

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA

“ANTONIO NARRO”

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA



VARIANZA ADITIVA EN MEJORAMIENTO POBLACIONAL, VARIANZAS
ADITIVA Y NO ADITIVA PARA MEJORAMIENTO INTERPOBLACIONAL

Por:

CIRILO CAHUARE RAMOS

T E S I S

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

Ingeniero Agrónomo en Producción

**Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.
Octubre del 2005.**

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA

“ANTONIO NARRO”

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

Varianza Aditiva en Mejoramiento Poblacional, Varianzas
Aditiva y no Aditiva para Mejoramiento Interpoblacional

TESIS

Por:

CIRILO CAHUARE RAMOS

Que somete a la consideración de H. Jurado examinador como
requisito para obtener el título de

Ingeniero Agrónomo en Producción

Aprobada por:

Dr. Humberto de León de Castillo
Asesor principal

Dr. Alfredo de la Rosa Loera
Sinodal

Ing. Daniel Sámano Garduño
Sinodal

M.C. Arnoldo Oyervides García
Sinodal

M.C. Arnoldo Oyervides García
Coordinador de la división de agronomía

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.
Octubre del 2005.

DEDICATORIA

A Dios: por estar con migo y haberme dado la oportunidad de terminar, una profesión

A mis padres:

Cirilo Cahuare Martínez

Georgina Ramos Pereyra.

Por darme lo más valioso de este mundo, la vida, que con sacrificio, desvelos, consejos supieron guiarme y lograr lo que soy. Una de la herencia que un padre y madre puede dejar a su hijo es la preparación (profesionista). ¡GRACIAS!

A mis hermanos:

Laura, Fausto, Fernando, Guillermo, Martha y Josefa.

A todos ellos que incondicionalmente y en cualquier momento me han y me seguirán apoyando, que han sido la motivación para que yo pueda seguir adelante y alcanzar un de las metas en la vida.

A mis abuelo: por sus valiosos consejos y apoyo que me brindaron siempre.

A mis tíos, primos, cuñados (as) por motivarme a seguir estudiando.

A mis padrinos: por sus consejos y cariño que me brindaron en todo momento.

AGRADECIMIENTO

A la Universidad Autónoma Agraria “Antonio Narro” por brindarme la oportunidad de estudiar en sus aulas y todo lo que recibí de ella.

Al Dr. Humberto de León Castillo por su amistad, apoyo, consejos durante la estancia en la universidad, sus valiosas sugerencias y la colaboración para realizar este trabajo.

Ing. Daniel Sámano Garduño por su amistad, apoyo y la colaboración para realizar este trabajo.

AL Dr. Alfredo de la Rosa Loera por su apoyo y valiosa amistad.

Al Mc. Arnoldo Oyervides García por su apoyo y amistad.

A todos mis compañeros de la generación “C” amigos que me brindaron su amistad y compañía incondicionalmente.

Algunos compañeros de trabajo del museo del desierto: Biol. Ruben, Ing. Idalia Benito, Roberto y Ana.

A todos y a cada uno, que me apoyaron de una manera desinteresada en los momentos difíciles durante la estancia en la universidad y los que colaboraron para realización de esta tesis y los maestros que de una u otra forma contribuyeron en mi formación.

¡GRACIAS!

ÍNDICE DE CONTENIDO

	Pág.
DEDICATORIA.....	iii
AGRADECIMIENTO.....	iv
INDICE DE CONTENIDO.....	v
ÍNDICE DE CUADROS.....	vii
I. INTRODUCCIÓN.....	1
Objetivos.....	4
Hipótesis.....	4
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	5
Selección.....	5
Mejoramiento poblacional.....	7
Selección recurrente.....	8
Selección recíproca recurrente.....	10
Componentes de la varianza.....	11
Aptitud combinatoria y diseños dialélicos.....	14
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	19
Material de los grupos germoplásmicos.....	19

Material genético.....	20
Descripción del área de estudio.....	21
Descripción de la parcela experimental y fechas de siembra.....	22
Labores de cultivo.....	22
Variables evaluadas.....	23
Análisis estadísticos.....	26
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	33
V. CONCLUSIÓN.....	51
VI. RESUMEN.....	52
VII. BIBLIOGRAFIA.....	55
VII. APÉNDICE.....	59

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro		Pág.
3.1	Genealogía del material parental utilizado para producir las progenies evaluadas en la población.....	21
3.2	Situación geográfica y características climáticas de las localidades de evaluación, Juventino Rosas, Gto; El Prado, N. L.....	21
3.3	Estructura del análisis de varianza combinado y esperanza de cuadrados medios correspondientes al diseño IV de Griffing (1956).....	28
4.1	Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico para la variable rendimiento por subpoblaciones a través de ambientes.....	34
4.2	Valores estimados de aptitud combinatoria general para variable rendimiento de las líneas representativas de cada subpoblaciones a través de ambientes.....	38
4.3	Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico para la variable días a flor masculina por subpoblaciones a través de ambiente.....	40
4.4	Valores estimados de aptitud combinatoria para la variable días a floración masculina de las líneas representativas de cada subpoblaciones a través de ambientes.....	43
4.5	Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico para la variable altura de planta por subpoblaciones a través de ambiente.....	45
4.6	Valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable altura de planta de las líneas representativas de cada subpoblaciones a través de ambientes.....	48
4.7	Medias de rendimiento de los 10 mejores híbridos de cada subpoblación.....	50

A 1	Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico realizado para la variable días a flor femenina por subpoblaciones a través de ambiente ¹	59
A 2	Valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable días a flor femenina de las líneas representativas de cada subpoblaciones a través de ambientes.....	60
A 3	Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico realizado para la variable altura de mazorca en cuatro subpoblaciones.....	60
A 4	Valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable altura de mazorca de las líneas representativas de cada subpoblaciones a través de ambientes.....	61

I. INTRODUCCIÓN

Todo programa de mejoramiento genético vegetal tiene como objetivo obtener nuevos genotipos con características productivas superiores a los existentes. Para ello es necesario contar con individuos que posean valores genéticos superiores al promedio de la población y que está presente suficiente variabilidad genética para el carácter que se desea mejorar. Diferentes programas de mejoramiento están tratando de explotar el fenómeno de heterosis, dado que los híbridos presentan la mejor opción entre los diferentes productos del mejoramiento.

Algunas de las alternativas para lograr ese objetivo es disponer de información que indique como se comportan genéticamente las variables de interés dentro de cada grupo germoplásmico, con ello se identificarán las mejores estrategias de mejoramiento. Por lo que se debe contar con algún patrón heterótico bien definido para el área de impacto que facilite la identificación de nuevos híbridos; y al uso de herramientas estadísticas y estrategias de mejoramiento acordes a las necesidades actuales.

Uno de los procedimientos para generar información del tipo de acción génica que controla el comportamiento de los caracteres de interés económico son los cruzamientos dialélicos reportados por Griffing (1956) para cuyo análisis se dispone de prácticos paquetes computacionales.

De León et al. (1997) evaluaron varios patrones heteróticos para la región del Bajío, reportaron la existencia de dos grupos heteróticos complementarios denominados maíz enano y maíz precoz que constituyen un excelente patrón heterótico para el área de estudio.

Por otro lado, Hernández (2003) propone una modificación a la estrategia de selección recíproca recurrente de hermanos completos (SRRHC). Tal modificación permite simultáneamente mejorar las poblaciones *per se* y magnificar la expresión del patrón heterótico por cada ciclo concluido, para ello utiliza dos criterios de selección para elegir los progenitores que reconstituirán las poblaciones, uno tiene como base la selección de progenitores con base a los efectos de aditivos de los medios hermanos paternos que mejorará el comportamiento *per se* de los grupos implicados; la otra versión, tomó como criterio de selección el desempeño de los hermanos completos evaluados donde se considera simultáneamente efectos de aditivos y no aditivos en la expresión del híbrido, la que en teoría mejoraría el comportamiento del patrón heterótico.

Este procedimiento de mejoramiento permite generar dos versiones mejoradas dentro de cada grupo heterótico.

El presente trabajo consistió en el estudio comparativo de cuatro cruzamientos dialélicos, dos correspondientes a un grupo de maíz de plantas enana y otros dos pertenecientes a un grupo de maíz de porte normal y precoz. Los progenitores de cada dialélico son las líneas seleccionadas para reconstituir dos versiones mejoradas de ambos grupos los cuales estuvieron implicados en la estrategia de SRRHC propuesta por Hernández (2003).

OBJETIVOS

Estimar si las variancias aditivas y de dominancia para el rendimiento en mazorca se expresan de forma diferente en cada versión de mejoramiento, dentro de los grupos heteróticos.

Determinar si existe una asociación entre las versiones de mejoramiento y el potencial para generar mejores híbridos simples dentro de cada grupo heterótico.

HIPÓTESIS

En las subpoblaciones formadas con líneas con altos efectos de aptitud combinatoria general será mayor la varianza aditiva que en las subpoblaciones formadas por líneas progenitoras de los híbridos superiores en rendimiento, donde se espera mayores efectos de aptitud combinatoria específica.

Los híbridos intrapoblacionales, de las subpoblaciones formadas a partir de líneas progenitoras de los híbridos interpoblacionales de mejor desempeño expresaran menor potencial de rendimiento, debido a que este tipo de selección reducirá la variabilidad genética, en comparación con los híbridos de las subpoblaciones

Al menos una línea o una crusa simple serán superiores al resto, en aptitud combinatoria general y aptitud combinatoria específica respectivamente.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

SELECCIÓN

Se llama selección al hecho de cambiar direccionalmente la media genotípica de una población, de una generación a la siguiente. Para ello, habrá que escoger dentro de la población, los individuos que exhiban en su máxima expresión el carácter por mejorar (Molina, 1992).

Tanto en la evolución natural como en la mejora de plantas, las poblaciones van transformándose constantemente hacia formas superiores, siendo la fuerza principal de cambio es la selección. Entre los atributos de la selección hay dos especialmente importantes para entender los principios de la mejora: 1) la selección sólo puede actuar sobre diferencias heredables; 2) la selección no puede crear variabilidad, sino que actúa solamente sobre la ya existente (Allard, 1980).

Paliwal (2001) menciona que un esquema de selección la base puede ser tanto una planta individual, una familia de plantas o una progenie. En el correr del tiempo se han desarrollado distintos esquemas de selección los que son usados para mejorar genéticamente características agronómicas que son, a menudo, heredadas de manera cuantitativa. El método más grande es la selección masal la que se basa en la apariencia fenotípica de las plantas y que por lo general, no comprende la evaluación de las

progenies seleccionadas. Muchos otros esquemas de selección recurrente tienen tres etapas: (a) muestreos de la población y desarrollo de la progenies de la población o poblaciones originales; (b) evaluación de las progenies en bases visuales o con pruebas en el laboratorio o en el campo y; (c) cruzamiento y recombinación de las progenies seleccionadas para formar el ciclo siguiente de la población para continuar la selección y el mejoramiento.

Cuando un gen esta sujeto a selección, su frecuencia en la descendencia no es la misma que en los progenitores, puesto que los progenitores de diferentes genotipos pasan sus genes en una forma desigual a la siguiente generación. De esta forma, la selección causa un cambio de la frecuencia genotípica (Falconer, 1980).

Rodríguez y Hallauer (1988) mencionan que sí los métodos de mejoramiento son efectivos para el (los) carácter (es) bajo selección, entonces la probabilidad de seleccionar líneas superiores en las poblaciones mejoradas serán mayor que en las poblaciones originales no mejoradas. Esta efectividad es determinada a través de la evaluación de diferentes ciclos de selección, con lo cual se estima la respuesta relativa a la selección, y dichos estimados pueden ser usados para comparar el avance genético directo y la respuesta correlacionada con diferentes métodos de selección en diferentes poblaciones.

