj'}^r$  = media predicha de la cruza  $j \times j'$  recombinada.

## RESULTADOS Y DISCUSION

### Rendimiento

En el Cuadro 1 se muestra el análisis de varianza para rendimiento promediado sobre cuatro repeticiones en la localidad de Buenavista Coab. 1982. Se puede observar que la fuente de variación tratamientos fué significativa al nivel de 0.01 de probabilidad para el error tipo I, para el caracter antes mencionado, indicando que existe diferencia en los tratamientos o poblaciones utilizadas. Esto era de esperarse dado el diferente grado de variabilidad genética del material utilizado, tales como poblaciones *per se*, sus poblaciones autofecundadas, cruza *per se*, así como sus cruza autofecundadas, entre otros.

Al particionar la fuente de variación tratamientos en sus componentes aditivo, dominante y heterosis se puede observar que el efecto de los loci heterocigotes ( $d_j$ ), fué significativo al 0.01 de probabilidad, representando éste el 55.54 por ciento de la variación total entre medias generacionales (Cuadro 2). Lo anterior sugiere que existe una gran variabilidad dentro de poblaciones en relación a la variabilidad entre las poblaciones en estudio. Este resultado concuerda con el obtenido por Castro *et al* (1968) quienes reportaron que los efectos de dominancia contribuyeron con un 52.4 por ciento de la variación total

Quadro 1. Análisis de Varianza del caracter Rendimiento (ton. /ha.) promediado sobre cuatro repeticiones en la Localidad de Buenavista Coahuila. 1989.

F.V.	G.L.	C.M.
Rep.	3	14.36
Trats.	99	19.32* *
$a_j$	7	2.74
$d_j$	8	132.78* *
$h_{jj'}$	28	6.27*
$\bar{h}$	1	39.63* *
$h_j$	7	13.05*
$s_{jj'}$	20	5.03
desv.	56	10.71* *
Error	297	5.55

C.V. 33.01 %

\*, \*\* significativo al nivel de 5 y 1 % de probabilidad, respectivamente.

Cuadro 2. Contribución de cada parámetro y desviaciones en relación a la variación total de medias generacionales de Rendimiento.<sup>2</sup>

Parametro	Relación a la variación total entre medias generacionales (%).
$a_j$	1.00
$d_j$	55.54**
$h_{jj}$	12.11*
$\bar{h}$	2.07**
$h_j$	4.78*
$s_{jj}$	5.26
desv.	31.35**

$$R^2 = 68.65$$

<sup>2</sup> Contribución porcentual de la suma de cuadrados de los parámetros con respecto a la suma de cuadrados de tratamientos.

\*, \*\* significativo al nivel de 5 y 1 % de probabilidad, respectivamente.

entre medias generacionales para el caracter rendimiento.

Por otro lado, el efecto de los loci homocigóticos (aj) fué no significativo, contribuyendo éste con tan solo un 1 por ciento de la variación total. Lo anterior hace pensar que los efectos aditivos acumulados contribuyeron con casi nada en rendimiento.

La fuente de variación debida a la heterosis ( $h_{jj}$ ) fué significativa al 0.05 de probabilidad. Indicando la presencia de dominancia y diferencias en las frecuencias génicas entre las variedades involucradas. La contribución de este parámetro fué segundo en relación a la variación total, después de los efectos de dominancia acumulados ( $d_j$ ). Al subdividir el efecto heterótico, se encontró que la heterosis promedio ( $\bar{h}$ ) fué altamente significativa al 0.01 de probabilidad, contribuyendo ésta con un 2.07 por ciento de la variación total entre medias generacionales (Cuadro 2) lo que indica que en promedio las cruzas excedieron el valor promedio de los padres; esto se deduce ya que la heterosis promedio es el resultado de la diferencia entre la media de las cruzas y la media de los padres.

También se observó que la heterosis varietal ( $h_j$ ) fué significativa al 0.05 de probabilidad, contribuyendo ésta con un 4.78 por ciento de la variación total entre medias generacionales, indicando que la contribución de

las diferentes variedades a la heterosis promedio fué diferente. Esto se deduce, debido a que la heterosis varietal ( $h_j$ ) es medida como desviación de la heterosis promedio y se calcula como una función de la diferencia entre la media de un padre en sus cruzas y el promedio de todas las cruzas y la diferencia de la media de un padre y el promedio de todos los padres (Crossa *et al* 1987).

Al analizar la fuente de variación de heterosis específica ( $s_{jj}$ ), ésta, fué no significativa y contribuyó con un 5.26 por ciento de la variación total entre medias generacionales. Estadísticamente se puede concluir que el efecto heterótico específico al cruzar la variedad  $j$  con la variedad  $j'$  es similar para todas las cruzas.

El modelo completo para rendimiento explicó el 68.65 por ciento de la variación total entre medias generacionales. Quedando un 30 por ciento aproximadamente sin explicar.

Finalmente, las desviaciones del modelo fueron altamente significativa al 0.01 de probabilidad. Generalmente éstas desviaciones se atribuyen a efectos epistáticos Tales como  $a \times a$ ,  $a \times d$ ,  $d \times d$ , etc. Esto hace pensar que la epistasis es importante como fuente de variación genética y se considera que en cruzas entre variedades de diferente origen, la epistasis puede ser importante en la expresión del caracter rendimiento

(Alvarado, 1987). Cabe aclarar que los resultados de éste estudio son producto de solamente un año y una localidad, por lo que la interacción genotipo ambiente esta confundida, y como consecuencia no hay una adecuada interpretación de lo encontrado, por lo que se recomienda repetir el experimento atravez de varios ambientes de prueba.

En el Cuadro 3 se reportan los resultados de los efectos génicos estimados, la media predicha de las poblaciones ( $\hat{Y}_j$ ), de las poblaciones autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ) y el de un grupo aleatorio de líneas endocriadas desarrolladas de cada población ( $\mu + a_j$ ). Los valores más altos y positivos para los efectos aditivos se observaron en las poblaciones CN (C.P.)-C<sub>3</sub> (3.44) y VS201 (S)-C<sub>3</sub> (1.49), lo anterior muestra que éstas poblaciones tienen relativamente un mayor número de alelos homocigóticos favorables en relación a las otras poblaciones utilizadas en éste estudio. El valor más alto de  $a_j$  se encontró en CN(C.P.)-C<sub>3</sub> lo que hace pensar que los homocigotes fueron capitalizados atravez de ésta metodología (cruzas de prueba) y que en ésta población los loci homocigotes tienen importancia en la expresión del rendimiento. Por otro lado los valores negativos de mayor magnitud fueron para VS 201-C<sub>0</sub> (-1.68) indicando un menor número de alelos favorables.

Por lo que respecta a los efectos de loci

U. A. A. N.

00467



Cuadro 3. Estimadores de parámetros genéticos y medias predichas para rendimiento (ton./ha.) *per se* ( $\hat{Y}_j$ ), autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ), y media esperada ( $\mu+a_j$ ) de un grupo aleatorio de líneas endocriadas, para las siguientes poblaciones.

Población	$a_j$	$d_j$	$h_j$	$\hat{Y}_j$	$\hat{Y}_j^s$	$\mu+a_j$
Pob. 32	0.48	4.96*	0.26	7.01	4.53	2.05
Pob. 21	-1.24	5.69*	2.03*	6.02	3.17	0.33
VS 201(S)-C <sub>3</sub>	1.49	5.054	-0.93	8.11	5.39	3.06
VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	-0.19	6.30*	-0.24	7.68	4.53	1.38
CN (S)-C <sub>3</sub>	-1.55	8.25**	0.007	8.27	4.14	0.02
CN (CP)-C <sub>3</sub>	3.44	1.057	0.27	6.07	5.54	5.01
VS 201-C <sub>0</sub>	-1.68	9.99**	-1.52	9.88	4.89	-0.11
CN-C <sub>0</sub>	-0.75	7.17*	0.12	8.01	4.41	0.82
Media				7.63	4.60	1.57

\* , \* \* significativamente diferente de cero al nivel de 5 , 1 % de probabilidad, respectivamente.

heterocigóticos o efectos de dominancia ( $d_j$ ) se observó significancia al 0.05 de probabilidad (Pob. 32, Pob. 21, VS 201(C.P.)-C<sub>3</sub>, CN-Co) y 0.01 de probabilidad (CN(S)-C<sub>3</sub>, VS 201-Co, VS 201(S)-C<sub>3</sub>), excepto para CN (C.P.)-C<sub>3</sub>. En un estudio realizado por Cortez *et al*, 1985, en 10 poblaciones de maíz, reportaron valores significativos para  $d_j$  al 0.01 de probabilidad, para todas las poblaciones estudiadas. Estos resultados indican que existe diversidad dentro de las poblaciones en estudio, sobretodo en las poblaciones VS 201-Co y CN(S)-C<sub>3</sub> en los cuales se encontraron los valores más altos. Los valores altos de  $d_j$  indican la presencia de segregación en un número considerable de loci en donde los alelos más favorables tienden a ser dominantes sobre los menos favorables (Alvarado, 1987). El rendimiento se reduce considerablemente por endogamia, como se puede apreciar en las poblaciones autofecundadas y en las líneas endocriadas (Cuadro 3), por lo que se puede esperar valores altos y significativos de  $d_j$ .

Por lo referente a los efectos heteróticos para cada población, se encontró que la Pob. 21 fué la única diferente de cero y con un valor alto de heterosis varietal ( $h_j$ ) cuyo valor fué 2.03, lo que hace suponer que tal población es genéticamente diferente al resto de las poblaciones utilizadas, ya que éstas tuvieron valores muy pequeños y no significativos.

Ahora bien, lo referente a las medias predichas de

las diferentes poblaciones *per se*, se observó que las poblaciones originales (Co) tuvieron valores altos en relación a las demás poblaciones, estos valores altos de los ciclos parentales puede deberse a las pocas recombinaciones llevadas a cabo en los ciclos mejorados (2 recombinaciones) o al tamaño de la población utilizada en las recombinaciones. Los valores más altos para los Ca los encontramos en VS 201 (S)-Ca y CN (S)-Ca donde ambas poblaciones son el resultado de tres ciclos de selección a través de líneas S<sub>1</sub> *per se*.

Para la selección del germoplasma base se sugiere la utilización de poblaciones con media alta y variabilidad genética (Gardner, 1982), tomando en consideración esta información, la población CN (S)-Ca tuvo una media alta y variabilidad intrapoblacional (un valor alto de  $d_j$ ). En general se observaron medias altas y variabilidad genética intrapoblacional para la mayoría de las poblaciones como lo muestra la significancia de los valores de  $d_j$ , pero en algunos casos asociados con valores de heterosis negativa.

En la Cuadro 4 se presentan los valores de heterosis específica, la heterosis de la cruce  $j \times j'$  y la heterosis expresada en por ciento (H) de la cruce predicha  $\hat{Y}_{jj'}$  con respecto a la media predicha parental. Los valores altos para  $h_{jj'}$  indican que existe mayor heterosis en la cruce y que las poblaciones que intervienen en la cruce son genéticamente más diversas o contrastantes que en aquellas

Cuadro 4. Estimadores de parámetros genéticos para el carácter Rendimiento (ton./ha.) de las cruzas entre ocho poblaciones de maíz.

Población	$s_{jj'}$	$h_{jj'}$	H
Pob. 32 x Pob. 21	0.95	4.30	66.00
Pob. 32 x VS 210(S)-C <sub>3</sub>	0.45	0.84	11.11
Pob. 32 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	0.22	1.30	17.70
Pob. 32 x CN (S)-C <sub>3</sub>	-0.45	0.88	11.48
Pob. 32 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-1.06	0.53	8.11
Pob. 32 x VS 201-Co	-0.005	-0.20	-2.43
Pob. 32 x CN-Co	-0.105	1.33	17.78
Pob. 21 x VS 201(S)-C <sub>3</sub>	-1.46	0.70	9.91
Pob. 21 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	0.52	3.37	49.20
Pob. 21 x CN (S)-C <sub>3</sub>	0.21	3.31	46.28
Pob. 21 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-0.25	3.11	51.46
Pob. 21 x VS 201-Co	0.31	1.89	23.77
Pob. 21 x CN-Co	-0.29	2.92	41.63
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	0.07	-0.04	-0.53
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	-0.87	-0.73	-8.95
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	2.53*	2.93	41.32
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-0.91	-2.32	-27.79
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	0.21	0.46	3.71
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	-0.21	0.61	7.61
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	0.21	0.74	10.77
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-0.75	-1.29	-14.60
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN-Co	0.21	1.29	16.44
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	0.16	1.90	26.46

Cuadro 4..... continuación

Población	$s_{jj'}$	$h_{jj'}$	H
CN (S)-C <sub>3</sub> x VS 201-C <sub>0</sub>	0.76	0.31	3.38
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN-C <sub>0</sub>	0.01	1.20	14.71
CN (CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-C <sub>0</sub>	-0.405	-0.59	7.46
CN (CP)-C <sub>3</sub> x CN-C <sub>0</sub>	-1.025	0.42	6.04
VS 201-C <sub>0</sub> x CN-C <sub>0</sub>	0.85	0.51	5.70

$s_{jj'}$  = heterosis específica de la craza  $j \times j'$

\*

$h_{jj'}$  = efecto heterótico de la craza  $j \times j'$ .

$$h_{jj'} = \bar{h} + h_j + h_{j'} + s_{jj'}$$

H = heterosis expresada en por ciento de la craza predicha  $\bar{Y}_{jj'}$ , con respecto a la media predicha parental.

\* significativamente diferente de cero al nivel de 5% de probabilidad

en las que se tiene un valor bajo de  $h_{jj}$ . Cuando se observan valores altos de  $h_{jj}$ , en una cruce, en relación a los demás valores, sugiere que en dicha cruce las frecuencias génicas de las poblaciones que intervienen en la cruce son diferentes y que existe algún grado de dominancia, además ésta condición generalmente incrementa la superioridad de las  $F_1$ 's en relación a la media de los padres. Los mayores efectos de  $h_{jj}$  se tuvieron en las cruces Pob. 32 x Pob. 21, Pob. 21 x VS 201 (CP)-C3, Pob. 21 x CN (S)-C3, y Pob. 21 x CN (CP)-C3. Y como se observa en la Cuadro 5 éstas cruces tuvieron valores altos de rendimiento en relación a las demás cruces, lo que hace pensar que a valores altos de  $h_{jj}$  se pueden esperar valores altos de rendimiento. Al analizar las cruces anteriores con valores altos de  $h_{jj}$  se puede ver que la Pob. 21 ésta contribuyendo con mayor variabilidad genética que el resto de las poblaciones. Al considerar el valor de  $h_{jj}$  de CN-Co x VS 201-Co encontramos que el valor es pequeño en relación a los demás valores presentados en la Cuadro 4, por lo que se deduce que no existe diversidad genética considerable entre éstas poblaciones y por lo tanto no se puede esperar efecto alto de  $h_{jj}$  entre sus ciclos C3.

Considerando lo anterior, se recomienda utilizar la población 21 para programas de Selección Recíproca Recurrente con VS 201 (CP)-C3, CN (S)-C3 o CN (CP)-C3 y con Pob. 32, para explotar la cruce varietal. Lo anterior es

Cuadro 5. Medias predichas para el caracter Rendimiento de las cruzas ( $\hat{Y}_{jj}^s$ ), las cruzas autofecundadas ( $\hat{Y}_{jj}^{s^s}$ ), y las cruzas recombinadas ( $\hat{Y}_{jj}^{s^r}$ ).

Población	$\hat{Y}_{jj}^s$	$\hat{Y}_{jj}^{s^s}$	$\hat{Y}_{jj}^{s^r}$
Pob. 32 x Pob. 21	10.81	6.00	8.66
Pob. 32 x VS 210(S)-C <sub>3</sub>	8.40	5.48	7.98
Pob. 32 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	8.64	5.18	7.99
Pob. 32 x CN (S)-C <sub>3</sub>	8.52	4.78	8.08
Pob. 32 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	7.07	5.30	6.80
Pob. 32 x VS 201-Co	8.24	4.61	8.34
Pob. 32 x CN-Co	8.84	5.14	8.18
Pob. 21 x VS 201(S)-C <sub>3</sub>	7.77	4.73	7.42
Pob. 21 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	10.22	5.54	8.53
Pob. 21 x CN (S)-C <sub>3</sub>	10.45	5.31	8.80
Pob. 21 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	9.15	5.91	7.60
Pob. 21 x VS 201-Co	9.84	4.97	8.89
Pob. 21 x CN-Co	9.93	5.25	8.47
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	7.86	5.04	7.88
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	7.46	4.50	7.83
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	10.02	7.03	8.56
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	6.68	4.08	7.84
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	8.52	5.23	8.29
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	8.58	4.64	8.28
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	7.61	5.40	7.24

Cuadro 5 ..... continuación

Población	$\hat{Y}_{jj'}$	$\hat{Y}_{jj'}^s$	$\hat{Y}_{jj'}^r$
VS 201(CF)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	7.49	4.06	8.13
VS 201(CF)-C <sub>3</sub> x CN-Co	9.13	5.12	8.49
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN (CF)-C <sub>3</sub>	9.07	5.79	8.12
CN (S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	9.38	4.67	9.23
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	9.34	4.88	8.74
CN (CF)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	7.38	4.91	7.68
CN (CF)-C <sub>3</sub> x CN-Co	7.46	5.19	7.25
VS 201-Co x CN-Co	9.45	4.90	9.20

donde:

$$\hat{Y}_{jj'} = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} + d_j + d_{j'} ) + h_{jj'}$$

$$\hat{Y}_{jj'}^s = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} ) + \frac{1}{4} ( d_j + d_{j'} ) + \frac{1}{2} h_{jj'}$$

$$\hat{Y}_{jj'}^r = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} + d_j + d_{j'} ) + \frac{1}{2} h_{jj'}$$

Los simbolos y/o literales fueron definidos previamente.



corroborado en la Cuadro 5, ya que las medias predichas de la cruce de Pob. 21 con las poblaciones antes mencionadas son altas. O bien formar un pool genético con las poblaciones anteriores para posteriormente formar la población base e iniciar algún tipo de selección recurrente.

#### Días a Floración Masculina y Femenina

En el Cuadro 6 se puede observar los cuadrados medios y fuentes de variación para días a floración masculina y femenina.

Se puede observar que la fuente de variación tratamientos, fué significativa al 0.01 de probabilidad para ambos caracteres, indicando que existen diferencias en los días a floración masculina y femenina entre las poblaciones analizadas, lo anterior era de esperarse dada la diversidad en maduración del material utilizado.

Al particionar la fuente de variación tratamientos en sus componentes aditivo, dominante y heterosis entre otros, se observó lo siguiente:

El efecto de los loci homocigóticos o efectos aditivos (aj) fué significativo a 0.01 de probabilidad para ambos caracteres. Para días a floración masculina éstos resultados son similares a los obtenidos por Cortez *et al*, 1985 y Castro *et al*, 1968. Indicando que los efectos

Cuadro 6. Análisis de varianza para dos caracteres agronómicos, promediados sobre cuatro repeticiones en la localidad de Buenavista, Coah. 1989.

F:V.	G.L.	Cuadrados medios	
		Días a floración masculina	Días a floración femenina
Rep.	3	321.54**	277.82**
Trats.	99	99.27**	110.33**
$a_j$	7	723.35**	776.03**
$d_j$	8	85.07**	109.81**
$h_{jj}$	28	60.20**	74.76**
$\bar{h}$	1	3.59	17.32
$h_j$	7	153.88**	198.75**
$s_{jj}$	20	30.24**	34.23**
desv.	56	42.83**	44.98**
error	297	13.96	15.88
C.V.		5.02 %	5.13 %

\*, \*\* significativo al nivel de 5 y 1 % de probabilidad, respectivamente.

aditivos son importantes en la explicación de la variación observada en las medias generacionales y en la determinación de los caracteres días a flor masculina y femenina. En el Cuadro 7 se aprecia que los efectos aditivos ( $\alpha_j$ ) contribuyeron con 51.52 por ciento y 49.73 por ciento en relación a la variación total de medias generacionales, para días a floración masculina y femenina, respectivamente. Lo anterior indica que los efectos aditivos acumulados tienen una gran importancia en la expresión de días a floración masculina y femenina.

El efecto de loci heterocigóticos fué significativo al 0.01 de probabilidad para ambos caracteres (Cuadro 6), contribuyendo con un 6.92 por ciento y 8.04 por ciento de la variación total, respectivamente (Cuadro 7). La magnitud de los alelos heterocigóticos en la expresión de los caracteres mencionados fué menor que el de los efectos aditivos, aunque ambos efectos son importantes en la explicación de la variabilidad genética en días a floración masculina (Cortez *et al*, 1985) y femenina. Aunque en éste estudio los primeros tuvieron mayor importancia.

La fuente de variación heterosis ( $h_{jj}^2$ ) (Cuadro 6) fué significativa al 0.01 de probabilidad también para ambos caracteres y al subdividir, ésta, se encontró que la heterosis promedio ( $\bar{h}$ ) fué no significativa en ambos casos, lo que sugiere que el valor promedio de días a floración masculina y femenina observados en las cruzas es

Cuadro 7. Contribución de cada parámetro y desviaciones en relación a la variación total de medias generacionales para los siguientes caracteres agronómicos.<sup>2</sup>

Parámetro	Relación a la variación total entre ----- medias generacionales (%) -----	
	Días a floración masculina	Días a Floración femenina
$a_j$	51.52**	49.73**
$d_j$	6.92**	8.04**
$h_{jj}$	17.15**	19.16**
$\bar{h}$	0.04	0.16
$h_j$	10.96**	10.74**
$s_{jj}$	6.15**	6.27**
desv	24.40**	23.06**
	$R^2 = 75.59$	76.93

<sup>2</sup> Contribución porcentual de la suma de cuadrados de los parámetros con respecto a la suma de cuadrados de tratamientos.

\*\* significativo al nivel de 1 % de probabilidad.

estadísticamente igual al valor promedio observado en los padres para días a floración masculina y femenina.

Por lo que respecta a la heterosis varietal ( $h_j$ ) se encontró que fué significativa al 0.01 de probabilidad en ambos caracteres (Cuadro 6), lo que indica que la contribución heterótica de las variedades a la heterosis promedio fué diferente, en ambos caracteres. Sugiriendo, además que las variedades poseen buena aptitud combinatoria general.

Al considerar la heterosis específica ( $s_{jj'}$ ), la misma que resulta al cruzar la variedad  $j$  con la variedad  $j'$ , ésta fué significativa al 0.01 de probabilidad para días a floración masculina y femenina (Cuadro 6), contribuyendo, ésta, con un 6.15 por ciento y 6.27 por ciento de la variación total de medias generacionales, respectivamente (Cuadro 7). Lo cual sugiere que el efecto de cruzar la variedad  $j$  con la variedad  $j'$  fué estadísticamente diferente en todas las cruzas, y que existe un grado de dominancia entre las diferentes variedades que permite que las cruzas sean mejores que la media de los padres, sugiriendo, También, una buena aptitud combinatoria específica presente an algunas cruzas.

Dado que el efecto de heterosis promedio fué no significativo para ambos caracteres, la explicación de la significancia del efecto heterótico ( $h_{jj'}$ ) es debida a una

o dos poblaciones tardías. Esto se deduce dada la significancia de la heterosis varietal y específica.

Como anteriormente fué mencionado el efecto de mayor importancia en ambos caracteres y que contribuyó con un porcentaje mayor en la explicación de la variación total entre medias generacionales, fué el efecto aditivo, indicando que los loci homocigóticos contribuyen en buena medida en la expresión de las medias de las variedades en estudio, para los caracteres días a floración masculina y femenina.

Por último las desviaciones del modelo fueron significativas al 0.01 de probabilidad para días a floración masculina y femenina, sugiriendo la presencia de efectos epistáticos, ligamiento, etc. en la determinación de días a floración masculina y femenina. Aunque la contribución de las desviaciones fué mínima en relación a los efectos acumulativos aditivos ( $\alpha_j$ ).

En la Cuadro 8 se presentan los valores de los efectos génicos para días a floración masculina. Los valores más altos y positivos del efecto aditivo se observaron en las poblaciones Pob. 32 y Pob. 21 con valores de 13.16 y 11.44, respectivamente, el resto de las poblaciones presentaron valores pequeños y negativos. Por lo que respecta a días a floración femenina (Cuadro 9) los valores más altos se observaron en las mismas poblaciones

Cuadro 8. Estimadores de parámetros genéticos y medias predichas para días a floración masculina *per se* ( $\hat{Y}_j$ ), autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ), y media esperada ( $\mu + a_j$ ) de un grupo aleatorio de líneas endocriadas, para las siguientes poblaciones.

Población	$a_j$	$d_j$	$h_j$	$\hat{Y}_j$	$\hat{Y}_j^s$	$\mu + a_j$
Pob. 32	13.16**	-6.63	-1.81	84.68	87.99	93.31
Pob. 21	11.44**	-0.23	-8.13**	89.36	89.47	89.59
VS 201(S)-C3	-4.09	-4.62	0.40	69.44	71.75	74.06
VS 201(CP)-C3	-0.69	-8.63	1.51	68.83	73.14	77.46
CN (S)-C3	-1.95	-7.21	1.76	68.99	72.59	76.20
CN (CP)-C3	-1.90	-6.07	1.47	70.18	73.22	76.25
VS 201-Co	-2.98	-5.15	1.67	70.02	72.59	75.17
CN-Co	-12.99**	3.44	3.13	68.60	66.88	65.16

\*\* significativamente diferente de cero al nivel de 1 % de probabilidad.

Cuadro 9. Estimadores de parámetros genéticos y medias predichas para días a floración femenina, *per se* ( $\hat{Y}_j$ ), autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ), y media esperada ( $\mu+a_j$ ) de un grupo aleatorio de líneas endocriadas para las siguientes poblaciones.

Población	$a_j$	$d_j$	$h_j$	$\hat{Y}_j$	$\hat{Y}_j^s$	$\mu+a_j$
Pob. 32	13.99**	-8.83	-1.00	86.94	91.35	95.77
Pob. 21	14.33**	-1.75	-9.60**	94.36	95.23	96.11
VS 201(S)-C <sub>3</sub>	-5.61	-3.97	1.32	72.20	74.18	76.17
VS 201(CF)-C <sub>3</sub>	-1.34	-7.66	1.87	72.78	76.61	80.44
CN (S)-C <sub>3</sub>	-2.40	-7.03	1.27	72.35	75.87	79.38
CN (CF)-C <sub>3</sub>	-2.97	-5.94	1.89	72.87	75.84	78.81
VS 201-Co	-2.02	-6.97	0.92	73.59	76.67	79.76
CN-Co	-13.98**	3.48	3.33	71.28	69.54	67.80

\* \* significativamente diferente de cero al nivel de 1 % de probabilidad.



(Pob. 32 y Pob. 21) con valores significativos de 13.99 y 14.33, respectivamente. Lo anterior muestra que las poblaciones Pob. 32 y Pob. 21, poseen un mayor número de alelos homocigóticos favorables ( $a_j$ ) que el resto de las poblaciones. Sin embargo, tal parece que los alelos "favorables" tendieron a expresar tardíamente el carácter días a floración masculina y femenina. Esto se corrobora al observar los resultados obtenidos en las medias predichas para las poblaciones *per se* y el de líneas endocriadas obtenidas de dichas poblaciones, cuyos valores son los más tardíos para las poblaciones antes mencionadas. (Cuadros 8 y 9). Todo parece indicar que los genes de los materiales que intervinieron en la formación de las poblaciones 32 y 21 tienden a dominar los del tipo tardío sobre los de tipo precoz.

Los loci heterocigóticos o efectos de dominancia ( $d_j$ ) (Cuadros 8 y 9) resultaron con valores negativos para todas las poblaciones, excepto para CN Co, para días a floración masculina y femenina. Esto se espera porque la precocidad se ha encontrado ser dominante sobre lo tardío. Los valores predichos para las poblaciones *per se*, autofecundadas y líneas endocriadas, muestran como la población CN-Co fué la más precoz con valores de 3.44 y 3.48, para los caracteres antes mencionados.

Los efectos heteróticos de cada población ( $h_j$ ) muestran que los valores más altos para los caracteres en

cuestión se observaron en la población CN-Co con valores de 3.13 y 3.33 para días a floración masculina y femenina, respectivamente (Cuadros 8 y 9). Lo que indica que dicha población contiene mayor heterosis que el promedio de las poblaciones y que es genéticamente diferente al resto de las poblaciones estudiadas.

En las Cuadros 10 y 11 se puede ver que los mayores efectos de heterosis  $h_{jj}^2$  para días a floración masculina y femenina, se encontraron en las cruzas VS 201(S)-C<sub>3</sub> x CN (S)-C<sub>3</sub>, CN (CP)-C<sub>3</sub> x CN-Co y VS 201-Co x CN-Co, a excepción de éste último que solo lo fué en días a floración masculina. Lo que sugiere que éstas poblaciones son contrastantes para éstas dos características, con diferentes frecuencias génicas para los alelos que controlan dichos caracteres. La crusa VS 201(S)-C<sub>3</sub> x CN (S)-C<sub>3</sub> presenta el valor más alto de heterosis específica (4.15), a excepción de las cruzas Pob. 32 x Pob. 21 y Pob. 21 x CN(CP)-C<sub>3</sub>, para días a floración masculina, lo que permite inferir que éstas poblaciones son las más contrastantes para éstos caracteres. Las medias de las cruzas para días a floración masculina y femenina se presentan en los Cuadros 12 y 13.

Por lo que respecta al carácter precocidad, éste es de gran importancia para programas de mejoramiento enfocados a liberar materiales precoces, tendientes a resolver en parte la errática y mala distribución de la

Cuadro 10. Estimadores de parámetros genéticos para el carácter días a floración masculina de las cruzas entre ocho poblaciones de maíz.

Población	$s_{jj}'$	$h_{jj}'$	H
Pob. 32 x Pob. 21	4.99*	-15.18	-17.44
Pob. 32 x VS 210(S)-C <sub>3</sub>	0.88	-0.78	-1.01
Pob. 32 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	1.86	1.31	1.71
Pob. 32 x CN (S)-C <sub>3</sub>	-0.13	-0.43	-0.56
Pob. 32 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	0.54	-0.05	-0.06
Pob. 32 x VS 201-Co	1.02	0.63	0.81
Pob. 32 x CN-Co	0.82	1.89	2.47
Pob. 21 x VS 201(S)-C <sub>3</sub>	-1.29	-9.27	-11.68
Pob. 21 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	-1.74	-8.61	-10.89
Pob. 21 x CN (S)-C <sub>3</sub>	-0.23	-6.85	-8.65
Pob. 21 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	4.69*	-2.22	-2.78
Pob. 21 x VS 201-Co	1.75	-4.96	-6.22
Pob. 21 x CN-Co	1.81	-3.44	-4.36
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	-0.28	1.38	2.00
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	4.15	6.06	8.76
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-1.43	0.19	0.27
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-1.12	1.70	2.44
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	-1.91	1.37	1.98
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	1.28	4.30	6.24
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-0.55	2.18	3.14
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-0.48	2.45	3.53
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN-Co	-0.09	-4.30	6.26
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-2.78	0.20	0.29

Cuadro 10 ..... continuación

Población	$s_{jj'}$	$h_{jj'}$	H
CN (S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-1.30	1.88	2.70
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	-0.99	3.65	5.31
CN (CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-0.85	2.04	2.91
CN (CP)-C <sub>3</sub> x CN-Co	0.38	4.73	6.82
VS 201-Co x CN-Co	-0.02	4.53	6.54

$s_{jj'}$  = heterosis específica de la craza  $j \times j'$

$h_{jj'}$  = efecto heterótico de la craza  $j \times j'$ .

$$h_{jj'} = \bar{h} + h_j + h_{j'} + s_{jj'}$$

H = heterosis expresada en por ciento de la craza predicha  $\hat{Y}_{jj'}$ , con respecto a la media predicha parental.

\* significativamente diferente de cero al nivel de 5% de probabilidad

Cuadro 11. Estimadores de parámetros genéticos para el carácter días a floración femenina de las cruzas entre ocho poblaciones de maíz.

Población	$s_{jj}'$	$h_{jj}'$	$H'$
Pob. 32 x Pob. 21	-5.10*	-16.33	-18.01
Pob. 32 x VS 210(S)-C <sub>3</sub>	0.64	0.33	0.41
Pob. 32 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	1.99	2.23	2.79
Pob. 32 x CN (S)-C <sub>3</sub>	-0.32	-0.68	-0.85
Pob. 32 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-0.45	-0.19	-0.24
Pob. 32 x VS 201-Co	3.02	2.31	2.88
Pob. 32 x CN-Co	0.22	1.92	2.43
Pob. 21 x VS 201(S)-C <sub>3</sub>	-1.28	-10.19	-12.24
Pob. 21 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	-1.77	-10.13	-12.12
Pob. 21 x CN (S)-C <sub>3</sub>	0.41	-8.55	-10.26
Pob. 21 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	5.87*	-2.47	-2.95
Pob. 21 x VS 201-Co	0.09	-9.22	-10.98
Pob. 21 x CN-Co	1.78	-5.12	-6.18
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	-0.43	2.13	2.94
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	3.50	5.46	7.55
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-2.46	0.12	0.17
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-0.24	1.37	1.88
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	0.27	4.29	5.98
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	1.18	3.69	5.09
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	0.13	3.26	4.48
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-0.73	1.43	1.95
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN-Co	-0.37	4.20	5.83
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-2.77	-0.24	-0.33

Cuadro 11 ..... continuación

Población	$s_{jj'}$	$h_{jj'}$	H
CN (S)-C <sub>a</sub> x VS 201-Co	-0.71	0.85	1.16
CN (S)-C <sub>a</sub> x CN-Co	-1.29	2.68	3.73
CN (CP)-C <sub>a</sub> x VS 201-Co	-0.57	1.61	2.20
CN (CP)-C <sub>a</sub> x CN-Co	0.25	4.84	6.72
VS 201-Co x CN-Co	-0.86	2.76	3.81

$s_{jj'}$  = heterosis específica de la cruce  $j \times j'$

$h_{jj'}$  = efecto heterótico de la cruce  $j \times j'$ .

$$h_{jj'} = \bar{h} + h_j + h_{j'} + s_{jj'}$$

H = heterosis expresada en por ciento de la cruce predicha  $\hat{Y}_{jj'}$ , con respecto a la media predicha parental.

\* significativamente diferente de cero al nivel de 5% de probabilidad

Cuadro 12. Medias predichas para el caracter días a floración masculina de las cruzas ( $\hat{Y}_{jj}^p$ ), las cruzas autofecundadas ( $\hat{Y}_{jj}^s$ ), y las cruzas recombinadas ( $\hat{Y}_{jj}^r$ ).

Población	$\hat{Y}_{jj}^p$	$\hat{Y}_{jj}^s$	$\hat{Y}_{jj}^r$
Pob. 32 x Pob. 21	71.84	81.14	79.43
Pob. 32 x VS 210(S)-C3	76.28	79.48	76.67
Pob. 32 x VS 201(CP)-C3	78.06	81.22	77.41
Pob. 32 x CN (S)-C3	76.40	80.08	76.62
Pob. 32 x CN (CP)-C3	77.38	80.58	77.40
Pob. 32 x VS 201-Co	77.98	80.61	77.66
Pob. 32 x CN-Co	78.53	78.38	77.58
Pob. 21 x VS 201(S)-C3	79.13	73.98	71.75
Pob. 21 x VS 201(CP)-C3	76.45	77.00	74.79
Pob. 21 x CN (S)-C3	72.22	77.61	75.75
Pob. 21 x CN (CP)-C3	77.35	80.23	78.66
Pob. 21 x VS 201-Co	74.73	78.55	77.21
Pob. 21 x CN-Co	75.54	76.46	77.25
VS 201(S)-C3 x VS 201(CP)-C3	70.51	70.14	69.82
VS 201(S)-C3 x CN (S)-C3	75.27	73.20	72.24
VS 201(S)-C3 x CN (CP)-C3	70.00	72.58	69.90
VS 201(S)-C3 x VS 201-Co	71.13	71.02	70.58
VS 201(S)-C3 x CN-Co	70.19	70.00	69.70
VS 201(CP)-C3 x CN (S)-C3	73.21	71.02	71.06
VS 201(CP)-C3 x CN (CP)-C3	71.68	74.23	70.59

Cuadro 12 ..... continuación

Población	$\hat{Y}_{JJ'}$	$\hat{Y}_{JJ'}^s$	$\hat{Y}_{JJ'}^r$
VS 201(CP)-C3 x VS 201-Co	71.88	74.09	70.65
VS 201(CP)-C3 x CN-Co	73.01	72.16	70.86
CN (S)-C3 x CN (CP)-C3	69.78	73.00	69.69
CN (S)-C3 x VS 201-Co	71.38	75.53	70.44
CN (S)-C3 x CN-Co	72.44	71.56	70.62
CN (CP)-C3 x VS 201-Co	72.14	73.92	71.12
CN (CP)-C3 x CN-Co	74.12	72.41	71.75
VS 201-Co x CN-Co	73.84	72.00	71.57

donde:

$$\hat{Y}_{JJ'} = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} + d_j + d_{j'} ) + h_{JJ'}$$

$$\hat{Y}_{JJ'}^s = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} ) + \frac{1}{4} ( d_j + d_{j'} ) + \frac{1}{2} h_{JJ'}$$

$$\hat{Y}_{JJ'}^r = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} - d_j + d_{j'} ) + \frac{1}{2} h_{JJ'}$$

Los símbolos y/o literales fueron definidos previamente.



Cuadro 13. Medias predichas para el caracter días a floración femenina de las cruzas ( $\hat{Y}_{jj}^p$ ), las cruzas autofecundadas ( $\hat{Y}_{jj}^{ps}$ ), y las cruzas recombinadas ( $\hat{Y}_{jj}^{pr}$ ).

Población	$\hat{Y}_{jj}^p$	$\hat{Y}_{jj}^{ps}$	$\hat{Y}_{jj}^{pr}$
Pob. 32 x Pob. 21	74.32	85.13	82.48
Pob. 32 x VS 210(S)-C3	79.90	82.93	79.73
Pob. 32 x VS 201(CP)-C3	82.09	85.10	80.97
Pob. 32 x CN (S)-C3	78.96	83.27	79.30
Pob. 32 x CN (CP)-C3	79.71	83.50	79.81
Pob. 32 x VS 201-Co	82.57	85.17	81.42
Pob. 32 x CN-Co	81.03	81.41	80.07
Pob. 21 x VS 201(S)-C3	73.09	79.61	78.18
Pob. 21 x VS 201(CP)-C3	73.44	80.86	78.50
Pob. 21 x CN (S)-C3	74.80	81.27	79.08
Pob. 21 x CN (CP)-C3	81.14	84.30	82.38
Pob. 21 x VS 201-Co	74.75	81.34	79.36
Pob. 21 x CN-Co	77.70	79.83	80.26
VS 201(S)-C3 x VS 201(CP)-C3	74.62	76.46	73.55
VS 201(S)-C3 x CN (S)-C3	77.74	77.76	75.01
VS 201(S)-C3 x CN (CP)-C3	72.65	77.07	72.59
VS 201(S)-C3 x VS 201-Co	74.27	76.11	73.58
VS 201(S)-C3 x CN-Co	76.03	74.01	73.88
VS 201(CP)-C3 x CN (S)-C3	76.25	78.08	74.41
VS 201(CP)-C3 x CN (CP)-C3	76.08	77.85	74.45
VS 201(CP)-C3 x VS 201-Co	74.61	73.32	73.90

Cuadro 13 ..... continuación

Población	$\hat{y}_{jj}^o$	$\hat{y}_{jj}^s$	$\hat{y}_{jj}^r$
VS 201(OP)-C <sub>3</sub> x CN-C <sub>0</sub>	76.23	75.18	74.13
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN (OP)-C <sub>3</sub>	72.37	75.73	72.49
CN (S)-C <sub>3</sub> x VS 201-C <sub>0</sub>	73.82	76.69	73.39
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN-C <sub>0</sub>	74.49	74.04	73.15
CN (OP)-C <sub>3</sub> x VS 201-C <sub>0</sub>	74.84	77.06	74.03
CN (OP)-C <sub>3</sub> x CN-C <sub>0</sub>	76.51	75.11	74.49
VS 201-C <sub>0</sub> x CN-C <sub>0</sub>	75.19	74.49	75.81

donde:

$$\hat{y}_{jj}^o = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} + d_j + d_{j'} ) + h_{jj}^o$$

$$\hat{y}_{jj}^s = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} ) + \frac{1}{4} ( d_j + d_{j'} ) + \frac{1}{2} h_{jj}^s$$

$$\hat{y}_{jj}^r = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} + d_j + d_{j'} ) + \frac{1}{2} h_{jj}^r$$

Los símbolos y/o literales fueron definidos previamente.

presipitación en áreas temporaleras. Materiales con ésta característica se pueden apreciar en el comportamiento predicho de las cruzas en las que interviene el VS 201, éstos cruzamientos en promedio fueron los más precoces (Cuadro 12) en relación al resto del material utilizado.

#### Altura de Planta y Altura de Mazorca

En la Cuadro 14 se muestra el análisis de varianza para los caracteres altura de planta y altura de mazorca, donde se puede observar que la fuente de variación tratamientos es signifivativa al 0.01 de probabilidad para ambos caracteres, tal significancia revela que existe diferencia entre las diferentes medias generacionales para dichos caracteres.

La partición de la fuente de variación tratamientos en sus componentes aditivo, dominantes y heteróticos da como resultado lo siguiente:

La participación de las medias generacionales en sus efectos aditivos mostraron que, éstos, fueron significativos al 0.05 de probabilidad para altura de planta y mazorca (Cuadro 14), y éstos contribuyeron con un 6.12 por ciento y 6.47 por ciento de la variación total de medias generacionales respectivamente (Cuadro 15). Lo anterior indica que los loci homocigóticos son importantes en la expresión de la altura de planta y de mazorca.

Cuadro 14. Análisis de varianza para dos caracteres agronómicos, promediados sobre cuatro repeticiones en la localidad de Buenavista, Coah. 1989.

F:V.	G.L.	Cuadrados medios	
		Altura de planta	Altura de mazorca
Rep.	3	17793.21**	9854.34**
Trats.	99	1155.63**	582.96**
$a_j$	7	999.93*	466.49*
$d_j$	8	8339.32**	4583.58**
$h_{jj'}$	28	413.77	171.63
$\bar{h}$	1	1017.49	480.30
$h_j$	7	615.52	190.79
$s_{jj'}$	20	312.98	149.48
desv.	56	519.77	223.27
error	297	380.15	174.89
C.V.		13.17 %	17.25 %

\*, \*\*, significativo al nivel de 5 y 1 % de probabilidad, respectivamente.

Cuadro 15. Contribución de cada parámetro y desviaciones en relación a la variación total de medias generacionales para los siguientes caracteres agronómicos.<sup>2</sup>

Parámetro	Relación a la variación total entre ----- medias generacionales (%).	
	Altura de Planta	Altura de mazorca
$a_j$	6.12*	6.47*
$d_j$	58.31**	63.54**
$h_{jj}$	10.13	8.33
$\bar{h}$	0.89	0.83
$h_j$	3.77	2.31
$s_{jj}$	5.47	5.18
desv	25.44	21.66
	$R^2=74.56$	78.34

<sup>2</sup> Contribución porcentual de la suma de cuadrados de los parámetros con respecto a la suma de cuadrados de tratamientos.

\*, \*\* significativo al nivel de 5 y 1 % de probabilidad, respectivamente.

Los efectos dominantes ( $d_j$ ) fueron los principales contribuyentes de la variación total entre medias generacionales siendo en el orden de 58.31 y 63.54 por ciento para altura de planta y altura de mazorca, respectivamente (Cuadro 15). Estos resultados coinciden con los encontrados por Cortez *et al* (1985). Más sin embargo esto es contradictorio a lo encontrado por Castro *et al* (1968). En la Cuadro 14 se puede observar que la fuente de variación antes mencionada fué significativa al 0.01 de probabilidad, indicando que existe suficiente variabilidad intrapoblacional para tales características y que los loci heterocigóticos son de suma importancia para la expresión de la altura de planta y altura de mazorca y que hay una gran cantidad de loci segregantes en el cual los favorables son dominantes sobre los menos favorables.

La heterosis y los efectos de dominancia intervarietal ( $\bar{h}$ ,  $h_j$ ,  $s_{jj}$ ) y desviaciones del modelo fueron muy pequeños y no significativos para los caracteres altura de planta y altura de mazorca. Lo que indica que el comportamiento promedio de las cruza es similar al comportamiento promedio de los padres. Esto es debido a que probablemente existan bajos niveles de dominancia y muy poca diferencia en frecuencias génicas para éstos caracteres. La ausencia de significancia en la heterosis varietal ( $h_j$ ) sugiere que los progenitores utilizados poseen un grado similar de aptitud combinatoria general y por lo tanto, la contribución de cada variedad a la fuente de variación

heterosis promedio ( $\bar{h}$ ) es semejante entre las variedades.

Las desviaciones del modelo para altura de planta y altura de mazorca representaron un 25.44 y 21.66 por ciento, respectivamente en relación a la variación de medias generacionales (Cuadro 15), más sin embargo éstos fueron no significativos y no tuvieron importancia biológica.

En los Cuadros 16 y 17 se puede observar que la población VS 201(CP)-C3 presenta el valor más alto de efectos aditivos para altura de planta y altura de mazorca (20.16 y 14.66) además de que para ambos caracteres los valores de dominancia intrapoblacional ( $d_j$ ) fueron los más bajos. Los valores altos obtenidos por dicha población sugieren que ésta posee un número mayor de loci homocigóticos, en relación a las demás poblaciones y que los efectos aditivos ésta contribuyendo en la expresión de la media varietal en ambos caracteres.

En los Cuadros antes mencionados se puede observar que en general los valores de  $d_j$  fueron significativos y positivos, lo que sugiere variabilidad intrapoblacional y la gran importancia relativa que tienen los heterocigotes para la expresión de la altura de planta y altura de mazorca. Para todas poblaciones (excepto para VS 201 (CP)-C3), se infiere que poseen loci heterocigotes los cuales están segregando y los alelos favorables son

Duadro 16. Estimadores de parámetros genéticos y medias predichas para altura de planta (cm) *per se* ( $\hat{Y}_j$ ), autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ), y media esperada ( $\mu+a_j$ ) de un grupo aleatorio de líneas endocriadas para las siguientes poblaciones.

Población	$a_j$	$d_j$	$h_j$	$\hat{Y}_j$	$\hat{Y}_j^s$	$\mu+a_j$
Pob. 32	-5.63	44.45**	10.27	142.96	120.73	98.51
Pob. 21	-9.28	40.67*	12.03	135.53	115.19	94.86
VS 201(S)-C <sub>3</sub>	-3.86	47.09*	-3.53	147.37	123.82	100.28
VS 201(CF)-C <sub>3</sub>	20.16	28.39	-2.06	153.68	138.99	124.30
CN (S)-C <sub>3</sub>	-11.77	70.21**	-7.10	162.58	127.47	92.37
CN (CF)-C <sub>3</sub>	8.25	42.69*	-2.05	155.08	133.73	112.39
VS 201-C <sub>0</sub>	-2.94	70.42**	-5.41	171.62	136.41	101.20
CN-C <sub>0</sub>	5.07	56.47**	-2.15	165.68	137.44	109.21

\* , \*\* significativamente diferente de cero al nivel de 5 y 1 % de probabilidad, respectivamente.



Cuadro 17. Estimadores de parámetros genéticos y medias predichas para altura de mazorca (cm) *per se* ( $\hat{Y}_j$ ), autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ), y media esperada ( $\mu+a_j$ ) de un grupo aleatorio de líneas endocriadas para las siguientes poblaciones.

Población	$a_j$	$d_j$	$h_j$	$\hat{Y}_j$	$\hat{Y}_j^s$	$\mu+a_j$
Pob. 32	-2.30	29.18**	5.69	71.01	56.42	41.83
Pob. 21	-6.42	34.26**	6.50	71.97	54.84	37.71
VS 201(S)-C <sub>3</sub>	-2.85	35.62**	-1.49	76.90	59.09	41.28
VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	14.66	17.29	-1.99	76.08	67.43	58.79
CN (S)-C <sub>3</sub>	0.25	42.63**	-0.93	87.01	65.69	44.38
CN (CP)-C <sub>3</sub>	7.53	30.06*	-0.59	81.72	66.69	51.66
VS 201-C <sub>0</sub>	11.31	61.77**	-4.77	94.59	63.70	32.82
CN-C <sub>0</sub>	0.44	46.82**	-2.42	91.39	67.98	44.57

\*, \*\* significativamente diferente de cero al nivel de 5 y 1 % de probabilidad, respectivamente.

dominantes sobre los alelos menos favorables.

Los valores heteróticos varietales (hj) más altos se encontraron en las poblaciones Pob. 32 y Pob. 21 para ambos caracteres (Cuadros 16 y 17), sugiriendo que éstas poblaciones expresan mayor heterosis al cruzarse con las demás poblaciones y que dichas las poblaciones son genéticamente diversas al compararlas con las poblaciones en estudio. Probablemente éstas poblaciones difieren en frecuencias génicas en relación a las demás poblaciones y/o poseen una aptitud combinatoria general mayor, siendo su contribución mayor en la heterosis promedio. Las medias esperadas más bajas de altura de planta correspondieron a las poblaciones 32 y 21, mientras que se espera que las líneas endocriadas de las poblaciones CN(S)-C<sub>3</sub> y Pob. 21 sean de porte bajo en relación al resto. La misma tendencia se observó para altura de mazorca en las poblaciones anteriormente citadas.

Los resultados en las Cuadro 18 muestran que los valores más altos de  $h_{ij}^2$  para altura de planta se encontraron en las cruzas Pob. 32 x Pob. 21, Pob. 32 x VS 201-C<sub>0</sub> y Pob. 21 x VS 201(CP)-C<sub>3</sub> y en la Cuadro 19 se puede ver que para altura de mazorca los valores altos se encontraron en las cruzas Pob: 21 x VS 201(CP)-C<sub>3</sub>, Pob. 32 x VS 201-C<sub>0</sub> y Pob. 21 x CN (S)-C<sub>3</sub>. Para el caso de las cruzas mencionadas anteriormente las frecuencias génicas de las poblaciones que intervienen en cada cruce son

Cuadro 18. Estimadores de parámetros genéticos para el carácter altura de planta de las cruzas entre ocho poblaciones de maíz.

Población	$s_{jj}'$	$h_{jj}'$	H
Pob. 32 x Pob. 21	0.68	28.27	20.30
Pob. 32 x VS 210(S)-C <sub>3</sub>	1.95	13.98	9.63
Pob. 32 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	-2.95	10.55	7.11
Pob. 32 x CN (S)-C <sub>3</sub>	4.56	13.02	8.52
Pob. 32 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-3.45	10.06	6.75
Pob. 32 x VS 201-Co	8.45	18.60	11.83
Pob. 32 x CN-Co	-9.24	4.17	2.70
Pob. 21 x VS 201(S)-C <sub>3</sub>	0.66	14.45	10.22
Pob. 21 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	11.09	26.35	18.22
Pob. 21 x CN (S)-C <sub>3</sub>	-5.23	4.99	3.35
Pob. 21 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-5.49	9.78	6.73
Pob. 21 x VS 201-Co	-2.75	9.16	5.96
Pob. 21 x CN-Co	1.04	16.21	10.76
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	-3.80	-4.10	-2.72
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	1.30	-4.04	-2.61
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	15.95*	15.66	10.36
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-15.72*	-17.37	-12.14
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	-0.34	-0.73	-0.47
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	-5.93	-9.80	-6.20
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-5.37	-4.19	-2.71
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	2.45	0.27	0.17
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN-Co	4.31	3.59	3.50
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-1.93	-1.79	-3.65

Cuadro 18 ..... continuación

Población	$s_{jj'}$	$h_{jj'}$	H
CN (S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	5.63	-1.59	-0.95
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	1.60	-2.36	-1.44
CN (CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-0.10	-2.27	-1.39
CN (CP)-C <sub>3</sub> x CN-Co	0.39	1.48	0.92
VS 201-Co x CN-Co	2.04	-0.23	-0.14

$s_{jj'}$  = heterosis específica de la crucea  $j \times j'$

$h_{jj'}$  = efecto heterótico de la crucea  $j \times j'$ .

$$h_{jj'} = \bar{h} + h_j + h_{j'} + s_{jj'}$$

H = heterosis expresada en por ciento de la crucea predicha  $\bar{Y}_{jj'}$ , con respecto a la media predicha parental.

\* significativamente diferente de cero al nivel de 5% de probabilidad

Cuadro 19. Estimadores de parámetros genéticos para el carácter altura de mazorca de las cruzas entre ocho poblaciones de maíz.

Población	sjj'	hjj'	H
Pob. 32 x Pob. 21	-3.60	12.20	17.07
Pob. 32 x VS 210(S)-C <sub>3</sub>	2.64	10.45	14.13
Pob. 32 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	-1.34	5.97	8.12
Pob. 32 x CN (S)-C <sub>3</sub>	-0.08	8.29	10.49
Pob. 32 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-2.28	6.43	8.42
Pob. 32 x VS 201-Co	8.64	13.17	15.91
Pob. 32 x CN-Co	-3.98	2.90	3.57
Pob. 21 x VS 201(S)-C <sub>3</sub>	-0.38	8.24	11.07
Pob. 21 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	5.21	13.33	18.01
Pob. 21 x CN (S)-C <sub>3</sub>	3.80	12.98	16.33
Pob. 21 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-8.80	0.72	0.94
Pob. 21 x VS 201-Co	0.53	5.87	7.05
Pob. 21 x CN-Co	3.24	10.93	13.38
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	-2.14	-2.01	-2.63
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	-5.04	-3.85	-4.70
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	11.27*	12.80	16.14
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-5.82	-8.47	-9.88
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	-0.33	-0.83	-0.99
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	-3.26	-2.57	-3.15
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	0.36	1.39	1.76
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	2.28	-0.87	-1.02
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN-Co	-1.11	-1.91	-2.28
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	2.88	4.97	5.89

Cuadro 19 ..... continuación

Población	$s_{jj'}$	$h_{jj'}$	H
CN (S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	0.46	-1.63	-1.80
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	1.24	1.50	1.68
CN (CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-5.33	-7.08	-8.03
CN (CP)-C <sub>3</sub> x CN-Co	1.90	2.50	2.29
VS 201-Co x CN-Co	-0.76	-4.34	-4.67

$s_{jj'}$  = heterosis específica de la craza  $j \times j'$

$h_{jj'}$  = efecto heterótico de la craza  $j \times j'$ .

$$h_{jj'} = \bar{h} + h_j + h_{j'} + s_{jj'}$$

H = heterosis expresada en por ciento de la craza predicha  $\hat{Y}_{jj'}$ , con respecto a la media predicha parental.

\* significativamente diferente de cero al nivel de 5% de probabilidad

diferentes y existe algún grado de dominancia en la expresión de la cruz.

En ambos caracteres el efecto heterótico tendió a incrementar la media de dichos caracteres como puede observarse en las Cuadros 20 y 21, la altura de las cruzas es superior a la altura de las cruzas recombinadas y éstas son superiores a las cruzas autofecundadas, se puede relacionar un valor alto de  $h_{ij}^2$  con una media alta en altura de planta y de mazorca. El efecto heterótico de las cruzas mencionadas anteriormente esta en relación a los valores altos de  $h_j$  encontrados en las poblaciones Pob. 32 y Pob.21. Por el comportamiento de éstas poblaciones en sus cruzas, se infiere que éstas son genéticamente diversas para éstos caracteres en relación a las demás poblaciones y entre ellas mismas.

Para propósitos de selección de germoplasma es conveniente seleccionar poblaciones que presente una baja altura de planta y de mazorca, sobre todo para condiciones de temporal escaso. Por lo que se sugiere la selección de las poblaciones Pob. 32, Pob 21 o VS 201(S)C<sub>3</sub>, si la idea fuera el mejoramiento *per se*, mientras que para selección reciproca recurrente la cruz VS 201(S)-C<sub>3</sub> x VS 201-C<sub>0</sub> sera adecuada. O quizá un pool genético formado por las poblaciones antes mencionadas.

Cuadro 20. Medias predichas para el caracter altura de planta (cm) de las cruzas ( $\hat{Y}_{jj}^p$ ), las cruzas autofecundadas ( $\hat{Y}_{jj}^s$ ), y las cruzas recombinadas ( $\hat{Y}_{jj}^r$ ).

Población	$\hat{Y}_{jj}^p$	$\hat{Y}_{jj}^s$	$\hat{Y}_{jj}^r$
Pob. 32 x Pob. 21	167.51	132.10	153.38
Pob. 32 x VS 210(S)-C <sub>3</sub>	159.14	129.27	152.15
Pob. 32 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	158.14	135.14	153.59
Pob. 32 x CN (S)-C <sub>3</sub>	165.79	130.61	159.28
Pob. 32 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	159.08	132.26	154.05
Pob. 32 x VS 201-Co	175.89	137.87	166.59
Pob. 32 x CN-Co	158.49	131.17	156.40
Pob. 21 x VS 201(S)-C <sub>3</sub>	155.90	126.73	148.67
Pob. 21 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	170.95	140.27	157.78
Pob. 21 x CN (S)-C <sub>3</sub>	154.04	123.83	151.55
Pob. 21 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	155.08	129.35	150.19
Pob. 21 x VS 201-Co	162.73	130.38	158.15
Pob. 21 x CN-Co	166.81	134.42	158.71
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	146.42	129.36	148.47
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	150.94	123.63	152.95
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	166.88	136.61	159.05
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	140.12	120.43	149.81
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	155.79	130.27	156.16
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	148.33	128.33	153.23
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	150.19	134.27	152.28
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	162.92	137.83	162.78



Cuadro 20 ..... continuación

Población	$\hat{Y}_{jj'}$	$\hat{Y}_{jj'}^s$	$\hat{Y}_{jj'}^r$
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN-Co	165.27	141.01	162.47
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	153.04	127.71	155.93
CN (S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	165.51	131.15	166.30
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	161.77	131.28	162.95
CN (CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	161.08	133.94	162.21
CN (CP)-C <sub>3</sub> x CN-Co	161.86	136.33	161.12
VS 201-Co x CN-Co	168.42	136.81	168.53

donde:

$$\hat{Y}_{jj'} = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} + d_j + d_{j'} ) + h_{jj'}$$

$$\hat{Y}_{jj'}^s = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} ) + \frac{1}{4} ( d_j + d_{j'} ) + \frac{1}{2} h_{jj'}$$

$$\hat{Y}_{jj'}^r = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} + d_j + d_{j'} ) + \frac{1}{2} h_{jj'}$$

Los símbolos y/o literales fueron definidos previamente.

Cuadro 21. Medias predichas para el caracter altura de mazorca (cm) de las cruzas ( $\hat{Y}_{jj}^s$ ), las cruzas autofecundadas ( $\hat{Y}_{jj}^{s^s}$ ), y las cruzas recombinadas ( $\hat{Y}_{jj}^{s^r}$ ).

Población	$\hat{Y}_{jj}^s$	$\hat{Y}_{jj}^{s^s}$	$\hat{Y}_{jj}^{s^r}$
Pob. 32 x Pob. 21	83.69	61.73	75.59
Pob. 32 x VS 210(S)-C <sub>3</sub>	84.40	62.98	79.18
Pob. 32 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	79.51	64.91	76.53
Pob. 32 x CN (S)-C <sub>3</sub>	87.30	65.20	83.15
Pob. 32 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	82.79	64.77	79.58
Pob. 32 x VS 201-Co	95.97	66.65	89.38
Pob. 32 x CN-Co	84.10	63.65	82.65
Pob. 21 x VS 201(S)-C <sub>3</sub>	82.67	61.08	78.55
Pob. 21 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	87.35	67.80	80.69
Pob. 21 x CN (S)-C <sub>3</sub>	92.47	68.76	85.98
Pob. 21 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	77.56	61.12	72.20
Pob. 21 x VS 201-Co	89.15	62.21	86.21
Pob. 21 x CN-Co	92.61	66.87	87.17
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	74.48	62.26	75.48
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	78.10	60.47	80.03
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	92.11	69.29	85.71
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	77.27	57.16	81.51
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	83.31	63.12	83.73
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	78.97	65.28	80.26
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	80.29	67.76	79.59
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	84.46	65.13	84.90

Cuadro 21 ..... continuación

Población	$\hat{Y}_{jj'}$	$\hat{Y}_{jj'}^s$	$\hat{Y}_{jj'}^r$
VS 201(CP)-C3 x CN-Co	81.82	66.75	82.78
CN (S)-C3 x CN (CP)-C3	89.33	68.68	86.85
CN (S)-C3 x VS 201-Co	89.17	63.89	89.98
CN (S)-C3 x CN-Co	90.70	67.59	89.95
CN (CP)-C3 x VS 201-Co	81.07	61.66	84.61
CN (CP)-C3 x CN-Co	89.05	68.58	87.80
VS 201-Co x CN-Co	88.65	63.67	90.82

donde:

$$\hat{Y}_{jj'} = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} + d_j + d_{j'} ) + h_{jj'}$$

$$\hat{Y}_{jj'}^s = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} ) + \frac{1}{4} ( d_j + d_{j'} ) + \frac{1}{2} h_{jj'}$$

$$\hat{Y}_{jj'}^r = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} + d_j + d_{j'} ) + \frac{1}{2} h_{jj'}$$

Los símbolos y/o literales fueron definidos previamente.

## Acame de Raíz y Acame de Tallo

Los resultados del Cuadro 22 muestran que para acame de raíz no se encontró significancia en la fuente de variación tratamientos, lo que indica que el comportamiento de las diferentes generaciones para éste carácter fué similar, es decir, no existió diferencia estadística entre las medias generacionales estudiadas. En acame de tallo, la fuente de variación en cuestión fué significativo al 0.01 de probabilidad lo que sugiere diferencia entre los tratamientos para éste carácter y/o que las medias generacionales se comportan diferentes entre si.

Al particionar la fuente de variación tratamientos para ambos caracteres en sus componentes aditivo, dominante y heterosis se obtuvieron los siguientes resultados:

Los efectos aditivos fueron significativos al 0.01 de probabilidad para ambos caracteres. Este resultado permite inferir que los efectos acumulativos aditivos contribuyen en la explicación de la variabilidad genética entre medias generacionales para los caracteres de acame de raíz y acame de tallo, y hace suponer que ciertas poblaciones poseen un número mayor de loci homocigóticos en relación a las demás poblaciones, sin olvidar que en el caso de acame de raíz los tratamientos fueron no significativos, sin embargo hubo algunas diferencias en los efectos aditivos, pero éstos efectos no son de una magnitud considerable como para diferenciar las medias

Cuadro 22. Análisis de varianza para dos caracteres agronómicos, promediados sobre cuatro repeticiones en la localidad de Buenavista, Coah. 1989.

F:V.	G.L.	Cuadrados medios	
		Acame de Raíz	Acame de tallo
Rep.	3	901.66**	1047.22**
Trats.	99	88.67	135.76**
$a_j$	7	319.10**	704.43**
$d_j$	8	81.52	194.23**
$h_{jj}$	28	73.53	105.09*
$\bar{h}$	1	66.75	0.82
$h_j$	7	86.32	71.83
$s_{jj}$	20	69.40	123.09*
desv.	56	68.45	71.25
error	297	75.28	67.76
C.V.		88.76 %	85.05 %

\*, \*\*, significativo al nivel de 5 y 1 % de probabilidad, respectivamente.

generacionales.

En la Cuadro 23 se observa que para acame de raíz los efectos aditivos contribuyeron con un 25.45 por ciento de la variación de medias generacionales. Para acame de tallo el efecto aditivo representó el 36.69 por ciento de la variación total entre medias generacionales, siendo éste efecto el más importante en la explicación y manifestación de la variación observada en éste caracter.

En la Cuadro 22 se observa que los efectos de dominancia intravarietal ( $d_j$ ), solo fueron significativos para el caracter acame de tallo al 0.01 de probabilidad por lo que se deduce que tales efectos son de importancia en la expresión del acame de tallo y sugiere que para dicho caracter encontramos poblaciones segregantes donde los efectos de dominancia intravarietal contribuyen en la herencia del caracter, además indica que la variabilidad intrapoblacional en las diferentes poblaciones en estudio es diferente entre ellas. Para ambos caracteres los efectos de dominancia fueron de menor importancia que los efectos aditivos.

El efecto heterótico y sus diversos componentes fueron no significativos para acame de raíz indicando, en éste caso, que en promedio el comportamiento de las cruza es similar al comportamiento de los progenitores *per se*, presumiblemente se puede decir que las poblaciones son

Cuadro 23. Contribución de cada parámetro y desviaciones en relación a la variación total de medias generacionales para los siguientes caracteres agronómicos.<sup>2</sup>

Parámetro	Relación a la variación total entre -----medias generacionales (%).-----	
	Acame de Raíz	Acame de Tallo
$a_j$	25.45**	36.69**
$d_j$	7.43	11.56**
$h_{jj}$	23.46	22.06*
$\bar{h}$	0.76	0.01
$h_j$	6.88	3.75
$s_{jj}$	15.81	18.32*
desv	43.67	29.69
	$R^2 = 56.34$	70.31

<sup>2</sup> Contribución porcentual de la suma de cuadrados de los parámetros con respecto a la suma de cuadrados de tratamientos.

\*, \*\* significativo al nivel de 5 y 1 % de probabilidad, respectivamente.

genéticamente similares, y las diferencias en frecuencias génicas de los genes controlando éste carácter en las diferentes poblaciones, no son de importancia genética ni biológica. Para acame de tallo los efectos significativos fueron  $h_{jj}^2$  y  $s_{jj}^2$  al 0.05 de probabilidad, lo cual sugiere que existe heterosis en las cruzas y ésta es debida a la craza de la variedad  $j$  con la variedad  $j^2$  (heterosis específica), indicando que la aptitud combinatoria específica es importante en la expresión del carácter acame de tallo, contribuyendo con un 18.32 por ciento de la variación total entre medias generacionales.

En el carácter acame de raíz el modelo completo explicó el 56.34 por ciento de la variación total observada de medias generacionales, y el caso de acame de tallo el modelo completo explicó el 70.31 por ciento de la variación total de medias generacionales.

Ahora bien los efectos génicos estimados se aprecian en los Cuadros 24 y 25 donde muestran que los valores más altos de efectos aditivos para acame de raíz se obtuvieron en las poblaciones CN-C<sub>0</sub> y CN(CP)-C<sub>3</sub>, mientras que para acame de tallo en las poblaciones CN-C<sub>0</sub> y VS 201(CP)-C<sub>3</sub>, fueron las más sobresalientes. Lo anterior hace pensar que éstas poblaciones poseen un mayor número de alelos homocigóticos para éstos caracteres en relación a las demás poblaciones utilizadas en el estudio.



Cuadro 24. Estimadores de parámetros genéticos y medias predichas para acame de raíz *per se* ( $\hat{Y}_j$ ), autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ), y media esperada ( $\mu+a_j$ ) de un grupo aleatorio de líneas endocriadas para las siguientes poblaciones.

Población	$a_j$	$d_j$	$h_j$	$\hat{Y}_j$	$\hat{Y}_j^s$	$\mu+a_j$
Pob. 32	-4.59	7.40	-5.42*	10.39	6.69	2.99
Pob. 21	-10.68*	5.28	3.54	2.18	-0.46	-3.10
VS 201(S)-Ca	5.19	-5.92	1.58	6.85	9.81	12.77
VS 201(CP)-Ca	-3.60	8.00	0.05	11.98	7.98	3.98
CN (S)-Ca	-0.26	0.63	0.93	7.95	7.63	7.32
CN (CP)-Ca	7.06	2.41	-1.68	17.05	15.84	14.64
VS 201-Co	-4.53	8.30	-0.31	11.35	7.20	3.05
CN-Co	11.41*	-12.00	1.31	6.99	12.99	18.99

\* significativamente diferente de cero al nivel de 5 % de probabilidad.

Cuadro 25. Estimadores de parámetros genéticos y medias predichas para acame de tallo *per se* ( $\hat{Y}_j$ ), autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ), y media esperada ( $\mu+a_j$ ) de un grupo aleatorio de líneas endocriadas para las siguientes poblaciones.

Población	$a_j$	$d_j$	$h_j$	$\hat{Y}_j$	$\hat{Y}_j^s$	$\mu+a_j$
Pob. 32	-12.28*	0.32	0.95	-0.75	-0.91	-1.07
Pob. 21	0.77	11.17	1.74	0.81	6.39	11.98
VS 201(S)-Ca	-5.12	8.71	2.81	14.80	10.44	6.09
VS 201(CP)-Ca	10.26	-8.85	0.54	12.62	17.04	21.47
CN (S)-Ca	-4.92	9.51	-3.39	15.80	11.04	6.29
CN (CP)-Ca	-8.61	10.82	-0.97	13.42	8.01	2.60
VS 201-Co	1.68	-7.16	1.92	5.73	9.31	12.89
CN-Co	18.22*	-16.36	-3.60	13.07	21.25	29.43

\* significativamente diferente de cero al nivel de 5 % de probabilidad.

Los valores más altos para los efectos de dominancia intrapoblacional se encontraron en las poblaciones VS 201-Co y VS 201(CP)-Ca para acame de raíz y en Pob. 21 y CN(CP)-Ca para acame de tallo. En general éstas poblaciones presentan valores altos para acame de raíz y acame de tallo. La magnitud de los valores de  $d_j$  hace suponer que las poblaciones antes mencionadas poseen efectos de dominancia intravarietal en una mayor proporción que el resto de las poblaciones en estudio y de que existe variabilidad genética dentro de éstas poblaciones para hacer mejoramiento hacia éste carácter.

Los efectos heteróticos varietales mostraron valores altos para acame de raíz en las poblaciones Pob. 21 y VS 201(S)-Ca y para acame de tallo en las poblaciones VS 201(S) y VS 201-Co. Las poblaciones citadas previamente aportan un mayor efecto heterótico a la heterosis promedio que lo que el resto de las poblaciones aporta a dicha heterosis, indicando que las poblaciones en cuestión poseen una conformación genética diferente a las demás poblaciones en lo que respecta a los caracteres acame de raíz y de tallo. De éste material, la Pob. 21 destaca por su baja media predicha y el de las líneas derivadas de ésta para acame de raíz. Mientras que en porcentaje de tallo lo es la Pob. 32.

Finalmente podemos observar en los Cuadros 26 y 27 que los valores más altos para el efecto de heterosis de la

Cuadro 26. Estimadores de parámetros genéticos para el carácter acame de raíz de las cruzas entre ocho poblaciones de maíz.

Población	$s_{jj}'$	$h_{jj}'$	H
Pob. 32 x Pob. 21	0.35	-0.13	-2.07
Pob. 32 x VS 210(S)-C <sub>3</sub>	-0.77	-3.21	-37.24
Pob. 32 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	1.51	-2.46	-21.99
Pob. 32 x CN (S)-C <sub>3</sub>	4.55	-7.64	-83.32
Pob. 32 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	1.61	-4.09	-21.81
Pob. 32 x VS 201-Co	2.70	-1.63	-15.00
Pob. 32 x CN-Co	-0.85	-3.56	-40.97
Pob. 21 x VS 201(S)-C <sub>3</sub>	-3.76	2.76	61.13
Pob. 21 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	-0.20	4.79	67.66
Pob. 21 x CN (S)-C <sub>3</sub>	2.11	7.98	157.55
Pob. 21 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-2.21	1.05	10.42
Pob. 21 x VS 201-Co	2.66	7.29	107.76
Pob. 21 x CN-Co	1.05	7.30	159.21
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	4.49	7.52	79.87
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	1.39	5.30	71.62
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-3.26	-1.96	-16.40
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	2.63	5.30	58.24
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	-0.72	3.57	51.59
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	1.09	3.47	34.82
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-2.00	-2.23	-15.36
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-1.74	-0.60	-5.14
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN-Co	-3.15	-0.39	-4.11
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-2.29	-1.64	-13.12

Cuadro 26 ..... continuación

Población	$s_{jj'}$	$h_{jj'}$	H
CN (S)-C3 x VS 201-Co	-1.17	0.85	8.81
CN (S)-C3 x CN-Co	3.42	7.06	94.51
CN (CP)-C3 x VS 201-Co	1.41	0.82	5.77
CN (CP)-C3 x CN-Co	6.74	7.77	64.64
VS 201-Co x CN-Co	-6.49	-4.09	-44.60

$s_{jj'}$  = heterosis específica de la craza  $j \times j'$

$h_{jj'}$  = efecto heterótico de la craza  $j \times j'$ .

$$h_{jj'} = \bar{h} + h_j + h_{j'} + s_{jj'}$$

H = heterosis expresada en por ciento de la craza predicha  $\hat{Y}_{jj'}$ , con respecto a la media predicha parental.

\* significativamente diferente de cero al nivel de 5% de probabilidad

Cuadro 27. Estimadores de parámetros genéticos para el caracter acame de tallo de las cruzas entre ocho poblaciones de maíz.

Población	$s_{jj}'$	$h_{jj}'$	H
Pob. 32 x Pob. 21	1.08	3.35	11166.67
Pob. 32 x VS 210(S)-C <sub>3</sub>	-7.07*	-3.73	-53.10
Pob. 32 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	-0.41	0.66	11.12
Pob. 32 x CN (S)-C <sub>3</sub>	-2.01	-4.87	-64.72
Pob. 32 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	6.03*	50.59	88.24
Pob. 32 x VS 201-Co	-0.08	2.37	95.18
Pob. 32 x CN-Co	2.46	-0.61	-9.90
Pob. 21 x VS 201(S)-C <sub>3</sub>	-0.92	3.21	41.13
Pob. 21 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	3.63	5.49	81.76
Pob. 21 x CN (S)-C <sub>3</sub>	-1.90	-3.97	-47.80
Pob. 21 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	1.30	1.65	23.19
Pob. 21 x VS 201-Co	-1.20	2.04	62.39
Pob. 21 x CN-Co	-1.99	-4.27	-61.53
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	-1.73	1.20	8.75
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	-0.05	-1.05	-6.86
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-1.02	0.40	2.83
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	3.50	7.81	76.08
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	7.29*	6.08	43.63
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	-4.79	-8.06	-56.72
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	0.45	-0.40	-3.07
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	2.95	4.99	54.39
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN-Co	-0.10	-3.58	-27.87
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	0.33	-4.45	-30.46

Cuadro 27 ..... continuación

Población	$s_{jj'}$	$h_{jj'}$	H
CN (S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	6.18*	4.29	39.85
CN (S)-C <sub>3</sub> x DN-Co	2.24	-5.17	-35.82
CN (CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-4.27	-3.74	-39.06
CN (CP)-C <sub>3</sub> x DN-Co	-2.82	-7.81	-58.97
VS 201-Co x DN-Co	-7.08*	-9.18	97.66

$s_{jj'}$  = heterosis específica de la cruce  $j \times j'$

$h_{jj'}$  = efecto heterótico de la cruce  $j \times j'$ .

$$h_{jj'} = \bar{h} + h_j + h_{j'} + s_{jj'}$$

H = heterosis expresada en por ciento de la cruce predicha  $\hat{y}_{jj'}$ , con respecto a la media predicha parental.

\* significativamente diferente de cero al nivel de 5% de probabilidad

cruza ( $h_{jj}^2$ ), para acame de raíz, se encontraron en las cruzas: Pob. 21 x CN(S)-C<sub>3</sub>, VS 201(S)-C<sub>3</sub> x VS 201(CP)-C<sub>3</sub> y CN(CP)-C<sub>3</sub> x CN-C<sub>0</sub> y en acame de tallo en las cruzas VS 201(S)-C<sub>3</sub> x VS 201-C<sub>0</sub>, VS 201(S)-C<sub>3</sub> x CN-C<sub>0</sub> y Pob. 32 x CN(CP)-C<sub>3</sub>, indicando que éstas poblaciones son contrastantes para éstas características, debido probablemente a la diferencia de frecuencias génicas y algún efecto de dominancia de las poblaciones que intervienen en las cruzas. Observando en las Cuadros 28 y 29 que la media de las cruzas anteriores es alta en relación a los demás valores, es decir que a valores altos de  $h_{jj}^2$  podemos esperar medias altas de acame de raíz y tallo, pero valores bajos de  $h_{jj}^2$  no necesariamente implica medias bajas en ambos acames.

Para acame de raíz y tallo hay que buscar poblaciones con valores bajos en las medias predichas de las poblaciones *per se* y que tengan variabilidad genética para éstos caracteres. Por ejemplo, para acame de raíz la Pob. 21 con un valor medio de 2.18 y un valor de  $d_j$  de 5.28, o bien, buscar una craza que presente valores bajos o negativos de heterosis ( $h_{jj}^2$ ) y medias bajas como la craza Pob. 32 x CN(S)-C<sub>3</sub>, con un valor de  $h_{jj}^2$  de -7.64 y una media de acame de raíz de 1.53.

Se puede considerar las poblaciones *per se* para desarrollar líneas para luego ser utilizadas en la corrección de problemas de acame de raíz y de tallo en



Cuadro 28. Medias predichas para el caracter acame de raíz de las cruzas ( $\hat{Y}_{jj}^s$ ), las cruzas autofecundadas ( $\hat{Y}_{jj}^{s^s}$ ), y las cruzas recombinadas ( $\hat{Y}_{jj}^{s^r}$ ).

Población	$\hat{Y}_{jj}^s$	$\hat{Y}_{jj}^{s^s}$	$\hat{Y}_{jj}^{s^r}$
Pob. 32 x Pob. 21	6.15	3.05	6.22
Pob. 32 x VS 210(S)-C3	5.41	6.64	7.01
Pob. 32 x VS 201(CP)-C3	8.72	6.10	9.95
Pob. 32 x CN (S)-C3	1.53	3.34	5.35
Pob. 32 x CN (CP)-C3	9.63	9.22	11.67
Pob. 32 x VS 201-Co	9.24	6.13	10.05
Pob. 32 x CN-Co	5.13	8.06	6.91
Pob. 21 x VS 201(S)-C3	7.27	6.05	5.89
Pob. 21 x VS 201(CP)-C3	11.87	6.15	9.47
Pob. 21 x CN (S)-C3	13.04	7.58	9.05
Pob. 21 x CN (CP)-C3	10.66	8.22	10.14
Pob. 21 x VS 201-Co	14.05	7.01	10.41
Pob. 21 x CN-Co	11.88	9.91	8.23
VS 201(S)-C3 x VS 201(CP)-C3	16.93	12.65	13.17
VS 201(S)-C3 x CN (S)-C3	12.70	11.37	10.05
VS 201(S)-C3 x CN (CP)-C3	9.90	11.85	10.97
VS 201(S)-C3 x VS 201-Co	14.40	11.15	11.75
VS 201(S)-C3 x CN-Co	10.49	13.18	8.70
VS 201(CP)-C3 x CN (S)-C3	13.43	9.54	11.70
VS 201(CP)-C3 x CN (CP)-C3	12.28	10.80	13.40
VS 201(CP)-C3 x VS 201-Co	11.06	7.29	11.37
VS 201(CP)-C3 x CN-Co	9.09	10.29	9.29

Cuadro 28 ..... continuación

Población	$\hat{Y}_{jj'}$	$\hat{Y}_{jj'}^s$	$\hat{Y}_{jj'}^r$
CN (S)-C3 x CN (CF)-C3	10.86	10.92	11.68
CN (S)-C3 x VS 201-Co	10.50	7.84	10.07
CN (S)-C3 x CN-Co	14.53	13.84	11.00
CN (CF)-C3 x VS 201-Co	15.02	11.93	14.61
CN (CF)-C3 x CN-Co	19.77	18.30	15.90
VS 201-Co x CN-Co	5.08	8.05	7.12

donde:

$$\hat{Y}_{jj'} = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} + d_j + d_{j'} ) + h_{jj'}$$

$$\hat{Y}_{jj'}^s = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} ) + \frac{1}{4} ( d_j + d_{j'} ) + \frac{1}{2} h_{jj'}$$

$$\hat{Y}_{jj'}^r = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} + d_j + d_{j'} ) + \frac{1}{2} h_{jj'}$$

Los símbolos y/o literales fueron definidos previamente.

Cuadro 29. Medias predichas para el caracter acame de tallo de las cruzas ( $\hat{Y}_{jj'}$ ), las cruzas autofecundadas ( $\hat{Y}_{jj'}^s$ ), y las cruzas recombinadas ( $\hat{Y}_{jj'}^r$ ).

Población	$\hat{Y}_{jj'}$	$\hat{Y}_{jj'}^s$	$\hat{Y}_{jj'}^r$
Pob. 32 x Pob. 21	3.38	4.42	1.70
Pob. 32 x VS 210(S)-C <sub>3</sub>	3.29	2.90	5.16
Pob. 32 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	6.59	8.40	6.26
Pob. 32 x CN (S)-C <sub>3</sub>	2.65	2.63	5.09
Pob. 32 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	11.92	6.34	9.13
Pob. 32 x VS 201-Co	4.86	5.38	3.67
Pob. 32 x CN-Co	5.55	9.86	5.85
Pob. 21 x VS 201(S)-C <sub>3</sub>	11.01	10.03	9.41
Pob. 21 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	12.20	14.46	9.46
Pob. 21 x CN (S)-C <sub>3</sub>	4.34	6.74	6.36
Pob. 21 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	8.76	8.03	7.94
Pob. 21 x VS 201-Co	5.31	8.87	4.29
Pob. 21 x CN-Co	2.67	11.69	4.80
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	14.91	14.34	14.31
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	14.25	10.22	14.77
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	14.51	9.43	14.31
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	18.67	13.78	14.71
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	20.01	18.89	16.97
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	6.15	10.01	10.18
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	12.62	12.33	12.82
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	14.16	15.67	11.67
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN-Co	9.26	17.36	11.05

Cuadro 29 ..... continuación

Población	$\hat{Y}_{jj'}$	$\hat{Y}_{jj'}^s$	$\hat{Y}_{jj'}^r$
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	10.16	7.30	12.38
CN (S)-C <sub>3</sub> x VS 201-C <sub>0</sub>	15.05	12.32	12.91
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN-C <sub>0</sub>	9.26	13.56	11.85
CN (CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-C <sub>0</sub>	5.84	6.79	7.71
CN (CP)-C <sub>3</sub> x CN-C <sub>0</sub>	5.44	10.73	9.34
VS 201-C <sub>0</sub> x CN-C <sub>0</sub>	0.22	10.69	4.81

donde:

$$\hat{Y}_{jj'} = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} + d_j + d_{j'} ) + h_{jj'}$$

$$\hat{Y}_{jj'}^s = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} ) + \frac{1}{4} ( d_j + d_{j'} ) + \frac{1}{2} h_{jj'}$$

$$\hat{Y}_{jj'}^r = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} + d_j + d_{j'} ) + \frac{1}{2} h_{jj'}$$

Los símbolos y/o literales fueron definidos previamente.

U. A. A. A. N.

híbridos ya desarrollados. Esto se apoya al observar el valor promedio de las líneas que se pueden desarrollar de la Pob. 21 (-3.10) para acame de raíz. (Cuadro 24).

#### Mazorcas por Cien Plantas

Este caracter da una idea del potencial de producción de mazorcas de una población, y como se sabe éste caracter esta correlacionado con el potencial de rendimiento del genotipo.

En el Cuadro 30 se presentan las fuentes de variación y sus respectivos cuadrados medios para el caracter de mazorcas por cien plantas.

La fuente de variación tratamientos fué significativa al 0.01 de probabilidad indicando que existen diferencias entre los tratamientos en cuanto el número de mazorcas por cien plantas.

Al particionar la fuente de variación en sus componentes aditivo, dominante y heterótico se obtuvo lo siguiente:

Los efectos aditivos resultaron significativos al 0.01 de probabilidad con una contribución del 15.08 por ciento a la variación total entre medias generacionales (Cuadro 31). Esto sugiere que la contribución de los loci homocigóticos a la variabilidad de éste caracter es importante, es indudable la existencia de poblaciones que

Cuadro 30. Análisis de varianza para un caracter agronómico, promediado sobre cuatro repeticiones en la localidad de Buenavista, Coah. 1989.

F:V.	G.L.	Cuadrados medios
		Mazorcas por cien plantas
Rep.	3	8537.67**
Trats.	97	843.35**
$a_j$	7	1798.30**
$d_j$	8	728.23
$h_{jj^a}$	28	571.53
$\bar{h}$	1	1667.13
$h_j$	7	366.80
$s_{jj^a}$	20	558.41
desv.	56	847.74**
error	297	507.83
C.v.		19.15 %

\*, \*\*, significativo al nivel de 5 y 1 % de probabilidad, respectivamente.

Cuadro 31. Contribución de cada parámetro y desviaciones en relación a la variación total de medias generacionales para un caractere agronómico.<sup>2</sup>

Parámetro	Relación a la variación total entre ----- medias generacionales (%). ----- Mazorcas por cien plantas
$a_j$	15.08**
$d_j$	8.89
$h_{jj'}$	19.17
$\bar{h}$	2.00
$h_j$	3.08
$s_{jj'}$	14.09
desv	56.86**

$$R^2 = 43.14$$

<sup>2</sup> Contribución porcentual de la suma de cuadrados de los parámetros con respecto a la suma de cuadrados de tratamientos.

\*\* significativo al nivel de 5 y 1 % de probabilidad.

poseen mayores efectos aditivos que otras poblaciones en el estudio y que los efectos aditivos acumulativos están implicados en la herencia del carácter mazorcas por cien plantas.

En cuanto a las demás fuentes de variación ninguna fué significativa. La ausencia de significancia en los efectos de dominancia sugiere que, para éste carácter, las poblaciones poseen una variabilidad similar y un número semejante de loci segregantes. La contribución de los efectos dominantes a la media varietal no es de importancia genética. En el caso de la heterosis la ausencia de significancia es debida probablemente, a que las poblaciones en estudio son genéticamente similares y las diferencias en las frecuencias génicas no son de una magnitud tal, que pudiera explicar la variabilidad entre las medias generacionales. Se deduce también que las poblaciones poseen un nivel semejante de aptitud combinatoria general en la expresión de mazorcas por cien plantas.

Sólo las desviaciones del modelo fueron significativas al 0.01 de probabilidad, sugiriendo la importancia de los efectos epistáticos y de ligamiento en la expresión de mazorcas por cien plantas.

En el Cuadro 32 se presentan los efectos génicos estimados. Las poblaciones VS 201(S)Ca y CN(S)-Ca



Cuadro 32. Estimadores de parámetros genéticos y medias predichas para mazorcas por cien plantas *per se* ( $\hat{Y}_j$ ), autofecundadas ( $\hat{Y}_j^s$ ), y media esperada ( $\mu+a_j$ ) de un grupo aleatorio de líneas endocriadas para las siguientes poblaciones.

Población	$a_j$	$d_j$	$h_j$	$\hat{Y}_j$	$\hat{Y}_j^s$	$\mu+a_j$
Pob. 32	-3.87	8.00	0.66	125.82	121.82	117.82
Pob. 21	-26.13	37.88	-7.60	133.44	114.50	95.56
VS 201(S)-C <sub>3</sub>	31.99	-50.93*	5.21	102.75	128.21	153.69
VS 201(OP)-C <sub>3</sub>	-3.12	-13.07	-2.39	105.50	112.03	118.57
CN (S)-C <sub>3</sub>	25.67	-43.88	10.03	103.48	125.42	147.36
CN (OP)-C <sub>3</sub>	-9.50	8.61	-3.66	120.80	116.49	112.19
VS 201-C <sub>0</sub>	-17.76	-07.77	0.34	102.96	103.35	103.73
CN-C <sub>0</sub>	2.92	-21.83**	-2.59	102.78	113.69	124.61

\* , \*\* significativamente diferente de cero al nivel de 5 y 1 % de probabilidad, respectivamente.

presentaron los valores más altos aunque no significativos para los efectos acumulativos aditivos, sugiriendo que éstas poblaciones poseen relativamente un mayor número de alelos homocigóticos favorables para éste carácter relación a las demás poblaciones estudiadas. Estas mismas poblaciones presentan los efectos más bajos de dominancia intrapoblacional con valores de  $-50.93$  y  $-43.88$  respectivamente, lo que supone un estrecho efecto de dominancia intrapoblacional, contrario a lo que presentan las poblaciones Pob.21 y CN(CP)-C<sub>3</sub> con valores altos y positivos de  $d_j$  sugiriendo en éste caso la existencia de variabilidad intrapoblacional y loci segregantes para el carácter en cuestión. Las poblaciones Pob. 21, Pob. 32 y CN(CP)-C<sub>3</sub> presentaron medias altas para las poblaciones *per se* con valores de 133, 126 y 121 respectivamente.

Sin embargo, se espera mejor comportamiento de las líneas endocriadas de las poblaciones VS 201 (S)-C<sub>3</sub> y CN (S)-C<sub>3</sub>.

Los efectos de heterosis varietal más altos se obtuvieron en las poblaciones CN(S)-C<sub>3</sub> y VS 201(S)-C<sub>3</sub>, indicando que éstas poblaciones presentan mayor heterosis que el resto de ellas y que las poblaciones antes mencionadas son genéticamente diversas al resto y entre ellas. Además éstas poblaciones aportan más heterosis a la heterosis promedio que el resto de las poblaciones.

En el Cuadro 33 se presentan los valores genéticos estimados para heterosis específica, heterosis de la crucea ( $h_{jj}^s$ ) y la heterosis medida en por ciento (H). Donde el valor más alto para  $h_{jj}^s$ , la heterosis medida en por ciento sobre la media predicha de la crucea parental y la media predicha de la crucea se observó en la crucea Pob. 32 x CN(S)-C<sub>3</sub> con valores de 36.38, 31.73 por ciento y 151.03, (ésta última en el Cuadro 34). Lo que indica que ambas poblaciones son genéticamente diversas para éste caracter y que la crucea posee un gran potencial para incrementar el número de mazorcas por cien plantas.

En general se puede observar que las cruces donde intervienen las poblaciones CN(S)-C<sub>3</sub> y VS 201(S)-C<sub>3</sub> presentan medias altas predichas para la crucea  $j \times j^s$  (Cuadro 34). De tal forma que éstas poblaciones en combinación con las que tuvieron los valores altos de  $h_{jj}^s$  pudieran ser usadas en un programa de selección recíproca recurrente.

Para un Programa de Selección Recíproca Recurrente se pueden formar dos poblaciones una con Pob. 32 y VS 201(S)-C<sub>3</sub> (Pob. A) y por otro lado VS 201(CP)-C<sub>3</sub> y CN(S)-C<sub>3</sub> (Pob. B). Estas poblaciones combinan bien entre si y se espera un efecto heterótico al cruzar A x B.

Cuadro 33. Estimadores de parámetros genéticos para el carácter mazorcas por cien plantas de las cruzas entre ocho poblaciones de maíz.

Población	$s_{jj}'$	$h_{jj}'$	H
Pob. 32 x Pob. 21	-8.64	-8.78	-6.77
Pob. 32 x VS 210(S)-C <sub>3</sub>	-11.55	1.12	0.98
Pob. 32 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	1.63	6.70	5.79
Pob. 32 x CN (S)-C <sub>3</sub>	18.89	36.38	31.73
Pob. 32 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-16.08	-12.28	-9.96
Pob. 32 x VS 201-Co	10.69	18.49	16.16
Pob. 32 x CN-Co	5.06	9.93	8.69
Pob. 21 x VS 201(S)-C <sub>3</sub>	-0.88	3.52	2.98
Pob. 21 x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	10.29	7.10	5.94
Pob. 21 x CN (S)-C <sub>3</sub>	-5.11	4.12	3.48
Pob. 21 x CN (CP)-C <sub>3</sub>	5.67	1.21	0.95
Pob. 21 x VS 201-Co	5.53	5.07	4.29
Pob. 21 x CN-Co	-6.85	-10.24	-8.67
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201(CP)-C <sub>3</sub>	11.37	20.99	20.16
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	-4.53	17.51	16.98
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	2.83	17.18	15.37
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-12.94	0.21	0.20
VS 201(S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	8.92	18.33	17.34
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (S)-C <sub>3</sub>	10.4	3.01	2.58
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	-5.15	-4.40	-3.89
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-5.37	-0.62	-0.59
VS 201(CP)-C <sub>3</sub> x CN-Co	-1.24	0.48	0.46
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN (CP)-C <sub>3</sub>	5.52	19.69	17.56

Cuadro 33 ..... continuación

Población	$s_{jj'}$	$h_{jj'}$	H
CN (S)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	2.97	20.14	19.51
CN (S)-C <sub>3</sub> x CN-Co	-7.31	6.93	6.72
CN (CP)-C <sub>3</sub> x VS 201-Co	-1.50	1.98	1.77
CN (CP)-C <sub>3</sub> x CN-Co	1.71	2.26	2.02
VS 201-Co x CN-Co	-0.18	4.37	4.25

$s_{jj'}$  = heterosis específica de la craza  $j \times j'$

$h_{jj'}$  = efecto heterótico de la craza  $j \times j'$ .

$$h_{jj'} = \bar{h} + h_j + h_{j'} + s_{jj'}$$

H = heterosis expresada en por ciento de la craza predicha  $\hat{y}_{jj'}$ , con respecto a la media predicha parental.

\* significativamente diferente de cero al nivel de 5% de probabilidad

Cuadro 34. Medias predichas para el caracter mazorcas por cien plantas de las cruzas ( $\hat{Y}_{jj}^s$ ), las cruzas autofecundadas ( $\hat{Y}_{jj}^{s^s}$ ), y las cruzas recombinadas ( $\hat{Y}_{jj}^{s^r}$ ).

Población	$\hat{Y}_{jj}^s$	$\hat{Y}_{jj}^{s^s}$	$\hat{Y}_{jj}^{s^r}$
Pob. 32 x Pob. 21	128.85	113.77	125.24
Pob. 32 x VS 210(S)-C3	115.40	125.58	114.84
Pob. 32 x VS 201(OP)-C3	122.36	120.28	119.01
Pob. 32 x CN (S)-C3	151.03	141.81	132.84
Pob. 32 x CN (OP)-C3	111.03	113.02	117.17
Pob. 32 x VS 201-Co	132.89	121.83	123.63
Pob. 32 x CN-Co	124.23	122.72	119.26
Pob. 21 x VS 201(S)-C3	121.61	123.12	119.85
Pob. 21 x VS 201(OP)-C3	126.57	116.82	123.02
Pob. 21 x CN (S)-C3	122.58	122.02	120.52
Pob. 21 x CN (OP)-C3	128.33	116.10	127.72
Pob. 21 x VS 201-Co	123.72	111.46	120.73
Pob. 21 x CN-Co	107.87	108.98	112.99
VS 201(S)-C3 x VS 201(OP)-C3	125.11	130.62	114.62
VS 201(S)-C3 x CN (S)-C3	120.62	135.57	111.87
VS 201(S)-C3 x CN (OP)-C3	128.95	130.94	120.36
VS 201(S)-C3 x VS 201-Co	103.06	115.88	102.96
VS 201(S)-C3 x CN-Co	121.09	130.12	111.93
VS 201(OP)-C3 x CN (S)-C3	107.50	120.23	105.99
VS 201(OP)-C3 x CN (OP)-C3	108.75	112.06	110.95
VS 201(OP)-C3 x VS 201-Co	103.61	107.38	103.92

Cuadro 34 ..... continuación

Población	$\hat{Y}_{JJ'}$	$\hat{Y}_{JJ'}^s$	$\hat{Y}_{JJ'}^r$
VS 201(CP)-C3 x CN-Co	104.62	113.10	104.38
CN (S)-C3 x CN (CP)-C3	131.83	130.80	121.98
CN (S)-C3 x VS 201-Co	123.36	124.15	117.29
CN (S)-C3 x CN-Co	110.06	123.02	106.69
CN (CP)-C3 x VS 201-Co	113.86	110.91	112.87
CN (CP)-C3 x CN-Co	114.05	116.22	110.92
VS 201-Co x CN-Co	107.24	110.71	105.05

donde:

$$\hat{Y}_{JJ'} = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} + d_j + d_{j'} ) + h_{JJ'}$$

$$\hat{Y}_{JJ'}^s = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} ) + \frac{1}{4} ( d_j + d_{j'} ) + \frac{1}{2} h_{JJ'}$$

$$\hat{Y}_{JJ'}^r = \mu + \frac{1}{2} ( a_j + a_{j'} + d_j + d_{j'} ) + \frac{1}{2} h_{JJ'}$$

Los símbolos y/o literales fueron definidos previamente.

## CONCLUSIONES

1. Al comparar las dos metodologías utilizadas para el mejoramiento de las poblaciones Compuesto Norteño y VS 201 se observó que los valores más altos para rendimiento los encontramos en las poblaciones mejoradas a través de la metodología de líneas *S<sub>1</sub> per se* con valores de 8.11 ton. /ha para VS 201(S)-C<sub>3</sub> y 8.27 ton. /ha para CN (S)-C<sub>3</sub>, aunque el valor más alto lo obtuvo la población VS 201-Co con 9.88 ton. / ha. Esto debido probablemente a la gran adaptación de la variedad a condiciones de temporal escaso y a que las técnicas que se han utilizado para el mejoramiento de dicha población no han sido suficientemente eficaces para explotar la potencialidad de ésta población, lo que conduce a que los ciclos tres de selección rindan menos que los ciclos cero para el caso de VS 201. También a que *S<sub>1</sub>* es un método que endocria rápidamente la población cuando no se tiene cuidado de tomar un buen tamaño de muestra.

2. Todo parece indicar que la metodología de líneas *S<sub>1</sub> per se* capitalizó mejor los efectos aditivos y dominantes de acuerdo a los resultados encontrados. Mientras que la metodología de cruce de prueba capitalizó mejor el efecto heterótico y esto era de esperarse ya que por éste método se trata de detectar que línea o líneas



combinan bien entre si.

3. Se encontró que para rendimiento el 55.54 por ciento de la variación total de medias generacionales fué atribuido a los efectos de dominancia intravarietal ( $d_j$ ) y los efectos aditivos contribuyeron con un 1 por ciento y los heteróticos con un 12.11 por ciento de la variación total de medias generacionales. (Cuadro 2).

Para los caracteres días a floración masculina, días a floración femenina, acame de raíz y acame de tallo los efectos de mayor contribución a la variación fueron los aditivos contribuyendo con un 51.52 por ciento, 49.72 por ciento, 25.45 por ciento y 36.69 por ciento respectivamente, a la variación total de medias generacionales. Para altura de planta y de mazorca los efectos de dominancia explicaron el 58.31 por ciento y 63.54 por ciento de la variación total de medias generacionales y solo en el caracter de mazorcas por cien plantas el efecto heterótico fué el de mayor importancia explicando el 19.17 por ciento de la variación.

4. Se sugiere la formación de dos poblaciones para la continuación del programa de mejoramiento: Una población formada a partir de la cruz  $CN(CP)-C_3$  y  $CN(S)-C_3$ , las cuales combinan bien, tienen medias altas *per se* para rendimiento y combinan bien con el resto de las poblaciones, además de presentar heterosis específica

negativa para días a floración masculina y femenina, con valores promedio de 69.78 y 72.37 días a floración masculina y femenina, respectivamente.

Y la otra a partir de las poblaciones Pob. 32 y Pob 21 las cuales poseen medias altas para rendimiento al combinarse con otras poblaciones y valores altos de  $h_j$ , lo cual sugiere buena habilidad combinatoria entre si y las demás poblaciones. Se espera aprovechar la crusa varietal dentro de cada población formada y en buen comportamiento de la crusa entre las dos poblaciones formadas ya que las poblaciones Pob. 32 y 21 combinan muy bien con CN(S)-C<sub>3</sub> y CN-(CP)-C<sub>3</sub>. (valores altos de  $h_j$ ).

## LITERATURA CITADA

- Alvarado L. 1987. Efectos Génicos y Heterosis en Cultivares Tropicales de Maíz. Trabajo presentado en la XXXIII reunión anual del Programa Cooperativo Centroamericano para el Mejoramiento de Cultivos Alimenticios. Guatemala C. A.
- Carangal V.R., S. M. Ali, A. F. Koble, E. H. Rinke and J. C. Sentz. 1971. Comparison of  $S_1$  with Testcross Evaluation for Recurrent Selection in Maize. *Crop Science* 11:658-661.
- Carbonel W. E., W. E. Niquist and A. E. Bell. 1982. Sex-linked and Maternal Effects in the Eberhart-Gardner General Genetics Model. *Biometrics* 39: 607-614
- Castellanos J. S., H.S. Cordoba, J. L. Qiemén, L. Larios, C. Pérez. 1987. Aptitud Combinatoria y Predicción de Híbridos de Cruces Dialélicos entre Líneas  $S_9$  Evaluadas en Cuatro Localidades de Guatemala, 1986. Trabajo presentado en la XXXIII reunión anual del Programa Cooperativo Centroamericano para el Mejoramiento de Cultivos Alimenticios. Guatemala C.A.
- Castro G. M., C. D. Gardner and J. H. Lonquist. 1968. Cumulative Gene Effects and the Nature of Heterosis in Maize Crosses Involving Genetically Diverse

- Races. *Crop Science* 8:97-101.
- Cortez M. H., A. Rodriguez, M. Gutierrez, J. Durón, R. Giron, and M. Oyervides. 1985. Evaluation of Broad-Base Improved Populations of Maize (*Zea mays* L.): I. Cumulative Gene Effects and Heterosis. *Bulletin U. A. A. A. N. Buenavista, Coahuila*. 43 pags.
- Crossa J., C. O. Gardner and R. F. Mumm. 1987. Heterosis Among Populations of Maize (*Zea mays* L) with Different Levels of Exotic Germplasm. *Theoretical and Applied Genetics* 73:445-450.
- Gardner C. O. 1982. Genetic Information from the Gardner-Eberhart (1966) Model for Generation Means. Lecture Given at the SOMEFI. Saltillo, Coahuila. México. 20 pags.
- Gardner C. O. and S. A. Eberhart . 1966. Analysis and Interpretation of the Variety Cross Diallel and Related Populations. *Biometrics* 22:439.452.
- Gardner C. O. and E. Paterniani. 1967. A Genetic Model Used to Evaluate the Breeding Potential of Open-Pollinated Varieties of Corn. *Ciencia y Cultura* 19:95-101.
- Genter C. F. and M. W. Alexander. 1966. Development and Selection of Productive S<sub>1</sub> Inbred Lines of Corn (*Zea mays* L.). *Crop Science* 6:429-431.
- Hallauer A. R. 1981. *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. Iowa State University Press/Ames.
- Hammond J. J. and C. O. Gardner. 1974. Modification of the

Variety Cross Diallel Model for Evaluating Cycles of Selection. *Crop Science* 14: 6-8.

Hooks J. A., J. H. Williams and C. O. Gardner. 1971. Estimates of Heterosis from a Diallel Cross of Inbred Lines of Castor oil, *Ricinus communis* L. *Crop Science* 11:651-655.

Johnson C. W. 1974. Estimation of Genetic Parameters from Generation Means and their Use in Prediction of Hybrid Performance in *Zea mays* L. Ph. D. Thesis, University of Nebraska. 132 pgs.

Lonnquist J. H. and M. Castro G. 1967. Relation of Intra-Population Genetic Effects to Performance of S<sub>1</sub> Lines of Maize. *Crop Science* 7:361-364.

Martin P. R. 1976. Comparison of Original and Improved Maize Populations Through the Use of Hybrids Derived from Set of Random Lines. Ph. D. Thesis, University of Nebraska. 152 pgs.

Smith D. S. 1979. A Model for Evaluating Progress from Recurrent Selection. *Crop Science* 19: 223-226.

Vasal S. K., D. L. Beck, J. Crossa y N. Vergara. 1987. Heterosis y Aptitud Combinatoria en Germoplasma Tropical de CIMMYT. Trabajo presentado en la XXXIII reunión anual del Programa Cooperativo Centroamericano para el Mejoramiento de Cultivos Alimenticios. Guatemala C. A.: 31-57.