

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA

ANTONIO NARRO

DIVISION DE AGRONOMIA



Caracterización de una Población Enana de Maíz (*Zea mays* L.), a Partir de
Híbridos Dobles

Por:

DANIEL SÁMANO GARDUÑO

TESIS

Presentada como Requisito Parcial para Obtener el Título de:

INGENIERO AGRONOMO FITOTECNISTA

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.

Junio de 1999

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
DIVISION DE AGRONOMIA
DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO

Caracterización de una Población Enana de Maíz (*Zea mays* L.), a Partir de Híbridos
Dobles

Por:

DANIEL SÁMANO GARDUÑO

TESIS

Que somete a consideración del H. jurado examinador como requisito parcial para
obtener el título de:

INGENIERO AGRONOMO FITOTECNISTA

A P R O B A D A

El Presidente del Jurado

M.C. HUMBERTO DE LEÓN CASTILLO

DR. FROYLAN RINCON SANCHEZ
SINODAL

ING ABEL VALDES SALAZAR
SINODAL

ING. MODESTO COLIN RICO
SINODAL

El Coordinador de la División de Agronomía

M.C. REYNALDO ALONSO VELASCO

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Junio de 1999

DEDICATORIAS

A ese ser todo poderoso, que me ilumina, me guía por el buen camino y que me ha permitido llegar a esta etapa de mi vida, **A mi Dios.**

A esas grandes personas que siempre han cuidado de mi, que me han ayudado cuando lo he necesitado y que siempre estarán junto a mi, **A mis Abuelos.**

**ENCARNACION SAMANO (q.e.p.d.) NICANORA FUENTES
MARIA M. DE LA LUZ**

A esos dos grandes personajes que me dieron la vida, que me han apoyado en todo momento y que han levantado cuando he caído, **A mis padres.**

JUAN SAMANO FUENTES AGUSTINA GARDUÑO DE LA LUZ

A esos jóvenes que han sido la motivación para que yo pueda seguir adelante, y que con su amor hacen mi vida feliz, **A mis hermanos**

**ELIZABETH MONICA
ISMAEL**

A esa persona que siempre a visto por mi y que con sus consejos me ha sacado siempre adelante, **A mi tía.**

A. BERNARDITA SAMANO FUENTES

A ese camarada que siempre me ha apoyado en todo incondicionalmente y que con ejemplo me ha enseñado a lograr lo que uno quiere en la vida, **A mi primo.**

Ing. JOSE L. SAMANO DIAZ

A todas esas personas que dan alegría a mi vida, que cuando los he necesitado han estado ahí y que siempre me han dado su cariño y amor, **A toda mi Familia, Materna y Paterna.**

AGRADECIMIENTOS

Al M.C. Humberto de León Castillo, por permitirme participar en uno de sus trabajos de investigación para realizar el presente trabajo, así como por el tiempo y esfuerzo dedicados a la asesoría y revisión de éste.

Al Ing. Abel Valdés Salazar, por su apoyo en el análisis estadístico, por la revisión, comentarios y sugerencias echas a éste trabajo.

Al Dr. Froylan Rincón Sánchez, por su valiosa colaboración en la revisión y por sus contribuciones acertadas que dieron mayor realce a este trabajo.

Al Ing. Modesto Colin Rico, por su esfuerzo en la revisión final y sugerencias echas al presente trabajo de investigación.

Al personal de campo del Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario Castro Gil”, por su apoyo en el trabajo de campo, así como en la toma de datos de este trabajo.

A mis compañeros y amigos de la Universidad que hicieron, de alguna u otra manera, agradable mi estancia en está.

Y por último, y no por menos importante, a mi ALMA TERRA MATER por haberme permitido formarme en sus aulas y llegar a ser hoy un profesionalista.

INDICE DE CONTENIDO

	Página
DEDICATORIAS.....	iii
AGRADECIMIENTOS.....	iv
INDICE DE CONTENIDO.....	v
INDICE DE CUADROS.....	vi
INTRODUCCION.....	1
Objetivos.....	2
Hipótesis.....	3
REVISIÓN DE LITERATURA.....	4
Mejoramiento poblacional.....	4
Diseños genéticos.....	6
Diseño I.....	7
Componentes de varianza genética.....	9
Heredabilidad.....	15
Aptitud combinatoria.....	18
Maíz enano.....	19
MATERIALES Y METODOS.....	24
Material genético.....	24
Ubicación del sitio experimental.....	25
Instalación del experimento.....	25
Variables a considerar.....	26
Diseño experimental utilizado.....	29
Estimación de ACG y ACE.....	31
Análisis estadístico del Diseño I.....	32
Estimación de parámetros genéticos.....	34
Estimación de la heredabilidad.....	35
RESULTADOS Y DISCUSIONES.....	36
CONCLUSIONES.....	56
RESUMEN.....	57
BIBLIOGRAFIA.....	59
APENDICE.....	63

INDICE DE CUADROS

		Página
Cuadro 3.1	Indicativo de la estructura del análisis de varianza utilizado.....	30
Cuadro 3.2	Estructura del análisis de varianza para el Diseño Genético I de Carolina del Norte.....	33
Cuadro 4.1	Cuadrados medios del análisis de varianza individual para 5 características agronómicas evaluadas en Celaya, Gto.....	37
Cuadro 4.2	Cuadrados medios del análisis de varianza combinado para 5 características agronómicas evaluadas en Celaya, Gto.....	43
Cuadro 4.3	Promedio de rendimiento y otras características agronómicas de las mejores 5 cruzas dobles experimentales de cada experimento en Celaya, Gto.....	46
Cuadro 4.4	Cuadrados medios del análisis de varianza del Diseño I Carolina del Norte para las 5 variables evaluadas en Celaya, Gto. En 1998.....	48
Cuadro 4.5	Concentración de los mejores 10 progenitores según su ACG o prepotencia.....	49
Cuadro 4.6	Concentración de las mejores 15 cruzas según su ACE, así como su rendimiento.....	51
Cuadro 4.7	Estimadores de la varianza de machos (σ^2_M) y de hembras dentro de machos ($\sigma^2_{H/M}$) para las 5 variables evaluadas.....	52
Cuadro 4.8	Estimadores de la varianza aditiva (σ^2_A) y de dominancia (σ^2_D) para las 5 variables evaluadas.....	52
Cuadro 4.9	Estimadores de heredabilidad en sentido estricto (h^2) y en sentido amplio (H^2) para la población, en las 5 variables evaluadas.....	55
Cuadro A1	Genealogía del material genético utilizado, así como su tratamiento correspondiente y número del macho y de la hembra que formaron la craza.....	65

INTRODUCCIÓN

El mejoramiento poblacional de maíz, es fundamental y conduce al desarrollo de híbridos cada vez mejores. Las mejoras hechas a las poblaciones de maíz a través de diversos esquemas ínter e intrapoblacionales se pueden explotar redituablemente al derivar nuevas líneas superiores. Conforme se mejora continuamente la base genética del material, hay oportunidad de extraer nuevas y mejores líneas en cada ciclo de mejoramiento (Robles, 1986).

Por esta razón, los investigadores del Instituto Mexicano del Maíz, de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, trabajan en el mejoramiento poblacional del maíz para encontrar híbridos con buenas características agronómicas e incrementar la producción por unidad de superficie. Actualmente se pretende trabajar en el mejoramiento una población de maíz enano, ya que estas plantas tienen la particularidad de soportar altas densidades de siembra aumentando la producción. Además, pueden aprovechar dosis altas de fertilización, son muy estables y de mayor respuesta al manejo. Aunado a esto, tienen la ventaja de presentar hojas erectas y espigas compactas, lo que hace que se incremente el espacio fotosintético de la planta, que se traduce en un aumento en la producción de grano. Características que pueden hacer de las plantas enanas más atractivas que los materiales normales y altos.

Pero para poder aplicar el mejor método de mejoramiento para esta población enana, aprovechando al máximo las características genéticas de estos materiales y eficientar el tiempo del mejoramiento, este trabajo tiene la finalidad de determinar los componentes de varianza genética en la población para así, hacer una caracterización de esta y determinar bajo que esquema de mejoramiento poblacional se tendrán las máximas ganancias genéticas.

Además como se están manejando híbridos dobles, se pretende encontrar maíces enanos sobresalientes, con buenas características agronómicas que en su momento, puedan superar en rendimiento y otras características a los materiales normales, sometidos a las mismas condiciones de manejo agronómico, para que puedan ser mas fácilmente aceptados por los agricultores.

OBJETIVOS:

- De la población enana seleccionar híbridos sobresalientes y con buen potencial de rendimiento que puedan llegar a ser igualar o superar a los materiales normales, bajo condiciones similares de manejo agronómico.

- Estimar los componentes de la varianza genética para hacer una caracterización de la población enana y determinar el mejor método de mejoramiento poblacional, para mejorar dicha población.

HIPÓTESIS:

- Entre los materiales enanos evaluados, existe al menos uno, que pueda llegar a igualar o superar en rendimiento a los materiales normales en las mismas condiciones de manejo agronómico

- Al estimar los componentes de la varianza genética, se identificara una estrategia de selección, aplicable a esta población enana.

REVISION DE LITERATURA

MEJORAMIENTO POBLACIONAL

En la década de los cuarentas resurgió el interés en la genética cuantitativa y desde entonces se ha acumulado una gran cantidad de valiosa información. Mucho de este renovado interés en el mejoramiento de poblaciones proviene de los estudios de genética cuantitativa en el maíz. Varios estudios empíricos han revelado que la varianza genética aditiva para rendimiento y otros atributos en poblaciones heterocigotas de maíz es muy elevada y predominante. Tal información respalda la efectividad de diversos esquemas de mejoramiento genético intrapoblacional para mejorar el comportamiento de las poblaciones de maíz. Los avances de la genética cuantitativa también han ayudado a los fitomejoradores a entender los tipos de acción genética involucrados en la expresión de diferentes caracteres del maíz que se hallan bajo control poligénico. Este tipo de información es de considerable importancia para el fitomejorador cuando éste elige entre los varios esquemas genotécnicos conocidos (Vasal *et al*, 1978).

La eficiencia de los programas de mejoramiento esta basada en el acopio de gran variabilidad genética de la especie, el uso de la metodología mas 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).

Robles (1986) menciona que el maíz permite el mejoramiento genético tanto mediante procedimientos de endogamia, como mediante cruzamientos. Estos procedimientos dan alternativas a los fitomejoradores para el desarrollo de tipos de maíz dentro de dos categorías amplias: 1) forma híbrida que incluyen cruza simples, triples, dobles, de mestizos e híbridos varietales, y 2) poblaciones de polinización libre en la forma de variedades criollas (locales) o mejoradas que pertenecen a razas en particular, compuestos de amplia base genética, sintéticos y generaciones avanzadas de cruza varietales.

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.

DISEÑOS GENETICOS

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).

En la estimación de parámetros genéticos se hace uso de los diseños de apareamiento los cuales operan en función de las covarianzas genéticas entre parientes, como los diseños dialélicos propuestos por Griffing (1956), o bien como los propuestos por Comstock y Robinson (1948, 1952), mejor conocidos como los diseños I, II y III de Carolina del Norte. Estos diseños se pueden aplicar a caracteres de herencia diploide, dos alelos por locus y bajo los supuestos de equilibrio de ligamento y ausencia de epistasis.

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.

DISEÑO 1

Este diseño se planteó y analizó en la Universidad de Carolina del Norte por Comstock y Robinson (1948, 1952). Este diseño 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. Las progenies de cada macho con sus hembras es una familia de medios hermanos (MH), en tanto que cada hembra da lugar a una familia de hermanos completos (HC). Y caracterizaron el Diseño I en la siguiente forma: se parte del apareamiento de cada uno de m machos con n hembras diferentes, para obtener m familias de medios hermanos (M-H) y n familias de hermanos completos (H-C) dentro de cada macho, es decir un total de mn familias de H-C. Posteriormente se evalúan las familias en un diseño de bloques al azar, acomodando un determinado número de machos por bloque para tener así tantas familias de M-H como machos haya en el bloque y tantas familias de H-C como hembras por macho se hayan determinado por bloque. Obteniendo las frecuencias de apareamiento cuando se maneja un solo par de genes y transformándolas en valores genotípicos en ambos tipos de familias, calcularon la covarianza de cada apareamiento llegando a obtener finalmente las covarianzas entre parientes en términos de varianza aditiva y de dominancia:

$\text{cov M-H} = \frac{1}{4} \sigma_A^2$ y $\text{cov H-C} = \frac{1}{2} \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_D^2$. Posteriormente obtuvieron la relación entre los tipos de familias, encontrando que las componentes de varianza de machos (σ_M^2) y de hembras dentro de machos (σ_H^2) tenían las equivalencias siguientes:

$\sigma_M^2 = \frac{1}{4} \sigma_A^2$; $\sigma_H^2 = \frac{1}{4} \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_D^2$. Lo anterior permitió estimar las componentes de la varianza genética para el carácter y población estudiada.

Marques y Hallauer (1970), estudiaron el efecto que causa la variación en el número de machos (8, 16, 32 y 48) y de hembras por macho (2, 4, 6, 8 y 10) en las estimaciones de los componentes de la varianza, cuando se usa el diseño I, tomando como carácter básico el rendimiento de grano en maíz, para encontrar cual combinación era la que menos afectaba a las estimaciones de la varianza aditiva como de dominancia. Estos autores encontraron que las causas por las que se obtienen estimadores negativos de las componentes de la varianza son:

- Insuficiente muestreo de la población, pudiendo resultar con grandes desviaciones en las estimaciones del error dando valores negativos de las componentes de la varianza genética.
- Falta de muestreo en las hembras lo cual puede reducir la variabilidad genética original, proporcionando estimaciones negativas de σ_D^2 .

Por su parte Sents (1971) citado por Celis (1981) comparó los estimadores de las componentes de varianza usando los Diseños I y II en la misma población (bajo el supuesto de que las cruces usadas en el diseño II eran una muestra aleatoria de la población usada en el diseño I). Encontrando que en el diseño I los estimadores de

σ^2_A fueron mayores y que las estimaciones de σ^2_D por lo general resultaron negativas. Concluyendo que el diseño II es más sensible que el diseño I y sus estimadores son más reales sobre todo en el caso de σ^2_D .

Goodman (1965) estudió dos poblaciones, una de ellas formada por variedades adaptadas a la región y la otra por variedades exóticas y estimó las componentes de varianza mediante el diseño I. Encontrando estimadores negativos de σ^2_D y menciona que esto comprueba el hecho de que el diseño I sobrestima normalmente la σ^2_A y no tiene mucha sensibilidad para estimar la σ^2_D .

COMPONENTES DE VARIANZA GENÉTICA

En 1918 Fisher citado por Allard (1980) hizo el primer intento de hacer la partición de la varianza genotípica en sus componentes. Reconoció tres componentes de la varianza hereditaria: 1) Una parte aditiva que describe la diferencia entre homocigotos en un locus cualquiera; 2) Un componente correspondiente a la dominancia que proviene de interacciones de alelos (interacción intralélica), y 3) Una parte epistática asociada con las interacciones entre no alelos (interacción interalélica o epistasia).

Dudley y Moll (1969), citados por Jugenheimer (1981), definieron los siguientes términos:

- Heredabilidad es el cociente de la varianza genética entre la varianza fenotípica.

- La varianza fenotípica es la variación total entre los fenotipos cuando se cultivan o crecen en el rango de ambientes que interesan al fitomejorador.
- La varianza genética total es la parte de la varianza fenotípica que puede atribuirse a las diferencias genotípicas entre los fenotipos.
- La varianza de la interacción genotipo-ambiente es la parte de la varianza fenotípica atribuible a la falta de cada genotipo para ser igual en ambientes diferentes.
- La varianza genética total puede subdividirse además en varianza genética aditiva, varianza genética de dominancia y varianza genética epistática.
- La varianza genética aditiva total en una población es la suma de las varianzas genéticas aditivas aportadas por los loci individuales. La varianza genética aditiva de un solo locus se determina por la frecuencia génica y por el efecto promedio de sustituir un alelo por otro (efecto aditivo).
- La varianza de dominancia es la varianza intra locus que queda, permanece después de la varianza total de sustraer la varianza aditiva dentro del locus.
- La varianza genética epistática es la parte de la varianza genética total que queda después de sustraer la varianza total dentro del locus y representa la diferencia entre la suma de las varianzas genéticas dentro del locus y la variación total entre los genotipos.

Cockerham (1963) citado por Celis (1981), menciona que las varianzas genéticas pueden ser estimadas de muchas formas. Los progenitores son apareados siguiendo algún sistema de apareamiento (diseño de apareamiento) y la progenie se hace crecer en ciertas condiciones ambientales (diseño de campo). Las observaciones cuadráticas de campo permiten estimar los componentes de la varianza y covarianza del diseño, que son interpretadas genética y ambientalmente. Es natural que los diseños empleados con

más frecuencia sean aquellos que pueden ser fácilmente analizados con procedimientos estadísticos usuales y que pueden ser interpretados en componentes de varianza del diseño; y para su interpretación genética, dichos componentes se pueden trasladar a covarianzas de parientes y estas a su vez se pueden interpretar en términos de componentes de la varianza genética.

Para obtener los componentes de varianza expresadas en la población tienen que combinarse los efectos separados de todos los loci que contribuyen a la varianza. La varianza aditiva que se presenta debida a la acción de todos los loci, es en conjunto la suma de las varianzas aditivas atribuibles a cada locus separadamente, y la varianza dominante es, similarmente, la suma de las diferentes contribuciones. Pero cuando más de un locus esta bajo consideración entonces las desviaciones de interacción, si están presentes, dan lugar a otra componente de varianza, la varianza de la interacción, la cual es la varianza de las desviaciones de interacción (Falconer, 1980).

Robinson y Moll (1965) citados por Coutiño (1982), afirmaron la importancia extrema que tiene el entendimiento de la naturaleza de la acción génica involucrada en las decisiones respecto al método a seguir en el mejoramiento intra o interpoblacional de plantas o animales; algunos puntos relevantes que ellos consideran se deben de tomar en cuenta son: la existencia de variabilidad genética en la población para lograr mejoramiento genético, porque si la varianza genética es en su mayor parte aditiva y de magnitud apreciable respecto a la varianza genética total y a la varianza ambiental, serán efectivas las selecciones individual y de familias, por otro lado, si la varianza genética aditiva representa la porción mayor de la varianza total, debe aplicarse selección masal y

selección familiar; en cambio, si la dominancia y epistásis son las principales fuentes de variación, la hibridación es el procedimiento mas adecuado y si la acción génica es sobredominante, entonces el proceso recomendado es la selección recurrente para aptitud combinatoria específica; por ultimo, si las poblaciones muestran variedad en los tipos de varianza genética y si hay sobredominancia, aunque no en alta proporción, de los loci que condicionan las características en estudio, será más eficiente aplicar la selección reciproca recurrente.

Falconer (1980) menciona que la varianza aditiva es la causa principal del parecido entre parientes y, por lo tanto, la principal determinante de las propiedades genéticas observables de la población y de la respuesta de ésta a la selección.

Allard (1980) menciona que el mejorador tiene que basar sus esperanzas en evidencias de la variación genética. Sin embargo, raras veces se han hecho las estimaciones de tal forma que se hayan evitado los errores debidos a las interacciones genotipo-medio ambiente, y sólo se conseguirán mejoras apreciables reales partiendo de estimaciones sin sesgo. Análogamente, se han hecho pocas estimaciones de covarianzas genotípicas entre caracteres partiendo de experiencias diseñadas adecuadamente. La obtención de estas estimas es de momento uno de los problemas más importantes en la mejora genética de plantas.

Vargas (1979) trabajó con las poblaciones de maíz Zac 58 original y Zac 58 SM₁₀ usando el diseño I en dos localidades de evaluación. En donde estimó la σ^2_A y la

σ^2_D para rendimiento por planta y otros caracteres. Así como también, la correlación genético-aditiva entre todos los caracteres, la heredabilidad y la respuesta teórica a diversos métodos de selección. Encontrando que Zac 58 SM₁₀ fue superior en todos los caracteres estudiados con respecto a las medias fenotípicas de Zac 58 original. Con respecto a las varianzas genéticas estimadas para rendimiento, se encontró que la σ^2_A disminuyó mientras que la σ^2_D aumentó como resultado de la selección. Concluyendo que las estimaciones de las varianzas genéticas pudieran estar muy sesgadas, debido a la posible falta de equilibrio de ligamento en Zac 58 SM₁₀. Por lo tanto consideró inefectivo el método de selección masal en lo futuro para esta población.

Estrada (1977) sometió dos poblaciones de maíz Zapalote Chico a dos tipos de selección: selección masal y selección modificada de mazorca por surco durante tres ciclos. Así mismo, estimó los componentes de varianza genética en cada una de las poblaciones originales. Encontró poca variabilidad en ambas poblaciones, reflejándose esto en el pequeño valor de las componentes de σ^2_A y la σ^2_D y la falta de respuesta a la selección. Lo anterior se explicó como un efecto de la fuerte presión de selección natural a que estuvo sometido el material en forma natural. Concluyendo que la selección familiar era más efectiva que la masal ya que pudo agotar mas σ^2_A con respecto a la selección masal.

Fletes (1967) trabajó con dos variedades de maíz de la raza Chalqueño, para constituir un índice de selección en base a rendimiento y cuatro componentes de rendimiento por planta. Encontró que las correlaciones genotípicas de las componentes

de rendimiento con éste, fueron positivos excepto para número de hileras. Concluyo que la respuesta a la selección depende de la variabilidad de la población original y que el uso del índice debe hacerse solamente en la población en que fueron estimados los parámetros para la construcción del índice.

Del Campo (1980) encontró que en las cruzas dialélicas precoces, la varianza genética aditiva para el carácter rendimiento fue sensiblemente igual a la varianza genética dominante, mientras que por el contrario, en las cruzas dialélicas intermedias y en aquellas donde estuvieron involucradas poblaciones mejoradas, la varianza dominante tuvo valores mayores que la varianza aditiva.

Alfaro (1991) evaluó 61 cruzas simples obtenidas de 12 líneas endogámicas de maíz, contrastantes en caracteres morfológicos y fisiotécnicos mediante un estudio genético bajo el método 4 de Griffing. Encontrando que la σ^2_A fue mayor a la σ^2_D en todos los caracteres evaluados excepto en número de mazorcas secundarias en donde la σ^2_D fue mayor que la σ^2_A . Este autor menciona que sus resultados coincidieron con aquellos autores que obtuvieron una varianza aditiva de mayor magnitud para rendimiento de grano de maíz y algunos de sus componentes, como Oyervides (1979), Bohm y Schuster (1986), Cruz *et al* (1984), entre otros.

Coutiño (1982) evaluó cruzas dialélicas de un grupo de 18 poblaciones progenitoras a nivel trópico en 5 ambientes. En este trabajo se estimó el vigor híbrido, la capacidad de combinación entre esas poblaciones, la variabilidad genética y la

heredabilidad de algunos componentes de rendimiento. Concluyendo que las poblaciones mejoradas, mostraron mayores efectos genéticos de tipo aditivo. Por su parte, Oyervides (1979) encontró que la varianza genética aditiva fue mayor que la varianza de dominancia en ocho de los caracteres estudiados en 11 colecciones de maíz tropical y solo en dos fue mayor la proporción de la varianza de dominancia; para las estimaciones utilizó en método 2 de Griffing.

HEREDABILIDAD

El parecido entre parientes es uno de los fenómenos genéticos básicos mostrado por los caracteres métricos, y el grado de parecido es una propiedad del carácter que puede determinarse por medio de mediciones relativamente simples que se hacen en la población sin necesidad de usar técnicas experimentales especiales. El grado de parecido proporciona así un medio para estimar la cantidad de varianza aditiva, y esta proporción (o sea, la heredabilidad) es la que determina principalmente cual será el mejor método de mejoramiento que debe usarse (Falconer, 1980).

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 fenotípos 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.

El mismo autor menciona que la heredabilidad se estima considerando la acción de todos los genes involucrados en un carácter cuantitativo; o sea, genes con efectos de aditividad, dominancia, sobredominancia, epistasis, interacción génica diversas, cuyos efectos sumatorios podrán ser favorables o desfavorables, influyendo esto en la mayor o menor expresión del carácter cuantitativo. Este tipo de heredabilidad, al considerar la acción de todos los genes (inclusive con independencia o con ligamiento factorial) se conoce como “heredabilidad en sentido amplio” y también como “heredabilidad genotípica”.

Según Chavez (1993) la heredabilidad se refiere a la capacidad que tiene los caracteres para transmitirse de generación en generación; también se le puede considerar como el grado de parecido entre los individuos de una generación a la siguiente, pudiéndose estimar en dos sentidos: amplio (H^2) y estricto (h^2). La primera, estima el grado en que el fenotipo refleja al genotipo; es la porción heredable del total de la varianza fenotípica (V_P). Y se estima con la siguiente formula:

$$H^2 = V_G / V_P = (V_A + V_D) / V_P$$

La heredabilidad en sentido estricto se estima a través de la suma de los efectos de genes aditivos que el progenitor hereda a su descendencia; es el cociente de V_A / V_P . En este caso se consideran únicamente los efectos de acción génica aditiva, y la estimación se obtiene por medio de la siguiente fórmula:

$$h^2 = V_A / V_P.$$

Márquez (1979) menciona que de acuerdo a la teoría de la selección, en cuanto mayor sea la heredabilidad del carácter que se está seleccionando, será más efectiva dicha selección; Sin embargo, la heredabilidad depende tanto de la variación genética aditiva como de la variación fenotípica; si el numerador es solamente la componente de la varianza aditiva, en el denominador iría todo lo que no es aditividad (componentes de dominancia, epistáticos, ambientales y de interacción genotipo-ambiente). Estrictamente, la variación genotípica no debería cambiar conforme cambian las condiciones ambientales y así, lo que cambiaría sería las componentes del ambiente y las de la interacción, lo cual causaría la variación observable o fenotípica.