MEJORAMIENTO POBLACIONAL

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

Chassaingne *et al.* (1998) sometió a un programa de mejoramiento las poblaciones de maíz blanco FPX-01B y FPX-03B de granos duros y dentados, respectivamente. En cada población se evaluó la respuesta a la selección sobre el rendimiento y otras características. El análisis de varianza demostró que no existían diferencias significativas entre los ciclos. Sin embargo, la respuesta a la selección en FPX-01B se estimó en 3,5% por ciclo para el rendimiento; mientras que en FPX-03B no se detectó respuesta en las variables evaluadas. Las poblaciones no fueron diferentes en las características evaluadas en comparación a los testigos comerciales. Por lo que concluyen que puede ser utilizado como una variedad comercial.

Contreras y Molina (2002) evaluaron la respuesta a la selección en tres poblaciones tropicales de maíz, mediante selección familiar combinada alternante, se sembraron en dos ciclos agrícolas (A y B). Se encontró una respuesta positiva a la selección, siendo mayor en la población tuxpeño planta baja (P1) (4.6 %), seguida de la tropical blanca (P2) (3.6 %) y finalmente de la población la posta (P3) (3.3%). En el

ciclo B, la población P2 mostró mayor respuesta a la selección. El método de selección familiar combinado alternante fue efectivo para incrementar el rendimiento en las tres poblaciones seleccionadas.

SELECCIÓN RECURRENTE

Hallauer (1992) y Félix (2000) mencionan que bajo el esquema de selección recurrente se espera incrementar gradualmente la frecuencia de alelos favorables de caracteres de herencia cuantitativa y mantener una alta variabilidad genética, para asegurar el mejoramiento progresivo de las poblaciones.

Barrientos *et al.* (2000) evaluaron el avance genético para el rendimiento y la prolificidad, además de otras características de importancia agronómica en cinco ciclos de selección recurrente de familias de medios hermanos de la población “FP-02BP” y compararon el potencial de rendimiento de los ciclos mejorados con híbridos comerciales. Estos autores encontraron en el ciclo C₅ una ganancia en prolificidad de 37,5 % sobre el ciclo original; mientras que para el rendimiento la ganancia fue de 9,9%. Además, el último ciclo (C₅) superó estadísticamente al testigo comercial, el híbrido ‘PB-8’ en altura de mazorca. Ellos concluyeron que la metodología utilizada fue eficiente para incrementar la prolificidad y el rendimiento ya que los últimos ciclos (C₃, C₄ y C₅) fueron estadísticamente superiores a los testigos, lo cual evidencia el alto potencial de rendimiento y estabilidad de los ciclos mejorados, ofreciendo una oportunidad para ser utilizados como fuente para la obtención de variedades y líneas para el programa de híbridos.

García *et al.* (1998), utilizó un esquema de selección recurrente de familias de hermanos completos (SRFHC) en seis poblaciones tropicales de maíz con el fin de incrementar la frecuencia de alelos favorables para rendimiento de grano e identificar poblaciones con buen comportamiento agronómico *per se*. Los resultados de este autor permitieron identificar una población blanca (ABC₃) y dos poblaciones amarillas (SWC₁ y CTC₃) que podrían ser utilizadas como variedades y/o como fuentes para la extracción de líneas. Los ciclos avanzados rindieron más, presentaron menor altura de planta y mazorca (AP y AM, respectivamente) y fueron más precoces que las poblaciones originales. La selección recurrente de familia de hermanos completos (SRFHC) mejoró efectivamente el comportamiento agronómico general de las poblaciones.

Vallejo (1992) evaluó una variedad V-38SE que corresponde al octavo ciclo de selección de la población de amplia base genética tardía PABG-T del bajío. Para la selección utilizó la metodología de selección recurrente de familias de Hermanos Completos (SRHC). Con el objetivo de formar una variedad de polinización libre de porte bajo. Obteniendo coeficiente de regresión negativos ésta es en virtud de que se hizo selección fuerte hacia el porte bajo de plantas y una posición de mazorca bastante baja en relación a la población original. También hubo una reducción en el rendimiento, pero puede ser contrarrestada con un mayor número de plantas por superficie. Concluyó que la SR de HC fue efectiva para obtener una población, de porte bajo, con posición de mazorca bajo de la mitad de la planta.

SELECCIÓN RECÍPROCA RECURRENTE (SRR)

Hallauer y Miranda (1981) menciona que la SRR es una metodología útil para programas de mejoramiento, principalmente si se está interesado en derivar nuevas líneas en dos poblaciones que manifiesten heterosis en sus cruzas. La selección interpoblacional también presenta otra ventaja sobre la selección intrapoblacional si existen alelos múltiples a no ser que uno sea capaz de acumular todos los alelos en una población, sin embargo la acumulación de todos los alelos en una población no permite la heterosis entre poblaciones. Podrían llevarse varios ciclos de selección en la craza poblacional para obtener híbridos intrapoblacionales que sean equivalentes a los híbridos que se obtienen de la selección interpoblacional.

Hernández (2003) utilizó un programa de selección recíproca recurrente de hermanos completos modificado en dos poblaciones (enano y normal precoz), tal modificación consistió en formar las estructuras familiares entre líneas S_2 y S_3 , para magnificar el patrón heterótico que presenta en la craza de dos poblaciones y seleccionar las mejores líneas. Con los resultados obtenidos fue posible seleccionar las mejores familias de hermanos completos para constituir el primer ciclo de selección recurrente en base a rendimiento. Concluyendo que con la modificación realizada fue posible evaluar híbridos y en base a la superioridad de la cruza entre las líneas de las dos poblaciones se identificaron al menos 15 híbridos con buen rendimiento.

Gómez *et al.* (1992) mencionan que un programa de selección recíproca recurrente es fundamental para la elección de progenitores, los cuales al evolucionar

gradualmente en el proceso de selección definen un patrón heterótico, de esta manera, varios programas genéticos de maíz en el mundo, inician con la selección recurrente bajo un patrón heterótico definido. Con este método (SRR), explotan mejor los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE).

Beltrán y Menz (2004) compararon la selección recurrente intrapoblacional (selección masal, mazorca por surco modificado, medios hermanos y hermanos completos) contra selección Interpoblacional. Además de las ganancias genéticas de los métodos de mejoramiento donde el criterio de selección fue rendimiento de grano. Las ganancias para los sistemas de mejoramiento intrapoblacional reportados fue en promedio de 79 kg ha⁻¹ ganancias directas, para el mejoramiento Interpoblacional fueron más altas con 116 kg ha⁻¹. Estos autores concluyeron que la selección recurrente interpoblacional emplea eficientemente los factores genéticos que afectan la heterosis. En general la selección recurrente ha sido efectiva para mejorar el germosplasma para rendimiento para rendimiento de grano, resistencia a enfermedad, calidad de grano, madurez morfológica de planta, frutos y también para adaptación.

COMPONENTES DE VARIANZA

Peña y Kanenberg (2000) menciona que la efectividad de cualquier método de mejoramiento depende del balance de dos fuerza principales que afectan las frecuencias génicas en la población: selección y deriva genética. Dentro de los programa de mejoramiento a largo plazo, es importante evaluar la naturaleza de los cambios en la estructura genética de las poblaciones, con el propósito de identificar los mejores

métodos de mejoramiento que podría maximizar el avance manteniendo simultáneamente una variabilidad genética adecuada para lograr ganancias continuas a través del tiempo.

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

Yánes (2003) menciona que las estimaciones de diferentes parámetros genéticos permiten investigar el potencial genético de las poblaciones como fuente de germoplasma básico para programas de mejoramiento, que tienen como objeto el desarrollo de líneas, variedades e híbridos más productivos para satisfacer las demandas de los productores e incrementar los niveles de producción y productividad del cultivo de maíz a nivel nacional.

Hartl y Jones (2001) mencionan que el valor fenotípico para un individuo específico es el resultado de factores genéticos, factores ambientales y la interacción entre ambos tipos de factores. La suma de estos factores contribuye a la varianza de la población de individuos que están segregando para un carácter cuantitativo. Es así que la varianza total la subdividieron de la siguiente manera:

$$VP = VG + VE + VGE$$

Donde: VP: Variación fenotípica total para la población que está segregando; VG: Variación Genética que contribuye a la varianza fenotípica total; VE: Contribución ambiental a la variación fenotípica total y; VGE: Variación asociada a las interacciones de los factores genéticos y ambientales

La varianza proporciona un valor de dispersión de la variable alrededor de su media. Se calcula como la diferencia de desviaciones de las observaciones con respecto a la media al cuadrado. La varianza fenotípica se descompone en varianza genotípica y ambiental. La varianza genotípica se descompone en varianza aditiva, de dominancia y epistática (Ramírez y Egaña, 2003).

Falconer (1980) menciona que la varianza aditiva es un componente importante puesto que 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 en selección.

La varianza ambiental comprende por definición todo lo que no es varianza genética. Los factores nutricionales y climáticos son las causas más comunes de variación ambiental. La varianza ambiental (V_E) es una fuente de error que reduce la precisión de los estudios genéticos. En este caso es necesario controlarla y reducirla al máximo. La variación ambiental debida a causas desconocidas se denomina variación intangible. (Falconer, 1980).

Falconer (1980) y Molina (1992) mencionan que la varianza ambiental no puede ser eliminada porque por definición incluye toda la varianza no genética y mucha de ésta se encuentra fuera del alcance del control experimental. También se puede decir que la varianza ambiental es el componente de la varianza fenotípica debido a las diferencias entre los efectos del ambiente.

Uno de los factores más importantes para la mejora vegetal es el conocimiento de la contribución relativa de los genes a la variabilidad de un carácter que se está considerando. La heredabilidad en sentido amplio H^2 se define como la proporción entre la varianza genética y la varianza fenotípica. $H^2 = V_G / V_P = \sigma^2_G / \sigma^2_P$ La heredabilidad en sentido estricto h^2 es el cociente entre la varianza genética aditiva sobre la varianza fenotípica. $H^2 = V_A / V_P$ $h^2 = \sigma^2_A / \sigma^2_P$. (Ramírez y Egaña, 2003 y Hartl y Jones, 2001).

APTITUD COMBINATORIA Y DISEÑOS DIALÉLICOS

Los términos de la capacidad combinatoria fueron definidos por Sprague y Tatum (1942), refiriéndose a la aptitud combinatoria general (ACG) como el comportamiento promedio de una línea en todas sus combinaciones híbridas y a la aptitud combinatoria específica (ACE) como aquellos casos específicos en los que cierta combinación híbrida se comporta relativamente mejor o peor que las líneas involucradas en el cruce

Márquez (1988) menciona que el término de aptitud combinatoria significa la capacidad que tiene un individuo o una población de combinarse con otros, medida por medio de su progenie. Sin embargo, la aptitud combinatoria debe determinarse no sólo en un individuo de la población sino en varios, a fin de poder seleccionar aquellos que exhiban la más alta aptitud combinatoria.

Molina y García (1996) mencionan que una línea de alta ACG, es aquella que contiene en su genotipo una alta dotación de genes dominantes favorables al carácter de interés, y su contra parte, una línea con alta dotación de genes recesivos, es una línea de baja ACG.

Márquez (1998) indica que la varianza de la ACG incluye solo fracciones de las varianzas de los efectos aditivos. La varianza de los efectos de ACE incluyen las fracciones complementarias de las varianzas epistática de los efectos aditivos y la totalidad de las varianzas dominante y epistática aditiva x dominante y dominante x dominante.

La determinación de la aptitud combinatoria General (ACG) y Especifica (ACE), permite conocer la forma en que actúan los genes de un carácter dado; si la acción es aditiva o no aditiva, y la importancia relativa de cada una. Es posible obtener un rápido avance en la mejora genética si se usan los genotipos de alta aptitud combinatoria. El análisis de cruzamiento en diseños dialélicos permite la detección de progenitores y cruzamiento superiores, al mismo tiempo que ayuda a elegir el método más eficiente de

selección, permitiendo estimar la magnitud de diversos parámetros genéticos. (Elizondo, 2000)

Griffing (1956) define el termino cruza dialélicas como todos los cruzamientos posibles entre un grupo de líneas, variedades o razas. Se utilizan para determinar la aptitud combinatoria específica entre líneas, es decir, para determinar la capacidad productiva entre el cruzamiento de dos líneas (híbrido). Presenta cuatro métodos o diseño de análisis para cruza dialélicas, dependiendo de los genotipos que se incluyan que son: 1) progenitores y sus cruza en ambos sentidos; 2) progenitores y las cruza en un solo sentido; 3) cruza en ambos sentidos (directas y recíprocas) sin incluir progenitores; y 4) en un solo sentido. Para cada caso presenta los modelos estadísticos, formulas de computo, esperanza matemática de los cuadrados medios para la estimación de los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE) para la varianza de dichos efectos.

Valdivia *et al.* (1988) evaluaron un dialélico con 19 líneas S_2 y S_4 en dos localidades. Las líneas utilizadas fueron derivadas de las poblaciones Tuxpeño Crema 1, la Posta, Eto PB x Tuxpeño Crema 1, San Juan, Braquiticos, VS-521, B-670 y la línea T11 que interviene en el híbrido H-507. El análisis del diseño genético mostró diferencias altamente significativas para localidades y efectos de ACG y ACE. Concluyeron que las líneas con mayores efectos aditivos fueron D7501-47-2 y LE-27; a pesar de haber detectado significancia para los dos tipos de aptitud combinatoria, los efectos aditivos fueron más altos y podrían ser aprovechados para la formación de un sintético.

Gallegos *et al.* (1998) evaluaron la aptitud combinatoria de 7 líneas derivadas de la población San Lorenzo. Para estimar los efectos de ACG y ACE se utilizaron el método 4 de Griffing. Encontraron que, cuando interviene uno o los dos progenitores que se encuentran entre los mejores efectos de ACG se obtienen las mejores cruzas. Concluyeron que las líneas que sobresalen en efectos de ACG, deberán considerarse en un programa de mejoramiento encaminado a la formación de una variedad sintética o bien a participar como progenitores en la formación de híbridos.

Santos y Beck (1992) evaluaron 120 cruzas F_1 provenientes de un dialélico entre 16 genotipos tropicales precoces (8 poblaciones y 8 sintéticas) todos provenientes del CIMMYT; utilizaron el método 4 propuesto por Griffing para estimar ACG y ACE para cada progenitor. El análisis de varianza indicó diferencias significativas en rendimiento, para cada craza y los efectos de ACG. Las mejores cruzas fueron: TEY PHY x EU8435SR y TEY DMR x EU87315R en rendimiento, sin embargo fueron menos precoces. Las cruzas EU87305R x TEFDS y PI5 C21 x EU87315R, presentaron mayor precocidad. Concluyeron que tomando en consideración el bajo porcentaje de heterosis de las mejores cruzas, no es posible usarlos como híbridos no convencionales, pero presentan buenas características para un posible uso como poblaciones.

Gutiérrez *et al.* (2004) indican que mediante el conocimiento de la aptitud combinatoria de los progenitores, el mejorador lograra una mayor eficiencia en su programa de mejoramiento, pues le permite seleccionar líneas con un buen comportamiento promedio en una serie de cruzamientos e identificar combinaciones

híbridas específicas con un comportamiento superior a lo esperado, con base en el promedio de líneas que intervienen en el cruzamiento.

Alezones (2001) realizó un cruzamiento dialélico sin recíprocos entre siete poblaciones de maíz blanco de distinto origen. Las poblaciones que presentaron mayor rendimiento fueron: Santa Ana, FPX-01B-C3, y CIMCAL193-SA6 y las mejores cruzas que superan al testigo híbrido doble (D-Molinero) fueron: Santa Ana x CIMCAL193-SA6, Santa Ana x FPX-01B-C3 y Santa Ana x FPX-02BP-C5. Concluyó que basada en la alta capacidad de combinación expresada entre algunos de estos materiales, sería interesante incluirlos en un programa de selección recíproca recurrente para obtener de las poblaciones resultantes líneas homocigotas para la obtención de híbridos convencionales o para la formación de híbridos intervarietales a corto plazo.

Reyes *et al.* (2004) estimaron los parámetros genéticos para el rendimiento de la raza de maíz tuxpeño, así como los efectos de ACG y ACE de diez líneas S_1 que fueron derivadas de tres compuesto varietales, formaron 45 cruzas dialélica (método 4 de Griffing), los resultados de la varianza genética aditiva resultó cinco veces mayor que la varianza genética de dominancia. Concluyen que una crusa simple será de alto rendimiento si dos líneas progenitoras son de alta ACG o si su efecto de ACE es alto y al menos una de sus líneas es de alta ACG. En cambio si las líneas son de baja ACG y su efecto de ACE es bajo, el rendimiento de la crusa será bajo.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Este trabajo parte de los resultados obtenidos por Hernández (2003) correspondientes al primer ciclo de selección recíproca recurrente modificada de hermanos completos aplicada en el patrón heterótico formado entre una población de maíz enana y otra de maíz precoz de porte normal.

Descripción de los grupos germoplásmicos

Grupo de maíz enano. Población de plantas braquíticas, se caracteriza por soportar altas densidades de siembra, responde positivamente a la aplicación de insumos. Muestra una gran plasticidad de adaptación, excelente respuesta a los insumos agrícolas y a las combinaciones híbridas. Exhibe madurez diversa por lo que se pueden encontrar familias precoces a intermedias, entrenudos cortos debajo de la mazorca, tendencia a la prolificidad, hojas breves erectas, y espigas compactas y grano preferentemente dentado.

Grupo de maíz precoz. Población formada a partir de líneas élite del programa de mejoramiento del Bajío, con la limitante que eran muy tardías razón por la cual estas líneas se sometieron a un programa de selección gamética con cuatro donadores de precocidad (Zacatecas 58, Cafime, VS 201 y Zapalote Chico). De este programa se derivaron 1000 líneas, que se sometieron a un intenso programa de selección *per se* y de

aptitud combinatoria quedando como sobresalientes 10 líneas S_5 las que se recombinaron y constituyeron la población de referencia.

Material genético

Del procedimiento de mejoramiento propuesto por Hernández (2003) se generaron dos versiones mejoradas dentro de cada grupo heterótico, una tomando como criterio de selección el efecto de ACG de los medios hermanos paternos (selección tipo I), la otra versión tomó como criterio de selección el desempeño de los hermanos completos que considera simultáneamente efectos de ACG y ACE en la expresión del híbrido, (selección tipo II).

EL material genético del presente trabajo fueron cuatro cruzamientos dialélicos, dos de la población de maíz enano y dos de la población precoz; los progenitores de cada dialélico fueron las líneas seleccionadas para reconstituir las versiones mejoradas en ambos grupos y se describen a detalle en el Cuadro 3.1

La formación de los cruzamientos dialélicos se efectuó en el campo experimental de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro ubicado en Tepalcingo, Morelos durante el ciclo otoño-invierno del 2002.

Cuadro 3.1. Genealogía del material parental utilizado para producir los cruzamientos dialélicos dentro de cada población.

Clave de identificación	Grupo precoz Selección TIPO I	Grupo precoz Selección TIPO II	Grupo enano selección TIPO II	Grupo enano Selección TIPO II
1	PN-301-4	PN-304-2	PE-323-1	MLS4-1
2	PN-302-2	PN-305-2	PE-202-4	PE-203-2
3	PN-308-1	PN-308-1	PE-203-2	PE-104-6
4	PN-308-3	PN-308-2	PE-203-4	PE-105-1
5	PN-311-2	PN-308-3	PE-104-6	PE-202-1
6	PN-316-1	PN-311-4	MLS4-1	PE-208-2
7	PN-318-4	CML-318	PE-106-8	PE-212-1
8	PN-319-2	53-36-37-N-10-2-A-1-1-A	PE-108-3	PE-112-7
9	CML-318	PN-317-1	PE-210-1	PE-114-2
10		PN-318-4	LBCPC4S4	

Descripción del área de estudio

Los dialélicos fueron evaluadas en el ciclo primavera-verano del 2003 en las localidades de: Juventino Rosas, Gto. y El prado, N. L., en esta ultima se establecieron dos fechas de siembra, cada fecha se consideró como un ambiente. En el cuadro 3.2 se presenta las principales características de los diferentes sitios de evaluación.

Cuadro 3.2 Situación geográfica y características climáticas de las localidades de evaluación, Juventino Rosas, Gto; El Prado, N. L.

Localidad	Clima	Latitud Norte	Longitud Oeste	Altura Msnm	Temp. Media anual °C	Precipitación Pluvial mm
Juventino Rosas, Gto 2003	Templado	20° 38'	101° 38'	1754	20.6 °C	597.3 mm
El Prado, N. L. 2003	Templado	24° 12'	100° 05'	1890	18.0 °C	300 mm

Descripción de la parcela experimental y fechas de siembra

La siembra de los experimentos se llevo a cabo bajo un diseño de bloques completamente al azar con dos repeticiones. La parcela experimental, en todos los ensayos de rendimiento fue de un surco, con una separación entre surco de 0.75 m. A la siembra se depositaron dos semillas por golpe, para posteriormente realizar un aclareo a una planta para así obtener el número óptimo de plantas. Obteniendo un total de 21 plantas por parcela, separadas a una distancia de 0.19 m.

Las fechas de siembra por localidad de evaluación fueron: Juventino Rosas, Gto. 17 de abril del 2003, El Prado Nuevo León. 21 de abril y 11 de junio del 2003, cada fecha corresponde a un ambiente.

LABORES DE CULTIVO

Fertilización

La fertilización se realizó al momento de la siembra, con la siguiente fórmula: 180-90-00 donde se aplicó el 50 por ciento de nitrógeno y todo el fósforo en la siembra, el resto de nitrógeno se aplicó al realizar el primer cultivo.

Control de plagas y malezas

Durante el crecimiento vegetativo del experimento, para el control de plagas y malezas se aplicó herbicidas (preemergente y postemergente) e insecticidas, en asociación con escarda y cultivos (mecánico). Teniendo prioridad durante las primeras etapas del desarrollo y crecimiento del cultivo, de tal manera que estos factores naturales no interfiera en las características experimentales.

Riego

El número y la lámina de riego fueron variados en función de las condiciones climáticas (precipitación pluvial y temperatura), el desarrollo vegetativo del cultivo, tipo de suelo, etc. En función de los requerimientos del cultivo en cada localidad.

Variables evaluadas

Las características agronómicas medidas durante el transcurso del desarrollo del experimento fueron las siguientes:

Floración femenina (FF). Se considera como el periodo transcurrido en días a partir de la fecha de siembra hasta que el 50% de las plantas por parcela experimental presenten jilotes con estigma receptivos.

Floración masculina (FM). Se considera como el periodo transcurrido en días a partir de la fecha de siembra hasta que se encontraron las anteras dehiscentes en el 50% de las plantas de la parcela útil.

Altura de planta (AP). Es considerada la distancia en centímetros comprendido entre la base de la planta hasta la hoja bandera o base de la espiga. Se midió una planta representativa por parcela útil.

Altura de mazorca (AM). Es la distancia que existe entre la base de la planta hasta el nudo donde se encuentra insertada la mazorca, Se midió una planta representativa por parcela útil, expresada en centímetros.

Mala cobertura (MC). Este dato se toma antes de la cosecha, considerando como mazorca de mala cobertura aquella en la cual el totomoxtle no logra cubrir totalmente la mazorca dejando al descubierta la punta de esta, efectuando la transformación en por ciento tomando en cuenta el número de mazorcas cosechadas dentro de la parcela útil.

Plantas cosechadas (PLC). Es el número total de plantas cosechadas de la parcela experimental o útil.

Mazorcas cosechadas (MCOS). Es el número total de mazorca que se obtiene de las plantas cosechadas dentro de la parcela útil.

Calificación de mazorcas (CALM). Se refiere al valor asignado a la mazorca en base a su apariencia visual en conjunto con daños causados por insectos o enfermedades, tamaño, uniformidad de la misma, etc. La escala asignada fue del uno a cinco; uno, muy bueno y cinco, muy mala.

