

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISION DE AGRONOMÍA

DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO



Estimación de Componentes de Varianza Genética y Heredabilidad en la Raza
de Maíz Harinoso de Ocho

Por:

JOSÉ LUIS BARRIENTOS ÁLVAREZ

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Saltillo, Coahuila, México.

Enero del 2018

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISION DE AGRONOMÍA

DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO

Estimación de Componentes de Varianza Genética y Heredabilidad en la Raza
de Maíz Harinoso de Ocho

Por:


JOSÉ LUIS BARRIENTOS ÁLVAREZ

TESIS

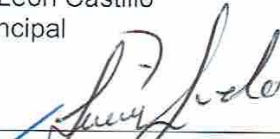
Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Aprobada por el Comité de Asesoría


Dr. Humberto De León Castillo
Asesor Principal


Ing. Raúl Gándara Huitrón
Coasesor


Ing. Antonio de Jesús Vela Colorado
Coasesor


Dr. Gabriel Morales Gallegos
Coordinador de la División de Agronomía

Saltillo, Coahuila, México.


Coordinación
División de Agronomía

Enero del 2018

“La agricultura fue antaño un trabajo sagrado. Cuando la humanidad se apartó de su ideal, apareció la moderna agricultura comercial. Cuando el agricultor comenzó a hacer cultivos para ganar dinero, entonces olvidó los verdaderos principios de la agricultura.”

Masanobu Fukuoka

AGRADECIMIENTOS

A DIOS Por guiarme por el buen camino, por acompañarme siempre y permitirme culminar una de las etapas más importantes en mi vida como lo es mi carrera profesional, por brindarme la inteligencia, la paciencia, fortaleza y perseverancia para lograrlo. Por cuidar a mi familia y por todas las bendiciones recibidas muchas gracias señor.

A MI ALMA MATER Por abrirme las puertas y ser me segundo hogar, darme la oportunidad de realizarme como profesional, por acogerme como un hijo más y brindarme los conocimientos necesarios para mi desarrollo profesional.

AL DR. HUMBERTO DE LEON CASTILLO: Por la amistad brindada a lo largo de mi estancia en la universidad, la confianza brindada para la realización de este trabajo de tesis, por los consejos, paciencia y conocimientos que adquirí a través de usted muchas gracias Doctor.

AL ING. RAÚL GÁNDARA HUITRÓN: Por la amistad y apoyo brindado desde mi ingreso a la universidad, por la colaboración en este trabajo de investigación durante la toma de datos y así como los consejos brindados, muchas gracias Ingeniero.

AL ING. ANTONIO DE JESÚS VELA COLORADO: Por la colaboración en la revisión de este trabajo de investigación, la amistad brindada y por todos los conocimientos y consejos aportados muchas gracias Ingeniero.

AL ING. GUSTAVO ALFONSO BURCIAGA VERA: por la amistad y apoyo brindado durante mi carrera profesional.

A cada uno de los maestros que estuvieron a lo largo de mi formación académica, gracias por su tiempo, dedicación, consejos, experiencias y sus conocimientos brindados que nos ayudan a estar preparados para nuestra vida profesional.

AL ING MOISÉS CORTES CHÁVEZ: Y todo el equipo de Global Seed Genetics, por el tiempo que me permitieron colaborar con ustedes durante mis prácticas profesionales, aprendí demasiado gracias por todo el apoyo, paciencia pero sobre todo por toda la amistad brindada muchas gracias.

A MIS AMIGOS Y COMPAÑEROS DE LA GENERACIÓN "CXXIV": Grimaldo, Edwin, Doriang, Peña, Zunun, Abuelo, Manzano, Mario, Eduardo (+), Yegua, Chiva, Cataras, Isaías, María, Rosa, Ogler, Chely, Magaly, Elvis, Carmen, Diego, Magaly, Luismi, Luis Donald, Beto, Bravo sol, Charly, Huevo, Chaparro, Luis Hernández, Roberto, Jesús Roberto, Durango, Alondra, Luz, Matus, Arias, Carpa. ¡ÉXITO COLEGAS, RECUERDEN BUITRES POR SIEMPRE!

A mis compañeros y amigos de dormitorio paraíso 22: Jesús Roberto (Palomo), Miguel madrigal (Orejas), Miguel Flores (Tocayo), Ing. Jose (Pepe) Ing. Guadalupe (Pillo), Ing. Víctor (Jalisco) y al MC. Martin. De igual Manera al Ing. Rubén, Ing. Joaquín, Ing. Luis, Ing. Moisés, Vicente, Humberto, Chepe, Javi, Zorro, Jera, Pepechuy, pena, Charly Y Chalino. Por todos esos momentos y experiencias en ese lugar que fue nuestro hogar por mucho tiempo, mucho éxito es sus vidas.

A mis amigos y trabajadores de La Universidad, que durante mi estancia siempre me brindaron su amistad y su apoyo: Emanuel Vargas (La Rana) y Beto Limón (Limonas).

DEDICATORIA

A MIS PADRES

JOSÉ LUIS BARRIENTOS CIERRA

TERESA DE JESÚS ÁLVAREZ REZENDIZ

Con todo mi cariño, admiración y respeto a quienes siempre estuvieron apoyándome en todo momento, que gracias a sus sabios consejos y su incondicional amor de padres, se culmina una meta más en nuestras vidas: Mi carrera profesional, siempre recuerden que ustedes son mi inspiración, mi fuerza, y mi mayor motivación para salir adelante los amo.

A MI PADRE: Siempre estaré agradecido contigo, por todo el apoyo incondicional que me has brindado, por creer en mí, darme la confianza, la sabiduría y la fuerza necesaria para lograr mis metas, por esas palabras y regaños que me guiaron por el buen camino, por los sabios consejos y por ser mi ejemplo a seguir, por siempre ser un buen padre y sacar tu familia adelante con tu trabajo y mucho esfuerzo, por enseñarme a trabajar la tierra y así descubrir que mejor carrera no pude elegir, pero sobre todo por todo el amor y cariño que siempre me has brindado gracias papá.

A MI MADRE: Siempre estaré agradecido contigo, por todo ese amor y cariño de madre que nunca me ha faltado, por toda esa paciencia y por todos esos buenos consejos. Por siempre procurar la felicidad tu familia, que siempre este unida y mantenerla en armonía, por siempre buscar el mejor camino y bienestar para mí, por todos esos esfuerzos invaluable que has hecho para superar todas las adversidades que siempre han estado presentes en nuestra vida, te amo mucho mamá, muchas gracias por todo.

A MIS HERMANOS: JANETH, JUAN MANUEL Y MAXIMILIANO: Gracias por estar siempre con migo, por creer en mí, por compartir tantos momentos en familia, alegrías, tristezas, siempre buscamos la manera de salir adelante como la familia que somos a pesar de nuestros malos ratos, es muy bueno saber que siempre contare con ustedes y siempre estarán para mí, a ti Janeth por siempre apoyarme y ser la que más me comprende mucho éxito hermana, a ti Juan Manuel por compartir el gusto y pasión por la agronomía échale ganas confié en ti, a ti Max por ser el que siempre alegras mis días, por ser la felicidad en el hogar y por ser parte de mi motivación para salir adelante, este logro también es para ustedes, los amo.

A MIS ABUELOS

DOMINGO BARRIENTOS CERVANTES

JUANA SIERRA AYALA (†)

MANUEL ÁLVAREZ ESCAMILLA

SUSANA REZENDIZ GALINDO

A mi abuelita juanita que ya no está con nosotros pero que siempre vivirá en nuestro corazón por siempre, tengo presente que desde donde esta cuida mis pasos. A los que dios me concede la dicha de tenerlos con migo gracias por todo ese apoyo y cariño incondicional siempre estaré eternamente agradecido.

ÍNDICE DE CONTENIDO

	Pagina
AGRADECIMIENTOS	i
DEDICATORIA	iii
ÍNDICE DE CONTENIDO	v
INDICE DE CUADROS	vii
INDICE DE FIGURAS	viii
I. INTRODUCCION	11
Objetivo General:	13
Hipótesis:	13
II. REVISIÓN DE LITERATURA	14
Grupos De Maíces De Ocho Hileras O Razas Del Occidente De México.	14
Características Del Maíz Harinoso De Ocho.	15
Selección Recurrente De Familias De Hermanos Completos.	16
Diseños Genéticos.....	18
Diseño I De Carolina Del Norte	19
Componentes De Varianza Genética	20
Heredabilidad	21
Modelo AMMI y Su Gráfico Biplot.....	22
Índice De Selección.....	23
III. MATERIALES Y METODOS	26
Material Genético	26
Evaluación	26
Labores Culturales.....	27
Siembra	27
Fertilización	27
Control de Malezas.....	27
Control de Plagas	27
Riegos	27
Variables Evaluadas	28
Diseño Experimental.....	31

Análisis Estadístico del Diseño I Carolina del Norte	32
Estimación de Parámetros Genéticos.....	33
Estimación de la Heredabilidad	34
Gráfico Biplot del modelo AMMI	35
Índice de Selección (IS).....	36
La intensidad de selección	37
Criterio de selección	38
IV. RESULTADOS Y DISCUSION	39
Cuadrados Medios de Los Análisis Estadísticos	39
Estimación De Componentes Genéticos	41
Selección De Familias Con Los Mejores Atributos Agronómicos	45
V. CONCLUSIONES	50
VI. RESUMEN	51
VII. BIBLIOGRAFIA	52

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadros:

3.1	Estructura del análisis de varianza para el Diseño I Carolina del Norte..	33
4.1	Cuadros medios del análisis de varianza de la raza de maíz harinoso de ocho.....	40
4.2	Componentes genéticos de la raza harinoso de ocho	42
4.3	Análisis de varianza de 126 familias. Utilizando como variable de respuesta Índice de Selección.....	48
4.4	Selección del 19 % de las familias de la raza de maíz harinoso de ocho.	49

ÍNDICE DE FIGURAS

Figuras:

4.1	Grafico Biplot Generado por el modelo AMMI de la raza harinoso de ocho	
	46

I. INTRODUCCION

El maíz es el principal cultivo de México debido a su importancia económica, social, cultural y alimenticia que ha mantenido desde tiempos ancestrales.

Es la principal especie cultivada en México, al ocupar anualmente alrededor de 8 millones de hectáreas. En más del 75 % de esta superficie se utiliza semilla de variedades criollas, las cuales además de estar adaptadas a las condiciones climáticas y tecnológicas de los productores, poseen características que les permiten responder a sus gustos alimenticios y preferencias (Carballo y Hernandez., 2013).

Se produce actualmente en un amplio rango de altitud y variación climática, desde el nivel del mar hasta los 3,400 msnm. Se siembra en zonas con escasa precipitación, en regiones templadas, en ambientes muy calidos y húmedos, en escasos suelo, en pronunciadas laderas o en amplios valles fértiles, en diferentes épocas del año y bajo múltiples sistemas de manejo y desarrollo tecnológico. A esta gran diversidad de ambientes los agricultores, mediante su conocimiento y habilidad, han logrado adaptar y mantener una extensa diversidad de maíces nativos (CONABIO., 2011).

El término raza se ha utilizado en el maíz y en las plantas cultivadas para agrupar individuos o poblaciones que comparten características en común, de orden morfológico, ecológico, genético, y de la historia del cultivo que permiten diferenciarlas como grupo. Las razas se agrupan a su vez en grupos o complejos raciales, los cuales asocian una distribución geográfica y climática definida y a una historia evolutiva común (Sánchez *et tal.*, 2000).

El éxito de un programa de mejoramiento genético es una consecuencia de la acción génica existente en la población de estudio. En cualquiera de sus modalidades, se basa en seleccionar a los individuos que muestren mejores expresiones fenotípicas de interés, para esto es necesario que exista la variabilidad genotípica en los individuos y así trasmitan a sus progenies buenas características (Márquez., 1992).

La Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, actualmente trabaja en un programa de mejoramiento genético de poblaciones de maíces criollos de la región de temporal que rodea a la institución, con el interés incrementar su productividad y sus características agronómicas de estas poblaciones para que a su vez estas se vean reflejadas tanto en calidad como en rendimiento.

En el presente trabajo de investigación se basa en caracterización la Raza de Maíz Harinoso, utilizando el diseño de apareamiento de Carolina de Norte I, para estimar varianzas genéticas y heredabilidades para los caracteres de la población y poder así determinar, con cual esquema de mejoramiento poblacional implementar para obtener mejores ganancias en la población.

Objetivo General

Caracterizar la raza de maíz harinoso de ocho, midiendo sus niveles de varianzas genéticas (aditivas y de dominancia) en 11 variables agronómicas, para poder determinar en base a los estimados que estrategia de mejoramiento poblacional brindara mayor respuesta a selección para explotar su máximo potencial.

Identificación y selección de las familias estadísticamente superiores en base a sus atributos agronómicos apoyándose en el Índice de Selección (IS).

Hipótesis

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

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

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Grupos De Maíces De Ocho Hileras O Razas Del Occidente De México

Las razas que forman parte de este grupo son Blando de sonora y Onaveño que tienen mayor presencia en el noreste del país. Harinoso de Ocho, Tabloncillo, Tabloncillo Perla, Bofo, Elotes Occidentales, Tablilla de Ocho, Jala y Zamorano Amarillo que tienen mayor concentración principalmente en el occidente del país. Las razas Bolita y Ancho que se distribuyen en el centro y sur del país respectivamente (CONABIO., 2011).

En este grupo el tamaño de la mazorca varía dependiendo de la raza como Bolita y Jala con tamaño pequeño y gigante respectivamente. Harinoso de Ocho, Jala, Elotes Occidentales y Blando de sonora son cultivados para consumirlos en elote, además que tiene otros usos para preparar alimentos como (tlayulas, pozole, tejuino, etc.) por otra parte Jala, Onaveño, Tabloncillo y Zamorano Amarillo son destinadas principalmente para la alimentación de ganado como forraje (Hernández 1985, CONABIO., 2010).

Este grupo se incluyen razas cultivadas que van desde elevaciones bajas a intermedias, desde los valles centrales de Oaxaca, además de que se concentran en el occidente y se extienden hacia las planicies y cañadas del noreste de México (Perales y Golicher., 2011).

Muy similar en los usos (elotes, atole y pozole) el precio ronda de los 12 a 16 pesos por kilogramo, 3 a 4 veces más de lo normal, la mayor parte de las razas son de ciclo corto, usado tanto en verano e invierno para surtir a las ciudades donde se consume como grano para pozole y elote (CONABIO., 2010)

Harinoso de Ocho es considerada una de las razas más antiguas de México que junto con Chapalote influyó en la formación y diferenciación de razas de maíz del occidente y noroeste de México (Hernández., 1985).

Características Del Maíz Harinoso De Ocho

El Maíz Harinoso de Ocho se caracteriza principalmente por sus mazorcas alargadas, cilíndricas de ocho hileras con un diámetro mediano, con un ligero adelgazamiento en ambos extremos de la mazorca, los granos son grandes planos, anchos, redondeados, lisos y harinosos, en la década de 1940 se colectó en el Valle del Yaqui, Ures Sonora, también en el norte de Nayarit y la mejor adaptación es reportada en el trópico seco (Wellhausen *et al.*, 1957, Hernández., 2010).

Tiene varios usos dentro de los cuales se destacan los principales (tortilla, atole, pozole y en algunas de sus formas derivadas, por su calidad de harina, para la elaboración de coricos (galletas) las cuales tienen una textura y sabor especial debido a la calidad de harina que se obtiene de esta raza, estos son los principales usos que contribuyen a que se mantenga su cultivo, (CONABIO., 2010).

El almidón es el principal componente del grano de maíz cuyo tamaño varía entre razas y por lo tanto influye mucho en la funcionalidad como ingrediente en los diferentes usos de la industria agroalimentaria y existe como gránulos discretos con diferentes formas, tamaños, y composición en función al genotipo de maíz (Gonzales *et al.*, 2007).

El endospermo de los maíces harinosos está compuesto casi exclusivamente de un almidón muy blando que se puede rayar con la uña fácilmente aun cuando el grano no está maduro y listo para cosechar, es un maíz típico de México y de las regiones andinas, estos tipos de maíces muestran una gran variabilidad de color de grano y textura (Paliwa *et tal.*, 2001)

El Harinoso de Ocho es utilizado única y exclusivamente como alimento humano, aunque algunas otras razas por su variedad de colores se extraen colorantes. A causas de la naturaleza blanda del almidón son altamente susceptibles a la pudrición de la mazorca y a la presencia de insectos como los gusanos, y el potencial de rendimiento es menor que el de otros tipos de maíces (Paliwal *et tal.*, 2001)

Selección Recurrente De Familias De Hermanos Completos

El mejoramiento de poblaciones mediante selección recurrente puede ser inter o intrapoblacional. La selección intrapoblacional involucra el mejoramiento de una población y algunos de los métodos para hacerlos más comunes son la selección masal y familiar en cualquiera de sus variantes; medios hermanos paternos o maternos, hermanos completos y de autohermanos (líneas S₁ o S₂) (Chávez., 1995).

Chávez *et tal.* (1987) Mencionan que, en el mejoramiento de una población, la selección recurrente entre familias de hermanos completos (FHC) es uno de los métodos de mayor eficiencia, fue descrito por Mather (1949) como cruza biparentales, el objeto de este método de selección es reducir la endogamia y

favorecer la recombinación de genes para formar genotipos superiores, sin embargo no ha sido usado ampliamente como otros sistemas de selección recurrente intrapoblacional.

Por su parte Hallauer (1992) menciona que la selección de hermanos completos, (FHC) es uno de los métodos de mejoramiento intrapoblacional de mayor eficiencia y efectividad, más sin embargo se requiere un gran número de polinizaciones manuales lo que implica una gran cantidad de trabajo y materiales de polinización. Tal vez por esta la razón por la que este método no ha sido tan requerido o usado como los otros métodos, tales como la selección masal (SM), familias de medios hermanos (FMH) y progenies endocriadas.

Eliert (1985) menciona que el éxito en la selección depende en gran medida de la estructura de la población base que se somete a la selección. Aunque con varios métodos es posible obtener una población con variabilidad genética, no se sabe mucho acerca de los genes individuales en tal población por lo que se supone que en la mayoría de los casos, segregan algunos genes mayores, en un número de genes de efecto intermedio o pequeño y muchos de efecto pequeño.

Hallauer y Miranda (1981) mencionan que para cubrir un ciclo de selección recurrente de hermanos completos (SRHC), al menos se requiere de 3 generaciones. Posteriormente Compton y Lonquist (1982) realizaron una modificación en la cual por ciclo de selección se requieren dos generaciones. Años después, Gómez *et al.* (1986) desarrollaron el método de selección recurrente de hermanos completos con pedigrí, que permite evaluar los genotipos con base a su aptitud combinatoria general (ACG).

De León (1987) al efectuar selección recurrente en familias de hermanos completos con pedigrí en maíz, concluye que al derivar líneas directamente de familias de hermanos completos, resulta ser más eficiente que al derivarlas de una población donde se encuentran ya recombinadas. También menciona que al utilizar selección recurrente de familias de hermanos completos con pedigrí se evita la endogamia en cada ciclo de selección.

Diseños Genéticos

Dentro de los esquemas de mejoramiento de plantas, los diseños genéticos se han utilizado para determinar efectos y/o variaciones genéticas en una población. El objetivo de los diseños genéticos, además de caracterizar genéticamente una determinada población de plantas, es poder estimar para una característica dada, qué proporcione la variabilidad fenotípica observada se debe a causas genéticas. Existen varios tipos de diseños genéticos que varían en cuanto a complejidad y la información que proveen. Entre estos casos se destacan los cruzamientos dialélicos como los métodos de Griffing, y los diseños I, II y III de Carolina del Norte de Comstock y Robinson entre otros (Burbano y *et al.*, 1997).

Por su parte Márquez (1992) menciona que los diseños genéticos o diseños de apareamiento son planes de cruzamiento entre individuos de una población, con el objetivo de estudiar teóricamente los efectos y las varianzas genéticas que se presentan en las progenies, para enseguida relacionar aquellos con los datos empíricos de tales progenies y poder estimar los parámetros genéticos que interesen. Generalmente estas son las varianzas genéticas, ambientales y fenotípicas, a fin de obtener estimas de heredabilidad en un sentido estricto, así como hacer predicciones de la respuesta a la selección.

Ceballos (1995) cita que los diseños genéticos permiten también determinar las magnitudes de efectos y/o variaciones genéticas en una población ya sea en modelos fijos como en modelos aleatorios; muchos de estos diseños están destinados a disminuir el efecto del ambiente.

Diseño I De Carolina Del Norte

En maíz se han usado los diseños genéticos de la Universidad Estatal de Carolina Del Norte para estimar las varianzas genéticas aditiva (σ^2_A) y dominante (σ^2_D) en el supuesto de que no hay epistasia (Comstock y Robinson, 1948, 1952)

El diseño I Carolina Del Norte se aplica para cualquier planta alógama que permita en una población usar plantas como diferentes machos (M) para que se crucen cada uno con una serie de hembras (H), para obtener de cada apareamiento progenies de plantas, en donde las progenies de cada macho con sus hembras son familias de medios hermanos, en tanto que con cada hembra dan lugar a una familia de hermanos completos (Comstock y Robinson., 1948)

Hallauer y Miranda (1981) mencionan que, para obtener estimaciones validas de los componentes genéticos de varianza en una población, es necesario incluir una muestra adecuada de genotipos de esa población, si un gran número de machos son apareados con hembras, el tamaño de las repeticiones requerido puede ser muy grande, si el tamaño se reduce, incrementa la precisión del experimento. Si 100 plantas machos son apareadas con cuatro hembras, se tiene 400 progenies de hermanos completos para la evaluación, o bien cinco grupos de 20 machos cada uno para obtener 80 progenies de hermanos completos.

En el caso específico del diseño I de Carolina del Norte se ha hecho referencias a insuficiencias en el tamaño de muestra de hembras; Márquez y Hallauer (1970) encontraron que era más adecuado el uso de ocho hembras por macho, que las cuatro que originalmente fueron sugeridas por (Comstock y Robinson, 1948, 1952).

Componentes De Varianza Genética

La estimación de componentes de varianza genética es importante en genética cuantitativa, donde siempre se requiere de un diseño genético, para la estimación de varianzas aditivas y de dominancias donde se incluye a los diseños de apareamiento como; los diseños I, II y III de Carolina del Norte y los diseños dialéctico propuestos por Griffing lo que posibilita el cálculo de la heredabilidad y respuesta a la selección (Wu y *et al.*, 2006 y Fehr, 1991).

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 efectos génicos y sus respectivas varianzas, mayor será la precisión de selección en la selección de los mejores genotipos de la población, basado en los valores fenotípicos.

Searle (1971) menciona que los componentes de varianza por definición son valores positivos, a pesar de esto las estimaciones de varianza pueden ser negativas, esto puede deberse a un inadecuado modelo genético, por no considerar la varianza epistática, muestra inadecuada e inadecuada técnica experimental.

Heredabilidad

La heredabilidad h^2 de un carácter métrico es una de las propiedades más importantes, pues expresa la proporción de la varianza total que es atribuible a los efectos medio de los genes y esto es lo que determina el grado de parecido entre los parientes (Falconer., 1984)

El cociente σ^2_A / σ^2_F expresa el grado en que los fenotipos de los individuos están determinados por los efectos de los genes transmitidos por los progenitores a sus descendientes o bien la regresión de los valores fenotípicos de los descendientes sobre los valores reproductivos de sus progenitores. En sentido amplio, la heredabilidad (H^2) es el cociente de la varianza genotípica y la fenotípica; en sentido estricto (h^2) es el cociente de la varianza aditiva y la fenotípica. La heredabilidad es una propiedad de cada carácter de la población y la utilidad de su estimación radica en su sentido predictivo de la respuesta a la selección (Nyquist., 1991).

Chávez (1993) señala que la heredabilidad es una característica o rasgo que puede ser cualquier fracción de cero a uno, no estando bien definido los que se entiende por baja o alta heredabilidad, pero en general son aceptables los siguientes valores:

- a) Alta heredabilidad (> de 0.5)
- b) Media heredabilidad (de 0.2 a 0.5)
- c) Baja heredabilidad (menor de 0.2)

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

- A. $V_A / V_D < 1$; hacer hibridación.
- B. $V_A / V_D > 1$; hacer selección.
- C. $V_A / V_D = 1$; hacer hibridación o selección.

Con fenotipos similares no existe una escala definida para clasificar la magnitud de heredabilidad; pero arbitrariamente se puede considerar la heredabilidad, baja de 0 a 0.3, media de 0.3 a 0.7 y alta de 0.7 a 1.0 (Robles., 1986).

Modelo AMMI y Su Gráfico Biplot

El concepto de "Biplot" fue originalmente propuesto por Gabriel 1971, el objetivo principal de esta figura es resumir en una gráfica, la interacción entre dos factores, es decir identificar comportamientos diferenciales de los niveles de un factor, por ejemplo, el genotipo; a través de los distintos niveles del otro, por ejemplo los ambientes.

El método AMMI no solo permite estimar estabilidad, sino también evaluar localidades y como consecuencia clasificar los ambientes (Cossa., 1990)

El procedimiento AMMI consiste en combinar las técnicas del análisis de varianza y los análisis de componentes principales (ACP) en un solo modelo, donde el análisis de varianza permite estudiar los efectos principales de los genotipos y los ambientes y los análisis de ACP la interacción G x A la cual es tratada de forma multivariada para su interpretación (Alejos *et al.*, 2006)

Burgueño *et al.* (2003) mencionan que la gráfica Biplot GE y GGE, sirven para analizar características multi-regionales y estudiar la interacción genotipo ambiente (GEI), a través de modelos bi-lineales como AMMI o SREG. Que permiten describir la interacción genotipo ambiente mega-ambientes y materiales con el mejor comportamiento.

El modelo de los Efectos Aditivos Principales e Interacciones Multiplicativas o su equivalente de las siglas AMMI provenientes del inglés “Additive Main Effects and Multiplicative Interaction” fue propuesto por Mandel en (1971).

Índice De Selección

Cerón y Sahagún (2005) mencionan que la selección basada en la evaluación simultánea de dos o más caracteres se ha hecho, principalmente de acuerdo con el índice de selección desarrollado por Smith (Y_s), no obstante de que sus requerimientos incluyen estimaciones de las varianzas y covarianzas de los valores genotípicos y la asignación, frecuentemente subjetiva, de los pesos económicos de los valores genotípicos de los caracteres involucrados en la selección.

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

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

Cuando se considera únicamente el rendimiento como característica principal, el índice de selección con cuatro características presentó una mayor eficiencia de selección, pero menos eficiente a los índices construidos con 5, 6 y 7 características (Aguilera., 1990).

Barreto *et al.* (1991) desarrollaron un algoritmo computacional (Software) para aplicar los índices de selección, útil en la evaluación agronómica y mejoramiento genético. El objetivo principal de este software es ilustrar la utilidad de algoritmos matemáticos y las computadoras como complemento a los métodos tradicionales utilizados por los investigadores en la selección de los genotipos (líneas, familias, sintéticos, variedades, etc.), cuando esta se basa en múltiples características evaluadas simultáneamente.

El principio del Índice de selección (IS) utilizado en este trabajo de investigación está basado en estimar los valores de cada parámetro a los cuales se les resta un meta de selección, que está de acuerdo a la desviación estándar del parámetro y a la media de la población, el resultado es elevado al cuadrado y a la vez este es multiplicado por la intensidad cuyo valor depende de la importancia del parámetro en cuestión. Los valores obtenidos por parámetro son sumados y el resultado son los valores del índice de selección. Los genotipos que obtengan los IS más bajos son los mejores (Barreto *et al.*, 1991).

III. MATERIALES Y METODOS

Material Genético

En el vivero de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN) durante las siembras del ciclo primavera verano del 2013 se planearon realizar polinizaciones para generar 250 familias de hermanos completos de la población de Maíz Harinoso de Ocho, donde se emplearon 48 machos y cinco hembras para cada macho, donde se identificó en la bolsa de polinización con el número del macho y la hembra, generando así estructuras familiares correspondientes al diseño I de Carolina del Norte (Comstock y Robinson,. 1948).

La evaluación de las familias fue durante el ciclo de primavera-verano del 2014 en el campo directo de la UAAAN, se sembró un ensayo de rendimiento correspondiente al diseño genético donde se evaluaron 126 entradas, de las cuales 116 son familias de hermanos completos, había 48 machos de los cuales cada macho se cruzó con diferente número de hembra (3 a 5 hembras) y 10 testigos representativos de la población Harinoso de Ocho. Bajo diseño de bloques incompletos al azar con arreglo de siembra alfa-látice con dos repeticiones.

Evaluación

La evaluación de las 126 familias se llevó a cabo en el campo directo de la UAAAN en Saltillo, Coahuila que se sitúa en las coordenadas 25°21" Latitud Norte y 101°2" Longitud Oeste con una altitud de 1730 msnm, una temperatura media anual de 17.7°C y una precipitación pluvial anual de 228.6 mm.

Labores Culturales

Siembra

Se sembró el 5 de mayo de 2014 utilizando parcelas de un surco de cuatro metros de largo, cada una con una distancia entre surcos de 85 cm. Sembrando 35 semillas por surco de 126 entradas con dos repeticiones.

Fertilización

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

Control de Malezas

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

Control de Plagas

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

Riegos

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

Variables Evaluadas

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Por Ciento de Humedad (HUM): Se tomó un número de mazorcas representativas de la parcela, de las cuales se desgranaron de 3 a 5 hileras para obtener cerca de 250 g; esta muestra se somete a medición en un determinador

de humedad de la marca Dickie John. Esta actividad se realizó en campo al momento de la cosecha.

Rendimiento (RDTO)

Para sacar el peso seco se utilizó la siguiente formula.

$$PS = 100 - \%HUM \div 100 \times PC$$

Donde:

%HUM es el porcentaje de humedad del grano al momento de la cosecha y PC = peso de campo en kg.

El rendimiento de grano (REND) es la producción estimada por parcela experimental reportada en t ha⁻¹ de mazorcas al 15.5% de humedad, este se obtuvo dividiendo la equivalencia de la hectárea sobre el producto de peso seco (PS) por el área de parcela útil y dividido en la equivalencia de una tonelada.

$$\text{Rend} = \frac{(10,000 \text{ m}^2)}{\frac{\text{APU} \times \text{PS}}{1,000}}$$

Rendimiento X 0.155 = Rendimiento Ajustado al 15% de humedad

Donde:

APU = Área de la parcela útil, determinado por la distancia entre surcos por la distancia de estos y por el número de plantas por parcela; 0.155 = constante para obtener el rendimiento al 15.5 % de humedad; 1,000 = constante para obtener el rendimiento en t ha⁻¹; 10,000 m², equivalente a una hectárea.

Diseño Experimental

Las entradas fueron evaluadas bajo un diseño de bloques incompletos con arreglo alfa latice (0.1) con dos repeticiones de la población, siendo la unidad experimental de un surco de cuatro metros con 35 plantas, cada repetición consto de 21 bloques. Siendo el modelo para el análisis el siguiente

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_{j(i)} + \gamma_k + \pi_{l(k)} + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:

Y_{ijk} = Valor observado en un tratamiento

μ = Efecto de la media general.

α_i = Efecto de la i-ésima repetición.

$\beta_{j(i)}$ = Efecto de la j-ésimo bloque dentro de la i-ésima repetición.

γ_k = Efecto del k-ésimo macho.

$\pi_{k(l)}$ = Efecto del l-ésima hembra dentro del k-ésimo macho.

ε_{ijk} = Error experimental

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

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

Donde:

CME = Cuadrado medio del error.

\bar{X} = Media general.

Análisis Estadístico del Diseño I Carolina del Norte

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

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

$$G_{ijk} = \mu + m_i + h_{j(i)} + r_k + e_{ijk}$$

Donde:

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

μ = Media general.

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

h_j = Efecto de la hembra j-ésima dentro del i-ésimo macho (j(i): 1,2,...h/m).

r_k = Efecto de repeticiones

E_{ijk} = Efecto del error experimental

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

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

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

GL= grados libertad; **ECM** = esperanza de cuadrados medios; **CM** = cuadrados medios.

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

$$\sigma^2_M = \frac{M3 - M2}{rh} \qquad \sigma^2_{H/M} = \frac{M2 - M1}{r}$$

Estimación de Parámetros Genéticos

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Estimación de la Heredabilidad

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

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

Gráfico Biplot del modelo AMMI

En esta investigación se consideraron 11 características agronómicas (DFM, DFH, ALMAZ, ACRA, ACTA, MACO, ALPTA, PLFUS, CALMAZ, %HUM, PH y REND) lo que hace difícil el proceso de selección aun cuando se utilice la metodología de índices de selección propuesto por Barreto *et al.*, (1991).

Se procedió a hacer uso de un gráfico Biplot bajo el modelo AMMI, esto permite modelar, pero el uso que se le dará en esta investigación solo será para observar el agrupamiento correlaciona de las variables y así poder elegir variables de interés.

El procedimiento para hacer uso del gráfico Biplot fue modificado de la siguiente manera en el modelo, en lugar de considerar ambientes o localidades, se consideraron las 12 variables con la finalidad de conocer los patrones de correlación que tienen entre ellas, permitiendo así seleccionar las de mayor relevancia, también fue considerada la heredabilidad de la variable.

El modelo AMMI es representado mediante la siguiente fórmula matemática:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + R_{ij}$$

Donde:

Y_{ij} = rendimiento del i-ésimo genotipo en el j-ésimo ambiente; μ = media general;

g_i = efecto del i-ésimo genotipo; e_j = efecto del j-ésimo ambiente; λ_k = raíz

cuadrada del vector característico del k-ésimo eje del ACP; α_{ik} = calificación del ACP para el k-ésimo eje del i-ésimo genotipo; γ_{jk} = calificación del ACP para el k-ésimo eje del j-ésimo ambiente; R_{ij} = residual del modelo.

Índice de Selección (IS)

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

En esta investigación se consideraron cuatro variables: (floración hembra, calificación de mazorca, plantas con *Fusarium* y rendimiento) para construir el método de índices de selección (Barreto *et al.*, 1991), cuya fórmula y metodología se describen a continuación.

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

Dónde:

IS = es el índice de selección;

$Y_i \dots n$ = Es el valor de la variable de interés en unidades Z;

Las variables que fueron incluidas en la construcción del índice de selección se encontraban con valores distintos (toneladas, calificación, porcentajes, etc.), por

lo que fue necesario estandarizar cada uno de ellos y de esta forma las características pudieran combinarse; la estandarización se llevó a cabo mediante la fórmula del valor de Z que a continuación se describe:

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

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

$Mi...n$ = es la meta de selección en valores z (es la razón existente entre la diferencia de la media y el valor más favorable de la población para esa variable entre la desviación estándar estimada para la variable en cuestión).

La meta toma valores de -3 a +3 que corresponde a un 99 por ciento dentro de una distribución normal.

$li..n$ = Es la intensidad de selección (definido por el usuario) para las características j_i, \dots, n .

La intensidad de selección

Es el grado de importancia que se le asignan a cada una de las variables de acuerdo al interés, tomando valores que van de 0 a 10. El valor de intensidad más pequeño (1) es asignado a la variable de menor interés y el valor más alto (10) representa la variable de mayor importancia, o en su caso si se usa un valor de (0) es porque no se quiere que esa variable sea considerada y por lo tanto en el programa SAS no se toma en cuenta al analizar los datos.

Criterio de selección

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

IV. RESULTADOS Y DISCUSION

Se iniciará este capítulo discutiendo los resultados de los análisis de varianza, caracterización genética y por último la selección de familias para constituir el primer ciclo de selección.

La explicación y discusión de los resultados se realizará, en base a los cuadrados medios y significancia de cada fuente de variación.

Cuadrados Medios de Los Análisis Estadísticos

En el cuadro 4.1 se encuentran los cuadrados medios obtenidos del análisis de varianza y sus significancias estadísticas de las variables evaluadas.

Cuadro 4.1 cuadrados medios del análisis de varianza de la raza de maíz harinoso de ocho.

Fuentes de variación	GL	DFM	DFH	ALMAZ	ACRA	ACTA	MACO	GL	ALPTA	PLFUS	CALMAZ	% HUM	REND
Rep	1	2248.94**	2123.55**	190.52NS	144.20**	8.14NS	9.45NS	1	266.35NS	373.06**	3.31*	0.41NS	3.86NS
Bloq/(Rep)	40	19.69NS	17.71NS	443.17NS	23.89NS	111.66**	45.61*	40	390.71NS	42.52NS	0.54NS	8.93**	5.27NS
Machos	57	16.06NS	19.16*	503.96NS	18.37NS	91.87**	52.99**	57	403.84NS	47.77NS	1.21**	8.71**	6.40*
Hembras/Machos	69	15.54NS	14.63NS	490.38NS	14.83NS	65.35NS	40.59NS	69	271.23NS	45.16NS	0.61NS	4.48NS	5.64NS
Error	82	13.14	11.79	427.96	19.64	50.02	29.41	81	352.27	32.51	0.61	4.08	4.01
Total	249							248					
C.V		7.12	6.41	18.69	202.45	106.21	77.19		9.56	175.54	21.81	12.39	35.22

**=altamente significativo 0.01 de probabilidad; * =significante 0.05 de probabilidad, NS= no significativo, FV= fuentes de variación, GL= grados de libertad, DFM= días a floración macho, DFH= días a floración hembra, ALMAZ= altura de mazorca, ACRA= acame de raíz, ACTA= acame de tallo, MACO= mala cobertura, ALPTA= altura de planta, PLFUS= plantas con Fusarium, CALMAZ= calificación de mazorca, % HUM= porcentaje de humedad, REND= rendimiento, CV= coeficiente de variación.

La fuente de variación machos mostraron diferencias altamente significativas al ($P \leq 0.01$) y significativas al ($P \leq 0.05$) de probabilidad, esta variación se atribuye a que los machos son diferentes en su comportamiento genético, esta diferencia detectada es de suma importancia pues se corrobora que los machos elegidos para construir las estructuras familiares fueron diferentes según lo expresan las familias evaluadas.

En la fuente de variación hembras dentro de los machos no se encontraron diferencias significativas para todas las variables. Esto pudiera deberse a que la formación de familias de hermanos completos están constituidas por el mismo fondo genético esto quiere decir, que no hay variabilidad en la población debido a los ciclos de selección empíricos que se le han realizado.

La fuente de variación de repeticiones y bloques dentro de repeticiones se detectó diferencias altamente significativas y significativas en siete de las 11 variables, lo que indica que los bloques y las repeticiones tienen diferente comportamiento por lo tanto, el diseño empleado fue eficiente para sacar del error el efecto de las repeticiones.

Estimación De Componentes Genéticos

En el cuadro 4.2 se presentan los componentes genéticos de la población de maíz harinoso de ocho.

Cuadro 4.2 componentes genéticos de la raza harinoso de ocho

ESTIMADOR	FM	FH	AM	AT	AT	MC	AP	FUS	CM	HUM	REND
	(d)	(d)	(cm)	(%)	(%)	(%)	(cm)	(%)	(1-5)	(%)	(t ha-1)
σ_M	0.28	1.39	1.21	0.81	4.84	2.63	42.91	3.22	0.15	1.16	0.00
$\sigma_{H/M}$	1.53	1.82	40.09	0.00	9.85	7.18	0.00	1.70	0.00	0.26	1.04
σ_A	1.13	5.55	4.83	3.25	19.38	10.51	171.62	12.89	0.60	4.66	0.01
σ_D	4.97	5.91	155.52	0.00	20.01	18.22	0.00	0.00	0.00	0.00	4.14
σ_G	6.10	11.46	160.35	3.25	39.39	28.73	171.62	12.89	0.60	4.66	4.15
σ_E	13.15	11.80	427.97	19.64	50.02	29.41	352.27	32.52	0.61	4.08	4.02
σ_F	12.68	17.36	374.33	13.07	64.41	43.43	347.76	29.15	0.91	6.70	6.16
h^2	0.09	0.32	0.01	0.25	0.30	0.24	0.49	0.44	0.66	0.70	0.00

σ^2_M = Varianza de macho; $\sigma^2_{H/M}$ =varianza de hembra dentro macho; σ^2_A =varianza aditiva; σ^2_D =varianza de dominancia; σ^2_G = varianza genética; σ^2_E = varianza del error; σ^2_F = varianza fenotípica; h^2 = heredabilidad.

La selección recurrente exitosa debe cambiar la estructura de la variabilidad genética de la población a la que se aplica, por lo que es pertinente estimar periódicamente sus parámetros genéticos con el fin de diseñar estrategias para mantener o aumentar el avance genético (Hallauer y Miranda., 1981).

En el cuadro anterior se observa que la (σ^2_A) fue mayor o igual que la (σ^2_D) , en el menos siete de las once variables, lo que indica que para estas variables existen alelos que podrán ser transmitidos más fácilmente a la siguiente generación. Aun así, se recomienda incrementar el valor de cría de las familias mediante un esquema de selección recurrente.

La efectividad de la selección recurrente es reconocida por que incrementa la frecuencia de genes favorables de una o más características agronómicas bajo la selección y mantiene la variabilidad genética para continuar con la selección; esto implica un proceso cíclico de muestreo, evaluación, selección y recombinación (Hallauer., 1992).

Las variables donde la varianza aditiva es baja se recomienda hacer uso de selección recurrente mediante el esquema de progenies endogámicas, esto permitirá aumentar el valor reproductivo de las familias en las variables con valores bajos, con esto los valores de varianza de dominancia serán reducidos.

En una especie alógama donde no se ha realizado mejoramiento genético en gran escala, se recomienda sondear la población para detectar variabilidad genética aprovechable mediante un diseño genético, así identificar que método usar para obtener avances significativos, sobre todo en caracteres de alta variabilidad genética y heredabilidad (Hallauer., 1992).

En la población se detectaron heredabilidades mayores $>$ a 0.5 para las variables CM y HUM esto indica que estas características pueden ser transmitidas fácilmente, por lo tanto su mejoramiento sería relativamente sencillo mediante selección masal.

Las variables que presentaron heredabilidades intermedias comprendidas entre 0.2 y 0.5, se recomiendan ser mejoradas con el sistema de selección recurrente bajo un esquema de hermanos completos. Dado que es un método efectivo cuando las heredabilidades son intermedias.

Hallauer y Miranda (1983) citan que la selección recurrente de hermanos completos tiende a incrementar los alelos favorables y es muy eficiente para mejorar caracteres cuantitativos entre los que se incluyen el rendimiento. Lozano y Ramírez (2002) mencionan que al realizar el método de mejoramiento mediante selección recurrente de hermanos completos en una población de maíz tropical fue efectivo para incrementar el rendimiento de grano, sanidad de la mazorca y altura de mazorca.

Cuando las variables presentan valores reproductivos bajos que comprenden menores a $<$ 0.2, se recomienda hacer uso de progenies endogámicas que permitan con mayor agresividad aumentar el valor reproductivo de las familias, con esto el tiempo de mejora de las variables es más tardado pero es la opción más factible para incrementar estos valores.

Selección De Familias Con Los Mejores Atributos Agronómicos

En función a los resultados discutidos anteriormente, es obvio que la población puede ser mejorada, para aquellos caracteres que mostraron variación, el problema inmediato para este proceso, es que la selección no puede ser para caracteres individuales, ya que retrasaría el proceso de mejoramiento, lo ideal es hacer selección simultanea para varios caracteres de interés agronómico, y una herramienta genética-estadística adecuada para lograr este objetivo son los índices de selección.

Para construir el índice de selección fue necesario elegir variables de importancia económica que tengan correlación con las demás, para una correcta elección fue necesario hacer uso del modelo estadístico AMMI y su gráfico Biplot, en el gráfico permitió visualizar la agrupación natural que existe entre las variables; dentro de cada agrupación se debe elegir la variable con el vector que más discrimine en cada cuadrante, de mayor impacto económico y de alta heredabilidad.

En la figura 4.1 se presenta el agrupamiento natural de las variables de la población harinoso de ocho mediante el gráfico Biplot.

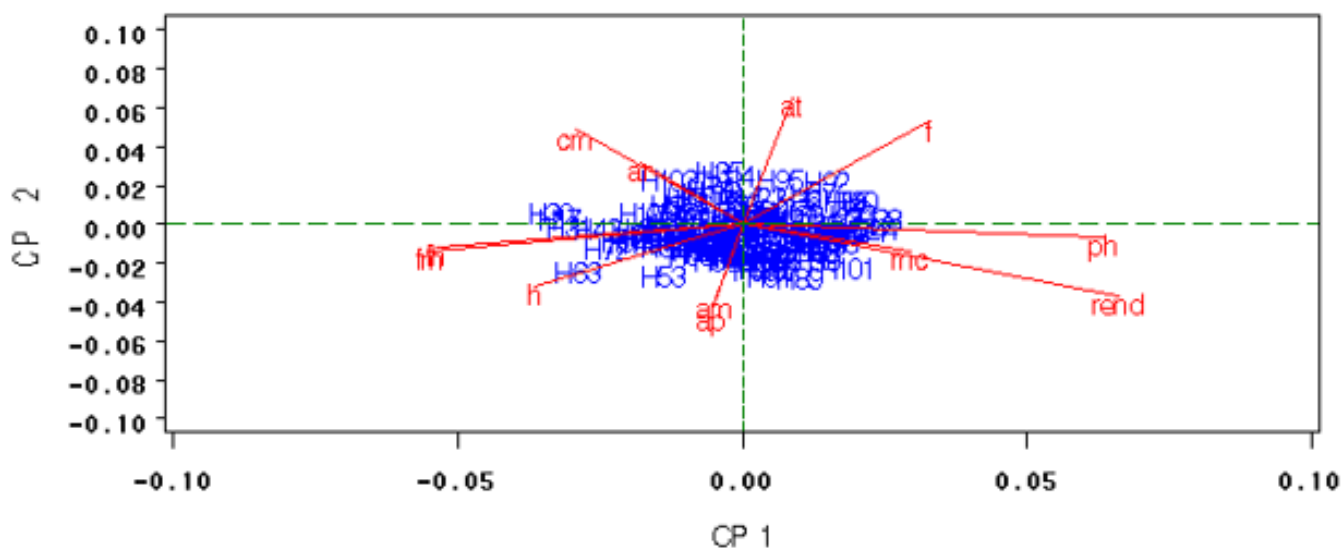


Figura 4.1 Grafico Biplot Generado por el modelo AMMI de la raza harinoso de ocho.

En el gráfico anterior se formaron cuatro grupos con variables correlacionadas, en el primer cuadrante se eligió una variable correlacionada con sanidad y la variable fue: fusarium (**f**)

En el segundo cuadrante se eligió la variable calificación de mazorca (**cm**), por la sanidad y tamaño de mazorca.

En el tercer cuadrante se eligió la variable floración hembra (**fh**), debido a la correlación que tiene con precocidad.

En el cuarto cuadrante se eligió la variable rendimiento (**rend**), debido a la importancia económica de la variable.

Con las variables antes seleccionadas se busca obtener familias con presencia de sanidad, buen porte de planta y potencial de rendimiento, con las que se reconstituirá la población.

El índice de selección que se empleó en este trabajo de investigación está clasificado como un índice básico, al regirse por los valores fenotípicos medidos en los materiales de la población involucrada (Barreto *et tal.*, 1991).

A esta metodología se le auxilio de la siguiente manera se estimaron los valores del índice por repetición con la idea central de poder modelar estadísticamente los efectos propios de la variable de respuesta, en este caso en particular los valores del índice fueron analizados mediante un análisis de varianza con prueba de medias Tukey ($p \leq 0.05$) y con ello lograr un sustento, para hacer una selección más adecuada de las familias, en el Cuadro 4.3 se presenta el cuadrado medio del análisis de varianza del índice de selección.

Cuadro 4.3 Análisis de varianza de 126 familias. Utilizando como variable de respuesta Índice de Selección.

FV	GL	IS
REP	1	5.641 NS
FAM	125	11.689*
ERROR	122	8.215
TOTAL	248	
CV%		23.763
MEDIA		12.061
DESVEST		2.866

**=altamente significativo 0.01 de probabilidad,* =significante 0.05 de probabilidad; REP= repeticiones; FAM= familias.

En la fuente de variación familia se detectaron diferencias significativas para la variable de respuesta ÍS al ($P \leq 0.05$), lo que indica que al menos una familia pose valores superiores al resto, estas diferencias fueron aprovechadas para realizar selección.

Se seleccionó el 19 % de las familias debido a que no mostraba mucha variabilidad.

En la tabla 4.1 Se enlista una selección del 19 % de las familias de la población harinoso de ocho mediante la prueba de medias Tukey.

Cuadro 4.4 Selección del 19 % de las familias de la raza de maíz harinoso de ocho.

FAMILIA	IS	FAMILIA	IS	FAMILIA	IS
6	7.746200	27	9.143250	60	9.668650
8	6.467650	32	9.803650	75	6.888250
10	9.558300	34	9.648250	90	9.659050
11	9.723100	37	6.953000	94	9.226750
14	9.593900	41	9.657200	100	9.890000
15	9.546000	46	10.019450	101	8.733800
24	9.504850	47	9.343750	106	8.584200
26	8.425650	55	6.829900	123	9.339950

IS= Índice de Selección.

Las familias de hermanos completos seleccionados y enlistados en la tabla anterior, son familias que tuvieron el valor del índice más bajo, los valores obtenidos son las distancias euclidianas más cercanas a la meta deseada y que de acuerdo con Barreto *at tal.* (1991) son las familias superiores respecto a los genotipos buscados.

Con las familias seleccionadas se podrá reconstituir la población de maíz harinoso de ocho, esta deberá presentar mejores atributos agronómicos como: sanidad, porte de planta y tamaño mazorca, con precocidad y buen potencial de rendimiento.

V. CONCLUSIONES

De acuerdo con los objetivos planteados y los resultados obtenidos en el presente trabajo, se tienen las siguientes conclusiones:

Se encontraron familias superiores en la Raza de maíz Harinoso de Ocho, con atención al mérito del IS, con las cuales se reconstituirá la población.

En menos de la mitad de las variables evaluadas, los valores reproductivos son aceptables aquí, se sugiere someter a la población a un programa de mejoramiento de selección recurrente por hermanos completos.

En el resto de las variables evaluadas, los valores reproductivos son bajos aquí se sugiere, someter a la población a un programa de mejoramiento más agresivo, como la selección recurrente bajo las metodologías S_1 y S_2 , que permita aumentar rápidamente los valores reproductivos.

VI. RESUMEN

El diseño I de Carolina del Norte se ha utilizado frecuentemente en maíz, para estimar los efectos y las varianzas genéticas presentes en algunas variables de las poblaciones. El objetivo de este estudio fue estimar la proporción de varianza aditiva, de dominancia y la heredabilidad, presente en 11 variables, que permitiera proponer un efectivo esquema de mejoramiento genético; así como identificar familias superiores en base a sus atributos agronómicos apoyándose de la herramienta Índices de Selección. La investigación comprendió la evaluación de 126 familias de hermanos completos obtenidos de la cruce de cuarenta y ocho machos con diferente número de hembras. Las entradas fueron evaluadas en el campo directo de la UAAAN ubicado en Buenavista, Saltillo, Coahuila en el ciclo primavera-verano del 2014 utilizando el diseño de bloques incompletos con arreglo alfa-látice, con dos repeticiones. Se encontró que la varianza aditiva fue mayor que la varianza de dominancia en las variables: acame de raíz, altura de planta, plantas con *Fusarium*, calificación de la mazorca y % humedad, por tanto se sugiere someter estas variables a un programa de mejoramiento con esquema de selección recurrente por hermanos completos; la varianza de dominancia se encontró en mayor proporción que la aditiva en las variables: días a floración macho, días a floración hembra, acame de tallo, altura de mazorca, mala cobertura, y rendimiento, por tanto se sugiere someter estas variables a un programa de mejoramiento más agresivo como la selección recurrente bajo metodologías S_1 y S_2 para incrementar rápidamente la varianza aditiva. Posteriormente atendiendo los resultados del IS se seleccionaron las mejores familias, en total fueron 24 familias seleccionadas equivalente a un 19 por ciento de la población para el primer ciclo de selección. Por exhibir un IS con valor al mérito favorable, estos al estar más cercanos al criterio de selección de cada variable, las familias seleccionadas obtuvieron los valores más bajos referentes al valor crítico que fue de 12.8910 lo que llevo a seleccionar el por ciento de las familias de la raza.

VII. BIBLIOGRAFIA

- Alejos, G., Monasterio, P., & Rea, R. (2006).** Análisis de la interacción genotipo-ambiente para rendimiento de maíz en la región maicera del estado Yaracuy, Venezuela. *Agronomía Tropical*, 56(3), 369-384.
- Aguilera, R. R. (1990).** Índice de selección y coeficientes del sendero en cártamo (*Carthamus tinctorius* L.). Tesis de doctorado en ciencias en Fitomejoramiento, UAAAN. 117p.
- Barreto, H. J., Bolaños, J. A., & Córdova, H. S. (1991).** Programa índice de selección. *Guía para la operación del Software. CIMMYT. México, DF.*
- Burbano, T. C. L., & Escobar, H. C. (1997).** Algunos aspectos de los diseños genéticos. *Revista de Ciencias Agrícolas*, 15(1), 104-116.
- Burgueño, J., J Crossa, M., Vargas. (2003).** Graphing GE and GGE Biplots. CIMMYT. Biometrics.
<http://www.cimmyt.org/spanish/wps/biometrics/index.htm>
- Carballo, C. A., & Hernández, G. A., (2013).** Selección y manejo de maíces criollos. Folleto técnico. SAGARP. 8p.
- Ceballos, H. (1995).** Principios básicos de genética cuantitativa. Palmira, Universidad Nacional. 254p.
- Cerón Rojas, J. J., & Sahagún Castellanos, J. (2005).** Un índice de selección basado en componentes principales. *Agrociencia*, 39(6).
- Chávez A. J., & Pérez, L. E., (1987).** Mejoramiento de plantas II. UAAAN. Buenavista. Saltillo. México. 157 p.
- Chávez A, J.L. (1993).** Mejoramiento de plantas I. 2a edición. Ed. Trillas, México, D.F. 136 p.
- Chávez A, J.L. (1995).** Mejoramiento de plantas II. Primera edición. Trillas, México D.F. 136p.
- Comstock, R. E., & H. F. Robinson. (1948).** The components of genetic variance in populations. *Biometrics* 4: 254-266.

- Comstock, R. E., & H. F. Robinson. (1952).** Estimation of average dominance of genes. *In: Heterosis*. Gowen, J. H. (Ed.). Iowa State Press. Ames, Iowa. pp: 494-516
- CONABIO (2010).** Argumentación para conservar las razas de maíces nativos de México. Taller con especialistas en maíces nativos, realizado los días 17 y 18 de marzo de 2010 en las instalaciones de la CONABIO. México, D. F.
- Crossa, J. (1990)** Statistical Analysis of Multilocation Trials. *Advances in Agronomy*, 44, 55-85.
- De León, C. H. (1987).** Selección Recurrente en Familias de Hermanos Completos con Pedigrí en Maíz. Tesis de Maestría en Ciencias. UAAAN. Saltillo, Coah. Méx. 56p
- Eilert, H. G. (1985).** Genética cuantitativa II. Selección. Ed. Pugliese Siena S.R.L. Córdoba, República de Argentina. 249p
- Falconer, D. S. (1984).** Introducción a la Genética Cuantitativa. F. Márquez S. (trad) Editorial CECSA. 14° imp. México. 430 p.
- Fehr, W. R. (1991).** Principles of cultivar development. Volume 1. Theory and Technique. Iowa State University Press. Ames, Iowa. 536 p. (Maíz). Certamen Nacional. Procuraduría Agraria. México. 47 p.
- Hallauer, A. R. (1992).** Recurrent selection in maize. *Plant Breeding Reviews*. 9: 115-179.
- Hallauer, A. R., & J. B. Miranda. (1981).** Quantitative Genetics in Maize Breeding. 2nd ed. Iowa State Univ. Press. Ames, Iowa, USA. 468p.
- Hallauer, A. R., & J. B. Miranda. (1988).** Quantitative genetics in maize breeding. Second edition. Iowa State University Press, Ames, Iowa. 468 p.
- Hallauer, A. R., & J. B. Miranda. (1998).** Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State Univ. Press. Ames, Iowa, p 52-60.
- Hernández, X. E. (1985).** Maize and man in the Greater Southwest. *Economic Botany* 39(4):416-430.
- Hernández, C. J. M. (2010).** Proyecto FZ016 "Conocimiento de la diversidad y distribución actual del maíz nativo y sus parientes silvestres en México. Segunda etapa 2008-2009". Informe final del Estado de México y D. F. INIFAP, Campo Experimental Valle de México. 17 p.

- Márquez Sánchez, F., & A. R. Hallauer. (1970).** Influence of simple size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I. Grain yield. *Crop Sci.* 10: 357-361.
- Márquez, S. (1992).** Genotecnia Vegetal. Tomo I. Métodos, Teoría, Resultados. AGT Ed. 357 p. México.
- Maya Lozano, J., & Ramírez Díaz, J. (2002).** Selección recurrente en tres poblaciones de maíz para el subtrópico de México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 25 (2), 201-207.
- Narváez González, E. D., Figueroa, J. D. C., