

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO



Caracterización Genética de una Población de Maíz Blanco
Mediante el Diseño I Carolina del Norte

Por:

TEODORO JACOBO HERNÁNDEZ

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Saltillo, Coahuila, México.

Febrero 2015

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO

Caracterización Genética de una Población de Maíz Blanco

Mediante el Diseño I Carolina del Norte

Por:


TEODORO JACOBO HERNÁNDEZ

TESIS


Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN


Aprobada



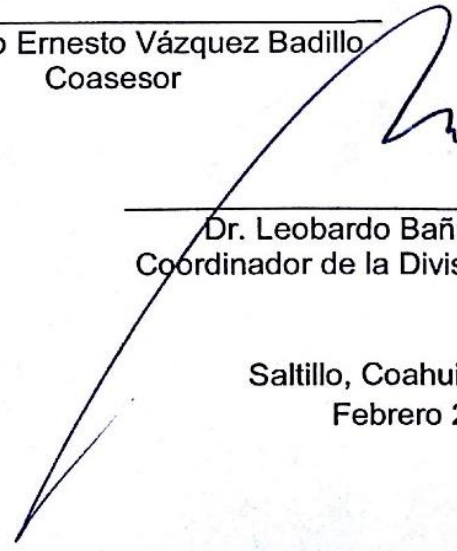
Dr. Humberto De León Castillo
Asesor Principal




Dr. Mario Ernesto Vázquez Badillo
Coasesor



Ing. Raúl Gándara Huitrón
Coasesor



Dr. Leobardo Bañuelos Herrera
Coordinador de la División de Agronomía


División
Agronomía

Saltillo, Coahuila, México

Febrero 2015

*La agricultura es la profesión propia del sabio,
la más adecuada al sencillo y la ocupación más
digna para todo hombre libre.*

Cicerón

AGRADECIMIENTOS

A DIOS: Por otorgarme el privilegio de vivir y siempre guiarme, por permitirme culminar esta etapa de mi vida que es concluir mis estudios profesionales siempre con salud paciencia, fortaleza y perseverancia. Por todas las bendiciones recibidas “Gracias maestro”

A MI ALMA MATER: Por darme la oportunidad de realizarme como profesionista por acogerme como un hijo más y proveerme de los conocimientos necesarios para mi desarrollo profesional.

AL DR.HUMBERTO DE LEÓN CASTILLO: Por la confianza brindada para la realización de este trabajo de tesis por la paciencia, amistad los consejos y conocimientos que adquirí a través de usted muchas gracias. Dios lo bendiga siempre.

AL DR. MARIO ERNESTO VÁZQUEZ BADILLO: Por estar en la mejor disposición en la revisión de este trabajo de investigación así como sus aportaciones , gracias por la amistad y consejos brindados por esas palabras de aliento que siempre nos transmitió muchas gracias

AL ING. RAÚL GÁNDARA HUITRÓN: Por la colaboración en este trabajo durante la toma de datos así como los consejos y amistad brindada durante mi estancia en la universidad

AL DR. VALENTIN ROBLEDO TORRES: por la amistad y apoyo brindado durante la carrera así como la participación en este trabajo de investigación.

A todos los maestros que a lo largo de mi vida académica han contribuido en gran medida en mi formación, gracias por sus enseñanzas tiempo dedicación y conocimientos transmitidos

Correo Electrónico: Teodoro Jacobo Hernandez jac_her_17@hotmail.com

A LA FAMILIA MARTINEZ PINEDA: Por el cariño y afecto brindado por darme un hogar aun sin conocerme y hacerme sentir parte de su familia, gracias.

A LA ING. MARTHA ELENA RODRÍGUEZ MONTOYA: Gracias por el tiempo que me permitió colaborar con usted durante mis prácticas profesionales, aprendí demasiado gracias por todo el apoyo, paciencia pero sobre todo por la amistad.

A LA PROFESORA: ERENDIRA MORALES CANO: Gracias por ser un apoyo incondicional durante mi carrera por siempre confiar en mí, por todos estos años de amistad, lo logramos. Siga así con ese profesionalismo que la caracteriza.

A ESA GRAN FAMILIA MIS COMPAÑEROS Y AMIGOS DE LA GENERACIÓN “CXVIII”: Vero, Mary, Dulce Corazón (comare), Liz, Melissa, Sara, Icela, Lalo (primo), Arturo (compare), Bofo, Víctor, Emir (compare), Vela, Treviño, Luis, Chuster, Chispa, Rodo, Tello, Nery, Coque, Many, Minchez, Enrique, Chilo, Fay, Gachu, Elver, Juan Gerardo, Andres, Gacela, Eduardo Alonso, Mochis, Jaime, Willi, Fabián, Mozo, Carrillo, Dr. Cadenas, Bonilla. ¡Éxito colegas!

A ti muy en especial, **IRMA LETICIA RUIZ GALINDO:** por tu amistad e inmenso cariño por ser mi apoyo incondicional y estar siempre, a tu lado pase momentos tanto de alegría como de tristeza en pocas palabras momentos maravillosos los mejores momentos de mi vida, estaré eternamente agradecido contigo, con Dios y con la vida porque existes “LETHA”.

Agradezco a todas aquellas personas que en su momento me brindaron su amistad y apoyo incondicional: Gaby, Gisela, Yessi, Puc, Regalado, Sergio, Ricardo, Javi, Rafa, Arredondo, Juan Carlos. Gracias, Dios los colme de bendiciones y éxito.

A mis compañeros y amigos de dormitorio palomares 3 cuarto 10: Ing. Andi Gadiel, Ing. Wani, Ing. Jaime, Jordan, Melchor, Idamar, Angel. De igual manera al Ing. Joaquin, Ing. Jayro, Ing. Pastrana, Ing. Juan Carlos, Manuel. Inolvidables experiencias en ese nuestro hogar por mucho tiempo.

DEDICATORIA

A MIS PADRES

EUFROCINO JACOBO LARA ANDREA HERNANDEZ GOMEZ

Con cariño admiración y respeto porque gracias a sus sabios consejos y su inigualable amor de padres hoy se culmina una meta en nuestras vidas: Mi carrera profesional ustedes mi fuerza, mi inspiración y mi guía.

A MI PADRE: Gracias por todo el apoyo que siempre me has dado, por creer en mí, darme la confianza y fuerza necesaria para lograr mis metas por esas palabras de aliento, sabios consejos por ser un ejemplo y procurar dar lo mejor a nuestra familia con tu trabajo y esfuerzo, por enseñarme a amar el campo gracias PA'.

A MI MADRE: Gracias por darme la vida misma por todo ese amor, cariño y comprensión que de ti he recibido. Por siempre procurar nuestra felicidad y bienestar el que sea una persona de bien, hacer con amor y dedicación las cosas que amamos. Todos esos esfuerzo invaluable que has hecho para superar las adversidades que siempre han estado presentes en nuestra vida te amo MA'

A MIS HERMANOS: ANDREA, MARIA DE LA PAZ, JULIA Y GERARDO

Gracias por estar siempre conmigo, por creer en mí, hemos compartido tantos y tantos momentos en nuestra familia, alegrías, tristezas pero aquí seguimos siempre hacia al frente como la familia que somos, es grato saber que siempre contare con ustedes, muy en especial a ti carnal por compartir el gusto, pasión y amor por la agronomía este logro también es tuyo ¡claro que si se puede!

A MIS SOBRINOS: ALEJANDRA, JULIETA, JESUS EMMANUEL, MIGUEL, IRAM ANDREY Y ESE ANGELITO QUE VIENE EN CAMINO. Por llenar nuestro hogar de alegría, risas y travesuras por hacernos pasar momentos tan particulares con sus ocurrencias les deseo que en la vida sean felices y siempre luchen por sus sueños.

A MIS ABUELOS

SEVERIANO JACOBO MIRON MARGARITA LARA VELAZQUEZ (†)
GUADALUPE HERNANDEZ GUTIERREZ (†) ROSA GOMEZ GARCIA

A ustedes que ya no están entre nosotros pero vivirán en nuestro corazón por siempre, sé que desde donde estén cuidan de mis pasos. A los que Dios me concede la dicha de tenerlos conmigo gracias por ese cariño y apoyo por siempre estaré eternamente agradecido.

Y nuevamente a ti **IRMA LETICIA RUIZ GALINDO** por todos los gratos momentos compartidos en este trayecto de nuestras vidas.

