

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA "ANTONIO NARRO"
COLEGIO DE GRADUADOS

EFFECTO DE LA DENSIDAD DE SIEMBRA EN SELECCION DENTRO
DE UNA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A.

JOSE LUIS CROSSA HIRIART

T E S I S

PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL PARA
OBTENER EL GRADO ACADEMICO
DE

MAESTRO EN CIENCIAS

ESPECIALIDAD EN FITOMEJORAMIENTO

Buenavista, Saltillo, Coahuila
MEXICO

1977

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA "ANTONIO NARRO"

COLEGIO DE GRADUADOS

EFEECTO DE LA DENSIDAD DE SIEMBRA EN SELECCION DENTRO
DE UNA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A.

APROBADO POR:

El Comité Particular de Investigación

Mario Castro Gil

Mario Castro Gil

Ph D

Hernán Cortez Mendoza

Hernán Cortez Mendoza

Ph D

Herminio Montelongo E.

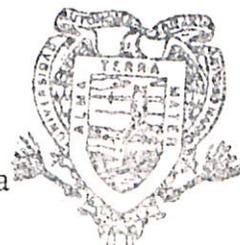
Herminio Montelongo E.

Ph D

Buenavista, Saltillo, Coahuila

MEXICO

Octubre de 1977



BIBLIOTECA
EGIDIO G. REBONATO
BANCO DE TESIS
U.A.A.A.N.

DEDICATORIA

A mi esposa Yolanda
por su amor y comprensión

A mis hijos Verónica y Nicolás
símbolos de dicha y alegría

A mis padres José Eduardo y Sara
con gratitud

A mis hermanos Juan Esteban y Sara Margarita
con aprecio

A mis Maestros y Compañeros
con afecto

A G R A D E C I M I E N T O S

Quiero expresar mi agradecimiento a la Secretaría de Relaciones Exteriores de México por haberme otorgado el apoyo económico básico para realizar mis estudios en la Universidad Autónoma Agraria "Antonio Narro".

Deseo expresar mi aprecio y profundo agradecimiento al Dr. -- Mario Castro Gil, por haberme asesorado en este trabajo de -- tesis, y a los Dres. Hernán Cortez Mendoza y Herminio Monte-- longo Escobedo por sus consejos en la revisión del presente - trabajo.

En forma especial quiero agradecer a la Dra. Marisa Silveira de Jasa el asesoramiento otorgado en la parte computacional - del trabajo.

A mi esposa el reconocimiento cariñoso por haberme alentado, acompañado e impulsado en todos los instantes de mis estudios.

I N D I C E

	<u>Pags.</u>
I. INTRODUCCION	1
II. REVISION DE LITERATURA	3
III. MATERIALES Y METODOS	15
A. Formación y evaluación de las Progenies	15
B. Caracteres evaluados	16
C. Modelo y diseño genético utilizado para la estimación de los parámetros genéticos	18
D. Fórmulas de cálculo	30
1. Coeficiente de correlación genética y fenotípica	30
2. Heredabilidad	32
3. Selección directa	32
4. Respuesta correlacionada	33
IV. RESULTADOS EXPERIMENTALES	35
V. DISCUSION	70
VI. RESUMEN Y CONCLUSIONES	78
VII. BIBLIOGRAFIA	80

I. INTRODUCCION

El conocimiento del grado de asociación genética que hay entre ciertos caracteres; así como la interacción genotipo-medio - - ambiente que existe en los mismos, es necesario para hacer más eficiente el programa de mejoramiento a utilizar y así determinar qué tipo de selección aplicar, evitando de esta forma el efecto nocivo que pueden tener tanto correlaciones indeseables, como interacciones que están influyendo en las estimaciones de la heredabilidad del ó los caracteres en cuestión.

El fenómeno de interacción es muy variable, de acuerdo con la especie y el ambiente considerado; el modelo aditivo ideal para el fitomejorador es aquel en el cual es posible tener términos que estimen las diferentes interacciones genotipo-medio -- ambiente.

Está comprobado que este fenómeno adquiere importancia cuando seleccionamos en un ambiente sub-óptimo, por lo tanto es de -- vital importancia para el fitomejorador saber cual es el ambiente ideal para seleccionar y de esta manera minimizar la interacción genotipo-medio ambiente y obtener buenas ganancias por -- ciclo de selección.

Utilizando determinado tipo de apreamiento y evaluando las progenies en un diseño estadístico apropiado, es posible estimar parámetros genéticos sus interacciones con el medio ambiente - a partir de éstos estimar heredabilidades predecir respuestas

bajo determinado esquema de selección, calcular correlaciones genéticas y así estimar respuestas indirectas a la selección.

Los objetivos de este trabajo de investigación son:

1. Estimar los parámetros genéticos de algunas características agronómicas evaluadas en una población de maíz C.I.P.A. - - (Compuesto Interracial Precoz de Altura) sembrada en dos -- densidades, 24,000 y 72,000 plantas por hectárea.
2. Estimar las interacciones entre estos parámetros con las -- densidades (tomadas como ambientes diferentes).
3. Obtener correlaciones y estimar ganancias a través de selección directa e indirecta.
4. Tener datos de heredabilidades.
5. Analizar los cambios que se producen en las correlaciones - genéticas debido a las diferentes densidades de siembra utilizadas.

II. REVISION DE LITERATURA

Como esta investigación comprende varios aspectos de genética cuantitativa referidos a diseños de apareamiento, correlaciones, respuesta a selección e interacción genotipo-medio ambiente, los trabajos revisados se presentan de acuerdo al siguiente orden:

- 1). Efecto de la selección para rendimiento (bajo determinada densidad de siembra) en otros caracteres, así como la mayor eficiencia de la selección por número de mazorcas para obtener ganancias en rendimiento.
- 2). Acción génica de loci que determinan algunos caracteres de importancia agronómica.
- 3). Interacción genotipo-medio ambiente.

Gardner (1961) reporta resultados de rendimiento y porcentaje de humedad luego de cuatro ciclos de selección masal en una población de maíz (Hays Golden) irradiada y en otra que no lo fué. La ganancia promedio en rendimiento por generación fué de 3.9%, pero luego del cuarto ciclo de selección el material seleccionado no irradiado tenía 7.9% más de humedad mientras que el irradiado poseía 1.1% más en relación a la variedad original.

Gardner (1969) utilizando en los ensayos de rendimiento una densidad de 19,500 y 51,187 plantas por hectárea encuentra --

que la selección masal no solamente incrementa el rendimiento sino que también se obtuvieron genotipos más prolíficos, menos estériles, menos susceptibles al acame, más tardíos y plantas más altas. Además propone el uso de una densidad de 19,112 plantas por hectárea a efecto de permitir expresarse al máximo el genotipo, minimizando la competencia entre plantas.

Lonquist (1967) trabajando con la misma variedad de maíz utilizada por Gardner (Hays Golden) usando una densidad de 34,500 plantas por hectárea y seleccionando para prolificidad luego de cinco generaciones de selección masal, encontró que la regresión para ganancia en rendimiento por ciclo de selección fué de 6.28%. Estos resultados son mayores que los encontrados por Gardner cuando selecciona directamente para rendimiento (1961).

Hallauer y Sears (1969) sometieron a seis ciclos de selección masal a la variedad de maíz "Krug" y a cinco ciclos de selección masal a la variedad "Iowa Ideal" usando densidad de 39,000 plantas por hectárea, no encontrando incrementos significativos de rendimiento en ninguna de las dos variedades por selección masal.

Falconer (1960) sugiere que podría ser posible, algunas veces, lograr un progreso más rápido bajo selección para una respuesta correlativa, que a través de la selección del carácter deseado (selección indirecta). Esto sería posible si tanto la

heredabilidad del carácter secundario, como la correlación genética entre ambos caracteres fuese considerablemente alta.

Al respecto Robinson, Comstock y Harvey (1949) estudiaron las variancias genéticas en una población de maíz, usando datos -- de padres F_2 y progenies F_3 mediante cruzas biparentales (Diseño I) en la población F_2 .

Para estimar las heredabilidades utilizaron:

- 1). Componentes de variancia
- 2). Regresión hembra-progenie
- 3). Regresión macho-progenie

Para las tres formas diferentes de estimación, la heredabilidad de número de mazorcas fué mayor a la de rendimiento.

Robinson, Comstock y Harvey (1951) realizando cruzas biparentales de poblaciones F_2 de maíz determinan las correlaciones genotípicas y fenotípicas entre los siguientes caracteres:

Altura de planta, altura de mazorca, longitud de cobertura, escala de cobertura, mazorcas por planta, longitud de mazorca, -- diámetro de mazorca y rendimiento.

Longitud de mazorca y diámetro de mazorca tienen una baja correlación (positiva ó negativa) con cada uno de los otros caracteres, mientras que mazorcas por planta tiene una correlación genética alta y positiva con rendimiento.

Las correlaciones genotípicas y fenotípicas obtenidas en este trabajo se muestran en el siguiente cuadro:

CUADRO 1 CORRELACIONES GENOTIPICAS Y FENOTIPICAS.

	ALTURA PLANTA	ALTURA MAZ.	MAZ. POR PLTA.	LONG. MAZ.	DIAM. MAZ.	RENDI- MIENTO
Altura planta		0.840 (.749) ^a	0.300 (.188)	0.049 (.054)	-0.066 (.025)	0.381 (.216)
Altura mazorca			.205 (.213)	.028 (-.058)	- .069 (-.007)	.478 (.266)
Maz. por planta				-.030 (.021)	-.075 (-.126)	.819 (.691)
Longitud mazorca					.184 (.313)	.188 (.393)
Diámetro mazorca						.174 (.298)

a = Los números entre paréntesis corresponden a los valores de correlación fenotípica.

Robinson, Comstock y Harvey (1949) en trabajo anteriormente citado estudian poblaciones F_2 y F_3 provenientes de tres híbridos CI21 x NC7, NC34 x NC45 y NC16 x NC18 para los siguientes caracteres: Altura de planta, altura de mazorca, longitud de la vaina, escala de la vaina, número de mazorca, longitud de la mazorca, diámetro de la mazorca y rendimiento.

Encuentran evidencias de que los caracteres altura de planta y de mazorca, están determinados por genes sin dominancia o muy pequeña; número de mazorca, longitud de mazorca y escala de cober

tura, muestran genes con dominancia parcial; longitud de cobertura y diámetro de mazorca son controlados por genes con dominancia completa, mientras que rendimiento, muestra genes con sobredominancia.

Gardner, Harvey, Comstock y Robinson (1953) estudiaron dos poblaciones F_2 derivadas de las cruzas entre líneas homocigotas NC7 y CI21 y líneas homocigotas NC33 y K64.

Analizaron la acción génica de los loci involucrados en los siguientes caracteres: Rendimiento, número de mazorcas, longitud de mazorca, diámetro de mazorca, número de hileras de grano, altura de planta, altura de mazorca, días a flor, número de hojas bandera y longitud de la hoja bandera.

La magnitud del parámetro a determina el grado de dominancia del carácter en cuestión de acuerdo a:

<u>Magnitud de a</u>	<u>Grado de dominancia</u>
$a = 0$	No dominancia
$0 < a < 1$	Dominancia parcial
$a = 1$	Dominancia completa
$a > 1$	Sobredominancia

Las estimaciones de variancia dominante, aditiva y el grado promedio de dominancia concuerdan básicamente con los obtenidos por estos investigadores en el trabajo anteriormente cita-

do, salvo para los resultados concernientes a los genes que de terminan el carácter longitud de mazorca en la población originada de la cruce NC33 por K64.

Robinson, Comstock y Harvey (1955) estiman la variancia aditiva y dominante de varios caracteres cuantitativos (días a flor, altura de planta, altura de mazorca, número de hileras de grano, mazorcas por planta, longitud de mazorca, diámetro de mazorca y rendimiento) en tres variedades de maíz de 512 - progenies biparentales.

Los resultados muestran que para todos los caracteres de las tres variedades, las estimaciones de variancia dominante fueron menores y en algunos casos considerablemente menores que las estimaciones de variancia aditiva. Se puede concluir -- que la sobredominancia en los loci no tiene importancia como fuente de variación genética en las variedades de maíz estudiadas.

Cortés Mendoza (1977) obtiene estimaciones de variancias domi nantes para longitud de mazorca, rendimiento, diámetro de mazorca, número de granos por mazorca, y altura de mazorca, a través de un Diseño I para el Sintético Iowa Long Ear conside rablemente menores que las estimaciones de variancia aditiva.

Comstock y Robinson (1948) enumeran ciertas asunciones que se deben tener en cuenta para que la interpretación genética de los componentes de variancia sea correcta:

- 1). El apareamiento de los individuos cuyas progenies se evaluarán experimentalmente debe ser al azar.
- 2). Los genotipos deben distribuirse al azar en los diferentes ambientes.
- 3). No existencia de efectos maternos.
- 4). Herencia diploide.
- 5). Equilibrio de ligamiento.
- 6). Ausencia de epistasis.

Demuestran bajo dichos supuestos que la variancia de machos es igual a 1/4 de la variancia aditiva y la variancia de hembras es igual a 1/4 de la variancia aditiva más 1/4 de la variancia dominante.

Simbólicamente:

$$\sigma^2_m = 1/4 \sigma^2_A$$

$$\sigma^2_h = 1/4 \sigma^2_A + 1/4 \sigma^2_D \text{ por lo tanto } \sigma^2_D = 4(\sigma^2_h - \sigma^2_m)$$

Dickerson (1961) dice que el efecto de cualquier diferencia de un gen está determinado por todo el genotipo y por el sustrato ambiental en el cual la diferencia particular de dicho gen es expresada. Por ello el efecto promedio de la diferencia del mismo gen, puede variar considerablemente, por ejemplo entre poblaciones altamente endogámicas y las de libre apareamiento, entre diferentes medio ambientes y especialmente, entre diversos modos de medir el efecto. Vale decir que fenotipos superiores en un determinado ambiente, es probable que no

lo sean y que aún sean inferiores en su comportamiento cuando se colocan en otro ambiente.

Robinson y Cockerham (1965) señalan que los parámetros genéticos estimados deben ser independientes de los efectos ambientales si no muestran interacción con el medio ambiente. Probando los genotipos en diferentes ambientes se podrá separar la variancia debida a interacciones y de esta manera no sobrestimar las variancias genéticas y así hacer más eficientes los programas de mejoramiento utilizados.

Miller, Williams y Robinson (1959) estudian 15 variedades de algodón en nueve localidades del estado de Carolina del Norte por un período de tres años para estimar los varios tipos de interacción variedad por medio ambiente. El cuadro muestra las esperanzas de los cuadros medios para las interacciones, las variedades y el error.

<u>FUENTE DE VARIACION</u>	<u>CM</u>	<u>E(CM)</u>
Variedad	M_5	$\sigma^2 + r \sigma^2_{val} + r_l \sigma^2_{va} + r_a \sigma^2_{vl} + r_{la} \sigma^2_v$
Var. x Años	M_4	$\sigma^2 + r \sigma^2_{val} + r_l \sigma^2_{va}$
Var. x Loc.	M_3	$\sigma^2 + r \sigma^2_{val} + r_a \sigma^2_{vl}$
Var. x Año x Loc.	M_2	$\sigma^2 + r \sigma^2_{val}$
Error	M_1	σ^2

donde:

σ^2 = variancia del error experimental

r = repeticiones
a = años
l = localidad
v = variedad

Los resultados para rendimiento en fibra, de los componentes de variancia del análisis combinado de 15 variedades, 9 localidades y 3 años fueron:

CUADRO 2 COMPONENTES DE VARIANCIA PARA RENDIMIENTO EN FIBRA

	<u>REND. EN FIBRA</u>
σ^2_v	0.0279
σ^2_{va}	0.0005
σ^2_{vl}	0.0023
σ^2_{v1a}	0.0163**
σ^2	0.0633

** significativo al nivel 1%

Las interacciones de primer orden variedad por años y variedad por localidad fueron muy pequeñas y estadísticamente no significativas. La interacción de segundo orden variedad por año - por localidad fué de mayor magnitud y altamente significativa estadísticamente.

Por ésto concluyen que no es necesario regionalizar el estado de Carolina del Norte para evaluar las variedades de algodón.

Miller, Williams, Robinson y Comstock (1958) estudiaron diez caracteres en tres poblaciones F_4 y F_5 de algodón. Dos de estas poblaciones fueron estudiadas en dos localidades y en dos años; la tercera fué evaluada en dos años y en diferentes localidades cada año y en una localidad y en un año.

Se estimaron las variancias genéticas, ambientales y las interacciones genotipo-medio ambiente.

Encuentran que la magnitud de los componentes de la interacción genotipo-medio ambiente es pequeña en relación a la interacción línea por año por localidad.

Hanson, Robinson y Comstock (1956) evaluaron un total de 284 familias F_2 obtenidas de ciertas cruzas en F_3 y F_4 en Lespedeza stipulacea. Las evaluaciones se realizaron en dos localidades en dos años, para rendimiento en forraje, en semilla y vigor.

La interacción genotipo por año fué relativamente grande lo que indica la importancia de probar el material en diferentes años.

Jones, Matzinger y Collins (1960) estudiaron siete variedades de tabaco durante tres años en cinco localidades. Se evaluaron ciertas características químicas y agronómicas y se estimaron las interacciones genotipo por localidad, genotipo por año y genotipo por localidad por año.

Los componentes de variancia estimados para algunas características se expresan en el siguiente cuadro:

CUADRO 3 COMPONENTES DE VARIANCIA

	<u>RENDIMIENTO</u>	<u>DIAS A FLOR</u>	<u>NUM. DE HOJAS</u>	<u>NICOTINA</u>
σ^2_v	40.719**	20.20**	4.52**	0.345**
σ^2_{va}	1.990	-0.52	0.06	-0.001
σ^2_{vl}	0.100	-0.12	0.05	0.020*
σ^2_{vla}	7.002**	3.62**	1.12**	0.030**
σ^2	20.913	4.53	1.68	0.093

* Significativa al 5%

** Significativa al 1%.

Las interacciones de primer orden (variedad por año y variedad por localidad) fueron pequeñas y no significativas. La interacción de segundo orden (variedad por año por localidad) fué altamente significativa. Para todos los caracteres indicados, los valores de la interacción de segundo orden fueron menores al componente de variancia debido a variedad.

Para evaluar variedades de tabaco en el Estado de Carolina del Norte, recomiendan hacerlo en dos años, cinco localidades y tres repeticiones.

Sprague y Federer (1951) obtuvieron estimaciones de interacción variedad por año, variedad por localidad y componentes de variancia de comparaciones entre cruza de prueba, cruza simples y -

cruzas dobles en maíz durante el período 1940-1947. Cincuenta y tres de estas comparaciones fueron hechas en dos ó más localidades y 55 fueron realizadas en dos años consecutivos. Estas estimaciones se usaron para calcular el avance genético -- obtenido por selección..

Los resultados sugieren que sin tener en cuenta el costo se -- debe usar una repetición por localidad con un aumento en el -- número de localidades y de años.

Se indica que el costo por parcela decrece con el incremento - del número de parcelas por localidad. Además el costo por parcela se incrementa con el aumento en el número de localidades.

III. MATERIALES Y METODOS

A. Formación y evaluación de las progenies.

En 1967 se sembró la variedad de maíz C.I.P.A. y se hicieron las cruzas biparentales o Diseño I (Comstock y Robinson - - 1948).

Al azar se tomaron 153 plantas elegidas como macho y cada una de ellas se cruzó con dos plantas elegidas también al azar de la misma población, que oficiaron de hembras. De esta forma se efectuaron 306 cruzas planta por planta (familias de hermanos completos).

En 1968, en el campo de la Escuela Nacional de Agricultura de San Martín, Estado de México, se estableció un ensayo de campo, para evaluar las características agronómicas de las 306 familias utilizando el siguiente diseño: 9 grupos machos de 18 cruzas cada uno se sembraron en un bloque con dos repeticiones y así las 306 familias fueron acomodadas en 17 bloques que se sortearon. Esto se efectuó para una densidad de 24,000 plantas por hectárea (45 cms. de distancia entre plantas dentro del surco, con surcos separados entre sí a 92 cms.) y las mismas familias fueron sembradas a 72,000 plantas por hectárea (15 cms. de distancia entre plantas dentro del surco, con surcos separados entre sí a 92 cms.) bajo el mismo esquema, en bloques contiguos sorteados al azar en conjunto con los bloques de 24,000 plantas por hectárea a efecto de cancelar, en lo posible, las diferen-

cias de suelo entre las evaluaciones en las dos densidades.

De esta forma una porción del grano obtenido de una cruz - se sembró en una parcela de cada repetición del bloque correspondiente, aleatorizando luego las cruzas con los surcos. Esto se hizo para el conjunto de bloques correspondientes a las dos densidades consideradas.

Se utilizaron surcos de 10 mts. de largo por 92 cms. entre surco. Todas las características consideradas se evaluaron en base a medias de parcela.

B. Caracteres evaluados.

HUMEDAD

Teniendo en cuenta la lectura proporcionada por el aparato Steinlite modelo RCT y la temperatura correspondiente, mediante la tabla proveída, se obtuvo el porcentaje de humedad de una muestra de 250 gramos de grano cosechado. Para el análisis estadístico, los datos de esta variable fueron transformados mediante:

$$\text{HUMEDAD} = \left[\text{ARCOSENO} \left(\sqrt{\frac{\text{Humedad}}{100}} \right) \times 100 \right] \times 3.1416 / 180$$

RENDIMIENTO

El peso de campo se llevó a 15.5% de humedad y posteriormente por covariancia se ajustó por fallas dado que se cosechó diferente número de plantas por parcela. Esto se hizo de la siguiente manera:

$$\text{Peso de campo a 15.5\% hum.} = \text{Peso de campo} \left(\frac{1-\text{hum.}}{100} \right) / 0.845$$

donde:

$$\text{Peso de campo} \left(\frac{1-\text{hum.}}{100} \right) = \text{PESO SECO}$$

Por ejemplo: El análisis de covariancia entre el peso de campo y el número de plantas cosechadas por parcela dió un coeficiente de regresión de $b_1 = 0.19437$ para 24,000 plantas por hectárea, con una media del número de plantas por parcela de 18.9222, mientras que el coeficiente de regresión para la densidad de 72,000 plantas por hectárea fué de $b_2 = 0.09250$ con una media para el número de plantas cosechadas por parcela de 19.518.

De acuerdo a ésto se ajustaron por fallas los datos parcelarios de rendimiento corregidos a 15.5% de humedad para cada densidad, en función de las siguientes ecuaciones:

para 24,000 plantas por hectárea

$$\text{RENDIMIENTO AJUSTADO} = \text{P.C. a 15.5\% hum.} + b_1 (X_i - \bar{X})$$

para 72,000 plantas por hectárea

$$\text{RENDIMIENTO AJUSTADO} = \text{P.C. a 15.5\% hum.} + b_2 (X_i - \bar{X})$$

donde:

P.C. = Peso de campo

b = Coeficiente de regresión

X_i = Número de plantas cosechadas por parcela

\bar{X} = Media del número de plantas cosechadas por parcela

NUMERO DE MAZORCAS

Este carácter, luego de expresarse en base al número de mazorcas por planta, fué transformado mediante raíz cuadrada.

NUMERO DE HIJOS

Se expresó en base al número de hijos por planta usándose - luego de transformación $\sqrt{x} + 0.5$ para su normalización.

ALTURA DE MAZORCA

Se tomó la distancia en centímetros, desde el suelo al nudo de inserción de la mazorca principal.

ALTURA DE PLANTA

Se tomó la distancia en centímetros del suelo a la punta de la espiga.

DIAS A FLOR

Número de días a partir de la fecha de siembra, hasta el día en que el 50% de las plantas en una parcela estuviesen derramando polen. Esta variable fué transformada mediante raíz cuadrada.

C. Modelo y diseño genético utilizado para la estimación de los parámetros genéticos.

El modelo usado para los análisis de variancia combinados fué

el siguiente:

$$Y_{hijpqk} = u + b_i + d_j + (bd)_{ij} + m_{p(i)} + f_{q(pi)} + (dm)_{jp(i)} + (df)_{jq(pi)} + r_{k(ji)} + e_{ijpqk}$$

donde:

$$i = 1, 2, \dots, 17$$

$$j = 1, 2.$$

$$p = 1, 2, \dots, 9$$

$$q = 1, 2.$$

$$k = 1, 2.$$

u = media general

Y_{hijpqk} = Es la h -ésima observación de la cruce del p -ésimo macho con la q -ésima hembra de la k -ésima repetición en el i -ésimo bloque del j -ésimo ambiente.

d_j = Efecto atribuido al j -ésimo ambiente, donde:

$$d_j \sim N(0, \sigma_d^2)$$

b_i = Efecto atribuido al i -ésimo bloque; donde:

$$b_i \sim N(0, \sigma_b^2)$$

$(bd)_{ij}$ = Efecto de la interacción entre el j -ésimo ambiente y el i -ésimo bloque; donde:

$$(bd)_{ij} \sim N(0, \sigma_{bd}^2)$$

$m_{p(i)}$ = Efecto del macho p -ésimo en el i -ésimo bloque; donde:

$$m_{p(i)} \sim N(0, \sigma_m^2)$$

$f_{q(pi)}$ = Efecto de la q-écima hembra dentro del p-écimo macho en el i-écimo bloque; donde:

$$f_{q(pi)} \sim N(0, \sigma_f^2)$$

$(dm)_{jp(i)}$ = Efecto atribuido a la interacción entre el j-écimo ambiente y el p-écimo macho en el i-écimo bloque; donde:

$$(dm)_{jp(i)} \sim N(0, \sigma_{dm}^2)$$

$(df)_{jq(pi)}$ = Efecto atribuido a la interacción entre el j-écimo ambiente y la q-écima hembra dentro del p-écimo macho, en el i-écimo bloque; donde:

$$(df)_{jq(pi)} \sim N(0, \sigma_{df}^2)$$

$r_k(ji)$ = Efecto de la k-écima replicación en el i-écimo bloque en el j-écimo ambiente; donde:

$$r_k(ji) \sim N(0, \sigma_r^2)$$

e_{ijpqk} = Error experimental; donde:

$$e_{ijpqk} \sim N(0, \sigma_e^2)$$

Para los análisis de variancia en un solo ambiente, se suprime del modelo el término dj junto con las respectivas interacciones quedando lo siguiente:

$$Y_{hipqk} = u + b_i + r_k + (br)_{ik} + m_{p(i)} + f_{q(pi)} + e_{ipqk}$$

donde:

$$i = 1, 2, \dots, 17$$

$$k = 1, 2.$$

$$p = 1, 2, \dots, 9$$

$$q = 1, 2.$$

$$u = \text{media general}$$

Y_{hipqk} = h-ésima observación de la crusa del p-ésimo macho con la q-ésima hembra en la k-ésima repetición del i-ésimo bloque.

b_i = Efecto del i-ésimo bloque, donde:

$$b_i \sim N(0, \sigma_b^2)$$

r_k = Efecto de la k-ésima repetición; donde:

$$r_k \sim N(0, \sigma_r^2)$$

$(br)_{ik}$ = Efecto de la interacción del i-ésimo bloque con la k-ésima repetición; donde:

$$(br)_{ik} \sim N(0, \sigma_{br}^2)$$

$m_{p(i)}$ = Efecto del p-ésimo macho en el i-ésimo bloque; donde:

$$m_{p(i)} \sim N(0, \sigma_m^2)$$

$f_{q(pi)}$ = Efecto de la q-ésima hembra dentro del p-ésimo macho en el i-ésimo bloque; donde:

$$f_{q(pi)} \sim N(0, \sigma_f^2)$$

e_{ipqk} = Error experimental; donde:

$$e_{ipqk} \sim N(0, \sigma_e^2)$$

La forma en que se realizó el análisis de variancia individual y combinado para los dos ambientes, así como las especificaciones de las esperanzas de los cuadros medios y sus relaciones con las covariancias genéticas, se muestran en los Cuadros 4, 5, 6 y 7.

En los análisis de covariancia de cada densidad de siembra y combinado, los componentes de los productos medios, son equivalentes a los componentes de los cuadrados medios pero expresados en términos de covariancia.

En los análisis de variancia para las espectivas densidades, las hipótesis nulas a probar fueron $H_0 : \sigma_{h/m/b}^2 = 0$ y

$H_0 : \sigma_{m/b}^2 = 0$ y la prueba

F usada fué: $F = M_2/M_3$ y $F = M_1/M_2$ respectivamente, con los grados de libertad asociados a M_1 , M_2 y M_3 .

Para los análisis de variancia combinados para las dos densidades de siembra, las hipótesis nulas para las interacciones fueron $H_0 : \sigma_{dxm/b}^2 = 0$ y $H_0 : \sigma_{dxh/m/b}^2 = 0$ y la prueba de

F usada fué: $F = M_3/M_4$ y $F = M_4/M_5$ respectivamente, con los grados de libertad asociados a M_3 , M_4 y M_5 .

De estos mismos análisis la hipótesis nula para variancia de hembras fué: $H_0: \sigma_{h/m/b}^2 = 0$ y la prueba de F usada fué: $F = M_2/M_4$.

La prueba de F aproximada para variancia de machos sugerida por Satterthwaite (1946) y por Cochran (1951), fué:

$F = M_1 + M_4/M_3 + M_2$ con los grados de libertad estimados de la siguiente manera: $d'_i = (\sum M_i)^2 / \sum (M_i^2/d_i)$.

De los análisis de variancia individuales para cada característica, se obtienen las estimaciones de los componentes genéticos (Cuadros 4 y 5).

$$\sigma_{m/b}^2 = \text{cov. (MH)} = \frac{M_1 - M_2}{4}$$

$$\sigma_{h/m/b}^2 = [\text{cov. (HC)} - \text{cov. (MH)}] = \frac{M_2 - M_3}{2}$$

De los análisis de variancia combinados, se obtienen las estimaciones de los componentes genéticos y las interacciones (Cuadros 6 y 7) para cada característica evaluada:

$$\sigma_{dxm/b}^2 = \text{cov. (MH)xd} = \frac{M_3 - M_4}{4}$$

$$\sigma_{dxh/m/b}^2 = [\text{cov. (HC)} - \text{cov. (MH)}]_{xd} = \frac{M_4 - M_5}{2}$$

$$\sigma_{m/b}^2 = \text{cov. (MH)} = \frac{M_1 - M_2 - M_3 + M_4}{8}$$

$$\sigma_{h/m/b}^2 = [\text{cov. (HC)} - \text{cov. (MH)}] = \frac{M_2 - M_4}{4}$$

CUADRO 4 ANALISIS DE VARIANZA DEL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE PARA UNA DENSIDAD DE SIEMBRA.

<u>FUENTES DE VARIACION</u>	<u>G.L.</u>	<u>C M</u>	<u>E (C M)</u>
BLOQUE	b-1		
REPETICION	r-1		
REPETICIONx BLOQUE	(b-1) (r-1)		
CRUZAS/BLOQUE	(c-1)b		
MACHO/BLOQUE	b (m-1)	M ₁	$\sigma^2 + r \sigma^2 h/m/h + rh \sigma^2 m/b$
HEMBRA/MACHO/BLOQUE	mb (h-1)	M ₂	$\sigma^2 + r \sigma^2 h/m/b$
ERROR	b (mxh-1) r-1	M ₃	σ^2

b = bloques

m = machos

r = repeticiones

h = hembra

c = cruzas

CUADRO 5 DISEÑO I: COVARIANZAS GENÉTICAS EN TÉRMINOS DE CUADRADOS MEDIOS PARA EL ANÁLISIS DE VARIANCIAS PARA UNA DENSIDAD DE SIEMBRA.

<u>FUENTE DE VARIACION</u>	<u>C.M.</u>	<u>COVARIANCIAS GENÉTICAS</u>
MACHO/BLOQUE	M_1	$\sigma^2 + 2[\text{cov. (H.C.)} - \text{cov. (M.H.)}] + 4 \text{ cov. (M.H.)}$
HEMERA/MACHO/BLOQUE	M_2	$\sigma^2 + 2[\text{cov. (H.C.)} - \text{cov. (M.H.)}]$
ERROR	M_3	σ^2

H.C. = HERMANOS COMPLETOS

M.H. = MEDIOS HERMANOS

CUADRO 7 DISEÑO I: COVARIANZAS GENÉTICAS EN TÉRMINOS DE CUADROS MEDIOS PARA EL ANÁLISIS DE VARIANCIAS COMBINADO PARA LAS DOS DENSIDADES DE SIEMBRA.

<u>FUENTE DE VARIACION</u>	<u>C.M.</u>	<u>COVARIANCIAS GENÉTICAS</u>
MACHO/BLOQUE	M_1	$\sigma^2 + 2[\text{cov. (H.C.) - cov. (M.H.)}]xd + 4 \text{ cov. (M.H.)}xd + 4 [\text{cov. (H.C.) - cov. (M.H.)}] + 8 \text{ cov. (M.H.)}$
HEMBRA/MACHO/BLOQUE	M_2	$\sigma^2 + 2[\text{cov. (H.C.) - cov. (M.H.)}]xd + [4 \text{ cov. (H.C.) - cov. (M.H.)}]$
DENSIDAD x MACHO/BLOQUE	M_3	$\sigma^2 + 2[\text{cov. (H.C.) - cov. (M.H.)}]xd + 4 \text{ cov. (M.H.)}xd$
DENS. xHEMBRA/MACHO/BLOQUE	M_4	$\sigma^2 + 2[\text{cov. (H.C.) - cov. (M.H.)}]xd$
ERROR	M_5	σ^2

H.C. = HERMANOS COMPLETOS

M.H. = MEDIOS HERMANOS

De esta manera las estimaciones de los parámetros son variancias o covariancias expresadas mediante funciones lineales - de los cuadrados o productos medios.

Fisher (1918) deduce la composición genética de las covariancias dentro de familias de medios hermanos y las covariancias dentro de familias de hermanos completos, llegando a -- que:

$$\text{cov. (MH)} = 1/4 \sigma_A^2$$

$$\text{cov. (HC)} = 1/2 \sigma_A^2 + 1/4 \sigma_D^2$$

donde: σ_A^2 y σ_D^2

son las variancias aditiva y dominante respectivamente. En forma similar a lo anterior se muestra que:

$$\text{cov. (MH) xd} = 1/4 \sigma_{Axd}^2$$

$$\text{cov. (HC) xd} = 1/2 \sigma_{Axd}^2 + 1/4 \sigma_{Dxd}^2$$

donde: σ_{Axd}^2 y σ_{Dxd}^2

son las variancias de las interacciones aditivo por densi--dad y dominante por densidad respectivamente.

De esta forma los parámetros genéticos estimados, de los --

análisis de variancia individual y combinado son los siguientes:

$$\sigma_A^2 = 4 \sigma_m^2$$

$$\begin{aligned} \sigma_D^2 &= 4(\sigma_h^2 - \sigma_m^2) \quad \text{porque si } \sigma_h^2 = [\text{cov. (HC)} - \text{cov. (MH)}] = \\ &= 1/2 \sigma_A^2 + 1/4 \sigma_D^2 - 1/4 \sigma_A^2 = \\ &= 1/4 \sigma_A^2 + 1/4 \sigma_D^2 = \\ &\sigma_m^2 + 1/4 \sigma_D^2 \end{aligned}$$

entonces:

$$\sigma_h^2 - \sigma_m^2 = 1/4 \sigma_D^2$$

$$\sigma_{Axd}^2 = 4 \sigma_{mxd}^2$$

$$\sigma_{Dxd}^2 = 4(\sigma_{hxd}^2 - \sigma_{mxd}^2)$$

Igualmente las estimaciones de los parámetros obtenidas de los análisis de covariancia individual y combinado son:

$$\text{cov. (A)} = 4 \text{ cov. (m)}$$

$$\text{cov. (D)} = 4 [\text{cov. (h)} - \text{cov. (m)}]$$

$$\text{cov. (Axd)} = 4 \text{ cov. (mxd)}$$

$$\text{cov. (Dxd)} = 4 \left[\text{cov. (hxd)} - \text{cov. (mxd)} \right]$$

La variancia de las estimaciones de los parámetros genéticos viene dada por:

$$V (\sigma_i^2) = 2/C^2 \sum_i (M_i^2/d_i + 2)$$

D. Fórmulas de cálculo

1. Coeficiente de correlación genética y fenotípica

La correlación entre dos variables X e Y obtenida de los análisis de variancia y covariancia para una densidad de siembra, fueron calculadas de la siguiente manera:

$$r_A = \frac{\text{cov. (A) xy}}{\sqrt{\sigma_{(A)x}^2 \sigma_{(A)y}^2}}$$

$$r_p = \frac{\text{cov. (p) xy}}{\sqrt{\sigma_{(p)x}^2 \sigma_{(p)y}^2}}$$

donde:

r_A = Correlación entre los valores aditivos
(correlación genética)

r_p = Correlación entre los valores fenotípicos

cov. (A) = Covariancia entre los valores aditivos

cov.(p) = Covariancia entre los valores fenotípicos

Además:

$$\sigma_p^2 = \frac{\sigma^2}{r} + 4 \sigma_{h/m}^2$$

$$\text{cov. (p)} = \frac{\text{cov. (error)}}{r} + \text{cov. (A)} + \text{cov. (D)}$$

donde: σ^2 = Variancia del error experimental

r = Número de repeticiones

La correlación entre dos variables X e Y obtenida de los análisis de variancia y covariancia combinado para las dos densidades de siembra, se calcularon de igual forma; como de estos análisis se estiman las interacciones aditivo por densidad y dominante por densidad, la variancia y covariancia fenotípica se calculan así:

$$\sigma_p^2 = \frac{\sigma^2}{rd} + \frac{4 \sigma_{dxh/m}^2}{d} + 4 \sigma_{h/m}^2$$

$$\text{cov. (p)} = \frac{\text{cov. (error)}}{rd} + \frac{\text{cov. (Axd)}}{d} + \frac{\text{cov. (Dxd)}}{d} + \text{cov. (A)} + \text{cov. (D)}$$

donde:

$\sigma_{dxh/m}^2$ = Variancia de la interacción hembra por densidad

$$d = 2$$

Las significancias estadísticas de las estimaciones de correlación genética y fenotípica, fueron obtenidas de METODOS ESTADISTICOS de G.W., Snedecor y W.G. Cochram (Tabla A 11, pag. 671).

2. Heredabilidad

El cálculo de heredabilidad estimado en base a medias de parcelas se hizo mediante:

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\frac{\sigma^2}{r} + 4\sigma_{h/m}^2} \quad \text{para cada densidad, y}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\frac{\sigma^2}{rd} + \frac{\sigma_{Axd}^2}{d} + \frac{\sigma_{Dxd}^2}{d} + \sigma_A^2 + \sigma_D^2} \quad \text{para los análisis combinados.}$$

3. Selección directa

Para selección entre familias de medios hermanos la fórmula de ganancia es:

$$G_s = \frac{(c) (k) \frac{1}{4} \sigma_A^2}{(y) \left[\frac{\sigma^2}{r} + \frac{1}{4} \frac{\sigma_{Axd}^2}{d} + \frac{1}{4} \sigma_A^2 \right]^{1/2}} +$$

$$(y) \left[\frac{\sigma_w^2}{r} + 3/4 \sigma_{Axd}^2 + \sigma_{Dxd}^2 + 3/4 \sigma_A^2 + \sigma_D^2 \right]^{1/2}$$

donde:

c = Control parental. Para el sumando que estima la ganancia entre familias el control parental es igual a uno (Empig, L. T., Co. O. Gardner and W. A. Compton; 1971).

y = Número de años por ciclo de selección

k = Diferencial de selección estandarizado

σ_w^2 = Variancia intraparcela

Como no tenemos datos de plantas individuales, no podemos calcular esta variancia. Gardner (1961) y Robinson et al (1949) estimaron σ_w^2 como diez veces la variancia del error experimental.

4. Respuesta correlacionada

La respuesta correlativa del carácter Y que se obtiene al seleccionar el carácter secundario X viene dado por la fórmula:

$$C R y = k_x h_x h_y r_A (xy) \sigma(p)y$$

Bajo igual intensidad de selección para dos caracteres, - X e Y, el mérito de la selección indirecta relativo al de la selección directa puede expresarse así:

$$\frac{CRy}{Gs(y)} = \frac{h_x}{h_y} r_A(xy)$$

IV. RESULTADOS EXPERIMENTALES

En el Cuadro 8 se muestran los cuadrados medios del análisis de variancia para la densidad de 24,000 plantas por hectárea. Para todas las fuentes de variación de todas las características la prueba de F fué altamente significativa.

El Cuadro 9 presenta los productos medios de los análisis de covariancia de 21 pares de características para la densidad de 24,000 plantas por hectárea.

Los cuadrados medios del análisis de variancia para 72,000 plantas por hectárea se muestran en el Cuadro 10 donde se -- vé que para todas las fuentes de variación de todas las ca-- racterísticas, éstas son altamente significativas estadisti-- camente.

Los productos medios de los análisis de covariancia de 21 -- pares de características para 72,000 plantas por hectárea se muestran en el Cuadro 11.

CUADRO 8 ANALISIS DE VARIANZA DE SIETE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS, ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVALUADAS EN 24,000 PLANTAS -- POR HECTAREA CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE, EN SAN MARTIN (EDO. DE MEXICO) EN 1968.

FUENTE DE VARIACION	G.L.	RENDIMIENTO	HUMEDAD	ALT. PLTA.	ALT. MAZ.	No. MAZ.	No. HIJOS	DIAS A FLOR	C U A D R A D O S					
									M	E	D	I	O	S
CRUZAS/BLOQUE	289	0.38891**	0.00510**	0.01852**	0.01467**	0.02349**	0.04113**	0.01641**						
MACHO/BLOQUE	136	0.99083**	0.01312**	0.04098**	0.03061**	0.06123**	0.09093**	0.04319**						
HEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	0.50501**	0.00559**	0.01961**	0.01724**	0.02412**	0.04055**	0.02182**						
ERROR	289	0.15387	0.00174	0.00586	0.00613	0.00945	0.01386	0.00476						

* SIGNIFICATIVO ESTADISTICAMENTE AL NIVEL 5%

** SIGNIFICATIVO ESTADISTICAMENTE AL NIVEL 1%

CUADRO 9

ANALISIS DE COVARIANZA DE 21 PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS, ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVALUADAS EN 24,000 PLANTAS POR HECTAREA CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE, EN SAN MARTIN (EDO. DE MEXICO) EN 1968.

FUENTE DE VARIACION	G.L.	REND. x HUM.	REND. x No.MAZ.	REND. x No.HIJOS					REND. x ALT.PLTA.					REND. x ALT.MA.			
				P	R	O	D	U	C	T	O	S	M		E	D	I
CRUZAS/BLOQUE	289	-0.00084	0.07106	0.05934	0.00353	0.00949											
MACHO/BLOQUE	136	-0.00792	0.19851	0.15537	0.02023	0.04124											
HEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	-0.00120	0.07927	0.07488	-0.00981	0.00818											
ERROR	289	-0.00002	0.02461	0.01681	0.00358	0.00202											

CONTINUACION CUADRO 9

ANALISIS DE COVARIANZA DE 21 PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS, ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVALUADAS EN 24,000 PLANTAS POR HECTAREA CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE EN SAN MARTIN (ESTADO DE MEXICO) EN 1968.

FUENTE DE VARIACION	G.L.	HUM. x No.MAZ.	HUM. x No.HIJOS				No.HIJOS x No. MAZ.				ALT.PLTA. x HUM.				ALT.PLTA.xNo.MAZ.				
			P	R	O	D	U	C	T	O	S	M	E	D		I	O	S	
CRUZAS/BLOQUE	289	0.00009	0.00216							0.01919					0.00102				0.00117
MACHO/BLOQUE	136	-0.00244	0.00545							0.05068					0.00135				0.00566
HEMERA/MACHO/BLOQUE	153	0.00046	0.00257							0.01752					0.00176				-0.00085
ERROR	289	0.00035	0.00113							0.00601					0.00035				0.00026

CONTINUACION CUADRO 9 ANALISIS DE COVARIANZA DE 21 PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS, ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVALUADAS EN 24,000 PLANTAS POR HECTAREA CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE, EN SAN MARTIN (ESTADO DE MEXICO) EN 1968.

FUENTE DE VARIACION	G.L.	ALT.MAZ. x ALT.PLTA.		ALT.MAZ. x DIAS A FLOR		REND. x DIAS A FLOR		ALT.PLTA. x DIAS A FLOR								
		P	R	O	D	U	C	T	O	S	M	E	D	I	O	S
CRUZAS/BLOQUE	289	0.00842		0.00346		-0.00268				0.00367						
MACHO/BLOQUE	136	0.01990		0.01116		0.00621				0.00709						
HEMBRA/MACHO/BLOQUE	156	0.00999		0.00214		-0.01130				0.00272						
ERROR	289	0.00157		0.00014		-0.00285				0.00072						

CONTINUACION CUADRO 9 ANALISIS DE COVARIANZA DE 21 PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS, ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVALUADAS EN 24,000 PLANTAS POR HECTAREA CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE, EN SAN MARTIN (ESTADO DE MEXICO) EN 1968.

<u>FUENTE DE VARIACION</u>	<u>G.L.</u>	<u>ALT.PLTA. x No.HIJOS</u>	<u>ALT.MAZ. x HUM.</u>	<u>ALT.MAZ. x No. MAZ.</u>	<u>ALT.MAZ. x No. HIJOS</u>
			<u>P</u>	<u>R</u>	<u>O</u>
			<u>D</u>	<u>U</u>	<u>C</u>
			<u>T</u>	<u>O</u>	<u>S</u>
			<u>M</u>	<u>E</u>	<u>D</u>
			<u>I</u>	<u>O</u>	<u>S</u>
CRUZAS/BLOQUE	289	0.00068	0.00113	0.00364	0.00238
MACHO/BLOQUE	136	0.00665	0.00168	0.01150	0.00556
HEMERA/MACHO/BLOQUE	156	-0.00043	0.00125	0.00315	0.00385
ERROR	289	0.00059	0.00006	0.00049	0.00083

CONTINUACION CUADRO 9 ANALISIS DE COVARIANZA DE 21 PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS, ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVALUADAS EN 24,000 PLANTAS POR HECTAREA CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE, EN SAN MARTIN (ESTADO DE MEXICO) EN 1968.

FUENTE DE VARIACION	G.L.	No. HIJOS x DIAS A FLOR		No. MAZ. x DIAS A FLOR		HUM. x DIAS A FLOR	
		P	R O D U C T O S	M	E D I O S	M	E D I O S
CRUZAS/BLOQUE	289	-0.00321	-0.00199		0.00207		
MACHO/BLOQUE	136	-0.00547	-0.00036		0.00698		
HEMERA/MACHO/BLOQUE	153	-0.00394	-0.00040		0.00270		
ERROR	289	-0.00051	-0.00085		0.00008		

CUADRO 10 ANALISIS DE VARIANCIA DE SIETE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVALUADAS EN 72,000 PLANTAS POR HECTAREA CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE, EN SAN MARTIN (ESTADO DE MEXICO) EN 1968.

FUENTE DE VARIACION	G.L.	RENDIMIENTO	HUMEDAD	No. MAZ.	No. HIJOS	ALT. PLTA.	ALT. MAZ.	DIAS A FLOR	M E D I O S									
									C	U	A	D	R	A	D	O	S	
CRUZAS/BLOQUE	289	0.08868**	0.00562**	0.00415**	0.00173**	0.01631**	0.01308**	0.01995**										
MACHO/BLOQUE	136	0.20509**	0.01177**	0.00736**	0.00267**	0.03150**	0.02943**	0.04340**										
HEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	0.12869**	0.00594**	0.00451**	0.00174**	0.01656**	0.01157**	0.02817**										
ERROR	289	0.04737	0.00249	0.00223	0.00126	0.00749	0.00394	0.00714										

* SIGNIFICATIVO ESTADISTICAMENTE AL NIVEL 5%

** SIGNIFICATIVO ESTADISTICAMENTE AL NIVEL 1%

CUADRO 11 ANALISIS DE COVARIANZA DE 21 PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVALUADAS EN 72,000 PLANTAS POR HECTAREA CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE, EN SAN MARTIN, - - (EDO. DE MEXICO) EN 1968.

FUENTE DE VARIACION	G.L.	REND. x HUM.	REND. x No.MAZ.	REND. x No.HIJOS	ALT.PLTA. x REND.	ALT.MAZ. x REND.	M E D I O S		
							P	R	O
CRUZAS/BLOQUE	289	0.00140	0.01115	0.00235	0.00489	0.00632			
MACHO/BLOQUE	136	-0.00433	0.02390	0.00370	0.00904	0.01145			
HEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	0.00378	0.01468	0.00440	0.00560	0.00390			
ERROR	289	-0.00251	0.00545	0.00076	0.00117	0.00228			

CONTINUACION CUADRO 11 ANALISIS DE COVARIANZA DE 21 PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVALUADAS EN 72,000 PLANTAS POR HECTAREA CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE, EN SAN MARTIN, (EDO. DE MEXICO) EN 1968.

FUENTE DE VARIACION	G.L.	No. MAZ x HUM.	No. HIJOS x HUM.	No. HIJOS x No. MAZ.	ALT. PLTA. x HUM.		ALT. PLTA. x No. MAZ.	
					P	R	M	E
CRUZAS/BLOQUE	289	0.00032	0.00012	0.00076	0.00171	0.00047		
MACHO/BLOQUE	136	-0.00084	0.00020	0.00074	0.00210	0.00092		
HEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	0.00072	0.00014	0.00106	0.00103	0.00018		
ERROR	289	0.00003	0.00009	0.00034	0.00025	0.00008		

CONTINUACION CUADRO 11 ANALISIS DE COVARIANZA DE 21 PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVA--LUADAS EN 72,000 PLANTAS POR HECTAREA CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE, EN SAN MARTIN (EDO. DE MEXICO) EN 1968.

<u>FUENTE DE VARIACION</u>	<u>G.L.</u>	<u>ALT. PLTA. x No. HIJOS</u>	<u>ALT. MAZ. x HUM.</u>	<u>ALT. MAZ. x No. MAZ.</u>	<u>ALT. MAZ. x No. HIJOS</u>
		<u>P</u>	<u>R</u>	<u>O</u>	<u>D</u>
		<u>D</u>	<u>U</u>	<u>C</u>	<u>T</u>
		<u>O</u>	<u>S</u>	<u>O</u>	<u>S</u>
		<u>M</u>	<u>E</u>	<u>D</u>	<u>I</u>
		<u>S</u>	<u>O</u>	<u>I</u>	<u>O</u>
		<u>S</u>	<u>S</u>	<u>O</u>	<u>S</u>
CRUZAS/BLOQUE	289	-0.00036	0.00117	0.00118	-0.00048
MACHO/BLOQUE	136	-0.00006	0.00206	0.00320	-0.00092
HEMERA/MACHO/BLOQUE	153	-0.00063	0.00216	0.00036	-0.00049
ERROR	289	-0.00003	0.00009	0.00027	0.00009

CONTINUACION CUADRO 11 ANALISIS DE COVARIANZA DE 21 PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVA--LUJADAS EN 72,000 PLANTAS POR HECTAREA CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE, EN SAN MARTIN (EDO. DE MEXICO) EN 1968.

FUENTE DE VARIACION	G.L.	ALT.MAZ. x ALT. PLTA.	DIAS A FLOR x REND.			DIAS A FLOR x HUM.			DIAS A FLOR x No.MAZ.								
			P	R	O	D	U	C	T	O	S	M	E	D	I	O	S
CRUZAS/BLOQUE	289	0.00758		-0.00448		0.00270		0.00018									
MACHO/BLOQUE	136	0.01595		-0.01566		0.00570		-0.00099									
HEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	0.00878		-0.01209		0.00457		-0.00029									
ERROR	289	0.00165		-0.00225		0.00065		0.00006									

CONTINUACION CUADRO 11 ANALISIS DE COVARIANZA DE 21 PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVA--LJADAS EN 72,000 PLANTAS POR HECTARES CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE, EN SAN MARTIN (EDO. DE MEXICO) EN 1968.

<u>FUENTE DE VARIACION</u>	<u>G.L.</u>	<u>DIAS A FLOR x No. HIJOS</u>	<u>DIAS A FLOR x ALT. PLTA.</u>	<u>DIAS A FLOR x ALT. MAZ.</u>
		<u>P R O D U C T O S</u>	<u>M E D I O S</u>	
CRUZAS/BLOQUE	289	-0.00019	0.00409	0.00561
MACHO/BLOQUE	136	0.00073	0.00848	0.01358
HEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	-0.00027	0.00445	0.00546
ERROR	289	-0.00034	0.00034	0.00025

En el Cuadro 12 están los cuadrados medios del análisis de variancia combinado para las dos densidades de siembra. Para las variables días a flor, altura de planta y altura de mazorca, las pruebas de F para densidad por macho dentro de bloque y densidad por hembra dentro de macho, dentro de bloque, no fueron significativas estadísticamente.

Para el carácter número de hijos la variancia de hembras no fué significativa. Para humedad la interacción densidad por macho dentro de bloque fué significativa al nivel 5% solamente.

Los productos medios del análisis de covariancia combinado para 21 pares de características agronómicas se observan en el Cuadro 13.

Las estimaciones de variancia aditiva (σ^2_A), dominante (σ^2_D) y fenotípica (σ^2_p) se muestran en los Cuadros 14 y 15 para 24,000 y 72,000 plantas por hectárea, respectivamente. Los errores standard se incluyen entre paréntesis.

Asumiendo que la estimación se distribuye normalmente, para un nivel de 95% de probabilidad, los límites de rechazo de la hipótesis vienen dados por ± 2 veces el error standard de la estimación.

Las estimaciones de variancia aditiva para la densidad de 24,000 plantas por hectárea (Cuadro 14) para todas las variables fueron significativamente diferentes de cero; mientras que las estimaciones de variancia dominante para todas las va-

riables no fueron significativamente diferentes de cero.

Para 72,000 plantas por hectárea (Cuadro 15) las estimaciones de variancia aditiva para todos los caracteres fueron significativamente diferentes de cero. Solamente la variancia dominante de rendimiento y días a flor resultaron significativamente diferentes de cero.

En el Cuadro 16 se observan las estimaciones de la interacción aditivo por densidad (σ^2_{Axd}) y dominante por densidad (σ^2_{Dxd}). Para número de mazorca en 24,000 plantas por hectárea y para altura de mazorca en 72,000 plantas por hectárea la variancia dominante es negativa al igual que para número de mazorcas y número de hijos en el combinado.

La interacción dominante por densidad para número de mazorcas y altura de la misma también fué negativa. Como por definición no pueden existir variancias negativas, éstas se toman como cero o valores positivos muy cercanos a él. Se incluyen entre paréntesis los errores standard.

Solamente la variancia aditiva estimada para número de hijos no fué significativamente diferente de cero; lo mismo para días a flor, altura de planta y altura de mazorca para la interacción aditivo por densidad. La variancia dominante estimada para días a flor fué significativamente diferente de cero y la estimación de la interacción dominante por densidad para todos los caracteres fué significativamente igual a cero.

CUADRO 12

ANALISIS DE VARIANZA COMBINADO DE SIETE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS, ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS DE LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVALUADAS EN 24,000 Y 72,000 PLANTAS POR HECTAREA CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE EN SAN MARTIN (EDO. DE MEXICO) EN 1968.

FUENTE DE VARIACION	G.L.	RENDIMIENTO		HUMEDAD		No. MAZ.		No. HIJOS		DIAS A FLOR		ALT. PLTA.		ALT. MAZ.	
		C	U	A	D	R	A	D	O	S	M	E	D	I	O
MACHO/BLOQUE	136	0.89663**	0.2075**	0.04724**	0.05334**	0.07980**	0.06443**	0.05339**							
HEMERA/MACHO/BLOQUE	153	0.44515**	0.00870**	0.01837**	0.02202	0.04320**	0.02845**	0.02342**							
DENS.xMACHO/BLOQUE	136	0.29929**	0.00414*	0.02134**	0.04027**	0.00679	0.00805	0.00664							
DENS.xHEMERA/MACHO/BLOQUE	153	0.18855**	0.00282**	0.01026**	0.02027**	0.00675	0.00772	0.00538							
ERROR	578	0.10062	0.00212	0.00584	0.00756	0.00595	0.00668	0.00504							

* SIGNIFICATIVO ESTADISTICAMENTE AL NIVEL 5%

** SIGNIFICATIVO ESTADISTICAMENTE AL NIVEL 1%

CUADRO 13 ANALISIS DE COVARIANZA COMBINADO DE 21 PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVALUADAS EN --- 24,000 y 72,000 PLANTAS POR HECTAREA CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE, EN SAN MARTIN (EDO. DE MEXIÑO) EN 1968.

FUENTE DE VARIACION	G.E	REND. x ALT.PLTA.		REND. x ALT.MAZ.		REND. x HUM		REND. x No.HIJOS		REND. x No.MAZ.			
		P R O D U C T O S										M E D I O S	
MACHO/BLOQUE	136	0.02720	0.05033	-0.00981	0.09551	0.15676							
HEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	-0.00383	0.00855	0.00508	0.04944	0.06347							
DENS.xMACHO/BLOQUE	136	0.00207	0.00236	-0.00244	0.06356	0.06566							
DENS.xHEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	-0.00037	0.00354	-0.00250	0.02984**	0.03047							
ERROR	578	0.00237	0.00215	-0.00127	0.00878	0.01503							

CONTINUACION CUADRO 13 ANALISIS DE COVARIANZA COMBINADO DE 21 PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVALJADAS EN 24,000 y 72,000 PLANTAS POR HECTAREA CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE, EN SAN MARTIN (EDO. DE MEXICO) EN 1968.

FUENTE DE VARIACION	G.L.	ALT.PLTA. x No.MAZ.	ALT.PLTA. x No.HIJOS	ALT.PLTA. x DIAS A FLOR	ALT.MAZ. x HUM.							
					P	R	O	D	M	E	D	I
MACHO/BLOQUE	136	0.00485	0.00539	0.01482								0.00354
HEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	-0.00103	0.00024	0.00669								0.00315
DENS. xMACHO/BLOQUE	136	0.00173	0.00120	0.00075								0.00021
DENS. xHEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	0.00036	-0.00131	0.00047								0.00026
ERROR	578	0.00017	0.00028	0.00053								0.00007

CONTINUACION CUADRO 13 ANALISIS DE COVARIANZA COMBINADO DE 21 PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVALUADAS EN 24,000 Y 72,000 PLANTAS POR HECTAREA CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE, EN SAN MARTIN (EDO. DE MEXICO) EN 1968.

FUENTE DE VARIACION	G.L.	DIAS A FLOR x HUM.	DIAS A FLOR x No.MAZ.			DIAS A FLOR x No.HIJOS			ALT.PLTA.x HUM.
			P	R	O	M	E	D	
			D	U	C	T	O	S	
MACHO/BLOQUE	136	0.01269	0.00132						0.00263
HEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	0.00713	-0.000893						0.00244
DENS.xMACHO/BLOQUE	136	0.00000	-0.00269						0.00082
DENS.xHEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	0.00014	0.00018						0.00035
ERROR	578	0.00037	-0.00039						0.00030

CONTINUACION CUADRO 13 ANALISIS DE COVARIANZA COMBINADO DE 21 PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A., EVALUADAS EN 24,000 y 72,000 PLANTAS POR HECTAREA CONFORME AL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE, EN SAN MARTIN (EDO. DE MEXICO) EN 1968.

<u>FUENTE DE VARIACION</u>	<u>G.L.</u>	<u>REND. x DIAS A FLOR</u>	<u>No. MAZ. x HUM.</u>	<u>No. HIJOS x HUM.</u>	<u>No. HIJOS x No. MAZ.</u>	<u>P R O D U C T O S</u>					
						<u>M</u>	<u>E</u>	<u>D</u>	<u>I</u>	<u>O</u>	<u>S</u>
MACHO/BLOQUE	136	-0.00561	-0.00337	0.00358	0.03030						
HEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	-0.01905	0.00083	0.00206	0.01106						
DENS. x MACHO/BLOQUE	136	-0.00384	0.00008	0.00207	0.02112						
DENS. x HEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	-0.00434	0.00036	0.00066	0.00751						
ERROR	578	-0.00255	0.00019	0.00061	0.00317						

CONTINUACION CUADRO 13 ANALISIS DE COVARIANZA COMBINADO DE 21 PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMI-
CAS ESTUDIADAS EN 306 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EN LA VARIEDAD DE MAIZ
C.I.P.A., EVALUADAS EN 24,000 Y 72,000 PLANTAS POR HECTAREA CONFORME AL DISE-
ÑO I DE CAROLINA DEL NORTE, EN SAN MARTIN (EDO. DE MEXICO) EN 1968.

<u>FUENTE DE VARIACION</u>	<u>G.L.</u>	<u>ALT.MAZ. x No.MAZ.</u>	<u>ALT.MAZ. x No.HIJOS</u>	<u>ALT.MAZ. x DIAS A FLOR</u>	<u>ALT.MAZ.xALT.PLTA.</u>
		<u>P</u>	<u>R</u>	<u>O</u>	<u>D</u>
		<u>I</u>	<u>C</u>	<u>T</u>	<u>I</u>
		<u>O</u>	<u>O</u>	<u>O</u>	<u>O</u>
		<u>S</u>	<u>S</u>	<u>S</u>	<u>S</u>
MACHO/BLOQUE	136	0.01425	0.00455	0.02438	0.03368
HEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	0.00274	0.00295	0.00764	0.01710
DENS.xMACHO/BLOQUE	136	0.00046	0.00009	0.00036	0.00217
DENS.xHEMBRA/MACHO/BLOQUE	153	0.00077	0.00041	-0.00003	0.00166
ERROR	578	0.00038	0.00046	0.00019	0.00161

CUADRO 14 ESTIMACION DE LAS VARIANCIAS ADITIVAS (σ^2A), DOMINANTES (σ^2D) Y FENOTIPICAS (σ^2P) DE SIETE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS DE LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A. EVALUADAS EN UNA DENSIDAD DE 24,000 PLANTAS/HECTAREA MEDIANTE EL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE.

<u>C A R A C T E R I S T I C A</u>	<u>σ^2A</u>	<u>σ^2D</u>	<u>σ^2P</u>
RENDIMIENTO	0.48583 (0.1324) ^a	0.21644 (0.1562)	0.77920
HUMEDAD	0.00753 (0.0017)	0.00016 (0.0019)	0.00856
ALTURA DE PLANTA	0.02130 (0.0054)	0.00613 (0.0063)	0.03043
ALTURA DE MAZORCA	0.01337 (0.0042)	0.00884 (0.0050)	0.02528
NUMERO DE HIJOS	0.05038 (0.0119)	0.00301 (0.0135)	0.06032
NUMERO DE MAZORCAS	0.03710 (0.0079)	-0.00775 (0.0087)	0.04182
DIAS A FLOR	0.02136 (0.0058)	0.01277 (0.0067)	0.03651

a = ERROR STANDARD DE LA ESTIMACION

CUADRO 15 ESTIMACION DE LAS VARIANCIAS ADITIVAS (σ^2_A), DOMINANTES (σ^2_D) Y FENOTIPICAS (σ^2_P) DE SIETE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS DE LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A. EVALUADAS EN UNA DENSIDAD DE 72,000 PLANTAS POR HECTAREA MEDIANTE EL DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE.

<u>CARACTERISTICA</u>	<u>σ^2_A</u>	<u>σ^2_D</u>	<u>σ^2_P</u>
RENDIMIENTO	0.07639 (0.0287) ^a	0.08627 (0.0357)	0.18634
HUMEDAD	0.00583 (0.0016)	0.00107 (0.0017)	0.00814
ALTURA DE PLANTA	0.01494 (0.0042)	0.00321 (0.0050)	0.02189
ALTURA DE MAZORCA	0.01786 (0.0038)	-0.00260 (0.0042)	0.01983
NUMERO DE HIJOS	0.00093 (0.0004)	0.00002 (0.0042)	0.00158
NUMERO DE MAZORCAS	0.00285 (0.0010)	0.00139 (0.0012)	0.00535
DIAS A FLOR	0.01523 (0.0061)	0.02684 (0.0076)	0.04564

a = ERROR STANDARD DE LA ESTIMACION

CUADRO 16 ESTIMACIONES DE VARIANCIAS ADITIVA (σ^2_A), DOMINANTE (σ^2_D), ADITIVA POR DENSIDAD (σ^2_{Axd}) Y DOMINANTE POR DENSIDAD (σ^2_{Dxd}) DE SIETE CARACTERÍSTICAS AGRONÓMICAS DE LA VARIEDAD DE MAÍZ C.I.P.A. OBTENIDAS DE LOS ANÁLISIS DE VARIANCIAS COMBINADO PARA LAS DOS DENSIDADES DE SIEMBRA.

<u>CARACTERÍSTICA</u>	<u>σ^2_A</u>	<u>σ^2_D</u>	<u>σ^2_{Axd}</u>	<u>σ^2_{Dxd}</u>
RENDIMIENTO	0.17036 (0.0632) ^a	0.08624 (0.0741)	0.11074 (0.0419)	0.06624 (0.0523)
HUMEDAD	0.00537 (0.0014)	0.00052 (0.0015)	0.00131 (0.0004)	0.0001 (0.0006)
NUMERO DE MAZORCAS	0.00889 (0.0033)	-0.00078 (0.0036)	0.01108 (0.0028)	-0.00224 (0.0032)
NUMERO DE HIJOS	0.00566 (0.0044)	-0.00390 (0.0049)	0.02000 (0.0054)	0.00542 (0.0063)
DIAS A FLOR	0.01826 (0.0054)	0.01823 (0.0063)	0.00004 (0.0011)	0.00158 (0.0016)
ALTURA DE PLANTA	0.01783 (0.0042)	0.00290 (0.0048)	0.00033 (0.0012)	0.00177 (0.0017)
ALTURA DE MAZORCA	0.01435 (0.0035)	0.00369 (0.0041)	0.00126 (0.0008)	-0.00056 (0.0014)

a = ERROR STANDARD DE LA ESTIMACION

El Cuadro 17 muestra las estimaciones de heredabilidad referidas a parcelas, para las siete características en las respectivas densidades de siembra y según el análisis combinado.

Los valores de correlaciones genéticas y fenotípicas para la densidad de 24,000 plantas por hectárea se observan en el Cuadro 18. Todas las estimaciones de correlación genéticas fueron significativas o altamente significativas estadísticamente menos las que existen entre: Altura de planta-humedad, altura de mazorca-humedad, altura de mazorca-número de hijos, número de mazorcas-días a flor y número de hijos-días a flor. Las correlaciones fenotípicas no significativas fueron entre: Número de mazorcas-humedad, número de mazorcas-altura de planta, número de hijos-altura de planta y días a flor-número de mazorcas.

Para 72,000 plantas por hectárea las correlaciones genéticas no significativas estadísticamente (Cuadro 19) fueron: Rendimiento-número de hijos, humedad-altura de mazorca, humedad-número de hijos, mientras que rendimiento-altura de mazorca, número de mazorcas-altura de planta, número de mazorcas-altura de mazorca, número de hijos-humedad, días a flor-número de mazorcas, días a flor-número de hijos, fueron las correlaciones fenotípicas no significativas estadísticamente.

En el Cuadro 20 se presentan las correlaciones genéticas y fenotípicas obtenidas de los análisis combinados para las dos densidades de siembra consideradas.

Las mismas correlaciones genéticas observadas anteriormente se presentan ahora en el Cuadro 21, pero arregladas de manera que puedan notarse los cambios que se producen en ellas, cuando la población se evalúa en diferentes densidades de siembra. Lo mismo, pero referido a las correlaciones fenotípicas, se ve en el Cuadro 22.

En los Cuadros 23 y 24 se expresan las ganancias correlativas que se tendrían en altura de planta y días a flor, para las dos densidades, cuando seleccionamos para rendimiento y para número de mazorcas respectivamente.

Los resultados de selección directa e indirecta para rendimiento y número de mazorcas así como la eficiencia relativa de - - éstas se muestran en los Cuadros 25, 26, 27 y 28.

CUADRO 17 ESTIMACIONES DE HEREDABILIDAD PARA LOS DIFERENTES NUMEROS DE PLANTAS POR HECTAREA
Y COMBINADO DE SIETE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS DE LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A.

<u>C A R A C T E R I S T I C A</u>	<u>24,000 PLTS./HA</u>	<u>72,000 PLTS./HA</u>	<u>COMBINADO</u>
RENDIMIENTO	0.62349	0.40994	0.46014
HUMEDAD	0.87970	0.71621	0.75347
ALTURA DE PLANTA	0.70226	0.68250	0.76034
ALTURA DE MAZORCA	0.52887	0.90065	0.72014
NUMERO DE MAZORCAS	0.88717	0.53181	0.55974
NUMERO DE HIJOS	0.83521	0.58860	0.27936
DIAS A FLOR	0.58506	0.33369	0.47076

CUADRO 18 ESTIMACION DE LAS CORRELACIONES GENETICAS (r_A) (MITAD SUPERIOR DERECHA) Y FENOTIPICAS (r_p) (MITAD INFERIOR IZQUIERDA) ENTRE SIETE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS DE LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A. EVALUADAS EN 24,000 PLANTAS/HECTAREA CALCULADAS A PARTIR DE LOS ANALISIS DE VARIANCIAS Y COVARIANCIAS.

	<u>RENDIMIENTO</u>	<u>HUMEDAD</u>	<u>ALT. PLTA.</u>	<u>ALT. MAZ.</u>	<u>No. MAZ.</u>	<u>No. HIJOS</u>	<u>DIAS A FLOR</u>
<u>RENDIMIENTO</u>			0.29492**	0.41020**	0.88818**	0.51448**	0.17198**
<u>HUMEDAD</u>			- 0.03311	0.04385	- 0.17410**	0.14786**	0.33746**
<u>ALT. PLTA.</u>	- 0.16235**	0.18464**		0.58628**	0.23155**	0.21611**	0.20454**
<u>ALT. MAZ.</u>	0.09498*	0.16451**	0.63528**		0.37491**	0.06589	0.53374**
<u>No. MAZ.</u>	0.67373**	0.02104	- 0.05904	0.17069**		0.76699**	0.00142
<u>No. HIJOS</u>	0.57450**	0.15200**	- 0.04085	0.16517**	0.51807**		- 0.04664
<u>DIAS A FLOR</u>	- 0.10862*	0.29867**	0.13051**	0.13397**	0.01164	- 0.15151**	

* SIGNIFICATIVO ESTADISTICAMENTE AL NIVEL 5%

** SIGNIFICATIVO ESTADISTICAMENTE AL NIVEL 1%

CUADRO 19 ESTIMACION DE LAS CORRELACIONES GENETICAS (r_A) (MITAD SUPERIOR DERECHA) Y FENOTIPICAS (r_p) (MITAD INFERIOR IZQUIERDA) ENTRE SIETE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS DE LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A. EVALUADAS EN 72,000 PLANTAS/HECTAREA CALCULADAS A PARTIR DE LOS ANALISIS DE VARIANCIAS Y COVARIANCIAS.

	<u>RENDIMIENTO</u>	<u>HUMEDAD</u>	<u>ALT. PLTA.</u>	<u>ALT. MAZ.</u>	<u>No. MAZ.</u>	<u>No. HIJOS</u>	<u>DIAS A FLOR</u>
<u>RENDIMIENTO</u>			0.10183*	0.20440**	0.62555**	- 0.08305	- 0.10466*
<u>HUMEDAD</u>			0.11465*	- 0.00980	- 0.38516**	0.02577	0.11992**
<u>ALT. PLTA.</u>	0.14812**	0.12511**		0.43955**	0.11341*	0.15292**	0.26717**
<u>ALT. MAZ.</u>	0.07238	0.32901**	0.72380**		0.39807**	- 0.10305*	0.49234**
<u>No. MAZ.</u>	0.67024**	0.21167**	0.02161	0.02910		- 0.19041**	- 0.10625*
<u>No. HIJOS</u>	0.44584**	0.04601	- 0.20405**	- 0.20241**	0.55329**		0.26837**
<u>DIAS A FLOR</u>	- 0.22566**	0.42330**	0.26544**	0.35069**	- 0.04513	- 0.00377	

* SIGNIFICATIVO ESTADISTICAMENTE AL NIVEL 5%

** SIGNIFICATIVO ESTADISTICAMENTE AL NIVEL 1%

CUADRO 20 CORRELACIONES GENÉTICAS (r_A) (MITAD SUPERIOR DERECHA) Y FENOTÍPICAS (r_P) (MITAD INFERIOR IZQUIERDA) ENTRE SIETE CARACTERÍSTICAS AGRONÓMICAS DE LA VARIEDAD DE MAÍZ C.I.P.A. OBTENIDAS DE LOS ANÁLISIS DE VARIANCIAS Y COVARIANCIAS COMBINADO PARA LAS DOS DENSIDADES DE SIEMBRA.

	<u>RENDIMIENTO</u>	<u>HUMEDAD</u>	<u>No. MAZ.</u>	<u>No. HIJOS</u>	<u>DIAS A FLOR</u>	<u>ALT. PLTA.</u>	<u>ALT. MAZ.</u>
<u>RENDIMIENTO</u>		- 0.24730**	0.74627**	0.19869**	0.11600**	0.25928**	0.43439**
<u>HUMEDAD</u>	0.11772**		- 0.28360**	0.00907	0.28781**	- 0.01431	0.02506
<u>No. MAZ.</u>	0.68042**	0.06475*		0.39604**	0.20009**	0.17946**	0.52308**
<u>No. HIJOS</u>	0.49483**	0.13300**	0.48343**		0.29903**	0.13140**	0.10651**
<u>DIAS A FLOR</u>	- 0.14301**	0.41307**	- 0.02428	- 0.10049		0.21725**	0.50467**
<u>ALT. PLTA.</u>	- 0.06031	0.17072**	- 0.6013**	0.00161	0.20868**		0.50259**
<u>ALT. MAZ.</u>	0.09684**	0.26044**	0.13779**	0.12946**	0.27008**	0.73548**	

* SIGNIFICATIVO ESTADÍSTICAMENTE AL NIVEL 5%

** SIGNIFICATIVO ESTADÍSTICAMENTE AL NIVEL 1%

CUADRO 21 ESTIMACION DE CORRELACIONES GENETICAS (r_A) ENTRE PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS DE LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A.

<u>CARACTERES CORRELACIONADOS</u>	<u>PLANTAS/HECTAREA</u>		<u>COMBINADO</u>
	<u>24,000</u>	<u>72,000</u>	
REND. - ALT. PLTA.	0.29492**	0.10183*	0.25928**
REND. - ALT. MAZ.	0.41020**	0.20440**	0.43439**
REND. - No. MAZ.	0.88818**	0.62555**	0.74627**
ALT. PLTA. - ALT. MAZ.	0.58628**	0.43955**	0.50259**
ALT. PLTA. - No. MAZ.	0.23155**	0.11341*	0.17946**
ALT. PLTA. - No. HIJOS	0.21611**	0.15292**	0.13140**
ALT. PLTA. - DIAS A FLOR	0.20454**	0.26717**	0.21725**
ALT. MAZ. - No. MAZ.	0.37491**	0.39807**	0.52308**
ALT. MAZ. - DIAS A FLOR	0.53374**	0.49234**	0.50467**
HUM. - No. HIJOS	0.14786**	0.02577	0.00907
HUM. - DIAS A FLOR	0.33746**	0.11992**	0.28781**
HUM. - No. MAZ.	- 0.17410**	- 0.38516**	- 0.28360**
REND. - No. HIJOS	0.51448**	- 0.08305	0.19869**
REND. - DIAS A FLOR	0.17198**	- 0.10466*	0.11600**
ALT. MAZ. - No. HIJOS	0.06589	- 0.10305*	0.10651**
No. MAZ. - No. HIJOS	0.76699**	- 0.19041**	0.39604**
No. MAZ. - DIAS A FLOR	0.00142	- 0.10625*	0.20009**
HUM. - ALT. MAZ.	0.004385	- 0.00980	0.02506
HUM. - ALT. PLTA.	- 0.03311	0.11465*	- 0.01431
No. HIJOS - DIAS A FLOR	- 0.04664	0.26837**	- 0.29903**

* SIGNIFICATIVO ESTADISTICAMENTE AL NIVEL 5%

** SIGNIFICATIVO ESTADISTICAMENTE AL NIVEL 1%

CUADRO 22 ESTIMACION DE CORRELACIONES FENOTIPICAS (r_p) ENTRE PARES DE CARACTERISTICAS AGRONOMICAS DE LA VARIEDAD DE MAIZ C.I.P.A.

<u>CARACTERES CORRELACIONADOS</u>	<u>PLANTAS/HECTAREA</u>		<u>COMBINADO</u>
	<u>24,000</u>	<u>72,000</u>	
REND. - ALT. MAZ.	0.09498*	0.07238	0.09684**
REND. - No. MAZ.	0.67373**	0.67024**	0.68042**
REND. - No. HIJOS	0.57450**	0.44584**	0.49483**
HUM. - ALT. PLTA.	0.18464**	0.12511**	0.17072**
HUM. - ALT. MAZ.	0.16451**	0.32901**	0.26044**
HUM. - No. MAZ.	0.02104	0.21167**	0.06475*
HUM. - No. HIJOS	0.15200**	0.04601	0.13300**
HUM. - DIAS A FLOR	0.29867**	0.42330**	0.41307**
ALT. PLTA. - ALT. MAZ.	0.63528**	0.72380**	0.73548**
ALT. PLTA. - DIAS A FLOR	0.13051**	0.26544**	0.20868**
ALT. MAZ. - No. MAZ.	0.17069**	0.02910	0.13779**
ALT. MAZ. - DIAS A FLOR	0.13397**	0.35069**	0.27008**
No. MA. - No. HIJOS	0.51807**	0.55329**	0.48343**
REND. - DIAS A FLOR	- 0.10862*	- 0.22566**	- 0.14301**
ALT. PLTA. - No. HIJOS	- 0.04085	- 0.20405**	0.00161
No. HIJOS - DIAS A FLOR	- 0.15151**	- 0.00377	- 0.10049**
REND. - ALT. PLTA.	- 0.16235**	0.14812**	- 0.06031
ALT. PLTA. - No. MAZ.	- 0.05904	0.02161	- 0.60130
ALT. MAZ. - No. HIJOS	0.16517**	-0.20241**	0.12946**
No. MAZ. - DIAS A FLOR	0.01164	-0.04513	-0.02428

* SIGNIFICATIVO ESTADISTICAMENTE AL NIVEL 5%

** SIGNIFICATIVO ESTADISTICAMENTE AL NIVEL 1%

CUADRO 23 RESPUESTA CORRELATIVA PARA ALGUNAS CARACTERISTICAS AGRONOMICAS CUANDO SE SELECCIONA PARA RENDIMIENTO

P L A N T A S P O R H E C T A R E A

24,000

72,000

<u>ALT. PLTA.</u>	<u>DIAS A FLOR</u>	<u>ALT. PLTA.</u>	<u>DIAS A FLOR</u>
0.03948cm.	0.02302 días	0.00924 cm.	-0.00956 días

CUADRO 24 RESPUESTA CORRELATIVA PARA ALGUNAS CARACTERISTICAS AGRONOMICAS CUANDO SE SELECCIONA PARA EL NUMERO DE MAZORCAS

P L A N T A S P O R H E C T A R E A

24,000

72,000

<u>ALT. PLTA.</u>	<u>DIAS A FLOR</u>	<u>ALT. PLTA.</u>	<u>DIAS A FLOR</u>
0.03698cm.	0.00022 días	0.01172cm.	-0.01109 días

CUADRO 25

RESPUESTA DIRECTA DE RENDIMIENTO
BAJO SELECCION ENTRE FAMILIAS DE
MEDIOS HERMANOS

<u>PLANTAS POR HECTAREA</u>	
<u>24,000</u>	<u>72,000</u>
0.56362 grs.	0.18313 grs.

RESPUESTA CORRELATIVA DE RENDIMIEN-
TO CUANDO SE SELECCIONA PARA NUMERO
DE MAZORCAS

<u>PLANTAS POR HECTAREA</u>	
<u>24,000</u>	<u>72,000</u>
0.67639 grs.	0.14625 ^o grs.

CUADRO 26

RESPUESTA DIRECTA DE NUMERO DE
MAZORCAS BAJO SELECCION ENTRE
FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS

<u>PLANTAS POR HECTAREA</u>	
<u>24,000</u>	<u>72,000</u>
0.16862maz.	0.03352maz.

RESPUESTA CORRELATIVA DE NUMERO
DE MAZORCAS CUANDO SE SELECCIONA
PARA RENDIMIENTO

<u>PLANTAS POR HECTAREA</u>	
<u>24,000</u>	<u>72,000</u>
0.15667maz.	0.02480maz.

CUADRO 27 EFICIENCIA RELATIVA DE LA SELECCION INDIRECTA EN EL RENDIMIENTO A TRAVES DE LA SELECCION POR NUMERO DE MAZORCAS, CON LA SELECCION DIRECTA

<u>PLANTAS POR HECTAREA</u>	
<u>24,000</u>	<u>72,000</u>
1.20000	0.79860

CUADRO 28 EFICIENCIA RELATIVA DE LA SELECCION INDIRECTA EN EL NUMERO DE MAZORCAS A TRAVES DE LA SELECCION POR RENDIMIENTO, CON LA SELECCION INDIRECTA

<u>PLANTAS POR HECTAREA</u>	
<u>24,000</u>	<u>72,000</u>
0.92911	0.73989

V. DISCUSION

Uno de los objetivos planteados en este trabajo de investigación fué obtener estimaciones de los parámetros genéticos de ciertos caracteres agronómicos de la población de maíz C.I.P.A. en dos ambientes diferentes (densidad de siembra alta y baja).

Los resultados de las estimaciones de variancia aditiva (σ^2_A) obtenidos para cada una de las densidades de siembra consideradas, fueron significativamente diferentes de cero, lo que indica la alta variabilidad genética heredable que existe en la población estudiada. Las estimaciones de variancia dominante (σ^2_D) son en su mayoría menores que el error standard, habiendo algunos valores negativos. En este Diseño I las estimaciones de variancia aditiva y dominante no son independientes -- dado que muchos cuadrados medios participan por igual en ambas estimaciones. Algunas de las causas que posiblemente han influido para obtener estos resultados se analizan a continuación.

1. El número de plantas hembras usado por cada planta macho. Márquez-Sánchez y Hallauer (1970a, 1970b) dicen que si la población base no es muestrada suficientemente aparecerán variancias dominantes negativas. Concluyen que el mínimo de hembras a usar por macho es cuatro y que lo ideal es usar 6 ó 8 hembras por macho. En este caso se usaron 2 hembras por macho.
2. Dentro de las suposiciones necesarias para estimar paráme--

tros genéticos la que se refiere al equilibrio de ligamiento es factible que no se esté cumpliendo. Esta población formada por muchas razas de maíz ha tenido solamente una oportunidad de polinizarse libremente, por lo tanto la mayoría de los grupos de ligamiento permanecen sin romperse y en consecuencia debe existir un total desequilibrio de ligamiento.

Robinson y Comstock (1955) estudian el efecto del desequilibrio de ligamiento en la estimación de la variancia aditiva y dominante.

Si $\sigma_m^2 = 1/4 \sigma_A^2$ y $\sigma_h^2 = \sigma_m^2 + 1/4 \sigma_D^2$ entonces el efecto de ligamiento debe sumarse a estas estimaciones de la siguiente manera:

$$\sigma_m^2 = 1/4 \sigma_A^2 + L_1$$

$$\sigma_h^2 = \sigma_m^2 + 1/4 \sigma_D^2 + L_2$$

donde:

$$L_1 = \sum_{i,j} \Delta_{ij} \left[1 + (1-2q_i)a_i \right] \left[1 + (1-2q_i)a_j \right] u_j u_i$$

$$L_2 = 2 \sum_{i,j} \Delta_{ij}^2 a_i u_i a_j u_j$$

$\Delta_{ij} = (\text{Acpo.} - \text{Rep.})_{ij}$ diferencia de frecuencia gamética entre la fase de acoplamiento y repulsión respectivamente de los loci i y j .

$u_i = 1/2$ de la diferencia entre los efectos de los genotipos homocigotes en el loci i

$u_i a_i =$ desviación de los genotipos heterocigotos en relación a la media de dos homocigotos.

Quiere decir que para la estimación de σ_A^2 el nivel del sesgo por ligamiento es $4 L_1$; será positivo si hay exceso de fases de acoplamiento y negativo si la frecuencia de fases de repulsión es mayor.

Cuando estimamos σ_D^2 el grado del sesgo que produce el ligamiento es $4 L_2$ y éste será o igual a cero si $a=0$ (no dominancia) o positivo si $a > 0$ (dominancia completa, parcial, o sobredominancia). De acuerdo a esto los resultados de σ_D^2 tendrían que estar sobrestimados debido al desequilibrio de ligamiento. Como las estimaciones de σ_D^2 de este Diseño I son pequeñas y algunas veces negativas, pienso que no están sobrestimadas, por lo tanto el desequilibrio de ligamiento no produce un sesgo importante en la estimación de los parámetros genéticos.

3. La interacción genotipo-ambiente puede aumentar el error de las estimaciones. Este trabajo de investigación se realizó en un año, a dos densidades diferentes que se tomaron como ambientes distintos. De esta manera se tiene solamente estimación de interacción genotipo-localidad sin posibilidad

de tener estimaciones de segundo orden que generalmente son las más significativas. Esto hace que el cuadrado medio -- que contiene el componente σ_m^2 no posea las diferentes interacciones genotipo-ambiente y por lo tanto se está sobrestimando la σ_m^2 y así obtengamos valores muy pequeños y a veces negativos de σ_D^2 .

4. En estudios de Diseño I se asume ausencia de epistasis por lo tanto ésta puede ser una fuente de sesgo en las estimaciones de los parámetros genéticos.

Si existe epistasis, ligamiento en equilibrio y $F=0$,

$$4\sigma_m^2 = \sigma_A^2 + (1/4)\sigma_{AA}^2 + (1/16)\sigma_{AAA}^2 + \dots \text{ y } 4(\sigma_h^2 - \sigma_m^2) = \sigma_D^2 + (1/2)\sigma_{AA}^2 + (1/2)\sigma_{AD}^2 + (1/2)\sigma_{DD}^2 + \dots$$

Si hubiera epistasis se sobrestimaría más la σ_D^2 , que la σ_A^2 cosa que no sucedió en la estimación de los parámetros genéticos de la población C.I.P.A. por lo que la epistasis no ha producido un sesgo en la estimación de los parámetros en esta población.

5. La posibilidad de que exista apareamiento asortativo produce un sesgo en la estimación de σ_D^2 . Al respecto Lindsey, Lonquist y Gardner (1955) estiman parámetros genéticos de dos variedades de maíz (Krug Yellow Dent y Hays Golden) en ciertas características agronómicas a través de un Diseño I.

En 1955 las plantas que oficiaron de macho y de hembra se sembraron en la misma fecha. En 1956 las plantas macho se sembraron una semana más tarde que las plantas hembras. Las estimaciones de G^2_A en 1957 fueron consistentemente menores que en 1956 para todos los caracteres en ambas variedades - mientras que las estimaciones de G^2_D en 1957 fueron consistentemente más altas que las correspondientes a 1956.

En este trabajo las plantas macho de la población C.I.P.A., se sembraron en la misma fecha que las hembras por lo que la *panmixia* en los apareamientos debe haber influido también para obtener estimaciones de G^2_D muy bajas.

Falconer (1960) menciona que las causas de correlación genética pueden ser la pleiotropía y el ligamiento. El ambiente también puede intervenir en la correlación referido a que dos caracteres estén influenciados por las mismas diferencias de condiciones ambientales.

En nuestro caso es lógico pensar que el ligamiento sea un factor importante en la correlación entre ciertos caracteres de la población C.I.P.A. Las correlaciones genéticas se muestran ordenadas en el Cuadro 21. Los caracteres cuyas correlaciones no cambian de signo en las diferentes densidades son afectados de igual manera por el ambiente. La asociación entre rendimiento y número de mazorcas es positiva y altamente significativa (0.888 y 0.625 para baja y alta densidad respectivamente) al igual que para altura de planta y días a flor (0.2045 y 0.2671 para --

baja y alta densidad respectivamente). No ocurre ésto con aquellas correlaciones que cambian de signo en las diferentes densidades. Esto quiere decir que la interacción aditivo por densidad, afecta las correlaciones haciendo variar su magnitud y su signo. A una densidad de 24,000 plantas por hectárea los genotipos que más rindieron tuvieron más hijos (0.51448), mientras que a 72,000 plantas por hectárea los más rendidores tuvieron menos número de hijos (-0.08305). A baja densidad hay espacio suficiente como para que todos los genotipos, tanto los agresivos como los que no lo son, tengan oportunidad de aprovechar la luz, el CO_2 , el agua y los nutrientes del suelo. A alta densidad solamente los genotipos agresivos (aquellos con mayor velocidad de crecimiento) serán capaces de aprovechar antes los factores de crecimiento disponibles y son los que concentran su producción en el tallo principal solamente. Esto se reafirma con los datos de correlación genética entre número de mazorcas y número de hijos dado que a baja densidad todos los hijos tienen capacidad de producir mazorcas (0.76699) pero bajo condiciones de alta competencia (alta densidad) plantas que tienen muchos hijos no son las que producen más mazorcas (-0.19041); vale decir que hay tallos sin mazorcas dada la imposibilidad real que tiene la planta de producirlas.

A 24,000 plantas por hectárea las más rendidoras son las más tardías (0.17198), mientras que a alta densidad las de menor ciclo de desarrollo son las más productivas (-0.10466). Esto está de acuerdo con lo dicho anteriormente y con los resultados de correlación entre número de mazorcas y días a flor en el --

sentido de que a alta densidad los genotipos que producen más mazorcas (los más rendidores) son los más precoces (-0.10625).

Los principales resultados reportados en selección masal, se refieren básicamente a poblaciones evaluadas en densidades no mayores a 35,000 plantas por hectárea; bajo estas condiciones los materiales seleccionados, a pesar de ser los más rendidores, son los más tardíos por lo que en ambientes donde la competencia por los factores de crecimiento fuese alta no responderían a las expectativas esperadas.

Si, implementada la metodología de mejoramiento a aplicar en esta población, lo hicieramos a alta densidad, seleccionaríamos los materiales más precoces (y de menor altura) dado que son ellos los más capacitados para maximizar en el menor tiempo posible las condiciones ambientales existentes. Además estaríamos igualando en lo posible nuestro medio ambiente con las condiciones reales en las que esos materiales se explotarán con fines comerciales.

De acuerdo a las correlaciones genéticas antes analizadas y a que las heredabilidades de todos los caracteres; menos altura de mazorca; son mayores en 24,000 plantas por hectárea se espera que seleccionando bajo estas condiciones obtengamos ganancias mayores pero con las consecuencias ya señaladas. De acuerdo a los resultados de este trabajo, en la población C.I.P.A. (compuesta de maíces con altura normal), sería más beneficioso seleccionar en densidades más altas para ocupar--

nos de los genotipos más precoces de menor altura y capaces - de producir más en menos tiempo con la seguridad de no estar alargando el ciclo de desarrollo de esta población.

La respuesta correlativa de un carácter es función de las heredabilidades y de la correlación genética.

En el Cuadro 23 se observa que seleccionando para rendimiento, la altura de planta se incrementa 0.03024 cms. menos cuando - ésto se realiza a alta densidad en comparación a los resultados obtenidos en baja densidad. Se ve además que seleccionar para rendimiento a alta densidad produce una disminución en el ciclo vegetativo del material utilizado. Lo mismo sucede en - estas características agronómicas cuando seleccionamos por número de mazorcas dada la importancia fundamental de esta variable como componente del rendimiento.

Bajo selección entre familias de medios hermanos se obtendrán más ganancias en rendimiento seleccionando por número de mazorcas a una densidad de 24,000 plantas por hectárea (0.67639 gr.). A densidad alta la interacción genotipo-ambiente hace que la - correlación genética entre rendimiento y número de mazorcas, - así como las heredabilidades, cambien en algo sus magnitudes y sea 21% más eficiente seleccionar directamente por rendimiento.

VI. RESUMEN Y CONCLUSIONES

Los propósitos básicos de este trabajo de investigación fueron obtener estimaciones de parámetros y correlaciones genéticas - así como respuesta a la selección directa e indirecta de ciertas características agronómicas de una población de maíz - - - C.I.P.A. evaluadas en dos densidades de siembra (24,000 y - -- 72,000 plantas por hectárea) a través de un Diseño I, en el -- año 1967.

Los resultados de los análisis de variancia individual para -- cada densidad de siembra indican, para todos los caracteres, - una alta variancia aditiva.

Todas las estimaciones de variancia dominante fueron pequeñas y algunas negativas. Esto sugiere que ciertas suposiciones necesarias para la correcta estimación de los parámetros genéticos no se cumplen, o que el error de muestreo, la interacción genotipo por medio ambiente o el hecho de que exista apareamiento asortativo producen un sesgo en las estimaciones.

Los resultados de correlación genética indican que hay caracteres como rendimiento y número de mazorcas que cambian poco en las dos densidades debido a que el ambiente los afecta de igual manera; mientras que las correlaciones genéticas entre rendimiento y número de hijos; rendimiento y días a flor; altura de mazorcas y número de hijos; número de mazorcas y número de hijos; número de mazorcas y días a flor y humedad y altura de mazorca

son positivas a 24,000 plantas por hectárea y negativas a alta densidad. La interacción genotipo por ambiente produce este cambio de signo y magnitud y hace que a mayor densidad los genotipos más rendidores sean los más precoces y los que concentran su producción en el tallo principal.

La respuesta correlativa en altura de planta y días a flor cuando seleccionamos para rendimiento o número de mazorcas muestra que a alta densidad hay un menor incremento en altura y una disminución en el ciclo de desarrollo en comparación a los resultados obtenidos en baja densidad. A pesar que a 24,000 plantas por hectárea es más eficiente seleccionar por número de mazorcas para tener mayores ganancias en rendimiento, los resultados de este trabajo de investigación tienden a señalar que en esta población es más beneficioso seleccionar a densidades de siembra más altas a efecto de evitar incrementar la altura de planta y alargar su ciclo de desarrollo. De esta forma tendríamos genotipos que bajo condiciones de alta competencia son capaces de maximizar las condiciones ambientales en las que se desarrollarán.

VI. BIBLIOGRAFIA

- Cochran, W. G. 1951. Testing a linear relation among variances. *Biometrics* 7 : 17 - 32.
- Comstock, R. E., and H. F. Robinson. 1948. The components of genetic variance in populations. *Biometrics* 4: 254 - 266.
- Cortés Mendoza, H. 1977. Evaluation of ten generations of divergent mass selection for ear length in Iowa, Long Ear Synthetic of maize (Zea mays, L.). Ph. D. Thesis. Iowa State University, Ames, Iowa.
- Dickerson, G. E. 1961. Biological interpretation of the genetic parameters of populations. *Nat. Ac. Sci. Nat. Res.* Washington, D. C. pag. 21 - 33.
- Empig, L. T., C. O. Gardner and W. A. Compton. 1971. Theoretical gains for different population improvement procedures. *Nebraska Agric. Exp. Sta. mix. Publ.* 26 pag. 3 - 22.
- Falconer, D. S. 1960. *Introduction to quantitative Genetics.* Oliver and Boyd Edimburg, Scotland.
- Fisher, R. A. 1918. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. *Trans. Roy. Soc. Edin.* 52: 399 - 433.
- Gardner, C. O. 1961. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. *Crop Sci.* 1 : 241 - 245.

- Gardner, C. O. 1969. The role of mass selection and mutagenic treatment in modern corn breeding. Proc. 24 th. Annual Corn Res. Conf. 1969 : 15 - 21.
- Gardner, C. O., P. H. Harvey, R. E. Comstock and H. F. Robinson. 1953. Dominance of genes controlling quantitative characters in maize. Agron. J. 45 : 186 - 191.
- Hallauer, A. R. and J. H. Sears. 1969. Mass selection for yield in two varieties of maize. Crop Sci. 9 : 47 - 50.
- Hanson, C. H., H. F. Robinson and R. E. Comstock. 1956. Biometrical studies of yield in segregating populations of korean Lespedeza. Agron. J. 48: 268 - 272.
- Jones, G. L., D. F. Matzinger and W. K. Collins. 1960. A comparison of fluecured tobacco varieties repeated over locations and years with implications on - optimum plot allocation. Agron. J. 52: 195-199.
- Lonnquist, J. H. 1967. Mass selection for prolificacy in maize. Der Züchter. 37: 185 - 188.
- Lindsey, M. F., J. H. Lonnquist and C. O. Gardner. 1962. Estimates of genetic variance in open-pollinated varieties of cornbelt corn. Crop Sci. 2: 105 - 108.
- Márquez Sánchez, F., and A. R. Hallauer. 1970 a. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I. Grain yield. Crop Sci. 10: 357 - 361.
- Márquez Sánchez F., and A. R. Hallauer. 1970 b. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. II. Plant and ear characters. Iowa State J. Sci. 44:423-436.

- Miller, P. A., J. C. Williams, H. F. Robinson and R. E. Comstock. 1958. Estimates of genotypic and environmental variances and covariences in upland cotton and their implications in selection. *Agron. J.* 50: 126 - 131.
- Miller, P. A., J. C. Williams and H. F. Robinson. 1959. Variety x environment interactions in cotton variety test and their implications on testing methods. *Agron. J.* 51: 132-134.
- Robinson, H. F., R. E. Comstock and P. H. Harvey. 1949. Estimates of heritability and degree of dominance in corn. *Agron. J.* 41: 353 - 359.
- Robinson, H. F., R. E. Comstock and P. H. Harvey. 1951. Genotypic and Phenotypic correlations in corn and their implication in selection. *Agron. J.* 43: 282 - 287.
- Robinson, H. F., R. E. Comstock and P. H. Harvey. 1955. Genetic variances in open-pollinated varieties of corn. *Genetics.* 40: 45 - 60.
- Robinson, H. F. y C. C. Cockerham. 1965. Estimación y significado de los parámetros genéticos. *Fitotecnia - latinoamericana* No. 3.
- Satterthwaite, F. E. 1946. An approximate distribution of estimates of variance components. *Biometrics.* 2: 110 - 114.
- Sprague, G. F. and W. T. Federer. 1951. A comparison of variance components in corn yield trials: II Error, - year x variety, location x variety and variety components. *Agron. J.* 43: 535 - 541.