Prolificidad (Prol). Es la cantidad de mazorcas que proporcionan 100 plantas, en base a las plantas y mazorcas cosechadas dentro de cada parcela, reportando como mazorcas por 100 plantas. Se estima mediante la siguiente formula:

$$\text{Mazorcas x 100 plantas} = \frac{\text{No.deMazorcas}}{\text{No.dePlantas}} \times 100$$

Peso de campo (PC). Es el peso total de mazorcas cosechadas por parcela útil con la humedad existente al momento en que se realiza la cosecha. Su valor se expresa en kilogramos (Kg).

Por ciento de humedad (%H). Se obtiene tomando una muestra representativa de 250 gramos de grano de la parcela útil y se obtiene su por ciento de humedad usando el aparato Dickie Jhon. Esta medición se hace al momento de la cosecha.

Rendimiento (Rnd). Para estimar el rendimiento de mazorca en toneladas por hectáreas al 15.5 por ciento de humedad de todos los tratamientos, se multiplicó el peso seco (PS) por el factor de conversión (FC), cuyas formulas son las siguiente:

$$PS = \frac{(100 - \%H)}{100} \times PC$$

Donde:

%H = porcentaje de humedad del grano a la cosecha por parcela

PC = peso de campo en KG

$$FC = \frac{10000}{APU \times 0.845 \times 1000}$$

Donde:

FC = Factor de conversión para expresar el rendimiento en toneladas por hectárea de mazorca al 15.5 por ciento de humedad.

APU = Área de parcela útil. Es el producto de la distancia por surco por la distancia entre planta por el número correcto de plantas por parcelas experimental.

0.8450 = Constante para obtener el rendimiento en kilogramos por hectárea al 15.5 por ciento de humedad.

1000 = Constante para obtener el rendimiento en toneladas.

10000 = Son los metros cuadrado de una hectárea.

Análisis estadísticos

Rendimiento ajustado por covarianza

Como el número de plantas cosechadas fue muy variable entre parcelas de los experimentos, se realizó un análisis de covarianza para estimar los efectos de esta

variable en la expresión del rendimiento. Una vez comprobado que la variable mostró efecto significativo mediante la prueba de F, se realizó un ajuste del rendimiento por la siguiente fórmula.

$$\hat{Y} = y_i - b(x_i - \bar{x})$$

Donde:

\hat{Y} = rendimiento ajustado por regresión.

b = coeficiente de regresión.

y_i = rendimiento sin ajuste del i-ésimo tratamiento.

x_i = número de plantas cosechas en el i-ésimo tratamiento.

\bar{x} = media general de plantas.

Con el fin de calcular los efectos de aptitud combinatoria general y específica, se realizó un análisis combinado, a través de localidades bajo el diseño IV de Griffing, empleando para ello el programa estadístico reportado por Zhang y Kang (2003) para SAS, modificado por el Dr. Alfredo de la Rosa (no documentada), siendo el modelo genético el que se presenta a continuación:

$$Y_{ijkl} = \mu + I_i + \beta_{j(i)} + g_k + g_l + s_{kl} + I_{gik} + I_{gil} + I_{s_{ikl}} + E_{ijkl}$$

Donde:

Y_{ijkl} = variable de respuesta.

μ = efecto de la media general.

l_i = efecto de la i-ésima localidad.

$\beta_{j(i)}$ = efecto del j-ésimo bloque dentro de la i-ésima localidad.

g_k = efecto de la aptitud combinatoria general del padre k.

g_l = efecto de la aptitud combinatoria general del padre l.

s_{kl} = efecto de la aptitud combinatoria de los padres k y l.

lg_{ik} = efecto de la interacción entre la i-ésima localidad y la aptitud combinatoria del padre k.

lg_{il} = efecto de la interacción entre la i-ésima localidad y la aptitud combinatoria general del padre l.

ls_{ikl} = efecto de la interacción entre la i-ésima localidad y la aptitud combinatoria específica de los padres k y l.

E_{ijkl} = error experimental.

Cuadro 3.3. Estructura del análisis de varianza combinado y esperanza de cuadrados medios correspondientes al diseño IV de Griffing (1956).

Fuentes de variación	g.l	CM	ECM
Loc	1-1		
Rep/Loc	r(1-1)		
Cruzas	n-1		
ACG	p-1	M6	$\Sigma_e^2 + r\sigma_{IACE}^2 + r(p-2)\sigma_{IACG}^2 + rl\sigma_{ACE}^2 + rl(p-2)\sigma_{ACG}^2$
ACE	p(p-3)/2	M5	$\Sigma_e^2 + r\sigma_{IACE}^2 + rl\sigma_{ACE}^2$
Cruzasx Loc	(n-1)(1-1)	M3	$\Sigma_e^2 + r\sigma_{IACE}^2 + r(p-2)\sigma_{IACG}^2$
ACG x Loc	(p-1)(1-1)	M2	$\Sigma_e^2 + r\sigma_{IACE}^2$
ACE x Loc	P(p-3)(1-1)/2	M1	Σ_e^2
Error	[p(p-1)/2]-1 (n-1)1		
Total	[np(p-1)/2] - 1		

En base a las esperanzas de los cuadrados medios (ECM) del cuadro 3.3 se estimaron las σ^2 de ACG y ACE, a través de las siguientes formulas.

$$\sigma_{ACG}^2 = \frac{M_6 - M_5 - M_3 + M_2}{rl(p-2)}$$

$$\sigma_{ACE}^2 = \frac{M_5 - M_2}{rl}$$

Estimación de Parámetros Genéticos

Se calcularon los parámetros genéticos en base a el diseño IV de Griffing de acuerdo a las formula descrita por Hallauer y Miranda (1981)

Varianza aditiva: $\sigma_A^2 = 2\sigma_{ACG}^2$

Varianza de dominancia: $\sigma_D^2 = \sigma_{ACE}^2$.

Heredabilidad: $h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\left(\frac{CM_{cruzas}}{rl}\right)}$

Estimación de Varianzas y Errores Estándar

Varianza de la varianza de ACG:

$$V(\sigma_{ACG}^2) = \frac{2}{[lr(p-2)]^2} \left[\frac{M_6^2}{glM_6 + 2} + \frac{M_5^2}{glM_5 + 2} + \frac{M_3^2}{glM_3 + 2} + \frac{M_2^2}{glM_2 + 2} \right]$$

Error estándar para la varianza de ACG: $\sqrt{V(\sigma^2_{ACG})}$

$$\text{Varianza de la varianza de ACE: } V(\sigma^2_{ACE}) = \frac{2}{(lr)^2} \left[\frac{M_5^2}{glM_5 + 2} + \frac{M_2^2}{glM_2 + 2} \right]$$

Error para la varianza de ACE: $\sqrt{V(\sigma^2_{ACE})}$

$$\text{Varianza de la varianza aditiva: } V(\sigma^2_A) = 4V(\sigma^2_{ACG})$$

Error estándar para la varianza aditiva: $\sqrt{V(\sigma^2_A)}$ Ó $2\sqrt{V(\sigma^2_{ACG})}$

$$\text{Varianza de la varianza de dominancia: } V(\sigma^2_D) = 4V(\sigma^2_{ACE})$$

Error estándar para la varianza de dominancia: $\sqrt{V(\sigma^2_D)}$ Ó $\sqrt{V(\sigma^2_{ACE})}$

$$\text{Error estándar para la heredabilidad: } \frac{EE\sigma^2_A}{\sigma^2_F}$$

Donde:

σ^2_{ACG} = varianza aditiva por ambiente, σ^2_{ACG} = varianza de dominancia por ambiente, l = número de ambiente, r = numero de repeticiones, p = número de progenitores, gl = grados de libertad, M_2 = cuadrados medios de ACE x Loc, M_3 = cuadrados medios de ACG x loc., M_5 = cuadrados medios de ACE., M_6 = cuadrados medios de ACG.

Los efectos de ACG y ACE se estimaron de la siguiente manera:

$$g_i = \frac{1}{p(p-2)}(pX_{i.} - 2X_{..})$$

$$s_{ij} = X_{ij} - \frac{1}{p-2}(X_{i.} + X_{.j}) + \frac{2X_{..}}{(p-1)(p-2)}$$

Donde:

g_i = Aptitud combinatoria general. (ACG) del i-ésimo progenitor.

s_{ij} = Aptitud combinatoria específica (ACE) de la cruce entre el i-ésimo y j-ésimo progenitor.

p = Número de progenitores.

$X_{i.}$ = Total del progenitor i.

$X_{.j}$ = Total del progenitor j.

X_{ij} = Total de la cruce.

$X_{..}$ = General total.

Coefficiente de variación

También se calculó el coeficiente de variación (CV), para asegurar que nos encontramos en el rango de confiabilidad en el experimento, mediante la aplicación de la siguiente fórmula.

$$CV = \frac{\sqrt{CMEE}}{\bar{X}} \times 100$$

Donde:

CV = coeficiente de variación (%).

CMEE = cuadrado medio del error experimental.

\bar{X} = media general.

Se hizo la comparación de medias mediante una prueba de rango múltiple, para los tratamientos, mediante un análisis de diferencia mínima significativa (DMS) .

$$DMS_{0.05} = t_{\alpha} \sqrt{\frac{2CMEE}{rl}}$$

Donde:

t_{α} = Valor de “t” con una probabilidad de error α (prueba de dos colas).

CMEE = Cuadrado medio del error experimental.

r = Número de repeticiones.

l = Número de localidades.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Con el propósito de dar cumplimiento a los objetivos e hipótesis planteados en esta investigación, en este capítulo se presentan los resultados y las discusión de los análisis dialélicos combinados de las tres localidades para las variables rendimiento, floración femenina y altura de planta, en el apéndice se concentraron las ANVA para floración femenina y altura de mazorca que no fueron discutidos.

En el Cuadro 4.1 se muestran los cuadrados medios, para la variable rendimiento. En la fuente de variación localidades, se encontraron diferencias estadísticamente significativas ($P \leq 0.01$) en los cuatro subgrupos, atribuible a las condiciones climáticas, edáficas de cada localidad, por lo consiguiente se consideran ambientes diferentes de evaluación, esto es muy interesante por que ello permitirá remover tales efectos del error y se tendrá una mejor estimación del efecto genético como lo afirma Crossa (1990).

Para la fuente bloques o repeticiones dentro de localidades se encontraron diferencia significativa ($P \leq 0.05$) en las subpoblaciones precoz tipo I y enana tipo I y II, por lo que se considera que el diseño estadístico fue eficiente al lograr minimizar la varianza del error. En la subpoblación precoz tipo II no existe diferencia es porque los tratamientos se comportaron de igual manera en cada repetición, por lo que el ambiente los pudo o no, influir en la expresión fenotípica de los tratamientos haciendo que el bloqueo no fuera eficiente.

De igual forma, la fuente cruza mostró diferencia estadísticamente significativa ($P \leq 0.01$) en todos los subgrupos, lo que indica que existe una gran variabilidad genética entre las cruza, por lo tanto, permitirá la selección de las mejores, que pueden ser utilizadas como progenitores de nuevas combinaciones o bien como probadores y ocasionalmente como híbridos potenciales con valor comercial.

Cuadro 4.1. Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico para la variable rendimiento por subpoblaciones a través de ambientes¹

SUBPOBLACION DE MAIZ	PRECOZ TIPO I		PRECOZ TIPOII		ENANO TIPO I		ENANO TIPO II	
	gl		gl		gl		gl	
Localidades	2	723.00**	2	1044.52**	1	2326.84**	1	2249.80**
Rep/loc	3	9.58**	3	4.67	2	13.69*	2	19.60**
Cruzas	35	15.52**	44	12.59**	44	19.99**	35	4.25**
ACG	8	42.34**	9	12.19**	9	62.04**	8	8.09**
ACE	27	5.19	35	5.52*	35	8.53**	27	2.40
CruzasxLoc	70	5.41**	88	5.03*	44	4.35	35	3.15*
ACGxLoc	16	5.34	17	5.72*	9	6.36*	8	5.68**
ACExLoc	54	4.82	63	3.28	35	3.89	27	0.08
Error	95	3.35	110	3.19	82	3.05	68	1.95
Media		9.81		9.55		9.75		8.99
EE media		0.78		0.78		0.90		0.71
σ^2_A		1.05		0.26		3.19		0.22
$EE\sigma^2_A$		0.55		0.36		1.66		0.16
σ^2_D		0.04		0.56		1.16		0.24
$EE\sigma^2_D$		0.16		0.35		0.55		0.32
h^2		0.67		0.15		0.59		0.25
EEh^2		0.35		0.21		0.31		0.35

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ Juventino Rosas, Gto. y El Prado, N. L. 2003; EE = error estándar; σ^2_A = varianza aditiva; σ^2_D = varianza de dominancia; h^2 = heredabilidad; TIPO I = selección de progenitores con base a su efecto de ACG; TIPO II = selección de progenitores en base a los híbridos de desempeño superior.

Como la fuente cruza mostró diferencia, ésta se descompuso en efectos de ACG y ACE, con el fin de conocer cual de estos efectos contribuyen más en la expresión de los híbridos. Los resultados indican que los efectos de ACG influyeron más en el comportamiento de las cruza. Ésta fuente presentó diferencias estadísticamente

significativas ($P \leq 0.01$) en las cuatro subpoblaciones, de lo que se infiere que las líneas tienen diferentes desempeños genéticos para heredar dicho carácter en base a esto se identificarán las más sobresalientes en cada subpoblación.

Estas diferencias encontradas en ACG se pueden atribuir a la amplia base genética que tienen las poblaciones, lo que no ocurre donde se derivan líneas de poblaciones de reducida base genética.

En los efectos de ACE la subpoblación maíz precoz tipo II y enano del tipo I mostraron diferencia estadísticamente significativa ($P \leq 0.05$), esto indica, que aún existe complementariedad para este carácter al cruzarse individuos de la misma población ya que son muchos los genes que controlan esa característica, por lo que aún muestran variabilidad. En las subpoblaciones precoz tipo I y enano tipo II no hubo diferencia alguna. Aparte, donde los altos efectos de ACG y ACE fueron significativamente diferentes, se presenta la posibilidad de elegir un progenitor o una cruce que transmita o exprese las características que el fitomejorador requiere.

Es importante señalar que en las subpoblaciones formadas por la selección tipo I, presentaron mayor proporción de efectos de ACG que ACE, mientras que en las subpoblaciones con selección del tipo II, la diferencia entre ACG y ACE fue reducida.

Las cuatro subpoblaciones presentaron medias de rendimiento muy semejantes, aunque numéricamente las que se seleccionaron bajo el tipo I, fueron más altas.

En los componentes de la varianza genética estimados para la variable rendimiento se observó que la varianza aditiva fue mayor en las subpoblaciones del tipo I, probablemente atribuible a que los progenitores de estas subpoblaciones fueron seleccionados por su capacidad de heredar sus características que influyen de alguna manera en la expresión del rendimiento. En las subpoblaciones formadas bajo el tipo II, la varianza de dominancia fue superior a la varianza aditiva, ya que las líneas involucradas fueron seleccionadas por su capacidad específica de combinación y no por heredar sus características.

La varianza de dominancia de las subpoblaciones tipo II presentó mayor proporción en relación a las subpoblaciones tipo I, siendo atribuible a que las líneas fueron seleccionadas considerando el comportamiento en sus cruzas, por lo que es más recomendable que líneas derivadas de esta subpoblación sean utilizadas para un programa de hibridación.

Con los resultados anteriormente mencionados se pudo establecer que, se cumplió con una de las hipótesis planteada al inicio de este trabajo, ya que la varianza aditiva fue mayor en la selección tipo I, mientras que la varianza de dominancia tendió a ser mayor en las subpoblaciones tipo II.

La heredabilidad de las subpoblaciones del tipo I fueron altas con respecto a las subpoblaciones del tipo II, lo que indican que en estas subpoblaciones existen mayor

cantidad de genes favorable para la expresión de este carácter y mejorar el comportamiento de las poblaciones *per se*.

Los tipos de selección aplicados a cada población influyeron en el comportamiento genéticos de ellas, la varianza aditiva se presentó en mayor proporción en las subpoblaciones que fueron formadas con líneas de mayor ACG. Por otro lado, la varianza de dominancia tendió a ser de mayores proporciones en las subpoblaciones que fueron seleccionadas en base al comportamiento promedio de las cruzas.

El cuadro 4.2 muestra los valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable rendimiento de las líneas de las 4 subpoblaciones. En la subpoblación precoz tipo I, las líneas 2, 5, 6 y 9 mostraron diferencia altamente significativa. Las dos ultimas presentaron efectos positivos, con aportaciones promedio por cruzas de 1.63 y 2.31 ton ha⁻¹ respectivamente, las líneas 7 y 8 presentan efectos positivos pero no son diferente de cero, pero que se pueden incluir en un programa de mejoramiento poblacional o bien para hibridación.

En la subpoblación precoz tipo II, las líneas 8 y 9, mostraron diferencia estadísticamente significativa ($P \leq 0.01$), pero la primera presentó ACG positiva, con aportación promedio de 1.79 ton ha⁻¹, también las líneas 1, 2, 7 y 10, tienen efectos positivos, pero no fueron diferentes de cero, deben ser incluidos en un mejoramiento poblacional. El resto de las líneas presentan ACG negativa.

Cuadro 4.2. Valores estimados de aptitud combinatoria general para variable rendimiento de las líneas representativas de cada subpoblaciones a través de ambientes.

Líneas	PRECOZ	PRECOZ	ENANO	ENANO
	TIPO I	TIPO II	TIPO I	TIPO II
1	-0.29	0.42	2.40 **	0.43
2	-0.79 **	0.05	1.39 **	-0.52 *
3	-0.58 *	-0.54	-0.38	0.38
4	-0.69 *	-0.07	-1.25 **	0.30
5	-0.72 **	-0.27	-1.23 **	0.70 **
6	1.63 **	-1.40	1.87 **	0.49
7	0.20	1.42	-1.62 **	0.70 **
8	1.08	1.79 **	-0.95 **	-0.11
9	2.31 **	-2.22 **	-0.18	-0.63 *
10		0.83	-0.04	

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Juventino Rosas, Gto. 2003 y El Prado N. L. 2003; TIPO I = selección de progenitores con base a su efecto de ACG; TIPO II = selección de progenitores en base a los híbridos de desempeño superior

La subpoblación enana del tipo I presentó 7 líneas con valores diferentes de cero, estadísticamente significativas ($P \leq 0.01$), donde la 1, 2 y 6 presentaron efectos positivos, con aportaciones promedio por cruza de 2.40, 1.39 1.87 ton ha⁻¹ respectivamente, que se pueden incluir en un programa de mejoramiento poblacional. Las líneas 4, 5, 7 y 8 fueron diferentes de cero pero con efectos negativos.

En la subpoblación enana del tipo II las líneas presentaron diferencia estadísticamente significativa ($P \leq 0.01$), donde se observó que los mejores efectos de ACG los tuvieron las líneas 5 y 7 con aportaciones en promedio por cruza de 0.70 ton ha⁻¹. Las líneas 1, 3, 4 y 6 tuvieron efectos positivos pero no lograron ser diferentes de cero, pero se pueden considerar para mejora el rendimiento.

Tomando en cuenta el comportamiento del ACG de las líneas, se pueden hacer cruzamientos como lo menciona Mendoza *et al.* (1998) y Gallegos *et al.* (1998) entre los progenitores que presentan los valores más alto de aptitud combinatoria general de cada subpoblación para obtener híbridos con mayor potencial e rendimiento.

En el cuadro 4.3 se muestran los cuadrados medios para la variable floración masculina. En la fuente de variación localidades se encontraron diferencias estadísticamente significativas ($P \leq 0.01$) en las cuatros subpoblaciones, estas diferencias son atribuibles a que las localidades de evaluación no tienen las misma condiciones climáticas, edáficas, por lo consiguiente se consideran ambientes contrastante de evaluación por lo que podrá hacerse selección de los materiales que sean más estables.

En bloqueo que se realizó no fue del todo eficiente para esta variable ya que solamente una población presentó (subpoblación enana tipo I) diferencias estadísticamente significativa ($P \leq 0.05$) y en las otras no hubo diferencia, es decir, las repeticiones se comportaron de igual manera al no tuvieron la capacidad de detectar los cambios debido al ambiente.

La fuente cruza mostró diferencia estadísticamente significativa ($P \leq 0.05$) en las subpoblaciones enana tipo I, II y en precoz tipo I, lo que indica que existe mayor variabilidad genética entre las cruza, por lo tanto, permitirá la selección de las mejores. La subpoblación precoz tipo II estadísticamente no presenta diferencia alguna.

Cuadro 4.3. Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico para la variable floración masculina por subpoblaciones a través de ambiente¹.

SUBPOBLACION DE MAÍZ	PRECOZ TIPO I		PRECOZ TIPO II		ENANO TIPO I		ENANO TIPO II	
	gl		gl		gl		gl	
Localidades	1	11946.78**	1	15409.91**	1	20367.62**	1	16078.32**
Rep(loc)	2	6.26	2	15.29	2	21.32*	2	6.82
Cruzas	35	14.11*	44	7.86	44	17.36**	35	10.51**
ACG	8	24.14**	9	6.32	9	58.39**	8	23.35**
ACE	27	6.83	35	5.90	35	6.61	27	6.65**
CruzasxLoc	35	12.21	44	3.75	44	4.90	35	4.92*
ACGxLoc	8	13.62	9	4.67	9	8.66	8	7.19
ACExLoc	27	11.07	35	3.26	35	3.19	27	4.29
Error	64	7.99	76	4.39	82	5.46	68	3.15
Media		80.42		79.90		88.94		87.60
EE media		1.62		1.11		1.20		1.10
σ^2_A		1.05		-0.06		2.89		0.98
EEσ^2_A		0.92		0.23		1.58		0.79
σ^2_D		-1.06		0.66		0.85		0.59
EEσ^2_D		0.85		0.39		0.43		0.52
h^2		0.04		-0.04		0.61		0.38
EEh^2		0.34		0.16		0.33		0.30

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ Juventino Rosas, Gto. y El Prado N. L. 2003; EE = error estándar; σ^2_A = varianza aditiva; σ^2_D = varianza de dominancia; h^2 = heredabilidad; TIPO I = selección de progenitores con base a su efecto de ACG; TIPO II = selección de progenitores en base a los híbridos de desempeño superior.

Como la fuente cruzas presentó diferencia, se descompuso en efectos de ACG y ACE, con el fin de conocer cual influye más en la expresión de las cruzas. Los resultados indicaron que los efectos de ACG influyeron más en el comportamiento de las cruzas en evaluación, para las cuatro subpoblaciones, aunque en la precoz tipo II no fueron grandes las diferencias entre ACG y ACE.

Para los efectos de ACG se encontraron diferencias estadísticamente significativas ($P \leq 0.01$) solo en tres subpoblaciones, de lo que se infiere que las líneas tienen diferentes desempeños genéticos para heredar dicho carácter debido a que la

población original muestra una amplia base genética, estas variación permite identificar a las líneas más precoces.

En la subpoblación precoz tipo II no se detectaron ninguna diferencia significativa; es decir, las líneas mostraron comportamiento similar para este carácter.

En los efectos de ACE solamente una subpoblacion (enano tipo II) mostró diferencia estadísticamente significativa ($P \leq 0.01$), esto indica que existen genes de complementariedad para este carácter y al cruzarse individuos de la misma población muestran heterosis, por lo que se su pone que existe una amplia base genética en esa población para el carácter evaluado. En las subpoblaciones precoz tipo I, II y enano tipo I no hubo diferencia alguna.

En las subpoblaciones formadas por la selección del tipo I presentaron mayores proporciones de efectos de ACG que de ACE, mientras que en la selección tipo II, la diferencia no fue muy grande entre ACG y ACE, esto se debió al tipo de selección que se aplico para seleccionar las líneas por rendimiento, también influyeron en el carácter floración.

Las subpoblaciones precoz tipo I y II presentaron una media muy semejante aunque numéricamente son más precoces (80.42 y 79.90 días, respectivamente) que las subpoblaciones enana tipo I y II que fueron mas tardías, ya que las subpoblaciones precoz han sufrido mejoramiento debido a que les han inyectado genes de precocidad,

mientras que en las subpoblaciones enanas se han mantenido estable con respecto a floración masculina.

En cuanto a los componentes de varianza estimados para la variable flor masculina se observa que la varianza aditiva presentó mayor proporción que la varianza de dominancia en las subpoblaciones donde se aplicó la selección tipo I, aunque en la subpoblación enana seleccionada bajo el tipo II, también la varianza aditiva fue mayor que la varianza de dominancia, pero la diferencia se debió a 3 de las 9 líneas involucradas para formar esta subpoblación, presentó buena ACG además de que cuando se seleccionó para el tipo II van implícitos efectos aditivos y de dominancia. Sin embargo, esto no sucedió en la subpoblación precoz tipo II donde la varianza fue superior a la varianza aditiva.

La heredabilidad de la subpoblación precoz tipo I es mayor que la subpoblación precoz tipo II, pero no existe mucha diferencia. En la subpoblación enana tipo I es mayor que la enana tipo II, lo que indica que en estas subpoblaciones existen más cantidades de genes favorables para la expresión de este carácter y mejorar el comportamiento de las poblaciones.

En el cuadro 4.4 se concentran los valores de ACG de las líneas de cada subpoblación, donde se observa que las líneas 2 y 5 de la subpoblación precoz tipo I, presentaron diferencias estadísticamente significativas ($P \leq 0.05$) pero la última presenta aptitud combinatoria general negativa de -1.25 días, las líneas 1, 6, 7 y 9 mostraron una aptitud combinatoria general negativa, pero no presentan diferencias.

La subpoblación precoz tipo II, la línea 2, mostró diferencia estadísticamente significativa ($P \leq 0.05$), pero la 1, 5, 7, 8, 9 y 10 presentan efectos negativos pero no fueron diferentes de cero.

Cuadro 4.4. Valores estimados de aptitud combinatoria para la variable días a floración masculina de las líneas representativas de cada subpoblaciones a través de ambientes.

Líneas	PRECOZ TIPO I	PRECOZ TIPO II	ENANO TIPO I	ENANO TIPO II
1	-0.57	-0.25	-3.20 **	1.21 **
2	2.04 **	-0.94 *	-0.67	-0.30
3	0.001	0.42	-0.02	-0.27
4	1.03	0.12	1.45 **	1.30 **
5	-1.25 *	-0.49	-0.14	0.70 *
6	-0.28	0.78	-0.20	-0.80 *
7	-1.03	-0.72	1.12 **	-0.48
8	0.47	-0.004	1.77 **	-0.40 **
9	-0.40	-1.61	0.11	0.05
10		-1.07	-0.23	

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Juventino Rosas Gto. y El Prado, N. L. 2003; TIPO I = selección de progenitores con base a su efecto de ACG; TIPO II = selección de progenitores en base a los híbridos de desempeño superior.

En la subpoblación enana del tipo I, las líneas 1, 4, 7 y 8 presentan diferencias significativas ($P \leq 0.01$), la primera tiene efecto negativo de -3.20 días. Las líneas 2, 3, 5, 6 y 10 presentan ACG negativa, pero no son diferentes de cero.

En la subpoblaciones enana del tipo II las líneas presentaron diferencia estadísticamente significativa ($P \leq 0.05$), las líneas 1, 4, 5, 6 y 8, las dos últimas tienen efectos negativos de ACG, de -0.80 y -0.40 días respectivamente, las líneas 2, 3 y 7 mostraron ACG negativa pero no presentan diferencia

Las líneas de cada subpoblación que fueron estadísticamente diferentes de cero, así como aquellas que no lo fueron, que hayan presentado efectos negativos de ACG, se pueden incluir en un programa de mejoramiento poblacional o bien para hibridación, con el fin de tener líneas o cruzas más precoces.

Tomando en cuenta el comportamiento de ACG de las líneas se pueden realizar cruzamiento entre las mejores líneas o progenitores que presentaron efectos negativos en aptitud combinatoria general en cada subpoblación, para generar híbridos o poblaciones más precoces, o bien, se pueden utilizar como donadores de precocidad.

En el cuadro 4.5 se muestran los cuadrados medios para la variable altura de planta. Para las localidades todas las subpoblaciones presentaron diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$). Estas diferencias son atribuidas a que las localidades de evaluación no tuvieron las mismas condiciones ambientales, ya que son diferente en cuanto a el tipo de suelo, humedad y temperatura, como se presentó en el apartado de materiales y métodos, con estas diferencias se pueden hacer discriminación y seleccionar los materiales más estables.

En repeticiones dentro de localidad se encontró diferencia estadísticamente significativa ($P \leq 0.01$), en las subpoblaciones precoz tipo I y II, por lo que se considera que el diseño estadístico fue eficiente al lograr minimizar la varianza del error. Para las subpoblaciones enana tipo I y II no presentaron diferencia significativas, por lo que el bloqueo para éstas no fue eficiente en esta variable.

Cuadro 4.5. Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialélico para la variable altura de planta por subpoblaciones a través de ambiente¹.

SUBPOBLACION DE MAIZ	PRECOZ TIPO I		PRECOZ TIPO II		ENANO TIPO I		ENANO TIPO II	
	gl		gl		gl		gl	
Localidades	2	28561.82**	2	49614.23**	1	59558.53**	1	75348.18**
Rep(loc)	3	2468.10**	3	2610.03**	2	523.73	2	78.38
Cruzas	35	485.76	44	1071.18**	44	2065.69**	35	694.06**
ACG	8	890.00**	9	761.91*	9	8044.40**	8	1266.07**
ACE	27	325.19	35	235.12	35	419.04*	27	508.54**
CruzasxLoc	70	233.32	88	452.88**	44	182.82	35	192.38
ACGxLoc	16	234.82	17	246.34	9	189.87	8	242.26
ACExLoc	54	256.70	63	291.91	35	170.67	27	186.64
Error	95	310.83	110	294.69	82	231.98	68	128.56
Media		206.43		198.04		148.02		151.04
EE media		7.48		7.50		7.83		5.74
Σ^2_A		16.76		35.77		475.38		50.14
$EE\sigma^2_A$		11.92		21.43		214.54		42.41
Σ^2_D		6.83		-14.20		62.09		80.47
$EE\sigma^2_D$		9.82		18.73		26.29		35.56
H^2		0.34		0.38		0.81		0.29
EEh^2		0.24		0.23		0.37		0.25

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ Juventino Rosas, Gto. y El prado, N. L. 2003; EE = error estándar; σ^2_A = varianza aditiva; σ^2_D = varianza de dominancia; h^2 = heredabilidad; TIPO I = selección de progenitores con base a su efecto de ACG; TIPO II = selección de progenitores en base a los híbridos de desempeño superior

La fuente cruzas mostró diferencia estadísticamente significativa ($P \leq 0.01$) en tres subgrupos, en precoz tipo II y en enano tipo I y II, lo que indica que existe una gran variabilidad genética entre las cruzas de estas subpoblaciones, por lo tanto, permitirá la selección de las cruzas que sean de interés al fitomejorador de acuerdo a sus objetivos. La subpoblación precoz tipo I no presentó ninguna diferencia estadísticas, debido a que las líneas no tienen suficiente diversidad genética.

Como en la fuente cruce hubo diferencia significativa, ésta fuente se particionó en efectos de ACG y ACE. Para los efectos de ACG se detectaron diferencias significativas ($P \leq 0.05$), de lo que se infiere que las líneas tienen diferentes desempeños genéticos para heredar dicho carácter, permitirá identificar las más sobresalientes en cada subpoblación.

En los efectos de ACE la subpoblación enana tipo I y II mostraron diferencia estadísticamente significativa ($P \leq 0.05$), esto indica, que aún existe complementariedad para este carácter al cruzar individuos de la misma población. En las subpoblaciones precoz tipo I y II no hubo diferencia.

Es de resaltar que las cuatro subpoblaciones presentaron diferencias estadísticas, pero en las subpoblaciones formadas por la selección tipo I presentaron mayores efectos de ACG que de ACE y las subpoblaciones formadas por la selección tipo II, no mostraron diferencia muy grande entre estos efectos. Esto se debió a el tipo de selección que fue aplicada a estas líneas, generó un cambio genético en cada subpoblación.

En las subpoblaciones enanas presentaron una media de altura de planta inferior a la media de las subpoblaciones precoces, ya que las primeras han sido mejoradas para reducir su altura. Dentro de la población enana, los tipos I y II presentaron medias muy similares (148.02 y 151.04 cm, respectivamente), así como también en la población precoz (206.43 y 198.04 cm, respectivamente).

En los componentes de la varianza genética estimados se observó que la varianza aditiva fue mayor en las subpoblaciones precoz tipo I, II y enana tipo I. La varianza de dominancia presentó mayor proporción que la varianza aditiva en la subpoblación enana tipo II, por lo que es más recomendable que estas líneas que forman este dialélico sean utilizados para un programa de hibridación.

La varianza aditiva tubo mayores efectos en la subpoblación precoz tipo II, que la precoz tipo I, esto se debió a que en la formación de los dialélicos existieron cuatros líneas que fueron seleccionadas para ACG y ACE, que pudieron influir de alguna manera en la expresión de la varianza aditiva. La varianza aditiva y de dominancia fue mayor en la subpoblación enana tipo I que en la tipo II, asumiendo por lo tanto que la selección tipo I generó mayor diversidad genética.

La heredabilidad de la subpoblación precoz tipo II fue mayor que la del tipo I, aunque estas diferencias no fuero grandes. Caso contrario sucedió en las supoblaciones enanas, donde la del tipo I fue mayor que la del tipo II, siendo esta diferencia de magnitud importante. Por lo que en la del tipo I existen un mayor número de genes que controlan la expresión de este carácter lo que ayudara a mejorar el comportamiento de ésta subpoblación.

Los tipos de selección aplicados a cada población para ACG y ACE modificaron el comportamiento genético de ellas, reflejado en la expresión de las varianzas genéticas de cada subpoblaciones.

En el cuadro 4.6, se concentran los valores de ACG de las líneas de cada subpoblación donde se observa que la línea 3 de la subpoblación precoz tipo I, mostró valores diferentes de cero ($P \leq 0.01$), y presenta efectos negativa, (-10.60 cm), las líneas 4, 5 y 8 también presentaron efectos negativos pero no fueron diferentes de cero.

Cuadro 4.6. Valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable altura de planta de las líneas representativas de cada subpoblaciones a través de ambientes.

Líneas	PRECOZ TIPO I	PRECOZ TIPO II	ENANO TIPO I	ENANO TIPO II
1	3.25	-2.30	40.27 **	0.44
2	1.49	-5.19	-6.45 **	2.02
3	-10.60 **	-6.35 *	-4.67	-1.98
4	-1.10	-2.46	-0.92	14.38 **
5	-5.13	0.82	-5.51 *	2.95
6	5.27	-14.04	11.51 **	-6.66 **
7	6.26	14.80	-21.09 **	0.34
8	-3.74	8.63	-8.48 *	-2.03
9	4.29	2.80	-4.07	-9.48 **
10		3.30	-0.57	

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Juventino Rosas, Gto. y El Padro, N. L. 2003; TIPO I = selección de progenitores con base a su efecto de ACG; TIPO II = selección de progenitores en base a los híbridos de desempeño superior.

La subpoblación precoz tipo II, solamente la línea 3 mostró diferencia estadísticamente significativa ($P \leq 0.05$), presentando ACG negativa (-6.35 cm), al igual que las líneas 1, 2, 4 y 6 pero estas cuatro última, no fueron diferentes de cero.

En la subpoblación enana del tipo I las líneas 1, 2, 5, 7 y 8 presentaron diferencias significativas ($P \leq 0.05$), teniendo efectos negativos las líneas 2, 5 7 y 8 (-6.45, -5.51, -21.09 y -8.48 cm, respectivamente). También Las líneas 3, 4, 9, y 10 presentan ACG negativa pero no fueron diferente de cero.

En las subpoblaciones enana del tipo II las líneas que presentaron diferencias estadísticamente significativas ($P \leq 0.01$), fueron la 4, 6 y 9; y las estas dos últimas tuvieron efectos negativos de ACG (-6.66 y -9.48 cm, respectivamente). Las líneas 3 y 8 mostraron ACG negativa, sin que fueran diferentes de cero.

Las líneas que presentaron efectos negativos en cuanto ACG ya sea que hayan sido diferente de cero o no, se pueden considerar en un programa de mejoramiento como donadores de genes de menor altura, o se pueden incluir en un programa de mejoramiento poblacional o de hibridación.

En las subpoblaciones precoz tipo I y II no presentaron una gran divergencia genética en cuanto a ACG ya que solamente cada subpoblación presentó una línea diferente de cero. Mientras que en las subpoblaciones enanas se encontraron más líneas diferentes de cero, siendo mayor en la del tipo I.

Con el fin de determinar cual estrategia de selección (tipo I y tipo II) genera los híbridos con el mayor potencial de rendimiento, en el cuadro 4.11 se concentran los mejores híbridos en cuanto a rendimiento para cada subpoblación.

Los rendimientos que presentaron los híbridos superaron a la media de cada subpoblación, el mejor híbrido se encuentra en la subpoblación enana tipo I con un rendimiento de $15.17 \text{ ton ha}^{-1}$, y en ésta subpoblación los rendimientos fueron mayores de 11 ton ha^{-1} que las otras tres subpoblaciones.

Cuadro 4.7. Medias de rendimiento de los 10 mejores híbridos de cada subpoblación.

PRECOZ TIPO I		PRECOZ TIPO II		ENANA TIPO I		ENANO TIPO II	
Híbrido	Ren	Híbrido	Rnd	Híbrido	Rnd	Híbrido	Rnd
15	14.52	6	14.21	39	15.17	28	12.20
31	13.61	14	13.53	2	14.84	6	11.50
34	12.40	44	12.10	13	13.96	4	10.95
32	11.81	27	11.92	1	13.57	16	10.22
5	11.33	43	11.73	8	13.13	13	10.06
21	11.33	22	11.18	5	12.84	7	10.05
30	11.31	32	10.90	37	12.30	29	10.00
26	11.22	39	10.82	3	11.64	24	9.85
27	10.95	36	10.68	38	11.64	25	9.78
8	10.82	21	10.49	11	11.46	11	9.63
\bar{x}	9.81		9.55		9.75		8.99
DMS	2.0711		2.0211		2.4204		0.9874

\bar{x} = media general, Ren = Rendimiento, DMS = diferencia de media al (0.05).

En las subpoblaciones normal tipo I y II no presentan gran diferencia entre ellas. En la subpoblación enano tipo I y II existe diferencia, en la subpoblación enana tipo I se observó 6 híbridos mejores que el primer híbrido de la subpoblación enana tipo II e incluso la media de la subpoblación enana tipo I superó a un híbrido de la enana tipo II.

Los mayores rendimientos se obtienen en las cruzas dentro de las subpoblaciones reconstituidas por familias con altos en efectos de aptitud combinatoria general. En las subpoblaciones reconstituidas con las líneas progenitoras de los híbridos interpoblacionales superiores, los rendimientos fueron menores al generarse poblaciones con una base genética más reducida donde la probabilidad de cruzarse individuos emparentados es mayor, por tanto el rendimiento decrece.

CONCLUSIONES

De acuerdo a los objetivos planteados y resultados obtenidos en el presente trabajo, se tiene las siguientes conclusiones.

Los componentes de varianza genética estimados para la variable rendimiento indicaron que varianza la aditiva es mayor en las subpoblaciones reconstituidas por familias de altos efectos en aptitud combinatoria general. En las subpoblaciones formadas por familias progenitoras de híbridos superiores, la proporción de la varianza de dominancia en relación a la aditiva, es superior que en las otras subpoblaciones.

Los mayores rendimientos se obtienen en las cruzas dentro de las subpoblaciones reconstituidas por familias con altos en efectos de aptitud combinatoria general. En las subpoblaciones reconstituidas con las líneas progenitoras de los híbridos interpoblacionales superiores, los rendimientos fueron menores al generarse poblaciones con una base genética más reducida donde la probabilidad de cruzarse individuos emparentados es mayor, por tanto el rendimiento decrece.

VI. RESUMEN

El éxito del mejoramiento depende además del germoplasma, de las herramientas estadísticas que se manejen y de la habilidad para desarrollar y aplicar nuevas y eficientes estrategias de mejoramientos.

El presente trabajo consistió en comparar los resultados de cuatro cruzamientos dialélicos dos correspondiente a un grupo de maíz enano y otros dos perteneciente a un grupo de maíz de porte normal precoz, obtenidos de un programa de selección recíproca recurrente modificado de hermanos completos, una tomando como criterio de selección el efecto de ACG de los medios hermanos paternos (selección tipo I), la otra versión tomó como criterio de selección el desempeño de los hermanos completos que considera simultáneamente efectos de ACG y ACE en la expresión del híbrido, (selección tipo II), implicando a las poblaciones de maíz antes mencionadas. Con los objetivos siguientes: a) Estimar si las variancias aditivas y de dominancia para el rendimiento en mazorca se expresan de forma diferente en cada versión de mejoramiento, dentro de los grupos heteróticos. b) Determinar si existe una asociación entre las versiones de mejoramiento y el potencial para generar mejores híbridos simples dentro de cada grupo heterótico.

La formación de los cruzamientos dialélicos se efectuó en el campo experimental de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro ubicado en Tepalcingo, Morelos durante el ciclo otoño-invierno del 2002. Los dialélicos fueron evaluadas en el ciclo

primavera-verano del 2003 en las localidades de: Juventino Rosas, Gto. y El prado, Nuevo León, en esta última se establecieron dos fechas de siembra, cada fecha se consideró como un ambiente. La siembra, se llevó a cabo bajo un diseño de bloques completamente al azar con dos repeticiones, se realizó un análisis combinado de las tres localidades bajo el diseño IV de Griffing, Analizando las características, rendimiento, días a floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca.

Los resultados obtenidos indican que en las subpoblaciones formadas por familias con altos efectos de aptitud combinatoria general (Selección tipo I) muestran mayores valores para los cuadrados medios estimados en cruzas, indicando mayor diversidad genética, que los obtenidos en las subpoblaciones constituidas por familias progenitoras de los mejores híbridos (Selección tipo II), en la cual se reduce la variación cuando se emplea el otro criterio para reconstituir la población.

En los componentes de la varianza genética estimados para la variable rendimiento, la varianza aditiva es mayor en las subpoblaciones selección tipo I, atribuible a que los progenitores de estas subpoblaciones fueron seleccionados por su mayor capacidad de heredar sus características que influyen de alguna manera en la expresión del rendimiento. En las subpoblaciones formadas por la selección tipo II, la proporción de varianza de dominancia en relación a la varianza aditiva es superior, siendo atribuible a que las líneas involucradas fueron seleccionadas por su capacidad de combinación.

La heredabilidad de las subpoblaciones del tipo I son mayores con respecto a las subpoblaciones del tipo II, lo que indican que en estas subpoblaciones existen mayor cantidad de genes favorable para la expresión de este carácter (rendimiento) y mejorara el comportamiento de las poblaciones *per se*.

Las líneas que contribuyen con efectos positivos de aptitud combinatoria general diferente de cero en el carácter rendimiento dentro de cada subpoblación son las siguientes: En la subpoblación normal tipo I, las líneas 6 y 9 con promedio por cruza de 1.63 y 2.31 ton ha⁻¹; en la subpoblación normal tipo II, líneas 8 con promedio de 1.79 ton ha⁻¹. La subpoblación enana del tipo I, las líneas 1, 2 y 6 con aportaciones promedio por cruza de 2.40, 1.39 y 1.87 ton ha⁻¹ respectivamente. En la subpoblación enana del tipo II son las líneas 5 y 7 con aportaciones en promedio por cruza de 0.70 ton ha⁻¹.

Los mayores rendimientos se obtienen en las cruza dentro de las subpoblaciones reconstituidas por familias con altos en efectos de aptitud combinatoria general. En las subpoblaciones reconstituidas con las líneas progenitoras de los híbridos interpoblacionales superiores, los rendimientos fueron menores al generarse poblaciones con una base genética más reducida donde la probabilidad de cruzarse individuos emparentados es mayor, por tanto el rendimiento decrece.

VII. BIBLIOGRAFÍA

- Alezones, G. J.** 2001. Evaluación de la heterosis en un cruzamiento dialélico entre siete poblaciones de maíz. Fundación para la Investigación agrícola DANAC 7:1 Disponible en <http://www.redpav-fpolar.info.ve/danac/viewarticle.php?id=30&layout=html> (11 de septiembre de 2002).
- Allard, R. W.** 1980. Principio de la Mejora Genética de las Plantas; 4ª edición. Editorial Omega. S. A. Barcelona. 498 p.
- Contreras, A. M. y Molina, G. J.,** 2002. Respuesta a la selección en variedades tropicales de maíz. Revista Fitotecnia Mexicana. Vol. 25 Num. (3). pp. 305 - 310
- Barrientos V., M. Segovia, E. Salazar D., Chirino G., A Chassaigne y A. Hernández.** 2000. Cinco ciclos de selección recurrente fenotípica para prolificidad en la población “FPX-02B” de maíz (*Zea mays* L.). Investigación Agrícola 5: 1. (En línea). Disponible en <http://www.ceniap.gov.ve/bdigital/congresos/vjornada/presentaciones/poblacion.htm> (17 de noviembre del 2000)
- Beltrán, E. J., and M. Menz.** 2004. Corn Breeding *In: inorganic, History, Technology, and Production*; edited by C. Wayne smith. pp. 315 – 317.
- Chassaigne, R., Alberto A., Borges F. y Orangel L.** 1998. Efecto de la selección recurrente en dos poblaciones de maíz (*Zea mays* L.). Investigación Agrícola 3:1. Disponible en Internet. URL: <http://www.redpav-fpolar.info.ve/danac/vol3/art1> (noviembre del 2000).
- Crossa, J.** 1990. Statistical análisis of multilocation trials. Adv. Agron 44-55-85.
- De León C. H., E. Ramírez R., G. Martínez Z., and A. Oyervides G.** 1997 Evaluation of heterotic patterns to develop maize hybrids for midaltitude regions of Mexico. In: Book of Abstracts. The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops; An international symposium. CYMMYT-ASA. Mexico, D. F., Mexico. Pp 92 – 93.
- Elizondo, B. J.** 2000. Aptitud combinatoria de 13 genotipos de soya en siembra de invernadero en el sur de Tamaulipas. *In: Memoria de XVIII Congreso Nacional de Fitogenética*. Zavala, g. F., Ortega, P. R., Contreras. J. A., Benítez, R. I. y Guillén, A. (eds). Irapuato, Guanajuato. p. 84.

- Falconer, D. S. 1980.** Introducción a la Genética Cuantitativa. 2ª Ed. Editorial Continental S. A. México D. F. 430 p.
- Félix, S. V. 2000.** Selección recurrente para mejoramiento de poblaciones de maíz en Venezuela. FONAIAP-CENIAP-IIA. Maracay 2101. Disponible en <http://www.ceniap.gov.ve/bdigital/congresos/vjornada/presentaciones/9.htm> (noviembre del 2000)
- Gallegos A. M., D. Escobedo, D Quevedo J. y A. Gallegos 1998.** Aptitud combinatoria en líneas de maíz adaptadas a la comarca lagunera. *In:* Memoria del XVIII. Congreso de Fitogenética. Ramírez, P. V., Rincón, S. F. y Contreras, M. A. (eds).Acapulco, Guerrero. pp 219.
- García, P., San Vicente. F., P. Quijada, A. Bejarano. 1998.** Respuesta a la selección recurrente de familias de hermanos completos en Poblaciones Tropicales de Maíz. Centro Nacional de Investigaciones Agropecuarias. Maracay 2101. (en línea). Disponible en Internet <http://www.ceniap.gov.ve/bdigital/congresos/vjornadatablaciontenido.htm> (noviembre del 2000).
- Gómez, M. N., C. J. Cañedo, F. Marques S. 1992.** Identificación de progenitores de un programa de selección recíproca recurrente de maíz en el trópico de Guerrero. *In:* Memoria XIV Congreso Nacional de Fitomejoramiento. Castillo G. F. y Livera M. Manuel. (eds.) Tuxtla Gutiérrez Chiapas. p. 297.
- Griffing, B. 1956.** Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust. J. Biol. Sci.* 9:463–493.
- Gutiérrez, D. R. E., Espinoza B. A., Palomo G. A., Lozano G. y Antuna G. O. 2004.** Aptitud combinatoria de híbridos de maíz para la comarca lagunera. *Revista Fitotecnia Mexicana.* Pp. 7-10.
- Hallauer, A. R. 1992.** Recurrent selection in maize. *Plant Breeding Reviews.* 9: 115-179.
- Hallauer A. R. y Miranda J. B. 1981.** Quantitative Genetics In Maíz Breeding. The Iowa State University Press. Traslated by Dr. Cortez, M H.
- Hartl D. and Jones E. 2001** Genética Cuantitativa. Disponible en <http://uvigen.fcien.edu.u.y/utem/gencuan/Gen%E9tica%20cuantitativa.pdf> (enero del 2005)
- Hernández, S. S. 2003.** selección recíproca recurrente modificada, implicando una población de maíz enano y otra precoz. Tesis de Maestría. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista Saltillo Coahuila. 74 p
- Márquez, S. F. (1988)** Genotecnia Vegetal. Tomo II. AGTESA. México. 563 p.

- Mendoza, M., A. Oyervides G., H. De León y G. Cortez.** 1998. Aptitud combinatoria y heterosis en maíz para el trópico húmedo. *In: Memoria del XVIII. Congreso de Fitogenética.* Ramírez, P. V., Rincón, S. F. y Contreras, M. A. (eds). Acapulco, Guerrero. 547 p.
- Molina, G. J. D.** 1992. Introducción a la Genética de Poblaciones y Cuantitativa. Editorial. A.G.T. S.A. México. 349 p.
- Molina, G. J. y García Z. J. J.** 1996. Uso de líneas de alto y bajo aptitud combinatoria general (ACG) como probadores de la ACG de líneas autofecundadas de maíz. *In: Memoria del XVI Congreso de Fitogenética.* Sahún, C. J., Ramírez, V. P. y Castillo, G. F. (eds). Texcoco, México. P. 230.
- Paliwal R. L.** 2001. El maíz en los trópicos., Mejoramiento y producción. Departamento de agricultura organización de las naciones unidas para la agricultura y la alimentación (FAO). Disponible en. http://www.faoorg/documents/show_cdrasp?url_file=/DOCREP/003/X7650S/x7650s15.htm (Julio de 2005).
- Peña, O. M. G. y Kanenberg, L. W.** 2000. Respuesta a la selección en tres métodos de selección recurrente aplicada en dos sintéticos precoces de maíz. *In: memoria XVIII Congreso Nacional de fitogenética.* (eds). Zavala, G. F., Ortega, P. R., Contreras. J. A., Benítez, R. I. y Guillén, A., Irapuato, Guanajuato. p. 12.
- Ramírez, L. y Egaña B.** 2003. Guía de conceptos de genética cuantitativa Departamento de Producción Agraria, Universidad Pública de Navarra. Disponible en. <http://www.unavarra.es/genmic/genetica%20y%20mejora/genetica%20cuantitativa/GENETICA-CUANTITATIVA.htm> (marzo del 2005)
- Reyes, L. D, Molina G. J. D., Oropesa R. M. A. y Moreno P. E. del C.** 2004. Cruzas dialélicas entre líneas autofecundadas de maíz derivada de la raza tuxpeño. *Revista Fitotecnia Mexicana.* Vol.27 enero marzo. p. 49 – 55.
- Rodriguez, O. A. and A. R. Halluer.** 1988. Effects of recurrent selection in corn populations. *Crop. Sci.* 28:796-800.
- Santos, G. J. y D. L. Beck.** 1992. Evaluación de un dialélico entre materiales tropicales precoces de maíz (*zea mays*) en Poza Rica y Cotaxtla, Veracruz. *In: Memoria del XIV Congreso Nacional de Fitogenética.* Castillo González, Fernando y Livera Muñoz, Manuel. (eds). Tuxtla Gutiérrez Chiapas. pp. 694.
- Silva, R. J. P. y E. Monteverde.** (1998). Estimación de componentes de varianza genética de una población indehiscente de ajonjolí tipo chino utilizando dos diseños de apareamiento. *Revista de la Facultad de Agronomía Maracay* 22:1. (en línea). Disponible en <http://www.ceniap.gov.ve/bdigital/congresos/vjornada/Presentaones/51.htm> (noviembre del 200).

Sprague, G. G. y L. A. Tatum. 1942. General vs. specific combining ability in single cross of corn. *Journal Am. Soc. Agron.* 34: 923 - 932.

Valdivia, B. R., G. N. M. y Hugo M. A. 1988. Dialélico integrado con líneas de diferentes programas de maíz para le región calida. *Revista Fitotecnia Mexicana* 11:103-120.

Vallejo, D. H. 1992. Selección recíproca recurrente de hermanos completos para porte bajo de la variedad de maíz V-385 E. *In: Memoria XIV congreso nacional de fitomejoramiento.* Castillo G. F. y Livera M. Manuel. (eds). Tuxtla Gutiérrez (eds). Chiapas. 694 p.

Vallejo, D. H. L., Ramírez D. J. L., Ron P. J., Sánchez J., Chuela B. N., Venegas S. H., Delgado M. H., Aguilar S. M. y García, A. 2000. Aptitud combinatoria de dos poblaciones subtropicales adaptadas *In: Memoria de XVIII Congreso Nacional de Fitogenética.* Zavala, G. F., Ortega, P. R., Contreras. J. A., Benítez, R. I. y Guillén, A. (eds). Irapuato, Guanajuato. Pp. 393

Yánes, C. F. 2003. Generación y evaluación de poblaciones mejoradas de maíz para sierra y litoral de Ecuador. Disponible en <http://www.mag.govec/promsa/Resumen%20IQ-CV-012.htm> (Diciembre del 2003)

VIII. APÉNDICE

Cuadro A 1 Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialéctico realizado para la variable días a flor femenina por subpoblaciones a través de ambiente¹

SUBPOBLACION DE MAÍZ	PRECOZ		PRECOZ		ENANO		ENANO	
	TIPO I		TIPO II		TIPO I		TIPO II	
	gl		gl		gl		gl	
Localidades	1	11965.340**	1	14621.19**	1	1856.02**	1	16014.54**
Rep(loc)	2	4.08	2	17.60	2	34.20*	2	1.86
Cruzas	35	11.61**	44	10.89*	44	27.04**	35	11.03**
ACG	8	20.29**	9	9.11	9	90.18**	8	28.57**
ACE	27	4.67	35	8.47	35	10.42	27	5.81
Cruzasxloc	35	5.95	44	5.29	44	8.16	35	4.90
ACGxLoc	8	7.71	9	3.37	9	17.0*	8	6.49
ACExLoc	27	4.95	35	5.46	35	4.81	27	4.32
Error	64	4.32	76	6.27	82	7.92	68	3.69
Media		82.12		81.17		90.46		89.58
EE media		1.08		1.32		1.45		1.1
Σ^2_A		0.92		0.17		4.21		1.47
$EE\sigma^2_A$		0.71		0.30		2.45		0.95
Σ^2_D		-0.07		0.75		1.40		0.37
$EE\sigma^2_D$		0.45		0.59		0.67		0.48
H^2		0.45		0.08		0.58		0.53
EEh^2		0.34		0.13		0.34		0.34

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ Juventino Rosas, Gto. Y El Prado, N. L. 2003; EE = error estándar; σ^2_A = varianza aditiva; σ^2_D = varianza de dominancia h^2 = heredabilidad; TIPO I = selección de progenitores con base a su efecto de ACG; TIPO II = selección de progenitores en base a los híbridos de desempeño superior.

Cuadro A 2. Valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable días a flor femenina de las líneas representativas de cada subpoblaciones a través de ambientes.

Líneas	PRECOZ	PRECOZ	ENANO	ENANO
	TIPO I	TIPO II	TIPO I	TIPO II
1	-0.94 *	0.06	-3.69 **	1.66 **
2	1.66 **	-1.37 *	-1.33 **	-0.37
3	-0.05	0.10	-0.21	-0.66
4	0.95 *	-0.12	1.69 **	1.31 **
5	-1.12 **	-0.46	-0.05	0.52
6	-0.48	1.21	-0.12	-0.62
7	-0.41	-0.79	1.35 *	-0.66
8	0.84	1.21	2.49 **	-1.42 **
9	-0.44	0.96	0.31	0.24
10		-1.79	-0.44	

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; datos combinados de los ambientes: Juventino Rosas, Gto. y El Padro N. L. 2003; TIPO I = selección de progenitores con base a su efecto de ACG; TIPO II = selección de progenitores en base a los híbridos de desempeño superior.

Cuadro A 3. Cuadrados medios y parámetros genéticos del análisis dialéctico realizado para la variable altura de mazorca en cuatro subpoblaciones¹

SUBPOBLACION DE MAIZ	PRECOZ		PRECOZ		ENANO		ENANO	
	TIPO I		TIPO II		TIPO I		TIPO II	
	gl		gl		gl		gl	
Localidades	2	5585.99**	2	17430.00**	1	13722.24**	1	31980.01 **
Rep(loc)	3	1136.29**	3	1669.31**	2	238.10	2	98.04
Cruzas	35	236.28	44	460.33	44	739.10**	35	298.92 **
ACG	8	234.51	9	460.59	9	2896.51**	8	685.11 **
ACE	27	236.61	35	327.50	35	159.33	27	195.54
Cruzasxloc	70	225.28	88	245.50	44	184.98	35	135.29
ACGxLoc	16	165.02	17	167.42	9	250.89	8	144.02
ACExLoc	54	250.75	63	241.48	35	159.083	27	126.47
Error	95	270.84	110	322.63	82	184.052	68	130.81
Media		114.45		108.92		70.74		76.06
EE media		6.99		7.85		6.974		5.80
Σ^2_A		2.39		12.95		165.33		33.72
EE σ^2_A		4.05		13.85		77.55		22.79
Σ^2_D		-1.41		21.51		0.06		17.27
EE σ^2_D		7.81		21.78		13.08		15.29
H ²		0.10		0.14		0.79		0.44
EEh ²		0.16		0.15		0.37		0.30

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹Juventino Rosas, Gto. y El Prado, N. L. 2003; EE = error estándar; σ^2_A = varianza aditiva; σ^2_D = varianza de dominancia h² = heredabilidad; TIPO I = selección de progenitores con base a su efecto de ACG; TIPO II = selección de progenitores en base a los híbridos de desempeño superior.

Cuadro A 4. Valores estimados de aptitud combinatoria general para la variable altura de mazorca de las líneas representativas de cada subpoblaciones a través de ambientes.

Líneas	PRECOZ		ENANO	
	TIPO I	TIPO II	TIPO I	TIPO II
1	-3.32	-2.18	24.02 **	-3.41
2	1.57	-10.64 **	-1.89	-0.38
3	-1.81	-1.90	-5.77 **	1.80
4	-0.18	-0.58	-3.08	8.02 **
5	-3.96	-3.56	1.41	3.91 *
6	2.36	14.07	3.13	-7.13 **
7	7.77	4.07	-13.38 **	4.88 *
8	-3.56	4.07	-5.76 *	-2.88
9	1.14	3.74	-0.14	-4.81 *
10		-7.09	1.48	

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y ≤ 0.01 respectivamente; ¹ datos combinados de los ambientes: Juventino Rosas, Gto. y El Prado, N. L. 2003; TIPO I = selección de progenitores con base a su efecto de ACG; TIPO II = selección de progenitores en base a los híbridos de desempeño superior.