ÍNDICE DE CONTENIDO

	ÍNDICE DE CUADROS.....	viii
I.	INTRODUCCIÓN	1
	Objetivos	3
	Hipótesis	3
II.	REVISIÓN DE LITERATURA	4
	Maíces criollos	4
	Mejoramiento poblacional	8
	Diseños genéticos.....	9
	Diseño I carolina del norte	10
	Componentes de varianza	11
	Heredabilidad	13
	Índices de selección.....	14
III.	MATERIALES Y METODOS.....	17
	Material genético	17
	Evaluación	17
	Labores culturales.....	18
	Variables evaluadas.....	19
	Diseño experimental	22
	Análisis estadístico del Diseño I Carolina del Norte.....	23
	Estimación de parámetros genéticos	25
	Estimación de la heredabilidad	26
	Índices de selección.....	26
IV.	RESULTADOS Y DISCUSIÓN	29
	Componentes de varianza	29
	Índices de selección	35
V.	CONCLUSIONES	40
VI.	RESUMEN.....	41
VII.	LITERATURA CITADA	42

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadros:

3.1	Estructura del análisis de varianza para el Diseño I Carolina del Norte	24
4.1	Cuadrados medios del análisis de varianza de 10 variables agronómicas evaluadas	29
4.2	Concentración de los estimados de la varianza de machos y de hembras dentro de machos para las 10 variables agronómicas evaluadas	32
4.3	Estimados de la varianza aditiva y de dominancia para 10 variables evaluadas	33
4.4	Estimados de heredabilidad h^2 para las 11 variables agronómicas evaluadas	34
4.5	Análisis de varianza de 220 familias. Utilizando como variable de respuesta índice de selección	35
4.6	Tabla de concentración de 220 familias con su índice de selección correspondiente.....	36
4.7	Familias estadísticamente superiores acompañados de sus valores fenotípicos y promedios de IS	38

I. INTRODUCCIÓN

El maíz es la principal especie cultivada en México, al ocupar anualmente una superficie de siembra de alrededor de 8.5 millones de hectáreas. Se producen alrededor de 18.2 millones y es el que presenta un mayor número de productores, 3.2 millones, en su mayoría ejidales (solo existen 4 millones de productores agrícolas en el país). Alrededor del 90 por ciento de la producción es de maíz blanco y se destina al consumo humano (SAGARPA, 2013).

Existen dos tipos de productores de maíz: El primer grupo, donde se encuentra la mayoría (92 por ciento), posee predios entre cero y cinco hectáreas y aportan el 56.4 por ciento de la producción total. En general más de la mitad de su producción se destina al autoconsumo (52 por ciento). Sus rendimientos fluctúan entre 1.3 y 1.8 toneladas por hectárea (SAGARPA, 2013).

El segundo grupo solo está el 7.9 por ciento de los productores, con predios arriba de cinco hectáreas por productor y aportan el 43.6 por ciento de la producción. Sus rendimientos promedios van de 1.8 a 3.2 toneladas por hectárea. Únicamente destinan el 13.55 por ciento de su producción al autoconsumo. En más del 75 % de esta superficie se utiliza semilla de variedades criollas, las cuales además de estar adaptadas a las condiciones climáticas y tecnológicas de los productores poseen características que le permiten responder a sus gustos alimenticios y preferencias (SAGARPA, 2013).

En la actualidad existe un acelerado crecimiento de la población, esto conlleva a una mayor demanda de alimentos. La Universidad con su ubicación geográfica se encuentra en una zona dedicada a la producción de maíz preferentemente de temporal utilizando semilla proveniente de maíces criollos., intentando mejorar las características agronómicas de estos materiales, que a su vez se vean reflejados tanto en la calidad como en el rendimiento.

La Universidad cuenta con una variedad mejorada que ha demostrado ser una buena alternativa para las regiones circundantes a la UAAAN donde el temporal es escaso y errático cuenta con atributos de precocidad, con adaptación preferencial a suelos salinos y con aceptables componentes de rendimiento; sin embargo, no posee una caracterización genética para solucionar esta falta de conocimiento, por lo anterior se propuso emplear el diseño I Carolina del Norte, donde las variables a evaluar fueron altura de planta, altura de mazorca, tolerancia a *Fusarium*, peso hectolitrico estimando la heredabilidad que existe para estos caracteres en la población y así determinar bajo que esquema de mejoramiento poblacional se tendrán las máximas ganancias genéticas.

Objetivo

Caracterización de una población midiendo sus niveles de varianzas genéticas (varianzas aditivas y de dominancia) de sus principales variables agronómicas para poder determinar en base a los estimados que estrategias de mejoramiento brindara a las mayores respuestas a la selección para explotar su máximo potencial.

Identificación de familias superiores en base a sus atributos agronómicos apoyándose de la herramienta de Índices de Selección.

Hipótesis

La estimación de las variables genéticas de la población redundara en la correcta elección de la estrategia de mejoramiento óptimo para cada variable agronómica.

Al menos una familia dentro de la población mostrara mejores efectos genéticos que el resto.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Maíces criollos

Los maíces criollos dan sustento a millones de mexicanos, forman parte de innumerables platillos típicos de nuestra riqueza gastronómica y cultural, y son tradicionales en diversas regiones del país. Estos maíces representan gran parte de la enorme variabilidad genética existente en México para esta especie, variabilidad que permite fijar y aprovechar sus características superiores desde el punto de vista agronómico, nutritivo y nutracéutico, sobre todo mediante las técnicas modernas para lograr avances más rápidos en la selección de materiales superiores, y también para conocer más de dicha variabilidad genética que todavía ha sido poco explorada (Márquez, 2011).

A pesar de su mayor potencial productivo y rentabilidad, la utilización de semillas mejoradas de maíz en México es inferior a la de semillas criollas. Entre las razones que explican la menor utilización se encuentran: la falta de adaptación de los híbridos a la diversidad de circunstancias limitantes ecológicas de numerosos agroecosistemas de México, el costo superior de la semilla mejorada, su deficiente distribución, su asociación a paquetes tecnológicos que exigen gran cantidad y precios elevados de insumos de producción, la percepción del riesgo económico que implica su empleo. Todos estos factores son más evidentes en las regiones de secano o temporal, pues son áreas poco atractivas para las empresas (Trejo *et al.*, 2004).

Los agricultores tradicionales practican la conservación *in situ* de la diversidad genética del maíz mediante la siembra de variantes criollas, por lo cual proponen que para mejorar dicha práctica es necesario conocer la diversidad del maíz en las condiciones de la agricultura tradicional, y tener un diagnóstico del material a conservar (Herrera *et al.*, 2004).

La selección de maíces criollos permite desarrollar variedades adaptadas a las condiciones naturales y socioeconómicas de los productores, prácticamente con los mismos recursos de una explotación comercial, pero con la ventaja de obtener un rendimiento gradualmente mayor en relación al de la variedad original, sin perder la diversidad genética en este importante cultivo, básico para el país (SAGARPA, 2013).

En las áreas de temporal, y principalmente en aquellas donde las lluvias son insuficientes y mal distribuidas, la semilla de las variedades criollas normalmente es obtenida por el productor después de la cosecha, realizando la selección en el granero, troje o almacén, con base a criterios que él considera apropiados, tales como: longitud, número de hileras y sanidad de mazorca; color y textura de la semilla; olote delgado, entre otros (SAGARPA, 2013).

Este tipo de selección tradicional practicada a través del tiempo, ha hecho de la planta del maíz una de las más eficientes en la producción de grano; sin embargo, debido a que la mejor mazorca seleccionada en esas condiciones puede provenir de plantas que se desarrollaron sin competencia o que fueron polinizadas por plantas indeseables, el avance que se obtiene en rendimiento y en otros atributos agronómicos favorables, es muy lento (SAGARPA, 2013).

Por su parte, Wellhausen *et al.*, (1951) Citado por CENTLI (2006), consideraron como criterio de raza de maíz a un grupo de individuos emparentados con suficientes características en común para permitir su reconocimiento. Sin embargo, proponen que es probable que no exista una raza pura de maíz, en el sentido de que todos los individuos que componen dicha raza sean homocigotes para todos o la mayoría de sus genes. Además, precisan que en las variedades de maíz de polinización libre, refiriéndose a los maíces criollos, probablemente cada planta es ligeramente diferente en su genética de todas las otras.

Los maíces criollos son por tanto de carácter patrimonial y estratégico, reconociéndolos como sistemas genéticos regionales vivientes, o comunidades biocenóticas como las milpas, en ininterrumpida reproducción, que han sido y son recreados en cada ciclo agrícola, y acompañados de diversas especies de interés económico y social. Sin duda, configurando un todo multifuncional de amplio contenido patrimonial, considerando la importancia y diversidad de los mismos como recursos con específicas funciones materiales y no materiales (Navarro *et al.*, 2012).

Comúnmente cada grupo de maíz se diferencia de otro en precocidad, color de grano y usos. Adicionalmente, una variedad del grupo se siembra en un sitio particular del nicho o microrregión y en un periodo específico que depende de la humedad del suelo, la temperatura, la altitud o del inicio de las lluvias. El estrato o nivel ambiental en cada sitio del nicho con un régimen higrotérmico específico (Gil *et al.*, 2004).

Menor precipitación, mayor temperatura y el acortamiento de la estación lluviosa deben llevar a futuro al reemplazo de las siembras de marzo con humedad residual y maíces de ciclo largo por siembras de junio, con maíces de ciclo corto (Mati, 2000; Harrison *et al.*, 2011)

Los maíces de ciclo corto deberán también ser capaces de completar su desarrollo con menor cantidad de agua, mientras no se disponga de riego o técnicas de conservación de humedad en el suelo, o alguna otra forma de compensación. Entonces, es necesario tomar en cuenta las siguientes consideraciones. En principio, los maíces de ciclo corto tienen menor rendimiento que los de ciclo largo; este hecho ha sido atribuido a una menor área foliar, por una menor altura de la planta y menor número y tamaño de las hojas, y menor duración de la fase vegetativa (Dijak *et al.*, 1999)

Tal diversidad genética de las poblaciones nativas se ha logrado a través de selecciones recurrentes por su uso en aplicaciones especiales (Ng *et al.*, 1997).

Las poblaciones regionales o adaptadas son de interés para los mejoradores de maíz, ya que a través de años de selección natural o inducida por los agricultores, se han concentrado alelos de interés económico, como resistencia a factores adversos, entre otros muchos atributos; sin embargo, estos tienen deficiencias agronómicas que limitan su aprovechamiento, de ahí la importancia de su mejoramiento (Márquez, 1988)

Un genotipo que se mejora debe caracterizarse para determinar los avances en relación al original. Entre las variables para caracterizar un material genético, se puede mencionar días a floración masculina y femenina, rendimiento de grano y altura de planta, y de mazorca (Carabolloso *et al.*, 2000); así como longitud y diámetro de mazorca, número de hileras en la mazorca (NHM), índice de grano y sanidad de mazorca (Hernández y Esquivel, 2004).

Mejoramiento poblacional

El mejoramiento genético de poblaciones permite generar variedades mejoradas de polinización libre, las cuales son recomendables para agricultores que no cuentan con los recursos para adquirir semilla híbrida cada año (Hallauer y Miranda, 1981)

El mejoramiento genético es un proceso continuo en la formación de nuevas variedades e híbridos comerciales; el conocimiento de los diversos tipos de acción génica y la importancia de estos en la determinación de caracteres de interés económico es básico para lograr avances rápidos (Wong *et al.*, 2007)

La formación de poblaciones mejoradas de maíz es un proceso dinámico, porque requiere que las poblaciones superen a las anteriores en rendimiento. Las poblaciones regionales o adaptadas son de interés para los mejoradores de maíz porque a través de los años de selección natural o inducida se acumulan alelos de interés económico. Sin embargo, estas tienen deficiencias agronómicas que limitan su aprovechamiento, de ahí la importancia de su mejoramiento (Vallejo *et al.*, 2000).

La eficiencia de los programas de mejoramiento está basada en el acopio de gran variabilidad genética de la especie, el uso de la metodología más adecuada de acuerdo a las características genéticas del material y a un criterio de selección eficiente. La conjugación de estos tres factores da como resultado la obtención de híbridos y variedades genéticamente superiores a los iniciales (Castillo, 1994).

Márquez (1985) menciona que el mejoramiento genético se basa en escoger dentro de una población a los individuos que ofrezcan las mejores expresiones de las características que interesan. Para esto es requisito indispensable que exista variación entre los individuos, pero esta no tiene que ser necesariamente

fenotípica, sino parte de ella tiene que ser genética, pues para que el mejoramiento tenga sentido es necesario que los individuos seleccionados transmitan a sus progenies las buenas características que los hicieron merecedores a ello. Por otra parte, la población bajo selección debe ser susceptible de caracterización, esto se hace en forma cuantitativa mediante el cálculo de su media y varianza o mediante estimaciones de estos parámetros si solo se tiene una muestra poblacional.

En México se ha reportado alta heterosis en cruzamientos hechos entre maíces de zonas tropicales, así como de otras regiones. A pesar de existir información, el aprovechamiento de la heterosis entre razas ha sido escaso debido a que las cruza carecen de características agronómicas deseables (uniformidad, porte bajo de planta y resistencia al acame) requeridas en la agricultura moderna (Barrera *et al.*, 2005).

Diseños Genéticos

Los diseños genéticos o diseños de apareamiento son planes de cruzamiento entre individuos de una población, con el objeto de estudiar teóricamente los efectos y las varianzas genéticas que se presentan en las progenies (variables causales), para en seguida relacionar aquellos con los datos empíricos de tales progenies (variables observables), y poder estimar los parámetros genéticos que interesen. Generalmente éstas son las varianzas genéticas, ambientales y fenotípicas, a fin de obtener estimas de la heredabilidad (en sentido estrecho o amplio), para hacer predicciones de la respuesta de selección (Márquez, 1985).

La selección del diseño genético estará en función de los objetivos de la investigación. Deberá escogerse el más práctico y sencillo, pero que proporcione la información necesaria. Por ejemplo. Si se desea cuantificar nada más la variación genética, un diseño de un factor es suficiente. En cambio si se quiere estimar la varianza aditiva y la varianza de dominancia, esto se podrá hacer con un diseño de dos o más factores (Dudley y Moll, 1969).

Diseño I Carolina del Norte

El diseño I se planteó y analizó en la Universidad Estatal de Carolina del Norte por Comstock y Robinson (1948; 1952). Este diseño de apareamiento genético se aplica a cualquier planta alogama que permita, en una población usar plantas como diferentes machos (m) que se crucen cada uno con una serie de hembras (h), para obtener de cada apareamiento progenies de plantas, en donde las progenies de cada macho con sus hembras son familias de medios hermanos, en tanto que con cada hembra dan lugar a una familia de hermanos completos.

Comstock y Robinson (1952) han diseñado varios tipos de apareamiento; tres de sus diseños sugeridos son útiles para estimar aditividad, dominancia y el grado promedio de dominancia. El Diseño I es particularmente eficaz para maíz y ha sido utilizado con bastante frecuencia, no sólo para estimar varianzas genéticas sino también en un programa genético de orden práctico para identificar y sólo recombinar las mejores familias. Además, la información que se genera sobre medios hermanos y de hermanos completos permite hacer más eficiente la selección.

Los Diseños I y II de Carolina del Norte juegan un papel primordial en el mejoramiento genético vegetal para estimar los componentes de varianza genética de una población de referencia (Fehr, 1991).

La medición de múltiples características bajo estos diseños permite también la estimación de componentes de covarianza, y las correlaciones fenotípicas y genotípicas entre las características medidas (Hallauer y Miranda, 1988).

Componentes de Varianza

Silva y Monteverde (1998) indican que la estimación de la magnitud de los componentes: aditivo, dominante y epistático de la varianza genética, constituye una valiosa información para los trabajos de selección. Mientras mayor sea la información sobre las contribuciones relativas de los diferentes tipos de efectos génicos y sus respectivas varianzas, mayor será la precisión en la selección de los mejores genotipos de la población, basado en los valores fenotípicos.

La estimación de componentes de varianza genética, es un asunto importante en el campo de la genética cuantitativa, un diseño de apareamiento genético es siempre requerido para la estimación de efectos y varianzas; como la varianza aditiva y de dominancia, donde se incluye a los diseños de apareamiento como; Diseño I y II de Carolina del Norte, y los diseños de apareamiento dialélico propuestos por Griffing en 1956 (Wu *et al.*, 2006).

Un principio fundamental que debe tomarse en consideración en el método de covarianzas es que en una población bajo apareamiento aleatorio, en la cual se pueden identificar grupos (de hermanos completos o de medios hermanos, por ejemplo), la varianza entre grupos es igual a la covarianza de individuos dentro de grupos (Kempthorne, 1957). En este sentido, se ha demostrado que la covarianza de medios hermanos es igual a un cuarto de la varianza aditiva (Mather, 1964).

En el caso del maíz, para que la selección sea efectiva, se requiere que la variabilidad genética en la población sea del tipo aditivo, de lo contrario, el método de mejoramiento adecuado es la hibridación (Sprague, 1966).

Dos son los propósitos que se persiguen al estimar los parámetros genéticos

- 1) Suministrar información sobre la naturaleza de la acción de los genes y
- 2) Suministrar la información básica para la utilización de programas de mejoramiento de una población, o posiblemente, la información para el desarrollo de nuevos enfoques para el mejoramiento genético de plantas y animales (Robinson y Cockerham, 1965).

La varianza genética total es la parte de la varianza fenotípica que puede ser atribuida a las diferencias genotípicas entre fenotipos, y puede subdividirse aún en varianza genética aditiva, varianza genética de dominancia y varianza genética epistática. La varianza de la interacción genotipo por ambiente es la parte de la varianza genotípica debida a la no coincidencia en el comportamiento de los mismos genotipos en diferentes ambientes (Dudley y Moll, 1969).

La estrategia de mejorar por selección, hibridación o por selección, seguida de hibridación dependerá de la proporción que representen la varianza aditiva y de dominancia de la población respecto a la varianza genética total (Moll y Robinson 1967).

De una recopilación de estudios en diversas poblaciones de maíz, señalaron que la varianza aditiva es cuando menos dos veces mayor que la varianza de dominancia (Reyes *et al.*, 2004).

Heredabilidad

La heredabilidad (h^2) para una característica dada, determina la ganancia genética de selección y que estrategia de mejoramiento se debe de seguir (Falconer y Mackay, 1996).

La heredabilidad de un carácter métrico es una de sus propiedades más importantes, pues expresa la proporción de la varianza total que es atribuible a los efectos medios de los genes y esto es lo que determina el grado de parecido entre parientes (Falconer, 1984).

Robles (1986) menciona que conocer la heredabilidad es de suma importancia, porque es una buena indicación que la selección de los individuos para producir la próxima generación, resultarán en descendientes con fenotipos similares. Además, la heredabilidad sirve para decidir la metodología del mejoramiento a seguir, pues el avance que se logre dependerá de la proporción de V_A (varianza por aditividad) en la característica. Este aspecto se ve mejor si consideramos solamente la proporción V_A con respecto a la V_D (varianza por dominancia) para determinar su importancia y metodología a seguir. Así, sí:

$V_A / V_D < 1$; hacer hibridación.

$V_A / V_D > 1$; hacer selección.

$V_A / V_D = 1$; hacer hibridación o selección.

La heredabilidad (h^2) para una característica dada, determina la ganancia genética de selección y que estrategia de mejoramiento se debe de seguir (Falconer y Mackay, 1996).

No existe una escala definida para clasificar la magnitud de la heredabilidad; pero arbitrariamente se puede considerar la heredabilidad baja de 0 a 0.3; media de 0.3 a 0.7 y alta de 0.7 a 1.0 (Robles, 1986). En cambio, Chávez (1993) señala que la heredabilidad es una característica o rasgo que puede ser cualquier fracción de cero a uno. No estando bien definido lo que se entiende por alta o baja heredabilidad, pero en general son aceptables los siguientes valores:

- a) Alta heredabilidad (mayor de 0.5).
- b) Heredabilidad media (de 0.2 a 0.5).
- c) Baja heredabilidad (menor de 0.2).

Índice de Selección

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

Restrepo *et al.*, (2008) indican que un índice de selección es un método de puntaje total en el cual se desarrolla una ecuación que proporciona valores óptimos a la importancia económica de cada característica, la heredabilidad de cada característica y a las correlaciones genéticas y fenotípicas entre las características, de manera que permite separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres y ordenar los genotipos basándose en el valor obtenido.

Soares *et al.* (2011) mencionan que un Índice de Selección (IS) concentra toda la información genética de un reproductor en un solo valor comparativo, seleccionando de manera simultánea varias características y tomando en consideración además los aspectos genéticos, dada la importancia económica de cada una de las características involucradas en dicho IS.

El programa de índice de selección desarrollado en el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) por Barreto *et al.*, (1991), genera una variable llamada índice, que incorpora matemáticamente en un solo valor numérico todas las características expresadas por el usuario, lo ideal es que las variables consideradas para construir este tipo de índice se encuentren lo más cercano al prototipo para cada variable, es decir, la distancia entre el valor observado y el prototipo sea mínima, por lo tanto, mientras más pequeño es el valor del índice más cerca se encuentra el genotipo de los criterios deseados, se considera el genotipo superior.

Para Daros *et al.* (2004) los índices basados en la combinación de tres caracteres, en general fueron más eficientes que los índices de dos caracteres. Este resultado podría tener su explicación, en el sentido de que al aumentar en el índice, el número de caracteres correlacionados con el carácter por mejorar se obtendría mayor avance genético; al respecto, se menciona que el índice de selección fue eficiente para obtener ganancia genética para rendimiento de grano y que la correlación es una medida de la comunidad de genes que gobiernan en común el carácter objeto de la selección y los caracteres del índice.

Montes *et al.* (2008) mencionan que el índice de selección se puede estimar de acuerdo con los objetivos de cada sistema de producción. Para ello se debe considerar que cada índice es particular para cada sistema, ya que este va a depender de los parámetros genéticos (heredabilidad y correlaciones), sistema de producción, comercialización y la importancia económica relativa que se le dé a cada carácter en cuestión.

Cerón y Sahagún (2005) indican que existen varios métodos para el mejoramiento genético simultáneo de varios caracteres, y los tres de mayor importancia son: selección en tándem, selección simultánea de caracteres independientes e índices de selección (IS). Los índices de selección permiten separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres. Cada método tiene una eficiencia diferente y el que proporcione la ganancia genética máxima por unidad de tiempo y esfuerzo es el mejor.

Castañón *et al.* (2000) argumentan que fue Smith (1963) quien estableció las bases para la selección de plantas mediante el uso de índices de selección. A este tipo de selección la llamaron función discriminante, que consisten en representar el valor de una planta con una función lineal de sus caracteres involucrados.

Sharma y Duveiller (2003) indican que el uso de un índice de selección (IS) permite superioridad marcada en un rasgo para compensar inferioridad moderada en otro. Es decir, los segregantes inferiores pero con algunos atributos favorables se incluyen en el ciclo de selección, lo cual no puede ser logrado directamente con otros métodos de selección.

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

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Material Genético

En el vivero directo de la UAAAN durante las siembras del primavera verano de 2012 se planearon realizar polinizaciones para generar 250 familias de hermanos completos de la población precoz de color blanco tolerante a salinidad (VAN-226), donde se emplearon 50 machos y cinco hembras para cada uno, identificando en la bolsa de polinización el número de macho y hembra, generando las estructuras familiares correspondiente al diseño I Carolina del Norte (Comstock y Robinson, 1948),

La evaluación de las familias fue durante la estación primavera verano del 2013 en el campo directo de la UAAAN, para ello se estableció un ensayo de rendimiento constituido por 220 entradas donde 212, fueron familias de hermanos completos; había 48 machos con diferente número de hembras (de 3 a 5) y 8 testigos bajo un arreglo de siembra alfa-látice con dos repeticiones.

El material genético que constituye la población procede del germoplasma sintético lagunero, criollo blanco derramadero y VAN-210 blanco

Evaluación

La evaluación de las 220 familias se llevó a cabo en el campo directo de la UAAAN en Saltillo, Coahuila que se sitúa en las coordenadas 25°21" Latitud Norte y 101°2" Longitud Oeste con una altitud de 1730 msnm, una temperatura media anual de 17.7°C y una precipitación pluvial anual de 228.6 mm.

Labores Culturales

Siembra

Se sembró el 21 de mayo de 2013 utilizando parcelas de un surco de cuatro metros de largo, cada una con una distancia entre surcos de 85 cm. Sembrando 35 semillas por surco de 220 entradas con dos repeticiones.

Fertilización

Se fertilizó con una dosis de 120-80-00, en la primera aplicación se incorporó la mitad del Nitrógeno y todo el Fósforo, después de surcar en el primer cultivo se aplicó el resto del Nitrógeno.

Control de Malezas

Además, se controlaron las malezas con los cultivos mecánicos deshierbes manuales y aplicando herbicida Arrasina 90 DF (Atrazina) antes de la emergencia del cultivo.

Control de Plagas

Las plagas se controlaron aplicando en siembra Furadan 5G, posteriormente se aplicó en forma líquida Lorsban, Malathion y Ambusch 50.

Riegos

Se sembró a tierra “venida”, dándole cuatro riegos, dependiendo de las necesidades de agua del cultivo.

Variables Evaluadas

La toma de datos en cuanto a las variables agronómicas que se evaluaron en el presente ensayo, son las que se consideran de mayor importancia para efectuar la selección de los materiales evaluados, siendo tales características las que a continuación se describen.

Días a Floración Macho (DFM): Días transcurridos a partir de la fecha de siembra hasta que el 50 por ciento de plantas se encuentren antesis.

Días a Floración Hembra (DFH): Días transcurridos de la fecha de siembra hasta que el 50 por ciento de los jilotes posean estigmas receptivos.

Altura de Planta (ALTP): Promedio de diez plantas muestreadas al azar por parcela, medidas desde la base del tallo hasta la inserción de la hoja bandera, se expresa en centímetros.

Altura de Mazorca (ALTM): Promedio de diez plantas muestreadas al azar por parcela, medidas desde la base del tallo hasta la inserción de la mazorca principal, expresada en centímetros.

Acame de Raíz (ACMR): Número de plantas inclinadas más de 30 grados respecto a la vertical sobre el total de plantas.

Acame de Tallo (ACMT): Número de plantas quebradas debajo de la mazorca sobre el total.

Mala Cobertura (MC): Por ciento de plantas cuyo totomoxtle no cubre el total de la mazorca, en cada parcela.

Plantas con *Fusarium Spp* (PLTF): Es el porcentaje de plantas que se observaron total o parcialmente dañadas por este hongo en cada parcela, evaluadas con respecto al total de las plantas establecidas.

Calificación de Planta: Calificación visual de las plantas por parcela útil que considera porte, sanidad y uniformidad. La escala va de 1 a 5 (1 muy buena, 5 muy mala)

Calificación de Mazorca (CM): Calificación visual en base al total de mazorcas cosechadas por parcela útil que considera llenado de grano, sanidad, tamaño y uniformidad de mazorca. Tomando una escala de 1-5; donde: 1 corresponde a lo mejor, más sano y uniforme; y el 5 corresponde a lo peor y más variable.

Prolificidad: Es el porcentaje del número de mazorcas cosechadas entre el número de plantas cosechadas.

Peso de Campo (PC): Peso expresado en kg del total de las mazorcas cosechadas por parcela útil.

Mazorcas Cosechadas (MC): Dato correspondiente al total de mazorcas cosechadas dentro de cada parcela útil.

Por Ciento de Humedad (HUM): Se tomó un número de mazorcas representativas de la parcela, de las cuales se desgranaron de 3 a 5 hileras para obtener cerca de 250 g; esta muestra se somete a medición en un aparato Dickie John, que determina la humedad del grano. Esta actividad se realizó en campo al momento de la cosecha.

Rendimiento (RDTO)

Del total de mazorcas cosechadas por parcela útil se tomó aleatoriamente una muestra representativa de 250 gr. de semilla para determinarle el contenido de humedad al momento de la cosecha para calcular el por ciento de materia seca por diferencia con el 100 por ciento.

El peso seco se obtuvo multiplicando el por ciento de materia seca por el peso de campo.

$$PS = PC \times (100 - HUM) / 100$$

El rendimiento en mazorca al 15.5 por ciento de humedad, se obtuvo al multiplicar el peso seco por el factor de conversión (FC) a $\text{ton} \cdot \text{ha}^{-1}$

$$APU \times 0.845 \times 1000 \quad FC = \frac{10,000 \text{ m}^2}{\text{---}}$$

Donde:

APU = Área de parcela útil, determinado por la distancia entre surcos por la distancia de estos y por el número de plantas por parcela.

0.845 = Constante para obtener el rendimiento 15.5 por ciento de humedad.

1000 = Coeficiente para obtener el rendimiento en $\text{ton} \cdot \text{ha}^{-1}$

10,000 m^2 = Superficie de una hectárea.

Debido a que al momento de la cosecha no se contó con el número de plantas establecidas originalmente por parcelas, se realizó un análisis de covarianza para ajustar el rendimiento, usando el número plantas como covariable, por lo que el número de plantas fue utilizado para corregir el rendimiento de grano en el rendimiento a través de la siguiente fórmula:

$$\hat{Y}_i = Y_i - b_i (x - \bar{x})$$

Donde:

\hat{Y}_i = Rendimiento ajustado por covarianza;

Y_i = Rendimiento observado;

b_i = Coeficiente de regresión

x = Número de plantas cosechadas

\bar{x} = Media del número de plantas cosechadas

Diseño Experimental

Las entradas fueron evaluadas bajo un diseño de bloques incompletos al azar con dos repeticiones de la población, siendo la unidad experimental de un surco de cuatro metros con 35 plantas. Siendo el modelo para el análisis el siguiente

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \epsilon_{ij}$$

Donde:

Y_{ij} = Valor observado para el i-ésimo tratamiento en la j-ésima repetición.

μ = Media general.

α_i = Efecto de la i-ésimo tratamiento.

β_j = Efecto de la j-ésima repetición.

ϵ_{ij} = Efecto del error experimental

Análisis Estadístico del Diseño I Carolina del Norte

Para utilizar el diseño I, se sembraron 220 entradas, provenientes de la población precoz de color blanco tolerante a salinidad (VAN-226)

El diseño I, es un diseño estadístico anidado de efectos aleatorios, que se basa en ciertas suposiciones que se deben cumplir en la población estudiada, como lo indicaron Comstock y Robinson (1948, 1952), además de ciertas suposiciones de tipo estadístico relacionadas con la distribución normal de los valores en los caracteres estudiados.

Si cada uno de **m** machos es apareado con **h** hembras, donde tanto machos como hembras son tomados al azar dentro de la población, el valor fenotípico de una cruce estará representado por el siguiente modelo estadístico:

$$G_{ijk} = \mu + m_i + h_j + r_k + e_{ijk}$$

Donde:

G_{ijk} = Expresión fenotípica del cruzamiento del i-ésimo macho y la j-ésima hembra en la k-ésima repetición.

μ = Media general.

m_i = Efecto del i-ésimo macho (i: 1,2,...m).

h_j = Efecto de la hembra j-ésima apareada al macho i-esimo (ij: 1,2,...h).

r_k = Efecto de repeticiones

E_{ijk} = Efecto del error experimental.

En base al modelo anterior descrito en el cuadro 3.1, se constituye el análisis de varianza para el Diseño Genético.

Cuadro 3.1 Estructura del análisis de varianza para el Diseño I Carolina del Norte.

Fuentes de variación	GL	ECM	CM
Repeticiones (Rep)	$r-1$	$\sigma^2_E + \sigma^2_r$	
Machos (M)	$m-1$	$\sigma^2_E + r\sigma^2_{H/M} + rh\sigma^2_M$	M3
Hembras (H)/M	$m(h-1)$	$\sigma^2_E + r\sigma^2_{H/M}$	M2
Error	$(mh-1)(r-1)$	σ^2_E	M1
Total	$mhr-1$		

La estimación de las componentes de interés del Diseño I a partir de las esperanzas del cuadrado medio y considerando que no hay epistásis, es la siguiente:

$$\sigma^2_M = \frac{M3 - M2}{rh}$$

$$\sigma^2_{H/M} = \frac{M2 - M1}{r}$$

Estimación de Parámetros Genéticos

La estimación se realizó a partir de las componentes de interés de los cuadrados medios del ANVA del diseño I

Para el caso de la estimación de componentes de varianza genética, como son la varianza aditiva (σ^2_A) y la varianza de dominancia (σ^2_D), se parte de la forma en que se aparearon los machos y hembras, ya que la varianza de macho expresa la covarianza de familias de medios hermanos (MH) y la varianza de hembras es función de la covarianza de familias de hermanos completos (HC). Lo anterior se expresa a continuación.

$$\text{Cov (MH)} = \sigma^2_M = \frac{1}{4} \sigma^2_A$$

$$\sigma^2_A = 4 \sigma^2_M$$

$$\text{Cov (HC)} = \sigma^2_M + \sigma^2_{H/M}$$

$$\sigma^2_{H/M} = \text{Cov (HC)} - \text{Cov (MH)}$$

$$\therefore = \frac{1}{2} \sigma^2_A + \frac{1}{4} \sigma^2_D - \frac{1}{4} \sigma^2_A$$

$$\therefore = \frac{1}{4} \sigma^2_A + \frac{1}{4} \sigma^2_D$$

$$\frac{1}{4} \sigma^2_D = (\sigma^2_{H/M} - \sigma^2_M)$$

$$\sigma^2_D = 4 (\sigma^2_{H/M} - \sigma^2_M)$$

Estimación de la Heredabilidad

A partir de los componentes de varianza estimados, se calcularon los valores de heredabilidad mediante la fórmula:

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

$$\sigma^2_F = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \frac{\sigma^2_E}{r}$$

Índice de Selección (IS)

La selección de caracteres múltiples se basa en un índice en el que los valores fenotípicos estandarizados de cada característica se les resta un valor crítico correspondiente al valor más favorable de la variable, con la idea de medir la distancia entre ambos, el resultado se eleva al cuadrado para evitar valores negativos y después se multiplica por su valor económico se suman los componentes del índice posteriormente se calcula su raíz cuadrada.

En esta investigación se consideraron cuatro caracteres:(HUM PLTF ALTP RDTO) se utilizó el método de índices de selección desarrollado por Barreto *et al.*, (1991) cuya fórmula y metodología se describen a continuación.

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

Donde:

IS = es el índice de selección;

$Y_{i..n}$ = Es la variable en unidades Z

Al momento de realizar el cálculo de los datos, las unidades que representan las variables deben ser estandarizadas para que éstas puedan combinarse entre sí, ya que están representadas en unidades distintas (% , Kg ha⁻¹ , Ton); la estandarización se llevó a cabo mediante la fórmula del valor de Z que a continuación se describe:

$$Z = \frac{y_j - \hat{Y}}{S}$$

Z= es el valor estandarizado y_j = el valor observado para la variable, \hat{Y} = el promedio de todos los valores observados de la variable, S= la desviación estándar de la variable.

$M_i ..n$ = la meta de selección (definida por el usuario) La meta deseada del presente trabajo se obtuvo generando un valor Z considerando el valor más favorecido para cada variable menos la media de la misma, todo sobre su desviación estándar, se considera como lo que el mejorador desea lograr con la selección, en base a las desviaciones estándar, en el programa solo se puede tomar un valor -3 a +3 que corresponde a un 99 por ciento dentro de una distribución normal. Con valores positivos se seleccionan genotipos que se encuentran por arriba de la media de la población y para los valores negativos se seleccionan genotipos que se encuentran por debajo de la media de la población.

$I_j \dots n$ = Es la intensidad de selección (definido por el usuario) para las características j_1, \dots, j_n es el grado de importancia que se le da a cada una de las variables a ser utilizadas en la selección de acuerdo al interés, y esta puede ser diferente para cada variable, tomando valores que van de 1 a 10 y mientras más grande sea el valor mayor peso e importancia se le da a la variable en la selección, o en su caso si se usa un valor de cero es porque el usuario no quiere que esa variable sea considerada y por lo tanto el programa SAS no la toma en cuenta al correr los datos.

Criterio de Selección:

Entre más grande sea el valor del índice más alejado se encuentra del genotipo con los criterio establecidos. El genotipo que obtenga el valor del índice de selección más pequeño es considerado como superior, ya que reúne la mayoría de los caracteres requeridos en la selección.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Con el propósito de dar cumplimiento a los objetivos establecidos en el presente trabajo de investigación así como, rechazar o no las hipótesis planteadas, en este capítulo se presentan los resultados estadísticos y discusión obtenidos en los análisis genéticos realizados en las variables agronómicas evaluadas, bajo el diseño de apareamiento anidado de Carolina del Norte I en el bajío de la UAAAN en Saltillo Coahuila.

Componentes de Varianza

En el Cuadro 4.1 se encuentran los cuadrados medios obtenidos del análisis de varianza individual que se realizó para cada variable y que se utilizaron para obtener los componentes de varianza genética y así poder caracterizar nuestra población en estudio.

Cuadro 4.1 Cuadrados medios del análisis de varianza de 10 variables agronómicas evaluadas.

F de V	GL	% HUM	GL	DFM	DFH	ALTP	ALTM
Repeticiones	1	61.467**	1	0.609NS	5.716NS	0.059NS	217.152NS
Machos (M)	47	14.835**	47	18.221**	27.628**	430.747*	441.498NS
Hembras (H)/M	164	4.588*	164	10.808NS	13.303NS	386.009*	417.309*
Error	183	2.776	209	9.207	12.635	294.289	328.295
Total	395		421				
C.V		9.146		4.330	4.848	8.579	16.001

F de V	GL	ACMR	ACMT	GL	PLTF	GL	MAZF	GL	RDTO
Repeticiones	1	1317.138**	166.736**	1	21.694*	1	0.002NS	1	1.253NS
Machos (M)	47	22.839**	16.359**	47	5.863**	47	1.825NS	47	3.775NS
Hembras (H)/M	164	12.122NS	9.448NS	164	4.001NS	164	1.662NS	164	3.275NS
Error	208	11.662	8.044	207	3.453	210	1.421	211	2.918
Total	420			419		422		423	
C.V		88.750	80.463		115.797		126.394		23.594

**=altamente significativo 0.01 de probabilidad,* =significante 0.05 de probabilidad, NS=no significativo FV= fuentes de variación, GL= grados de libertad, porcentaje de humedad (% HUM), días a floración macho (DFM), días a floración hembra (DFH), altura de planta (ALTP) altura de mazorca (ALTM), acame de raíz (ACMR), acame de tallo (ACMT), plantas con fusarium (PLTF), mazorcas con fusarium (MAZF), rendimiento (REND).

La fuente de variación repeticiones, detectó diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$) para las variables humedad, acame de raíz y acame de tallo. Esta misma fuente de variación presentó diferencias significativas ($P \leq 0.05$) para plantas con *Fusarium*. Se infiere que estas diferencias son atribuibles a los bloques así como al manejo agronómico del experimento. Para las variables restantes que son días a floración macho, días a floración hembra, altura de planta, altura de mazorca; mazorcas con *Fusarium* y rendimiento no presentan significancia.

La fuente de variación machos encontramos diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$) para las variables % humedad, días a floración macho, días a floración hembra, acame de raíz, acame de tallo y plantas con *Fusarium* y diferencias significativas ($P \leq 0.05$) para la variable altura de planta. Esta variación se infiere es debida a que cada macho muestra diferente comportamiento genético, la diferencia detectada es de suma importancia para discriminar los más sobresalientes y con buen atributo agronómico. En el resto de las variables no presentaron significancia.

En la fuente de variación hembras dentro de macho los niveles de significancia para las variables humedad altura de planta y altura de mazorca fue significativa ($P \leq 0.05$), siendo no significativo para el resto de las variables. Esta variación pudo deberse a que las familias de hermanos completos tuvieron diferente fondo genético para estas características en el ambiente de evaluación.

Los coeficientes de variación fueron bajos para las variables % HUM, DFM, DFH y ALTP (9.14, 4.33, 4.84 y 8.57 respectivamente), en tanto que para ALTM, ACMR, ACMT, PLTF, MAZF y REND (16.00, 88.75, 80.46, 115.79, 126.39 y 23.59, respectivamente), mostraron mayor C.V., los cuales tienen mayor variabilidad en cuanto a sus datos, son algo altos, pero se encuentran dentro del rango de tolerancia, lo que quiere decir que el experimento fue manejado y llevado a cabo de una forma adecuada, dando resultados confiables

En el cuadro 4.2 se presentan los estimados de las varianzas de machos así como de hembras dentro de machos que son usados como base para estimar los parámetros genéticos de la población en estudio

Cuadro 4.2 Concentración de los estimados de la varianza de machos (σ_M^2) y de hembras dentro de machos ($\sigma_{H/M}^2$) para las diez variables agronómicas evaluadas.

	% HUM	DFM	DFH	ALTP	ALTM	ACMR
σ_M^2	1.24	0.89	1.73	5.42	2.39	1.29
$\sigma_{H/M}^2$	0.905	0.8	0.33	45.86	44.50	0.23

	ACMT	PLTF	MAZF	RDTO
σ_M^2	0.83	0.22	0.01	0.06
$\sigma_{H/M}^2$	0.7	0.27	0.12	0.18

σ_M^2 = varianza de machos, $\sigma_{H/M}^2$ = varianza de hembras dentro de machos, porcentaje de humedad (% HUM), días a floración macho (DFM), días a floración hembra (DFH), altura de planta (ALTP) altura de mazorca (ALTM), acame de raíz (ACMR), acame de tallo (ACMT), plantas con fusarium (PLTF), mazorcas con fusarium (MAZF), rendimiento (REND).

Para las variables humedad (HUM), días a floración macho (DFM), días a floración hembra (DFH), acame de raíz (ACMR) y acame de tallo (ACMT) la varianza de macho es mayor que la varianza de hembras dentro de machos, lo que por consecuencia dará que la varianza σ_D^2 sea menor para estas cinco variables, ya que la varianza de hembras dentro de machos $\sigma_{H/M}^2$ se le resta a la varianza de machos.

Mientras que para las variables altura de planta (ALTP), altura de mazorca (ALTM), plantas con *Fusarium* (PLTF), mazorcas con *Fusarium* (MAZF) y rendimiento (RDTO) la varianza de hembras dentro de macho fue mayor siendo un indicador de que el tipo de acción génica presente en estas variables es más controlado por la varianza de dominancia.

Cuadro 4.3 Estimados de la varianza aditiva (σ^2_A) y de dominancia (σ^2_D) para las diez variables evaluadas.

	% HUM	DFM	DFH	ALTP	ALTM	ACMR
σ^2_A	4.96	3.56	6.92	21.68	9.56	5.16
σ^2_D	-1.34*	-0.36*	-5.6*	161.76	168.44	-4.24*
σ^2_E	2.96	8.77	24.27	296.22	310.24	14.65

	ACMT	PLTF	MAZF	RDTO
σ^2_A	3.32	0.88	0.04	0.24
σ^2_D	-0.52*	0.2	0.44	0.48
σ^2_E	8.47	4.10	1.76	2.91

σ^2_A = Varianza aditiva, σ^2_D = varianza de dominancia, σ^2_E = varianza del error, porcentaje de humedad (% HUM), días a floración macho (DFM), días a floración hembra (DFH), altura de planta (ALTP) altura de mazorca (ALTM), acame de raíz (ACMR), acame de tallo (ACMT), plantas con *Fusarium* (PLTF), mazorcas con *Fusarium* (MAZF), rendimiento (REND).

*Estos valores son considerados como cero

Existen varios métodos de mejoramiento y la aplicación del esquema adecuado dependerá de la varianza genética presente en cada carácter analizado. Por lo tanto, para las variables humedad (HUM), días a floración macho (DFM), días a floración hembra (DFH) y acame de raíz (ACMR), acame de tallo (ACMT) plantas con *Fusarium* (PLTF) donde la σ^2_A fue mayor que la σ^2_D , lo cual es una evidencia de que existe una mayor contribución de alelos que se transmiten de una generación a otra para estas variables, y que muestra características de que son heredables. La población se debe de someter a un programa de selección recurrente, para explotar la variabilidad genética de tipo aditiva, en donde se espera habrá mayor ganancia genética.

Cuando la varianza de dominancia se presentó en mayor proporción como en las variables: altura de planta (ALTP), altura de mazorca (ALTM), mazorcas con *Fusarium* (MAZF) y rendimiento (RDTO) se puede dirigir el mejoramiento hacia programas de endogamia-hibridación. Sin embargo, si se quieren mejorar todas las características, se sugiere utilizar un programa de selección recíproca

recurrente o bien selección recurrente bajo las metodologías S_1 , S_2 , ya que esta metodología se puede aplicar cuando están presentes los dos tipos de acción génica como en éste caso.

Con estos resultados se cumple el primer objetivo y se acepta que existe suficiente variabilidad para que con un método de mejoramiento adecuado por variable seguir trabajando con esta población obteniendo mayores ganancias genéticas.

Cuadro 4.4 Estimados de heredabilidad h^2 para las diez variables agronómicas evaluadas.

	% HUM	DFM	DFH	ALTP	ALTM	ACMR
σ^2_F	6.34	8.16	13.23	314.32	342.145	10.99
h^2	0.78	0.43	0.52	0.01	0.02	0.46

	ACMT	PLTF	MAZF	RDTO
σ^2_F	7.34	2.80	1.16	2.17
h^2	0.45	0.31	0.03	0.1

σ^2_F = varianza fenotípica, h^2 = heredabilidad, porcentaje de humedad (% HUM), días a floración macho (DFM), días a floración hembra (DFH), altura de planta (ALTP) altura de mazorca (ALTM), acame de raíz (ACMR), acame de tallo (ACMT), plantas con fusarium (PLTF), mazorcas con fusarium (MAZF), rendimiento (REND).

En el Cuadro 4.4 se muestran los valores de heredabilidad, se puede decir en general, que la heredabilidad que se obtuvo de la población fue de media a alta 0.2 a 0.7 para todas las variables evaluadas, excepto para AP, AM, MAZF y RDTO que fueron de heredabilidad baja 0 - 0.2. Por lo tanto, los caracteres que tuvieron valores altos de heredabilidad, son con los que se pueden lograr mayores avances y en menor tiempo aplicando una estrategia de presión de selección suave como lo es la selección masal.

Índice de Selección

Tal como se indicó en el capítulo de materiales y métodos la elección de las familias con mayor potencial fue con base en los valores arrojados por el índice de selección, descrito por Barreto *et al.*, (1991) en el cual se tomaron en cuenta cuatro variables (HUM, ALTP, PLTF, REND).

Con los resultados del valor del índice de selección para cada una de las familias, fue posible modelar la variable de respuesta IS para realizar un análisis de varianza y así poder contrastar la hipótesis de que hay diferencia entre los valores de IS para las familias los resultados se resumen en el Cuadro 4.5.

Cuadro 4.5 Análisis de varianza de 220 Familias utilizando como variable de respuesta índice de selección

Fuentes de variación	GL	SCM	CM
REP	1	83.379	83.379**
ENT	218	1877.168	8.610**
ERROR	189	969.222	5.128
TOTAL	408	2907.615	
CV	15.578		
MEDIA	14.536		
DESVEST	2.264		

**=altamente significativo 0.01 de probabilidad,* =significante 0.05 de probabilidad

En la fuente de variación repeticiones se encontraron diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$), lo que significa que las repeticiones no se comportan de manera similar.

En la fuente de variación de entrada hubo diferencias altamente significativas para la variable de respuesta (IS) ($P \leq 0.01$), lo que indica que entre las familias, al menos una posee valores de IS superior al resto, lo cual es favorable, ya que lo que se busca es variabilidad para poder hacer una buena selección.

A partir del Cuadro 4.6 en el cual se presentan los valores del índice de selección se procedió a seleccionar aquellos que presentaran un valor de índice más favorable que en este caso son las familias con IS menores.

Cuadro 4.6 Tabla de concentración de 220 familias con su índice de selección correspondiente

FAM	IS	FAM	IS	FAM	IS	FAM	IS
1	9.42065	56	13.35815	111	14.7094	166	16.7106
2	13.7898	57	11.9244	112	16.71655	167	14.15765
3	11.2822	58	16.34525	113	14.1596	168	11.7876
4	13.26005	59	11.8927	114	15.06765	169	15.9393
5	12.772	60	13.17695	115	15.32295	170	12.12875
6	16.41115	61	14.33535	116	11.9266	171	16.41915
7	14.8681	62	11.3096	117	16.40715	172	13.4329
8	14.44625	63	12.5361	118	17.3884	173	19.1336
9	16.7001	64	16.0413	119	14.91005	174	12.0908
10	17.0942	65	15.4644	120	13.74135	175	11.95075
11	14.5198	66	11.76895	121	10.99145	176	14.7519
12	13.71465	67	11.904	122	13.2268	177	12.19995
13	14.80245	68	15.9235	123	14.1372	178	14.19985
14	11.58685	69	16.23785	124	12.78975	179	14.48955
15	15.37355	70	16.13985	125	12.50125	180	18.57045
16	16.10085	71	13.8984	126	14.392	181	20.99055
17	10.2521	72	17.4122	127	20.6829	182	13.10265
18	13.9776	73	16.4447	128	14.926	183	14.1502
19	14.1029	74	17.1075	129	11.8717	184	18.70425
20	13.29165	75	16.1847	130	10.5964	185	11.25625
21	13.1849	76	12.4858	131	11.5879	186	14.7597
22	15.16815	77	13.60105	132	16.0619	187	13.4073
23	16.08405	78	9.3418	133	14.08825	188	14.17605
24	13.5171	79	12.29795	134	15.13525	189	12.97605
25	18.3971	80	12.72215	135	15.67595	190	17.87595
26	14.50725	81	14.356	136	17.1064	191	15.75385
27	16.2154	82	17.1404	137	11.46975	192	15.0944

28	14.72625	83	19.0159	138	12.47405	193	14.86975
29	10.03945	84	13.75135	139	11.75285	194	15.9492
30	14.7594	85	18.42145	140	13.32845	195	13.4908
31	16.4401	86	15.5806	141	15.05155	196	16.925
32	16.148	87	18.0926	142	16.4156	197	16.2281
33	11.2168	88	13.80285	143	13.10215	198	8.0063
34	14.228	89	15.86515	144	15.10315	199	13.0896
35	13.8717	90	18.79565	145	18.13995	200	13.3814
36	13.6966	91	14.1051	146	15.7468	201	13.6609
37	16.107	92	14.82545	147	12.03905	202	14.27355
38	14.52645	93	16.7849	148	12.8133	203	14.26375
39	13.0786	94	11.4472	149	18.33045	204	15.31585
40	13.96515	95	15.45075	150	22.0517	205	13.50105
41	11.35405	96	14.28785	151	15.72805	206	15.6
42	15.50735	97	15.89885	152	15.68517	207	17.125
43	17.0845	98	15.2715	153	11.69465	208	16.13845
44	14.52665	99	15.00095	154	12.9436	209	12.7305
45	16.7957	100	15.41175	155	13.9567	210	14.0891
46	16.6724	101	13.3132	156	13.81845	211	15.844
47	13.31555	102	14.2273	157	15.9641	212	15.395
48	11.266	103	16.03365	158	13.34445	213	15.0233
49	13.5822	104	15.11145	159	10.8637	214	18.0957
50	13.7213	105	12.3121	160	13.9504	215	15.59085
51	10.8875	106	15.31145	161	17.4347	216	14.28885
52	15.5789	107	14.4286	162	15.9348	217	16.58555
53	13.7284	108	13.0078	163	15.83645	218	13.97245
54	14.7518	109	16.6965	164	14.04085	219	15.4921
55	10.9172	110	14.3249	165	13.8212	220	14.1999

Esto se realizó al obtener el valor crítico, el cual resultó ser de 10.006 que se obtuvo al restar 2 desviaciones estándar a la media del IS que representa el 5 por ciento de la población, esto para identificar que son individuos estadísticamente superiores a los demás. Cabe mencionar que los individuos con un índice de selección más cercano a cero serán los mejores. Lo que da como resultado que las líneas muestren una mayor respuesta a la selección.

La selección no solo debe enfocarse en una sola característica, normalmente rendimiento, ya que se descuidan otras variables de importancia agronómica y por tanto la selección no es la más eficiente; en este caso haciendo uso de un IS básico se eligieron las mejores familias por exhibir un IS con valor al mérito favorable, estos al estar más cercanos al criterio de selección de cada variable y por la conjunción de todas obtuvieron los valores más bajos, según Barreto *et al.*,(1991) se les considera como superiores. Como se observa en los resultados del Cuadro 4.7

Cuadro 4.7 Familias estadísticamente superiores acompañados de sus valores fenotípicos y promedios de IS

LUGAR	FAMILIA	GENEALOGIA	% HUM	ALTP	PLTF	RDTO	IS
1	198	45x198	16.7 %	165.5 cm	1	8.302	8.006
2	78	16x78	15.1 %	190 cm	2	9.257	9.341
3	1	1x1	14.9 %	191 cm	1	8.65	9.420
MEDIA IS		14.529					
VALOR MAX		22.051					
VALOR MIN		8.0063					

IS=índice de selección, por ciento de humedad (% HUM), altura de planta (ALTP), plantas con *Fusarium* (PLTF), mazorcas con *Fusarium* (MAZF), rendimiento (REND).

La familia 198 muestra el mejor valor a mérito del índice de selección con 8.006 siendo más cercano a cero su genealogía es la 45x198 formando parte del grupo estadísticamente superior presenta precocidad buena altura de planta la mejor dentro del grupo igualmente sanidad al presentar solo una planta con presencia de *Fusarium* y un rendimiento de 8.302 ton·ha⁻¹, no siendo la mejor en esta variable.

La familia 78 muestra un valor al mérito del índice de selección de 9.341 siendo el segundo de acuerdo a esta variable su genealogía es 16x78 formando parte del grupo estadísticamente superior del 5% presenta mayor precocidad que el anterior con un % de humedad del 15.1% una altura de planta poco favorable buena sanidad de planta y rendimiento de 9.257 ton·ha⁻¹.

La familia 1 muestra un valor al mérito del índice de selección de 9.420, siendo la tercera y última que entra dentro del grupo estadísticamente superior, su genealogía 1x1 es la más precoz dentro del grupo con 14.9 % de humedad una altura de planta no tan favorable siendo la más alta con 191 cm. Buena sanidad en planta y el mejor rendimiento dentro del grupo con 9.420 ton·ha⁻¹.

Con estos resultados se cumple el segundo objetivo y se acepta que se pueden detectar familias superiores con buenos atributos agronómicos con las que se puede seguir trabajando en el mejoramiento de esta población.

V. CONCLUSIONES

Del presente trabajo se concluyen dos puntos importantes:

1.- La población VAN-226 presentó la varianza aditiva mayor para las variables humedad, días a floración macho, días a floración hembra, acame de raíz, acame de tallo, plantas con *fusarium*; por lo que se recomienda someter a la población a un programa de selección recurrente.

La varianza de dominancia se presentó en mayor proporción en las variables: altura de planta, altura de mazorca, mazorcas con *Fusarium* y rendimiento. Se sugiere dirigir el mejoramiento bajo un programa de endogamia-hibridación sin embargo se sugiere utilizar un programa de selección recíproca recurrente líneas o bien selección recurrente bajo las metodologías S_1 , S_2 .

2.- Se encontraron familias con un IS superior en cuanto a las características consideradas indicando, que pueden llegar a superar en comportamiento y rendimiento al criollo original.

VI. RESUMEN

En maíz frecuentemente se ha utilizado el Diseño I de Carolina del Norte, para estimar los efectos y varianzas genéticas presentes en algunas variables de la población. El objetivo de este estudio fue estimar la proporción de varianza aditiva, de dominancia y la heredabilidad, presente en 10 variables, que permitiera proponer un efectivo procedimiento de mejoramiento genético; así como identificación de familias superiores en base a sus atributos agronómicos apoyándose de la herramienta índices de Selección. La investigación comprendió la evaluación de 220 familias de hermanos completos obtenidos de la cruce de cincuenta machos con diferente número de hembras. Las entradas fueron evaluadas en el campo directo de la UAAAN ubicado en Buenavista Saltillo, Coahuila en el ciclo primavera verano de 2013 utilizando el diseño de bloques incompletos con arreglo alfa-látice, con dos repeticiones. Se encontró que la varianza aditiva fue mayor a la varianza de dominancia en: humedad, días a floración macho, hembra y acame de raíz y tallo por lo tanto, estas variables se deben de someter a un programa de selección recurrente familiar, mientras que para altura de planta, mazorca, mazorcas con *Fusarium* y rendimiento la varianza de dominancia fue mayor aquí se recomienda utilizar el esquema de selección recíproca recurrente, o bien selección recurrente bajo las metodologías S_1 o S_2 . Posteriormente atendiendo los resultados del IS se seleccionaron las mejores familias que fueron 198 (45x198), 78(16x78) y 1(1x1) por exhibir un IS con valor al mérito favorable, estos al estar más cercanos al criterio de selección de cada variable y por la conjunción de todas obtuvieron los valores más bajos referentes al valor crítico que fue de 10.006, lo que llevó a seleccionar el 5% superior de la población.

Palabras clave: Varianzas genéticas, Diseño I Carolina del Norte, Heredabilidad, índices de selección.

VIII. LITERATURA CITADA

- Barreto, H. J., Bolaños, J. A., Córdova. H. S. 1991.** Índice de Selección; guía para la operación de software. Manual de Capacitación Regional. Programa Regional Centroamérica y el Caribe, Apdo. Postal, Guatemala.
- Castañón, G., Cruz, R., DI, Pino. R., Panzo, E., Montiel MI., Filobello, L. 2000.** Selección de líneas de maíz por resistencia a Sequía. Agronomía Mesoamericana, vol. 11(001): 163-169.
- Castillo R., A. 1994.** Mejoramiento comprensivo aprovechando una base genética amplia y selecta de maíces para regiones semiáridas de México. Tesis de Maestría en Ciencias. UAAAN., Saltillo, Coah. México.
- Chávez A., J.L. 1993.** Mejoramiento de plantas I. 2a edición. Ed. Trillas, México, D.F. 136 p.
- CENTLI. 2006.** Plantas y Semillas, nuevos recursos de protección legal agraria para los ejidos y comunidades de México.
- Cerón-Rojas J.J. y J. Sahagún-Castellanos (2004).** Un índice de selección basado en componentes principales. Agrociencia 39: 667-677
- Comstock R. E. and H. F. Robinson. 1948.** The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the degree of dominance. Biometrics 4: 254-266.

Comstock R. E. and H. F. Robinson. 1952. Estimation of average dominance of genes. *In*: heterosis, Iowa State College press. USA. pp. 494-516.

Daros, M; Fei-Xeira, do Amara, L. A; Gonzaga-Pereira. M; Santana-Santos F. 2004. Recurrente selection in inbred popcorn families. *Sci. Agric.* 61(6):609-614.

Reyes López, D., J. D. Molina Galán, M. A. Oropeza Rosas y E. del C. Moreno Pérez. 2004. Cruzas dialélicas entre líneas autofecundadas de maíz derivadas de la raza tuxpeño *Rev. Fitotec. Mex.* Vol. 27 (1): 49 – 56, 2004

Dudley, J.N. and RH. MOLL. 1969. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variance in plant breeding. *Crop Sci.* 9:257-262.

Falconer, D. S. 1984. Introducción a la Genética Cuantitativa. F. Márquez S. (trad) Editorial CECSA. 14° imp. México. 430 p.

Falconer, D. S. 1990. Introduction to Quantitative Genetics. 3rd ed. Longman. 438 p.USA

Falconer, D. S. and T. F. C. Mackay. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th ed. Longman, Essex, England.

Fehr, W. R. 1991. Principles of cultivar development. Volume 1. Theory and Technique. Iowa State University Press. Ames, Iowa. 536 p. Maíz). Certamen Nacional. Procuraduría Agraria. México. 47 p.

Gil, A. 1995. Definición del patrón varietal de maíz en la región sureste de la sierra Purépecha. Tesis de Maestría, Colegio de Postgraduados, México

- Hallauer, A. R., J. B. Miranda Fo. 1988.** Quantitative genetics in maize breeding. Second edition. Iowa State University Press, Ames, Iowa. 468 p.
- Herrera, E., F. Castillo, J. J. Sánchez, J. M. Hernández, R. Ortega, y M. Mayor Goodman. 2004.** Diversidad del maíz Chalqueño. Agrociencia. . 38 (2):191-206
- Márquez S., F. 1985.** Genotecnia vegetal. Métodos, teoría y resultados. Tomo I. AGT editor, S.A. México, D.F. 357 p.
- Márquez, S.F. 2011.** IV Reunión nacional de conservación, mejoramiento y uso de los maíces criollos Rev. Fitotec. Mex. .34 no.4 Chapingo
- Márquez S., F., and J. Sahagún C. 1994.** Estimation of genetic variances with maternal half-sib families. Maydica. 39: 197-201.
- Moll, R.H, and Hanson, W.D. 1984.** Comparisons of effects of intrapopulation vs. interpopulation selection in maize. Crop Sci. 24: 1047-1052
- Montes V, Donicer, Vergara G, Oscar, & Prieto M, Esperanza 2008.** Determinación de un índice de selección para el peso al nacer y al destete en ganado bovino de la raza Brahman. Revista MVZ Córdoba, 13(2), 1365-1368.
- Navarro, H... 2004.** Agricultura campesina-indígena, Patrimonio y Desarrollo Agroecológico territorial. Primera edición. Publicaciones Diamante, México. 214 p.

- Ng, K. Y., L. M. Pollak, S. A. Duvick, P. J., White. 1997.** Thermal properties of starch from 62 exotic maize (*Zea mays* L.) lines grown in two locations. *Cereal Chem.* 74(6):837-841.
- Restrepo, G., y Pizarro, E. J. 2008.** Índices de selección y niveles independientes de descarte párrafo dos características productivas y reproductivas en holstein hato ONU (*Bos taurus*). *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias.* 21(2): 239-250.
- Robinson, H.F. y C.C. Cockerham 1965.** Estimación y significado de los parámetros genéticos. Trad. por M. Gutiérrez. *Fitotecnia Latinoamericana.* 2(1): 23-38.
- Robles, S. R. 1986.** Genética elemental y fitomejoramiento práctico. Ed. Limusa, S.A de C.V., México, D.F., 477 p
- Soares de Lima J.M., Pravia M.I., Ravagnolo O., y Montossi F. 2011.** Índice de selección para la Cría: “Una nueva herramienta disponible en Uruguay para seleccionar reproductores por su mérito económico en la raza Hereford”. Programa Nacional de Carne y Lana, INIA Uruguay.
- Silva, R. J. y Monteverde-Penso. E. 1998.** Estimación de componentes de varianza genética de una población indehisciente de ajonjolí tipo chino utilizando dos diseños de apareamiento. *Revista de la Facultad de Agronomía (Maracay).* 24(1):
- Vallejo. D. H. 1992.** Selección recíproca recurrente de hermanos completos para porte bajo de la variedad de maíz V-385 e. *In: Memoria XIV congreso nacional de fitomejoramiento.* Catillo G. F. y Livera M. Manuel. (Eds). Tuxtla Gutiérrez (eds). Chiapas. 694 p.

Wu, J., J. N. Jenkins, J. C. McCarty, and D. Wu. 2006. Variance component estimation using the additive, dominance, and additive x additive model when genotypes vary across environments. *Crop Sci.* 46:174-179

Yáñez, C. L. F., 2005. Índices de selección: sugerencias para su utilización. Universidad Nacional Experimental Sur del Lago. Págs. 107-110.