La heredabilidad no es una propiedad del carácter únicamente, sino que también lo es de la población y de las circunstancias ambientales a las que están sujetos los individuos. Puesto que el valor de la heredabilidad depende de la magnitud de todas las componentes de varianza, un cambio en cualquiera de estas la afectará (Falconer, 1980).

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, Chavez (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).

APTITUD COMBINATORIA

La estimación de la aptitud combinatoria de una línea autofecundada es fundamental para la formación de híbridos o variedades sintéticas. Inicialmente la aptitud combinatoria fue un concepto general, utilizado para la clasificación de una línea en relación con su comportamiento en cruzas, sin embargo actualmente se estima en familias, variedades, cruzas simples o en cualquier material que se use como progenitor de una cruce (Castillo, 1994).

Genéricamente el termino aptitud combinatoria (AC) significa la capacidad que tiene un individuo o una población de combinarse con otros, dicha capacidad medida por medio de su progenie. Sin embargo, para que la AC tenga sentido en el contexto genotécnico debe de determinarse no en un solo individuo de la población sino en varios, a fin de poder realizar selección de aquéllos que exhiban la más alta (Márquez, 1991).

Sprague y Tatum (1942) citados por Márquez (1991), definieron la aptitud combinatoria general (ACG) como el comportamiento de una línea en combinaciones híbridas, y la aptitud combinatoria específica (ACE) como los casos en los cuales ciertas combinaciones lo hacen mejor (o peor) de lo que podía esperarse en base al comportamiento promedio de las líneas envueltas, es decir, la ACE es el rendimiento relativo de cada cruce específica.

Chavez (1995) define a la ACG como el efecto promedio que una línea imparte a sus cruces, medido como desviación de la media general, o sea, es lo que una línea hereda a sus progenies en promedio de muchas cruces. Y la ACE es el resultado del efecto conjunto de dos líneas en particular, la cual se mide como desviación de la suma de la media general mas las aptitudes combinatorias de los progenitores implicados en la cruce.

MAIZ ENANO

La obtención de plantas enanas o de porte bajo y alta productividad es una de las modalidades que siguen los fitotecnistas al desarrollar arquetipos de plantas más eficientes en el aprovechamiento de los recursos naturales disponibles como agua, suelo, atmósfera y luz (Reyes, 1985). Este mismo autor menciona que las formas de enanismo verdadero, corresponden a plantas con una altura de una cuarta a una quinta parte de la altura de la planta normal original, carácter que surge de un acortamiento de la longitud de los entrenudos, pero no en el número; las hojas son muy anchas y cortas de color verde oscuro. Las mazorcas presentan en toda su longitud espiguillas estaminadas con

anteras grandes con poco o ningún polen y con frecuencia la espiga masculina es compacta, con pocas ramificaciones.

Castro (1973) menciona que la reducción en la altura de las plantas se ha presentado como una excelente alternativa para lograr obtener incrementos substanciales en los rendimientos por hectárea de los cultivos. Esto se explica, si se considera que una reducción en la altura de la planta de maíz permite reducir las pérdidas por acame, aumentar la densidad de población y la dosis de fertilización, además el enanismo causa un ahorro de energía que se capitaliza por lo menos parcialmente en una mayor producción de grano, o bien, en un menor requerimiento de agua y/o nutrientes, favoreciendo un aumento en las utilidades por hectárea. Además, logró formar plantas de altura reducida, hojas erectas, espigas pequeñas y entrenudos cortos abajo de la mazorca, características que permitieron sembrar 130,000 plantas por hectárea, con lo que obtuvo un considerable aumento en el rendimiento por ha.

Espinoza (1977) hace referencia de un híbrido super-enano (Pancho Villa, AN-360) desarrollado en la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, que de acuerdo a sus características agronómicas, tienen rendimientos experimentales de 19.9 ton/ha con una población de 130,000 ptas/ha, en la zona del Bajío. Además este híbrido presenta hojas erectas, angostas y espiga corta y ramificada.

Márquez (1991) menciona que en la actualidad el arquetipo para condiciones de agricultura intensiva es de plantas enanas o semienanas, sea en trigo, maíz, girasol o sorgo.

Mock y Pearce (1975) citados por Cruz (1988), proponen un ideotipo de maíz basándose para ello en las características morfológicas y fisiológicas que pueden combinarse a través de un programa de mejoramiento bajo un ambiente óptimo de rendimiento y esta caracterizado por: hojas erectas colocadas verticalmente arriba de la mazorca y hojas debajo de la mazorca que deben estar orientadas horizontalmente, máxima eficiencia fotosintética, conversión eficiente de fotosintato a grano, intervalo corto de tiempo entre la dehiscencia de anteras y la receptividad de estigmas, prolificidad, tamaño pequeño de espigas, intensidad del fotoperíodo, tolerancia al frío en la germinación, período largo de llenado de grano y una baja senescencia foliar.

Una variedad o híbrido enano produce rendimientos más bajos por planta que su variedad o híbrido homólogo de altura normal; sin embargo, el rendimiento por hectárea es superior por disponer de mayor número de plantas por ha (Robles, 1986).

Chavez (1973) probó en Roque, Gto., 6 híbridos de maíz super-enanos, de hojas erectas y espigas pequeñas, que sembrados a una densidad de 87,000 plantas por hectárea, dos de ellos produjeron experimentalmente 11.6 ton/ha, superior a cualquier híbrido sembrado en esa región en ese tiempo.

Galvan (1977) realizó un estudio comparativo entre maíz superenano br-2 y maíz normal en Jalostoc, Mor., tomando en consideración el rendimiento en grano por hectárea, rendimiento en grano por planta, longitud y anchura de la hoja, área foliar por hoja, número de hojas por planta, área foliar por planta, número de hojas por hectárea, índice de área foliar, ángulo de la hoja, días a floración y altura de mazorca. En donde se

observaron diferencias altamente significativas en todas las características tomadas a consideración, y en general, resultando ser mejor el maíz superenano que el normal. El autor lo atribuye a la capacidad que tienen los maíces superenanos a soportar poblaciones altas de plantas sin reducir la producción de grano, esto debido a características tales como porte bajo, ángulo de la hoja reducido, posición erecta de las hojas, así como pocas de ellas y de corta longitud. Además, por el aumento del área foliar sin disminuir los rendimientos por m² de hoja.

Chavez (1980) estudio los efectos que los sistemas de siembra plano equidistante y normal (surcos) y las densidades de población de 120,000 y 200,000 ptas/ha tienen sobre el rendimiento de plantas individuales. La evaluación fue hecha en Juventino Rosas, Gto. en 1970, utilizando 18 cruza triples experimentales de maíz superenano de hojas erectas, encontrando que la mejor densidad y sistema de siembra, donde los híbridos de mayor potencial genético mostraron los más altos rendimientos son: 120,000 ptas/ha en siembra normal.

Buren, *et al* (1974) citados por Chavez (1980) estudiaron en maíz los efectos que producen las altas densidades de plantas encontrando que a 98,800 ptas/ha, las plantas se volvían estériles (flor femenina) como consecuencia de efectos morfológicos y fisiológicos ocasionados al aumentar el número de plantas, por lo tanto, la presencia de plantas estériles en la población es un factor limitante en la producción de grano. Sin embargo, indican que los genotipos de maíz tolerantes a altas densidades de población se caracterizan por una rápida floración, coincidencia en la polinización, rápida emergencia

y crecimiento de la primera mazorca y eficiente producción de grano por unidad de área foliar.

De León *et al* (1998) caracterizaron diversos patrones heteróticos como una estrategia de mejoramiento en la formación de híbridos para el Bajío Mexicano, a través del comportamiento de las cruzas formadas. Utilizando como material tres grupos heteróticos: Tropical por Bajío (TxB); Enano por Normal (ExN) y Precoz por Tardío (PxT), evaluando rendimiento, días a floración masculina y femenina y altura de planta y mazorca. Encontrando que el patrón (PxT) produjo los híbridos con mejor varianza genética y con las mejores características agronómicas; sin embargo, las dificultades intrínsecas de asincronía entre los progenitores para la formación de los híbridos, condujo a la consideración del patrón ExN como la mejor estrategia de formación de híbridos para el Bajío Mexicano.

MATERIALES Y METODOS

MATERIAL GENETICO

La población enana se formó a partir de 12 líneas elite con avanzado grado de endogamia provenientes del Instituto Mexicano de Maíz de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro”. Esta población se recombinó por segunda vez en Tepalcingo, Mor., durante el ciclo otoño-invierno (1997-1998). Y posterior a la cosecha se sembró en la localidad de Celaya, en el ciclo primavera-verano de 1998, donde se evaluó la progenie formada.

Para constituir la población, primero se realizó un dialélico entre las líneas enanas seleccionadas, obteniéndose todas las cruzas simples posibles, las cuales por medio de un compuesto balanceado se formó la población y se obtuvo el segundo ciclo de recombinación al hacer cruzas fraternales entre todas.

A partir de las cruzas simples, se formaron híbridos dobles entre ellas, con el fin primordial de constituir una serie de hermanos completos, donde, al menos cuatro tuvieran un progenitor en común y, bajo este sistema de apareamiento, se obtuvieron las progenies suficientes para implementar el Diseño 1 de Carolina del Norte para caracterizar genéticamente la población para conocer a futuro el esquema de mejoramiento con el cual se obtengan las máximas ganancias.

Las progenies resultantes son familias de hermanos completos (FHC) y familias de medios hermanos (FMH), que fueron los que se evaluaron en la localidad de Celaya, Gto.

UBICACIÓN DEL SITIO EXPERIMENTAL

La evaluación del material genético se llevó a cabo en Celaya, Gto., que se sitúa en las coordenadas de 20° 32' Latitud Norte y 100° 49' Longitud Oeste, con una altura sobre el nivel del mar de 1754 m., una temperatura media anual de 20.6°C y una precipitación pluvial anual de 597.3 mm.

INSTALACION DEL EXPERIMENTO

La siembra se llevo a cabo el 27 de mayo de 1998, en forma manual y para evitar fallas se depositaron dos semillas por golpe, para posteriormente aclarar a una planta por sitio y así asegurar el numero optimo de plantas. La cosecha se realizo el 20 de noviembre de 1998.

La parcela experimental fue de 2 surcos, con 75 cm de separación uno del otro y con una longitud de 3.99 m, a un distanciamiento entre plantas de 19 cm., dando una área de 5.9 m² de parcela útil. Teniendo cada surco 21 plantas, dando un total de 66,000 plantas por hectárea.

La formula de fertilización aplicada (N-P-K) fue 180-90-90, la cual se distribuyo en 2 partes, la primera al momento de la siembra en donde solo se aplico la mitad del nitrógeno, y la segunda en el primer cultivo, en donde se aplico el resto del nitrógeno junto con el fósforo y el potasio.

Durante el desarrollo del cultivo se llevaron a cabo las labores culturales normales como escarda y riegos oportunos.

VARIABLES A CONSIDERAR

Las características 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 brevemente.

DÍAS A FLORACIÓN MASCULINA (DFM).

Corresponde al número de días transcurridos desde la siembra hasta que el cincuenta por ciento de las plantas se encuentran en antesis, en cada parcela.

DÍAS A FLORACIÓN FEMENINA (DFF).

Es el número de días transcurridos desde la siembra hasta que más del cincuenta por ciento de las plantas en cada parcela posean estigmas receptivos.

ALTURA DE PLANTA (AP).

Comprende la media que nos arroja el muestrear diez plantas al azar por parcela y medirlas desde la base del tallo hasta la inserción de la hoja bandera, se expresa en cm.

ALTURA DE MAZORCA (AM).

Promedio de diez plantas muestreadas al azar por parcela, medidas desde la base del tallo hasta la inserción de la mazorca principal, expresada en cm.

ACAME DE RAIZ (AR).

Por ciento de plantas en la parcela, que tuvieron una inclinación mayor de 30 grados con respecto a la vertical.

ACAME DE TALLO (AT).

Por ciento de plantas de la parcela que presentaron quebramientos en el tallo por debajo de la mazorca.

MALA COBERTURA (MC).

Por ciento de plantas cuyo totomoxtle no cubre el total de la mazorca, en cada parcela.

PLANTAS CON *Fusarium spp* (PF).

Por ciento de plantas en la parcela que se encontraron dañadas parcial o totalmente por este hongo, con respecto al total de las plantas.

NUMERO DE MAZORCAS COSECHADAS (NMC).

Dato correspondiente al total de mazorcas cosechadas dentro de cada parcela útil.

RENDIMIENTO (REND).

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

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

Finalmente, 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 ton/ha.

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

DONDE:

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

0.845 = Constante para obtener el rendimiento l 5.5 por ciento de humedad.

1000 = Coeficiente para obtener el rendimiento en ton/ha.

10,000 m² = Equivalencia a una hectárea.

Cabe mencionar que para las variables AR, AT, MC y PF, no se discutirá su ANVA, debido a la baja efectividad de los análisis ocasionado por una deficiente normalización de los datos porcentuales, que se reflejó en los C.V. que fueron mayores al 50%. Sin embargo, será una información muy útil en la comparación de medias de tratamientos junto con las otras características evaluadas, para hacer la selección de las mejores cruza dobles.

DISEÑO EXPERIMENTAL UTILIZADO

El experimento se realizó bajo un diseño experimental de bloques al azar, en 3 experimentos, con el fin de minimizar el efecto ambiental con 50 entradas cada uno, en dos repeticiones.

Siendo el modelo lineal para el análisis el siguiente:

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

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

Supongamos que los errores se distribuyen idéntica e independientemente en forma normal con media cero y varianza σ^2 .

Al considerar la variación total, las causas principales de variación son la variación entre repeticiones, la variación entre tratamientos, y variación atribuible al error experimental. Lo anterior se resume en el cuadro 3.1.

Cuadro 3.1 Indicativo de la estructura del análisis de varianza utilizado.

F.V.	G.L.	S.C.	C.M.	F.C.
Repeticiones	r-1 a	$\sum_j \frac{y^2_{.j}}{t} - \frac{y^2_{..}}{tr}$ 1	1/a I	I/III
Tratamientos	t-1 b	$\sum_i \frac{y^2_{i.}}{r} - \frac{y^2_{..}}{tr}$ 2	2/b II	II/III
Error	(t-1)(r-1) c	$\sum_{ij} y^2_{ij} - \sum_j \frac{y^2_{.j}}{t} - \sum_i \frac{y^2_{i.}}{r} + \frac{y^2_{..}}{tr}$ 3	3/c III	
Total	tr-1	$\sum_{ij} y^2_{ij} - \frac{y^2_{..}}{tr}$ 4		

Para conocer si los datos obtenidos en el análisis de varianza son confiables, se determino el coeficiente de variación (C.V.) de la siguiente manera:

$$C.V. = \frac{\sqrt{CME}}{X}$$

Donde:

CME = Cuadrado medio del error.

X = Media general.

La separación de las medias se realizó mediante la prueba de diferencia mínima significativa (DMS), la cual se calculó de la siguiente forma:

$$DMS = t_{\alpha(g)} \sqrt{\frac{2CME}{r}}$$

Donde:

$t_{\alpha(g)}$ = Valor de t a un valor de probabilidad con los grados de libertad del error.

CME = Cuadrado medio del error.

r = Repeticiones.

ESTIMACION DE ACG Y ACE

Con el objeto de estimar el comportamiento genético individual de los progenitores y la estructura genética de sus cruzas, para el carácter rendimiento de grano, se calcularon los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) o prepotencia y, los de aptitud combinatoria específica (ACE). Calculándose de la siguiente manera:

$$ACG = X1 - X2$$

Donde:

X1 = Media del rendimiento del progenitor.

X2 = Media general

$$ACE = (Y1 - Y2) - gp1 - gp2$$

Donde:

Y1 = Media del rendimiento de la cruce.

Y2 = Media general.

gp1 = ACG del progenitor 1.

gp2 = ACG del progenitor 2.

ANALISIS ESTADISTICO DEL DISEÑO 1

Para utilizar el diseño I, se sembraron 148 cruces (progenies), provenientes de la cruce de 37 plantas macho, cada uno con un grupo de 4 hembras.

El diseño 1 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 3.2, se constituye el análisis de varianza para el Diseño Genético.

Cuadro 3.2 Estructura del análisis de varianza para el Diseño Genético I de Carolina del Norte.

F.V.	G.L.	E(C.M.)	
Repeticiones	r-1	$\sigma_e^2 + \sigma_r^2$	
Machos	m-1	$\sigma_e^2 + r\sigma_{H/M}^2 + rh\sigma_M^2$	M3
Hembras/macho	m(h-1)	$\sigma_e^2 + r\sigma_{H/M}^2$	M2
Error	(mh-1)(r-1)	σ_e^2	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:

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

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

ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS

La estimación se realizó a partir de las componentes de interés de los cuadrados medios del ANVA del diseño 1 del cuadro 3.2.

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.

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

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

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

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

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

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

$$\sigma^2_H = \sigma^2_M + \frac{1}{4} \sigma^2_D$$

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

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

ESTIMACION DE LA HEREDABILIDAD

A partir de los componentes de varianza estimados, se calcularon los valores porcentuales de heredabilidad, en sentido estricto (h^2) y en sentido amplio (H^2), para cada uno de los caracteres medidos, mediante las fórmulas:

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

$$H^2 = \frac{\sigma^2_G}{\sigma^2_P}$$

Donde:

$$\sigma^2_P = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_E$$

$$\sigma^2_G = \sigma^2_A + \sigma^2_D$$

RESULTADOS Y DISCUSIONES

Para poder cumplir con los objetivos de este trabajo, así como también, aceptar o rechazar las hipótesis planteadas, en este capítulo se presentan los resultados estadísticos y discusión obtenidos de los análisis realizados a las cruzas dobles. Para esto, el análisis de varianza se realizó en forma individual para cada experimento. Esto con el fin de conocer las diferencias y/o similitudes que existen entre los ambientes donde se evaluaron los tres experimentos. Además, se hizo un análisis de varianza en donde estuvieran combinados los tratamientos de los tres experimentos, para que los resultados fueran atribuidos a la población.

Se realizó también un análisis de varianza para el diseño genético, con el fin de obtener los componentes de la varianza genética y, así caracterizar a la población.

ANALISIS DE VARIANZA INDIVIDUALES Ó POR EXPERIMENTO

Como los materiales evaluados provienen de una misma población y fueron distribuidos aleatoriamente en cada uno de los tres experimentos, era de esperarse que los resultados de cada experimento fueran similares entre sí. En el cuadro 4.1 se puede observar que no se presentó esta situación, ya que los resultados del experimento 3

CUADRO 4.1. Cuadrados medios del análisis de varianza individual para cinco características agronómicas evaluadas en Celaya, Gto. en 1998.

EXPERIMENTO No. 1							
VAR	CMr	CMt	CMe	C.V.	MEDIA	DMS	RANGO
REND	9.97 *	9.15 **	2.01	10.54	13.46	2.850	8.766 - 19.743
DFM	0.81 NS	5.21 **	1.40	1.49	79.35	2.379	76.00 - 83.00
DFE	0.16 NS	5.16 **	1.47	1.51	80.36	2.433	78.00 - 84.00
AP	182.3 NS	788.5 **	274.6	10.51	157.65	33.30	123.0 - 248.0
AM	121.0 NS	370.0 NS	235.3	20.76	73.90	30.83	55.00 - 140.00
g.l.	1	49					

EXPERIMENTO No. 2							
VAR	CMr	CMt	CMe	C.V.	MEDIA	DMS	RANGO
REND	1.09 NS	6.52 **	1.75	10.07	13.14	2.658	9.702 - 17.017
DFM	4.00 NS	6.06 **	1.59	1.58	79.78	2.535	77.00 - 85.00
DFE	0.16 NS	7.90 **	1.85	1.68	81.02	2.736	78.00 - 86.00
AP	484.0 NS	337.1 *	181.4	8.34	161.60	27.07	140.0 - 203.0
AM	56.25 NS	255.4 NS	159.31	16.84	74.95	25.37	53.00 - 123.0
g.l.	1	49					

EXPERIMENTO No. 3							
VAR	CMr	CMt	CMe	C.V.	MEDIA	DMS	RANGO
REND	2.21 NS	5.77 NS	5.18	18.99	11.98	4.572	7.256 - 16.518
DFM	0.49 NS	5.20 *	2.80	2.08	80.57	3.360	78.00 - 84.00
DFE	0.04 NS	7.08 **	2.84	2.05	82.02	3.384	79.00 - 86.00
AP	0.25 NS	811.8 **	409.9	12.54	161.45	40.69	110.0 - 253.0
AM	30.25 NS	436.07 **	207.3	19.31	74.55	28.93	45.00 - 143.0
g.l.	1	49					

* = HAY DIFERENCIAS SIGNIFICATIVAS AL 0.05
 ** = HAY DIFERENCIAS ALTAMENTE SIGNIFICATIVAS AL 0.01
 NS = NO HAY DIFERENCIAS SIGNIFICATIVAS

presentan diferencias en la comparación de tratamientos respecto a los otros dos experimentos. En este último experimento no fue posible identificar diferencias entre los tratamientos, debido a que el ambiente jugó un papel importante, lo cual se refleja en los parámetros comparativos como CME, C.V. y en la media de tratamientos. Lo anterior ocasionó que el valor de DMS se incrementara sustancialmente.

Para la variable rendimiento (REND) se observa que para la fuente de variación repeticiones hubo diferencias significativas al nivel 0.05 de probabilidad en el experimento 1, mientras que en los experimentos 2 y 3 no hubo diferencias significativas. Indicando con esto que el bloqueo solo fue efectivo en el primer experimento, por detectar las diferencias que hubo entre un bloque y otro. En los otros dos experimentos las condiciones fueron similares, siendo iguales los bloques. Para la fuente de variación tratamientos, en los experimentos 1 y 2, se encontraron diferencias altamente significativas al nivel de 0.01 de probabilidad para el carácter rendimiento, mientras que en el experimento 3, no hubo diferencias significativas. El tratamiento con mayor rendimiento se ubicó en el experimento 1 con un rendimiento de 19.743 ton/ha, mientras que el rendimiento más bajo se presentó en el experimento 3 con 7.256 ton/ha. En cada uno de los experimentos se encontró un alto porcentaje de tratamientos que fueron superiores a la media, siendo estos el 50%, el 44% y el 52%, para los experimentos 1, 2 y 3, respectivamente, lo cual indica que la mayoría de los tratamientos presentaron un buen rendimiento.

Al encontrar materiales enanos con un alto rendimiento, sembrados a una densidad normal, y manejados como se haría con cualquier tipo de maíz, se cumple el primer objetivo de este trabajo; así como también, se acepta la hipótesis que dice, entre los materiales enanos evaluados, existe al menos uno que llegue a igualar o superar en rendimiento a los materiales normales manejados en las mismas condiciones agronómicas. Aunque en este trabajo no se utilizó un testigo, que tendría que ser un maíz normal para hacer la comparación, los rendimientos aquí citados son excepcionales, que pueden competir con los de cualquier otro material. Además estos materiales enanos

pueden presentar la ventaja de que si se someten a altas densidades de siembra, aumentaran el rendimiento por unidad de superficie.

A pesar que en el experimento 3 no hubo diferencias significativas para rendimiento, la DMS, permitió separar los tratamientos en grupos estadísticamente diferentes, en relación al rendimiento, encontrándose para este experimento 2 grupos. Mientras que para los experimentos 1 y 2 se separaron 4 y 3 grupos, respectivamente. Siendo de gran utilidad para facilitar la selección, ya que aquellos tratamientos que pertenezcan al mismo grupo serán estadísticamente iguales, por lo tanto, se podrán seleccionar poniendo mas énfasis en las otras características agronómicas.

Para la variable días a floración masculina (DFM), se encontró que las repeticiones fueron iguales, ya que no presentaron diferencias significativas en los tres experimentos, por lo tanto las diferencias que presenten los tratamientos se deberá únicamente a los factores genéticos, y no a las condiciones ambientales. Para los tratamientos hubo diferencias altamente significativas al nivel de 0.01 de probabilidad en los experimentos 1 y 2, mientras que en el experimento 3 solo hubo diferencias significativas al nivel de 0.05 de probabilidad, esto indica que todos los tratamientos presentan diferencias de días a floración masculina. Las medias, así como el rango de los tres experimentos fueron similares, pero notando que en el experimento 1, se situaron los materiales que más pronto llegaron a floración masculina. El rango mayor esta en el experimento 2 (8 días de diferencia) y el menor en el experimento 3 con 6 días de diferencia.

En los días a floración femenina (DFF), las repeticiones se comportaron de una manera muy similar en los tres experimentos, ya que el ANVA no encontró diferencias significativas para esta fuente de variación, lo que indica que el ambiente y/o el manejo agronómico fueron similares en los bloques. Se observa también que hubo diferencias altamente significativas al nivel de 0.01 de probabilidad para los tratamientos de los tres experimentos. Existiendo mayor variabilidad en el experimento 2, que tiene una diferencia en el rango de 8 días, no siendo lo mismo para el experimento 1 que solo tiene 6 días de diferencia. Los materiales más precoces estuvieron presentes en los experimentos 1 y 2 (con 78 días cada uno), mientras que el más tardío estuvo en los experimentos 2 y 3 (86 días).

En general, los días a floración que tardan estos materiales, los hacen que se consideren de ciclo intermedio, una ventaja más que se puede atribuir a la población. Así como también, la buena sincronización floral que presentaron los tratamientos, que de alguna manera los hace de interés para utilizarse en aquellas regiones en donde se desea que la producción salga lo más pronto posible.

Para la altura de planta (AP), se encontró que en los tres experimentos no hubo diferencias significativas para las repeticiones, debido a que el suelo presento buena homogeneidad, así como también al ambiente que influyo de la misma manera en los bloques. En los tratamientos existieron diferencias altamente significativas al nivel de 0.01 de probabilidad en los experimentos 1 y 3, mientras que en el experimento 2 solo hubo diferencias significativas al nivel de 0.05 de probabilidad, por lo tanto se pueden encontrar tratamientos con diferente altura de planta. Encontrando en el experimento 3

la planta más alta (253 cm), así como también la planta mas chica (110 cm), mientras que la media mas alta se encontró en el experimento 2 (161.6 cm), y la mas baja (157.65 cm) en el experimento 1.

En esta característica se debe de poner mucha importancia, ya que a pesar de que la población se formo a partir de materiales enanos, en estos experimentos se presentaron plantas altas, las cuales se deben de eliminar de la población al seguir trabajando con ella, o quizás seguir trabajando con ellos, pero independientemente, si es que presentan buenas características agronómicas.

En la altura de mazorca (AM), las diferencias y/o similitudes que hubo en los tratamientos se deberá únicamente a variabilidad genética, ya que el ambiente y el manejo que se les dio a los bloques, no influyeron en esta variabilidad, por no haber diferencias significativas en las repeticiones de los experimentos. Los tratamientos presentaron diferencias altamente significativas al nivel de 0.01 de probabilidad en el experimento 3, mientras que en el 1 y 2, no hubo diferencias significativas. Encontrando que la mayor altura de mazorca, así como la de menor altura se presentaron en el experimento 3 (143 y 45 cm, respectivamente), porque hay más variabilidad ya que resulto con diferencias altamente significativas. Según la media de cada experimento, demuestra que la mazorca se encuentra a muy buena altura del suelo, lo que facilita la cosecha y evita que la mazorca llegue a pudrirse por la gran humedad relativa que existe cerca del suelo.

Como la mayor altura de mazorca corresponde a la planta más alta, al eliminar a estas, se reducirá la altura de mazorca.

En los tres experimentos se encontraron coeficientes de variación bajos para las variables DFM y DFF, mientras que para REND, AP y AM, presentaron coeficientes de variación altos, pero aceptables en estos experimentos. Concluyendo que los resultados obtenidos en los tres experimentos son confiables y que estos fueron guiados correctamente.

ANALISIS DE VARIANZA DE LOS EXPERIMENTOS EN FORMA CONJUNTA

Para la población analizada en conjunto (Cuadro 4.2), no hubo diferencias significativas para la fuente de variación repeticiones en ninguna de las variables. Esto indica que el diseño estadístico utilizado para analizar los datos no fue el mas adecuado, ya que el bloqueo se hace con la finalidad de detectar las diferencias que haya en las repeticiones y disminuir los efectos del error experimental, pero al no haber diferencias en las repeticiones, hubiera sido factible utilizar mejor un diseño completamente al azar.

En lo que respecta a rendimiento (REND), el análisis de varianza arrojo diferencias altamente significativas al nivel de 0.01 de probabilidad para la fuente de variación tratamientos. En donde la media fue de 12.859 ton/ha., mientras que el rendimiento mas alto fue de 19.743 ton/ha, habiendo entonces 6.884 ton de diferencia.

CUADRO 4.2. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado, para cinco características agronómicas evaluadas en Celaya, Gto. en 1998.

VAR	CMr	CMt	CMe	C.V.	MEDIA	DMS	RANGO
REND	0.13 NS	7.86 **	3.03	13.53	12.86	3.438	7.26 - 19.74
DFM	1.08 NS	5.93 **	1.93	1.74	79.90	2.747	76.00 - 84.50
DFE	0.12 NS	7.56 **	2.03	1.75	81.13	2.813	77.50 - 86.00
APTA	432.0 NS	643.9 **	286.4	10.6	160.23	33.44	110.0 - 252.50
AMAZ	56.33 NS	349.4 **	199.0	18.9	74.47	27.87	45.00 - 142.50
g.l.	1	149					

* HAY DIFERENCIAS SIGNIFICATIVAS AL 0.05

** HAY DIFERENCIAS ALTAMENTE SIGNIFICATIVAS AL 0.01

Con estos resultados, se comprueba lo contrario a lo citado por Robles (1986), ya que esta población compuesta por híbridos dobles, arrojó materiales que tuvieron un buen potencial de rendimiento por planta, aun sembrados a una densidad normal (66,000 ptas/ha), y por consiguiente, es de esperarse que si se siembran a mayor densidad, mayor será el rendimiento por unidad de superficie.

Con este apartado se cumple el primero de los dos objetivos de este trabajo, que es encontrar un material enano con alto potencial de rendimiento que pueda igualar o superar a los materiales normales, en las mismas condiciones de manejo agronómico y se acepta la primera hipótesis planteada, al encontrar híbridos con un alto potencial de rendimiento, que es superior a muchos de los híbridos existentes actualmente.

Para las variables días a floración masculina y femenina (DFM y DFE, respectivamente), los tratamientos presentaron diferencias altamente significativas al nivel de 0.01 de probabilidad, con una media de 79.9 y 81.1 días, respectivamente. Lo cual indica que la población tiende a ser de un ciclo intermedio. También los híbridos

experimentales presentaron una buena sincronización floral, con una diferencia máxima de 2.5 días de flor a flor. Características favorables que presenta la población y que invitan a que se conduzca la investigación de ésta, para regiones con condiciones climáticas extremas, en donde materiales con ciclo biológico corto o intermedio sean la solución para poder producir en esos lugares.

En la altura de planta (AP), también se encontraron diferencias altamente significativas al nivel de 0.01 de probabilidad en los tratamientos. Existiendo materiales muy bajos pero también materiales altos. Estos últimos, se deben de eliminar de la población, pero quizás algunos pueden ser utilizados, si tienen un alto potencial de rendimiento, como híbridos comerciales.

El análisis de varianza para la variable altura de mazorca (AM), arrojó en los tratamientos, diferencias altamente significativas al nivel de 0.01 de probabilidad. Con un rango que va de 45.00 a 142.50 cm, correspondiendo la mayor altura de mazorca, con la planta más alta y viceversa. Por lo cual al seleccionar las plantas por altura de planta, también se estarán seleccionando para altura de mazorca. La altura media (74.467 cm) hace que estos materiales sean atractivos para los agricultores, ya que la mazorca se encuentran a una altura adecuada para realizar de una manera más rápida y fácil la cosecha, tanto manual como mecánica, traduciéndose en un ahorro de dinero.

Los coeficientes de variación fueron bajos para las variables DFM y DFF (1.739 y 1.754, respectivamente), en tanto que para el REND, AP y AM (13.529, 10.561 y 18.941, respectivamente), son algo altos, pero que están dentro del rango de tolerancia,

lo que quiere decir que los experimentos fueron manejados y llevados a cabo de una forma adecuada, dando resultados confiables.

La selección de los mejores híbridos presentes en cada experimento, consistió en escoger a los tratamientos que tuvieran los rendimientos mas altos, pero con los valores iguales o más bajo a la media de cada una de las otras características evaluadas, por ser estas características indeseables. Esto con el fin de tener a los híbridos con menor grado de incidencia de las características indeseables. Los híbridos seleccionados se concentran en el cuadro 4.3.

Estos son los híbridos dobles experimentales que tuvieron el mayor potencial de rendimiento de la población, así como también, los valores más bajos de la media de las otras características evaluadas. Como se puede ver en el cuadro 4.3, estos híbridos presentan valores indeseables para las variables AR, AT, MC y PF, pero esto no es un factor limitante para estos materiales seleccionados para seguir trabajando con ellos, ya que estos valores parecieran ser tolerantes, ya que estos híbridos provienen de la misma población. Sin embargo, es importante corregir estos problemas para poder competir con ellos en el mercado, contribuyendo con esto al avance del mejoramiento del maíz.

Aquí toma mayor importancia el mejoramiento poblacional, ya que esta población presento híbridos experimentales con muy buen potencial de rendimiento, por lo tanto, si se somete a la población a un programa de mejoramiento poblacional, pero conociendo antes su varianza genética, según Castillo (1994), Vasal *et al* (1978), Robles (1986), Márquez (1985), entre otros, se espera que más adelante se obtengan materiales

CUADRO 4.3. Promedio de rendimiento y otras características agronómicas de las mejores 5 cruzas dobles experimentales de cada experimento, en Celaya, Gto.

EXPERIMENTO 1									
TRAT	DFM	DFF	AP	AM	AR	AT	MC	PF	REND
14	79	81	138	65	1	1	6	5	17.994
8	79	80	158	83	8	2	17	8	16.627
6	78	79	155	68	7	0	13	8	15.649
20	79	80	155	73	14	0	26	7	15.160
4	80	80	155	68	3	0	22	9	14.440

EXPERIMENTO 2									
TRAT	DFM	DFF	AP	AM	AR	AT	MC	PF	REND
84	79	81	160	73	6	1	22	5	17.017
79	81	84	160	68	5	0	14	6	16.601
56	79	80	160	75	5	1	22	10	15.878
86	80	82	145	73	0	0	17	12	15.223
94	79	81	165	70	5	4	20	1	15.509

EXPERIMENTO 3									
TRAT	DFM	DFF	AP	AM	AR	AT	MC	PF	REND
142	79	81	155	60	5	1	14	7	16.518
104	81	83	153	80	6	1	10	7	13.842
132	81	83	153	78	5	0	10	11	13.360
130	83	84	155	70	4	0	5	7	12.156
117	80	81	160	55	2	4	10	8	12.076

TRAT = TRATAMIENTO	DFM = DIAS A FLORACION MASCULINA
DFF = DIAS A FLORACION FEMENINA	AP = ALTURA DE PLANTA (cm.)
AM = ALTURA DE MAZORCA (cm.)	AR = ACAME DE RAIZ (%)
AT = ACAME DE TALLO (%)	MC = MALA COBERTURA (%)
PF = PLANTAS CON <i>Fusarium spp.</i> (%)	REND = RENDIMIENTO AL 15.5% DE HUMEDAD

mejores a los presentados aquí, que puedan contribuir a disminuir la escasez de este cereal en el país.

DISEÑO I DE CAROLINA DEL NORTE

La explotación racional y eficiente de la variación genética presente en las poblaciones es esencialmente importante en el éxito de los programas de mejoramiento.

Debido a esta consideración es importante conocer la naturaleza de la variación genética (Del Campo, 1980). Es por eso que en este trabajo se estimaron los componentes de la varianza genética por medio del Diseño I de Carolina del Norte, para poder caracterizar a la población, y así, poder cumplir el segundo y último objetivo del presente trabajo y saber si se acepta o rechaza la hipótesis planteada.

En el cuadro 4.4 se concentra el análisis de varianza del diseño I, en donde se aprecia que para la fuente de variación repeticiones, no hubo significancia para ninguna de las variables evaluadas. Esto una vez más demuestra que el ambiente tuvo poca o nula influencia en el comportamiento de los tratamientos, gracias a un adecuado manejo agronómico.

En los machos hubo diferencias altamente significativas en todas las variables, indicando que en las 37 cruzas simples donde intervinieron como machos son estadísticamente diferentes entre sí, indicando por lo tanto que hay mucha variabilidad. Situación que es favorable para hacer selección, escogiendo a los mejores, en función a su prepotencia o ACG.

APTITUD COMBINATORIA GENERAL O PREPOTENCIA

La aptitud combinatoria general de los mejores materiales (cruzas simples) usados como macho y la prepotencia de los materiales utilizados como hembras, se muestran en el cuadro No. 4.5.

CUADRO 4.4. Cuadrados medios de los análisis de varianza del Diseño I Carolina del Norte, para cinco variables evaluadas en Celaya, Gto. en 1998.

RENDIMIENTO

F.V.	G.L.	S.C.	C.M.	
Rep	1	0.6639	0.6639	NS
Macho	36	435.292	12.8027	** M3
Hembra(macho)	111	570.205	5.4305	** M2
Error	147	419.211	3.0159	M1
C.V. = 13.568				

DIAS A FLORACION MASCULINA

F.V.	G.L.	S.C.	C.M.	
Rep	1	1.0321	1.0321	NS
Macho	36	501.6214	14.7536	** M3
Hembra(macho)	111	319.8750	3.0464	** M2
Error	147	277.4679	1.9962	M1
C.V. = 1.768				

DIAS A FLORACION FEMENINA

F.V.	G.L.	S.C.	C.M.	
Rep	1	0.1750	0.1750	NS
Macho	36	680.4857	20.0143	** M3
Hembra(macho)	111	358.1250	3.4107	** M2
Error	147	295.3250	2.1246	M1
C.V. = 1.797				

ALTURA DE PLANTA

F.V.	G.L.	S.C.	C.M.	
Rep	1	280.000	280.000	NS
Macho	36	27594.28	811.597	** M3
Hembra(macho)	111	62487.50	595.119	** M2
Error	147	40795.00	293.489	M1
C.V. = 10.734				

ALTURA DE MAZORCA

F.V.	G.L.	S.C.	C.M.	
Rep	1	43.2142	43.2142	NS
Macho	36	15325.89	450.761	** M3
Hembra(macho)	111	35731.25	340.298	** M2
Error	147	26956.79	193.934	M1
C.V. = 13.568				

CUADRO 4.5. Concentración de los mejores 10 progenitores según su aptitud combinatoria general o prepotencia.

M	H	GENEALOGIA	ACG
	18	(LBMMPSC5S2 X MLS4-A)	2.651
	12	(232-10-11-1-A-A X MLG4-1)	2.595
2		(255-18-19-60-A-A X LBMMPSC5S2)	2.545
	28	(MLS4-1 X LBCPC4S4-A)	2.469
21		(232-10-11-1-A-A X LBCPC2-1-1-1-A-A-1-X)	2.424
	40	(LBSMPSMC5S4-A-A X LBCPC4S4-A)	2.602
	27	(MLS4-1 X LBCPC4S4)	2.112
	21	(LBMMPSC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A)	1.945
22		(232-10-11-1-A-A X LBSMPSMC5S4-A)	1.869
23		(232-10-11-1-A-A X LBSMPSMC5S4-A-A)	1.727

M = MACHO H = HEMBRA

Estos materiales presentaron la mayor ACG o prepotencia, lo cual los hace ser favorecidos para poder entrar en un programa de mejoramiento con la finalidad de formar híbridos o una variedad sintética, ya que estos materiales van a heredar, a su descendencia híbrida, sus características favorables. Pero también pueden ser usados para formar parte de una nueva población e iniciar un nuevo programa de mejoramiento en esa población, y posiblemente obtener nuevos y mejores materiales.

Es importante mencionar también que de las mejores 15 cruzas de acuerdo a su rendimiento, 10 de ellas (trat. 14, 8, 6, 20, 84, 79, 86, 94, 142 y 104) tienen a sus dos progenitores con buena ACG; 3 cruzas (trat. 4, 56 y 130) tienen a un progenitor con mala y otro con buena ACG y, solo 2 cruzas (trat. 132 y 117) tuvo a sus dos progenitores con muy mala ACG o prepotencia, pero aun así lograron colocarse entre los 15 mejores híbridos.

APTITUD COMBINATORIA ESPECIFICA

También las 148 híbridos dobles evaluados (hembras dentro de machos), presentaron diferencias altamente significativas al nivel de 0.01 de probabilidad. Pero para conocer el resultado del efecto conjunto de las líneas en particular, se estimó la ACE para cada híbrido doble, en donde los mejores 15 se encuentran en el cuadro 4.6.

Se puede ver que de las 15 mejores cruzas según su ACE, solo coinciden con 3 cruzas del cuadro 4.3, una craza por cada experimento. Se aprecia también que solamente una (trat. 132), de las dos cruzas que tuvieron a sus dos progenitores con mala ACG, es la que aparece con buena ACE (2.624), mientras que la otra craza (trat. 117), su valor estuvo por abajo de la unidad, pero con efectos positivos. Por lo tanto, el tratamiento 132 (32 x 3) tiene muy buena combinación híbrida, a pesar de que sus progenitores son malos individualmente según su ACG.

Haciendo una comparación entre la ACG y la ACE para detectar híbridos superiores, de acuerdo a los resultados aquí obtenidos, los progenitores apareados con buena ACG dieron mayor incidencia de híbridos sobresalientes. En cuanto a la ACE, los tratamientos que tuvieron alta ACE, no correspondieron, casi en ningún caso, a los tratamientos con buenos rendimientos. Por lo tanto, se puede concluir que para esta población la mejor metodología para detectar híbridos sobresalientes es la de ACG ya que presento mayores efectos que la ACE.

CUADRO 4.6. Concentración de los mejores 15 cruza según su aptitud combinatoria específica, así como su rendimiento.

TRAT	MACHO	HEMBRA	REND	ACE
126	30	9	14.100 (39)	2.990
48	36	12	19.743 (1)	2.958
56	14	29	15.878 (10)	2.788
132	32	3	13.360 (57)	2.624
44	11	39	17.311 (3)	2.559
65	16	31	13.408 (55)	2.445
51	12	35	12.082 (100)	2.436
38	10	31	12.421 (88)	2.424
96	24	2	15.061 (18)	2.307
107	26	2	14.317 (34)	2.305
134	32	5	11.503 (112)	2.255
145	35	33	12.531 (82)	2.132
127	31	1	11.616 (110)	2.124
135	33	1	12.961 (67)	2.075
14	4	27	17.994 (2)	2.005

() Lugar que ocupan en la tabla general en cuanto a rendimiento.

COMPONENTES DE VARIANZA

En el cuadro 4.7, se encuentran los estimadores de las varianzas de machos y hembras dentro de machos usados como base para estimar los parámetros genéticos de la población enana. Observándose que para las variables DFM y DFF, la varianza de machos es mayor que la varianza de hembras dentro de machos, lo que traerá como consecuencia que la σ^2_D sea menor para estas dos variables, ya que a la $\sigma^2_{H/M}$ se le resta la σ^2_M . Siendo lo contrario para las variables REND, AP y AM. En estas dos últimas variables, se tiene que sus varianzas son muy altas, debido a la gran variabilidad que provocaron los machos y las hembras dentro de machos para estas variables.

Cuadro 4.7. Estimadores de la varianza de machos (σ^2_M) y de hembras dentro de machos ($\sigma^2_{H/M}$) para las cinco variables estudiadas.

	REND	DFM	DFE	AP	AM
σ^2_M	0.9215	1.4634	2.0754	27.0597	13.8080
$\sigma^2_{H/M}$	1.2073	0.5251	0.6430	150.8149	73.1820

En el cuadro 4.8, se presentan la varianza aditiva y de dominancia de las variables utilizadas. Observándose que la varianza aditiva fue mayor que la varianza de dominancia en las variables REND, DFM y DFE, esto es similar a los resultados que obtuvo Alfaro (1991), y los autores que ella cita así como también Coutiño (1982) y Oyervides (1979) y con los de Vasal (1978), en donde encontraron que para el rendimiento la σ^2_A fue mayor que la σ^2_D , pero que difieren con los resultados obtenidos por Del Campo (1980) y Vargas (1979) en donde la varianza de dominancia fue mayor que la varianza aditiva. Pero para las variables AP y AM la σ^2_D fue de mayor importancia, ya que fue mayor a la σ^2_A .

Cuadro 4.8. Estimadores de la varianza aditiva (σ^2_A) y de dominancia (σ^2_D) para las cinco variables estudiadas.

	REND	DFM	DFE	AP	AM
σ^2_A	3.6860	5.8536	8.3016	108.2388	55.2320
σ^2_D	1.1432	- 3.7532 *	- 5.7296 *	495.0208	237.4960
σ^2_e	3.0159	1.9962	2.1246	293.4892	193.9337

* Estos valores son considerados como cero

Por lo tanto, para las variables REND, DFM y DFE donde la σ^2_A fue mayor que la σ^2_D , 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, pero como la varianza de dominancia se presentó en mayor proporción en las variables AP y AM se puede dirigir el mejoramiento hacia programas de endogamia-hibridación, para estas variables. Sin embargo, si se quieren mejorar todas las características evaluadas, es mejor utilizar un programa de selección recíproca recurrente, ya que esta metodología se puede aplicar cuando están presentes los dos tipos de acción génica como en este caso.

Con estos resultados se cumple el segundo objetivo y se acepta la segunda hipótesis de este trabajo, al encontrar un método de mejoramiento aplicable a esta población para seguir trabajando con ella y así obtener mayores ganancias genéticas.

Se obtuvieron estimadores negativos en la varianza de dominancia para las variables DFM y DFF, lo cual por definición es imposible, por lo tanto se puede decir que su valor es cero, causadas posiblemente, según Márquez y Hallauer (1970), por un insuficiente muestreo de la población o por falta de muestreos en las hembras lo cual puede reducir la variabilidad genética original, originando estimaciones negativas de σ^2_D . También pueden ser atribuidas al diseño que se utilizó, ya que Sent (1971) citado por Celis (1981), encontró que en el diseño I, por lo general, las estimaciones de σ^2_D resultan negativas. Resultados similares obtuvo Goodman (1965) mencionando que el diseño I sobrestima la σ^2_A y no tiene mucha sensibilidad para estimar la σ^2_D .

Al seguir trabajando con esta población, se debe tener cuidado en la selección, tanto en la altura de planta como de mazorca, ya que en estas dos variables la varianza

de dominancia fue mayor a la varianza aditiva. Por la gran diferencia de alturas de las plantas ya que van desde 1.10 a 2.53 m. Así como también, hay que tener cuidado en las variables acame de raíz y tallo, mala cobertura y plantas con *Fusarium*, con el fin de reducirlas o hacer nulo su efecto.

Anticipadamente se puede recomendar la estructura familiar que se puede emplear como estrategia de mejoramiento de esta población, que es la de selección recurrente entre progenies S_2 , ya que este método es eficaz para cambiar las frecuencias de genes que poseen efectos aditivos. Además, a la población se les estará incorporando tolerancia a la endogamia por cada ciclo de selección.

Aunado a todas las características buenas que han presentado los maíces enanos en este trabajo, se presenta que forman un buen patrón heterótico, ya que según De León *et al* (1998), cruzando líneas de maíz enano con líneas de maíz normal, se obtiene un buen patrón heterótico para la formación de híbridos. También se pueden hacer pruebas con maíces precoces, pudiendo ser que también se obtenga un buen patrón heterótico.

HEREDABILIDAD

En el cuadro 4.9 se muestran los estimadores de heredabilidad en sentido estricto y en sentido amplio. Según la clasificación que hace Robles (1986), se puede decir en general, que la heredabilidad que se obtuvo de la población fue de media a alta para todas las variables evaluadas, excepto para AP y AM que fueron de heredabilidad baja en sentido estricto, indicando que para estas variables el efecto ambiental fue mayor

Cuadro 4.9. Estimadores de heredabilidad en sentido estricto (h^2) y en sentido amplio (H^2) para la población en las cinco variables evaluadas.

	σ^2_A	σ^2_G	σ^2_P	h^2 (%)	H^2 (%)
REND	3.6860	4.8292	7.8451	46.98	61.56
DFM	5.8536	5.8536	7.8498	74.57	74.57
DFE	8.3016	8.3016	10.4262	79.62	79.62
AP	108.2388	630.2596	896.7488	12.07	67.27
AM	55.2320	292.7280	486.6617	11.35	60.15

sobre el genotipo. Por lo tanto, los caracteres que tuvieron valores altos de heredabilidad, son con los que se pueden lograr mayores avances y en menor tiempo.

Se puede ver que para las variables DFM y DFE, la heredabilidad en sentido estricto y en sentido amplio, fueron iguales, debido a que la σ^2_D resulto ser negativa y por consiguiente se considero el valor de cero.

La heredabilidad baja de algunos caracteres según Chavez (1993), puede aumentarse seleccionando terrenos uniformes en todos los sentidos, y/o inyectando variabilidad genética a la población por medio de materiales identificados por su potencial genético y de amplia base genética.

CONCLUSIONES

Del presente trabajo se concluyen dos puntos importantes:

1.- Se encontraron híbridos dobles experimentales enanos con buen potencial de rendimiento, que pueden llegar a superar en comportamiento a muchos de los híbridos que existen en el mercado en la actualidad, sometidos a las mismas condiciones de manejo agronómico.

2.- Esta población enana presentó la varianza aditiva mayor que la varianza de dominancia para las variables rendimiento, días a floración masculina y días a floración femenina. Por lo que se recomienda utilizar para esta población un programa de selección recurrente. Sin embargo, como la varianza de dominancia esta presente también, es factible someter a esta población a esquemas de selección reciproca recurrente, o bien, derivar líneas con altos efectos de ACG.

RESUMEN

El mejoramiento poblacional de maíz es fundamental y conduce al desarrollo de híbridos cada vez mejores. Conforme se mejora la base genética del material, hay oportunidad de extraer nuevas y mejores líneas en cada ciclo de mejoramiento. Razón por la cual, los investigadores del Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario Castro Gil” trabajan en el mejoramiento poblacional de esta planta. Actualmente se pretende trabajar en una población enana, ya que estas plantas tienen la particularidad de soportar altas densidades de siembra, pueden aprovechar dosis altas de fertilización, son muy estables y de mayor respuesta al manejo; además, tienen la particularidad de presentar hojas erectas y espigas compactas, lo que hace que se incremente el espacio fotosintético de la planta, traduciendo en un aumento en la producción de grano. Este trabajo se hizo con la finalidad de determinar los componentes de varianza genética de la población para así, hacer una caracterización de ésta y determinar bajo que esquema de mejoramiento poblacional, se tendrán las máximas ganancias genéticas, utilizando 148 híbridos dobles provenientes de la cruce de 35 plantas macho, cada uno con un grupo de 4 hembras para poder utilizar el Diseño I Carolina del Norte. Así como también se pretende encontrar maíces enanos sobresalientes, con buenas características agronómicas que, en su momento, puedan superar en rendimiento y otras características a los materiales normales, sometidos bajo condiciones similares de manejo agronómico.

La evaluación se llevó a cabo en la localidad de Celaya Gto., en el ciclo Otoño-invierno durante 1998, bajo el modelo estadístico bloques al azar con tres experimentos con dos repeticiones cada experimento, evaluando las siguientes características: rendimiento, días a floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca, acame de raíz y tallo, mala cobertura y plantas con *Fusarium*, obteniendo los siguientes resultados:

El ANVA arrojó diferencias altamente significativas para las variables rendimiento, días a floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca, indicando la gran variabilidad que presentaron los tratamientos en estudio. La media de rendimiento fue de 12.86 ton/ha, encontrando materiales de hasta 19.743 ton/ha, dando así por cumplido uno de los objetivos de este trabajo, al encontrar híbridos que puedan llegar a superar a los maíces normales bajo las mismas condiciones de manejo agronómico. Además al realizar la caracterización de la población, para así cumplir con el otro objetivo, se encontró que la varianza aditiva fue mayor a la varianza de dominancia en rendimiento, días a floración masculina y femenina, mientras que para altura de planta y mazorca fue lo contrario, por lo tanto, la población se debe de someter a un programa de selección recurrente. Sin embargo, como la varianza de dominancia estuvo presente también, es factible utilizar el esquema de selección recíproca recurrente, o bien derivar líneas con altos efectos de ACG.

BIBLIOGRAFÍA

- Alfaro J., Y. J. 1991. Estudio genético de caracteres fisiotécnicos en líneas y cruas simples de maíz (*Zea mays* L.). Tesis de Maestría en Ciencias. Colegio de Postgraduados, Chapingo, Mex.
- Allard R. W. 1980. Principios de la mejora genética de las plantas. 4ª ed. Ediciones Omega, S.A., Barcelona, España. 498 p.
- 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. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Buenavista, Saltillo, Coah. México.
- Castro G., M. 1973. Maíces superenanos para el bajío. Boletín técnico editado por la Escuela Superior de Agricultura “Antonio Narro”. Universidad de Coahuila. Buenavista, Saltillo, Coah. México.
- Celis A., H.G. 1981. Estimación de parámetros genéticos e índices de selección en la variedad de maíz Zacatecas 58. Tesis de Maestría en Ciencias. Colegio de Postgraduados, Chapingo, México.
- Chavez A., J.L. 1973. Posibilidades de maíces super-enanos para el Bajío. Tesis de licenciatura. UAAAN, Buenavista, Saltillo, Coah. México.

- Chavez A., J.L. 1980. Efecto de densidades de población y sistema de siembra sobre el rendimiento de híbridos superenanos de maíz (*Zea mays* L.). Tesis de Maestría en Ciencias. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Buenavista, Saltillo, Coah. México.
- Chavez A., J.L. 1993. Mejoramiento de plantas I. 2a edición. Ed. Trillas, México, D.F. 136 p.
- Chavez A., J.L. 1995. Mejoramiento de plantas II. Métodos específicos de plantas alogamas. Ed. Trillas, México, D.F. 143 p.
- 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.
- Coutiño E., B. 1982. Variabilidad genética en cruas dialélicas de maíz formadas con poblaciones tropicales sobresalientes. Tesis de Maestría en Ciencias. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Buenavista, Saltillo, Coah. México.
- Cruz M., J.M. 1988. Selección recurrente de hermanos completos bajo condiciones de temporal-riego en la población de maíz (*Zea mays* L.) CIPA. Tesis de licenciatura. UAAAN, Buenavista, Saltillo, Coah. México.
- De León C., H., E. Ramírez R., G. Martínez Z. Y A. Oyervides G. 1998. XLIV Reunión Mesoamericana de Agronomía. Managua, Nicaragua. p 40.

- Del Campo, V. S. 1980. Análisis de medias y componentes de varianza en tres grupos de poblaciones de maíz en el Norte-Centro de México. Tesis de Maestría en Ciencias. Colegio de Postgraduados. Chapingo, México.
- Espinoza B., A. 1977. Germoplasma tropical en el programa de maíces super-enanos del Bajío. Tesis de licenciatura. UAAAN, Buenavista, Saltillo, Coah. México.
- Estrada M., A. 1977. Selección masal y selección modificada de mazorca por surco en dos variedades de la raza Zapalote Chico. Tesis de Maestría en Ciencias. Colegio Superior de Agricultura Tropical, Cárdenas, Tab., México.
- Falconer, D. S. 1980. Introducción a la genética cuantitativa. Cía. Editorial Continental, S.A. México, D.F. 430 p.
- Fletes G., G. A. 1967. Determinación de índices de selección para mejorar el rendimiento en dos variedades de maíz de la raza Chalqueño. Tesis de Maestría en Ciencias. Colegio de Postgraduados. ENA, Chapingo, México.
- Galvan C., F. 1977. Efecto de la colocación de la hoja en el rendimiento en grano en maíz superenano br-2 (*Zea mays* L.) y estudio comparativo entre maíz superenano br-2 y maíz normal. Tesis de Maestría en Ciencias. UAAAN. Buenavista, Saltillo, Coah., México.
- Goodman, M. M. 1965. Estimates of genetic variance in adapter and exotic populations of maize. *Crop Sci.* 5: 87-90.
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust. J. Biol. Sci.* 9:463-493.
- Jugenheimer, R. W. 1981. Maíz. Variedades mejoradas, métodos de cultivo y Producción de semillas. Ed. Limusa, México, D.F. 841 p.

- Márquez S., F. and R. A. Hallauer. 1970. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I. Grain yield. *Crop Sci.* 10: 357-360.
- Márquez S., F. 1979. Respuesta esperada a la selección a largo plazo en maíz, en base a un estudio de una mezcla intervarietal. Colegio de Postgraduados, Chapingo, México. 85 p.
- Márquez S., F. 1985. Genotecnia vegetal. Métodos, teoría y resultados. Tomo I. AGT editor, S.A. México, D.F. 357 p.
- Márquez S., F. 1991. Genotecnia vegetal. Métodos, teoría y resultados. Tomo III. AGT editor, S.A. México, D.F. 500 p.
- Oyervides, G., M. 1979. Estimación de parámetros genéticos, heterosis e índices de selección de variedades tropicales de maíz adaptadas a Nayarit. Tesis de Maestría en Ciencias. Colegio de Postgraduados, Chapingo, Méx.
- Reyes C., P. 1985. Fitogenotecnia, básica y aplicada. AGT Editor, S.A., México, D.F. 460 p.
- Robles, S. R. 1986. Genética elemental y fitomejoramiento practico. Ed. Limusa, S.A de C.V., México, D.F., 477 p.
- Vargas S., J. E. 1979. Efecto de la selección masal en los parámetros genéticos de la variedad de maíz Zac 58 y respuesta a diversos métodos de selección. Tesis de Maestría en Ciencias, Colegio de Postgraduados, ENA, Chapingo, México.
- Vasal, S. K., A. Ortega C. y S. Pandey. 1978. Memorias XV reunión de la Sociedad Caribeña de Cultivos Alimenticios. p 275.

A P E N D I C E

CUADRO A1. Genealogia del material genético utilizado, así como su tratamiento correspondiente y número del macho y de la hembra que formaron la cruce.

EXPERIMENTO 1

TRAT	M	H	GENEALOGIA
1	1	13	(255-18-19-60-A-A X 232-10-11-1-A-A) X (232-10-11-1-A-A X LBSNPSMC5S4-A-A)
2	1	14	(255-18-19-60-A-A X 232-10-11-1-A-A) X (232-10-11-1-A-A X LBCPC4S)
3	1	22	(255-18-19-60-A-A X 232-10-11-1-A-A) X (LBMMPSMC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
4	1	23	(255-18-19-60-A-A X 232-10-11-1-A-A) X (LBMMPSMC5S2-A X LBCPC4S4)
5	2	25	(255-18-19-60-A-A X LBMMPSMC5S2) X (LBMMPSMC5S2-A X LBCPC5F1-2-4-1-B)
6	2	26	(255-18-19-60-A-A X LBMMPSMC5S2) X (MLS4-1 X LBSMPSMC5S4-A)
7	2	27	(255-18-19-60-A-A X LBMMPSMC5S2) X (MLS4-1 X LBCPC4S4)
8	2	28	(255-18-19-60-A-A X LBMMPSMC5S2) X (MLS4-1 X LBCPC4S4-A)
9	3	13	(255-18-19-60-A-A X LBMMPSMC5S2-A) X (232-10-11-1-A-A X LBSNPSMC5S4-A-A)
10	3	24	(255-18-19-60-A-A X LBMMPSMC5S2-A) X (LBMMPSMC5S2-A X LBCPC4S4-A)
11	3	25	(255-18-19-60-A-A X LBMMPSMC5S2-A) X (LBMMPSMC5S2-A X LBCPC5F1-2-4-1-B)
12	3	28	(255-18-19-60-A-A X LBMMPSMC5S2-A) X (MLS4-1 X LBCPC4S4-A)
13	4	25	(255-18-19-60-A-A X LBSMPSMC5S4-A) X (LBMMPSMC5S2-A X LBCPC5F1-2-4-1-B)
14	4	27	(255-18-19-60-A-A X LBSMPSMC5S4-A) X (MLS4-1 X LBCPC4S4)
15	4	35	(255-18-19-60-A-A X LBSMPSMC5S4-A) X (LBSMPSMC5S4-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
16	4	41	(255-18-19-60-A-A X LBSMPSMC5S4-A) X (LBSMPSMC5S4-A-A X LBCPC4S4-B)
17	5	10	(255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4) X (232-10-11-1-A-A X LBMMPSMC5S2)
18	5	25	(255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4) X (LBMMPSMC5S2-A X LBCPC5F1-2-4-1-B)
19	5	35	(255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4) X (LBSMPSMC5S4-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
20	5	40	(255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4) X (LBSMPSMC5S4-A-A X LBCPC4S4-A)
21	6	10	(255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4-A) X (232-10-11-1-A-A X LBMMPSMC5S2)
22	6	26	(255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4-A) X (MLS4-1 X LBSMPSMC5S4-A)
23	6	27	(255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4-A) X (MLS4-1 X LBCPC4S4)
24	6	39	(255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4-A) X (LBSMPSMC5S4-A-A X LBCPC4S4)

Cuadro A1. Continuación.

25	7	10	(255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4-B) X (232-10-11-1-A-A X LBMMPSC5S2)
26	7	24	(255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4-B) X (LBMMPSC5S2-A X LBCPC4S4-A)
27	7	39	(255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4-B) X (LBSMPSMC5S4-A-A X LBCPC4S4)
28	7	41	(255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4-B) X (LBSMPSMC5S4-A-A X LBCPC4S4-B)
29	8	26	(255-18-19-60-A-A X LBCPC5F1-2-4-1-B) X (MLS4-1 X LBSMPSMC5S4-A)
30	8	29	(255-18-19-60-A-A X LBCPC5F1-2-4-1-B) X (MLS4-1)
31	8	31	(255-18-19-60-A-A X LBCPC5F1-2-4-1-B) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
32	8	36	(255-18-19-60-A-A X LBCPC5F1-2-4-1-B) X (LBSMPSMC5S4-A X LBCPC4S4)
33	9	10	(LBCPC5F17-3-5-1 X 232-10-11-1-A-A) X (232-10-11-1-A-A X LBMMPSC5S2)
34	9	29	(LBCPC5F17-3-5-1 X 232-10-11-1-A-A) X (MLS4-1)
35	9	34	(LBCPC5F17-3-5-1 X 232-10-11-1-A-A) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBCPC5F1-2-4-1-B)
36	9	39	(LBCPC5F17-3-5-1 X 232-10-11-1-A-A) X (LBSMPSMC5S4-A-A X LBCPC4S4)
37	10	23	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBMMPSC5S2) X (LBMMPSC5S2-A X LBCPC4S4)
38	10	31	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBMMPSC5S2) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
39	10	33	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBMMPSC5S2) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBCPC4S4-A)
40	10	35	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBMMPSC5S2) X (LBSMPSMC5S4-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
41	11	29	(LBCPC5F17-3-5-1 X MLS4-1) X (MLS4-1)
42	11	30	(LBCPC5F17-3-5-1 X MLS4-1) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBSMPSMC5S4-A)
43	11	35	(LBCPC5F17-3-5-1 X MLS4-1) X (LBSMPSMC5S4-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
44	11	39	(LBCPC5F17-3-5-1 X MLS4-1) X (LBSMPSMC5S4-A-A X LBCPC4S4)
45	12	29	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC2-1-1-1-A-A-1) X (MLS4-1)
46	12	30	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC2-1-1-1-A-A-1) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBSMPSMC5S4-A)
47	12	34	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC2-1-1-1-A-A-1) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBCPC5F1-2-4-1-B)
48	36	12	(LBMMPSC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A-A) X (232-10-11-1-A-A X MLG4-1)
49	36	15	(LBMMPSC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A-A) X (232-10-11-1-A-A X LBCPC5F1-2-4-1-B)
50	36	16	(LBMMPSC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A-A) X (

Cuadro A1. Continuación.

EXPERIMENTO 2

TRAT	M	H	GENEALOGIA
51	12	35	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC2-1-1-1-A-A-1) X (LBSMPSMC5S4-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
52	13	29	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBSMPSMC5S4-A-A) X (MLS4-1)
53	13	30	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBSMPSMC5S4-A-A) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBSMPSMC5S4-A)
54	13	32	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBSMPSMC5S4-A-A) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBCPC4S4)
55	13	39	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBSMPSMC5S4-A-A) X (LBSMPSMC5S4-A-A X LBCPC4S4)
56	14	29	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC4S4) X (MLS4-1)
57	14	32	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC4S4) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBCPC4S4)
58	14	36	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC4S4) X (LBSMPSMC5S4-A X LBCPC4S4)
59	14	39	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC4S4) X (LBSMPSMC5S4-A-A X LBCPC4S4)
60	15	10	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC4S4-A) X (232-10-11-1-A-A X LBMMPSPMC5S2)
61	15	29	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC4S4-A) X (MLS4-1)
62	15	30	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC4S4-A) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBSMPSMC5S4-A)
63	15	38	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC4S4-A) X (LBSMPSMC5S4-A X LBCPC5F1-2-4-1-B)
64	16	30	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC4S4-B) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBSMPSMC5S4-A)
65	16	31	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC4S4-B) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
66	16	33	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC4S4-B) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBCPC4S4-A)
67	16	37	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC4S4-B) X (LBSMPSMC5S4-A X LBCPC4S4-A)
68	17	26	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC5F1-2-4-1-B) X (MLS4-1 X LBSMPSMC5S4-A)
69	17	29	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC5F1-2-4-1-B) X (MLS4-1)
70	17	31	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC5F1-2-4-1-B) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
71	17	41	(LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC5F1-2-4-1-B) X (LBSMPSMC5S4-A-A X LBCPC4S4-B)
72	18	7	(232-10-11-1-A-A X LBMMPSPMC5S2) X (LBCPC5F17-3-5-1 X 232-10-11-1-A-A)
73	18	19	(232-10-11-1-A-A X LBMMPSPMC5S2) X (LBMMPSPMC5S2-A X MLS4-1)
74	18	20	(232-10-11-1-A-A X LBMMPSPMC5S2) X (LBMMPSPMC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A)
75	18	26	(232-10-11-1-A-A X LBMMPSPMC5S2) X (MLS4-1 X LBSMPSMC5S4-A)

Cuadro A1. Continuación.

76	19	7	(232-10-11-1-A-A X LBMMPSC5S2-A) X (LBCPC5F17-3-5-1 X 232-10-11-1-A-A)
77	19	19	(232-10-11-1-A-A X LBMMPSC5S2-A) X (LBMMPSC5S2-A X MLS4-1)
78	19	20	(232-10-11-1-A-A X LBMMPSC5S2-A) X (LBMMPSC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A)
79	19	28	(232-10-11-1-A-A X LBMMPSC5S2-A) X (MLS4-1 X LBCPC4S4-A)
80	20	7	(232-10-11-1-A-A X MLS4-1) X (LBCPC5F17-3-5-1 X 232-10-11-1-A-A)
81	20	19	(232-10-11-1-A-A X MLS4-1) X (LBMMPSC5S2-A X MLS4-1)
82	20	22	(232-10-11-1-A-A X MLS4-1) X (LBMMPSC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
83	20	28	(232-10-11-1-A-A X MLS4-1) X (MLS4-1 X LBCPC4S4-A)
84	21	19	(232-10-11-1-A-A X LBCPC2-1-1-1-A-A-1-X) X (LBMMPSC5S2-A X MLS4-1)
85	21	21	(232-10-11-1-A-A X LBCPC2-1-1-1-A-A-1-X) X (LBMMPSC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A)
86	21	22	(232-10-11-1-A-A X LBCPC2-1-1-1-A-A-1-X) X (LBMMPSC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
87	21	42	(232-10-11-1-A-A X LBCPC2-1-1-1-A-A-1-X) X (LBCPC4S4 X LBCPC4S4-B)
88	22	2	(232-10-11-1-A-A X LBSMPSMC5S4-A) X (255-18-19-60-A-A X LBMMPSC5S2-A)
89	22	6	(232-10-11-1-A-A X LBSMPSMC5S4-A) X (255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4-B)
90	22	19	(232-10-11-1-A-A X LBSMPSMC5S4-A) X (LBMMPSC5S2-A X MLS4-1)
91	22	29	(232-10-11-1-A-A X LBSMPSMC5S4-A) X (MLS4-1)
92	23	2	(232-10-11-1-A-A X LBSMPSMC5S4-A-A) X (255-18-19-60-A-A X LBMMPSC5S2-A)
93	23	6	(232-10-11-1-A-A X LBSMPSMC5S4-A-A) X (255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4-B)
94	23	18	(232-10-11-1-A-A X LBSMPSMC5S4-A-A) X (LBMMPSC5S2 X MLS4-A)
95	23	19	(232-10-11-1-A-A X LBSMPSMC5S4-A-A) X (LBMMPSC5S2-A X MLS4-1)
96	24	2	(232-10-11-1-A-A X LBCPC4S4) X (255-18-19-60-A-A X LBMMPSC5S2-A)
97	24	4	(232-10-11-1-A-A X LBCPC4S4) X (255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4)
98	37	11	(LBMMPSC5S2-A X LBCPC4S4) X (232-10-11-1-A-A X LBMMPSC5S2-A)
99	37	35	(LBMMPSC5S2-A X LBCPC4S4) X (LBSMPSMC5S4-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
100	37	33	(LBMMPSC5S2-A X LBCPC4S4) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBCPC4S4-A)

Cuadro A1. Continuación.

EXPERIMENTO 3

TRAT	M	H	GENEALOGIA
101	24	9	(232-10-11-1-A-A X LBCPC4S4) X (LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC4S4-B)
102	24	42	(232-10-11-1-A-A X LBCPC4S4) X (LBCPC4S4 X LBCPC4S4-B)
103	25	2	(232-10-11-1-A-A X LBCPC4S4-A) X (255-18-19-60-A-A X LBMMPSMC5S2-A)
104	25	6	(232-10-11-1-A-A X LBCPC4S4-A) X (255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4-B)
105	25	22	(232-10-11-1-A-A X LBCPC4S4-A) X (LBMMPSMC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
106	25	26	(232-10-11-1-A-A X LBCPC4S4-A) X (MLS4-1 X LBSMPSMC5S4-A)
107	26	2	(232-10-11-1-A-A X LBCPC5F1-2-4-1-B) X (255-18-19-60-A-A X LBMMPSMC5S2-A)
108	26	6	(232-10-11-1-A-A X LBCPC5F1-2-4-1-B) X (255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4-B)
109	26	20	(232-10-11-1-A-A X LBCPC5F1-2-4-1-B) X (LBMMPSMC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A)
110	26	22	(232-10-11-1-A-A X LBCPC5F1-2-4-1-B) X (LBMMPSMC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
111	27	1	(LBMMPSMC5S2 X LBMMPSMC5S2-A) X (255-18-19-60-A-A X 232-10-11-1-A-A)
112	27	2	(LBMMPSMC5S2 X LBMMPSMC5S2-A) X (255-18-19-60-A-A X LBMMPSMC5S2-A)
113	27	6	(LBMMPSMC5S2 X LBMMPSMC5S2-A) X (255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4-B)
114	27	11	(LBMMPSMC5S2 X LBMMPSMC5S2-A) X (232-10-11-1-A-A X LBMMPSMC5S2-A)
115	28	1	(LBMMPSMC5S2 X MLS4-A) X (255-18-19-60-A-A X 232-10-11-1-A-A)
116	28	2	(LBMMPSMC5S2 X MLS4-A) X (255-18-19-60-A-A X LBMMPSMC5S2-A)
117	28	3	(LBMMPSMC5S2 X MLS4-A) X (255-18-19-60-A-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
118	28	11	(LBMMPSMC5S2 X MLS4-A) X (232-10-11-1-A-A X LBMMPSMC5S2-A)
119	29	1	(LBMMPSMC5S2 X LBCPC2-1-1-1-A-A-1) X (255-18-19-60-A-A X 232-10-11-1-A-A)
120	29	2	(LBMMPSMC5S2 X LBCPC2-1-1-1-A-A-1) X (255-18-19-60-A-A X LBMMPSMC5S2-A)
121	29	3	(LBMMPSMC5S2 X LBCPC2-1-1-1-A-A-1) X (255-18-19-60-A-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
122	29	9	(LBMMPSMC5S2 X LBCPC2-1-1-1-A-A-1) X (LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC4S4-B)
123	30	1	(LBMMPSMC5S2 X LBSMPSMC5S4-A) X (255-18-19-60-A-A X 232-10-11-1-A-A)
124	30	3	(LBMMPSMC5S2 X LBSMPSMC5S4-A) X (255-18-19-60-A-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
125	30	5	(LBMMPSMC5S2 X LBSMPSMC5S4-A) X (255-18-19-60-A-A X LBSMPSMC5S4-A-A)

Cuadro A1. Continuación.

126	30	9	(LBMMPSPMC5S2 X LBSMPSMC5S4-A) X (LBCPC5F17-3-5-1 X LBCPC4S4-B)
127	31	1	(LBMMPSPMC5S2 X LBSMPSMC5S4-A-A) X (255-18-19-60-A-A X 232-10-11-1-A-A)
128	31	2	(LBMMPSPMC5S2 X LBSMPSMC5S4-A-A) X (255-18-19-60-A-A X LBMMPSPMC5S2-A)
129	31	3	(LBMMPSPMC5S2 X LBSMPSMC5S4-A-A) X (255-18-19-60-A-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
130	31	6	(LBMMPSPMC5S2 X LBSMPSMC5S4-A-A) X (255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4-B)
131	32	1	(LBMMPSPMC5S2 X LBCPC4S4) X (255-18-19-60-A-A X 232-10-11-1-A-A)
132	32	3	(LBMMPSPMC5S2 X LBCPC4S4) X (255-18-19-60-A-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
133	32	4	(LBMMPSPMC5S2 X LBCPC4S4) X (255-18-19-60-A-A X LBCPC4S4)
134	32	5	(LBMMPSPMC5S2 X LBCPC4S4) X (255-18-19-60-A-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
135	33	1	(LBMMPSPMC5S2 X LBCPC4S4-B) X (255-18-19-60-A-A X 232-10-11-1-A-A)
136	33	3	(LBMMPSPMC5S2 X LBCPC4S4-B) X (255-18-19-60-A-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
137	33	8	(LBMMPSPMC5S2 X LBCPC4S4-B) X (LBCPC5F17-3-5-1 X MLS4-1)
138	33	30	(LBMMPSPMC5S2 X LBCPC4S4-B) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBSMPSMC5S4-A)
139	34	12	(LBMMPSPMC5S2-A X MLS4-1) X (232-10-11-1-A-A X MLG4-1)
140	34	15	(LBMMPSPMC5S2-A X MLS4-1) X (232-10-11-1-A-A X LBCPC5F1-2-4-1-B)
141	34	17	(LBMMPSPMC5S2-A X MLS4-1) X (LBMMPSPMC5S2 X LBMMPSPMC5S2-A)
142	34	43	(LBMMPSPMC5S2-A X MLS4-1) X (LBCPC4S4-B X LBCPC5F1-2-4-1-B)
143	35	11	(LBMMPSPMC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A) X (232-10-11-1-A-A X LBMMPSPMC5S2-A)
144	35	31	(LBMMPSPMC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBSMPSMC5S4-A-A)
145	35	33	(LBMMPSPMC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A) X (LBCPC2-1-1-1-A-A-1-A X LBCPC4S4-A)
146	35	43	(LBMMPSPMC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A) X (LBCPC4S4-B X LBCPC5F1-2-4-1-B)
147	36	11	LBMMPSPMC5S2-A X LBSMPSMC5S4-A-A) X (232-10-11-1-A-A X LBMMPSPMC5S2-A)
148	37	43	(LBMMPSPMC5S2-A X LBCPC4S4) X (LBCPC4S4-B X LBCPC5F1-2-4-1-B)

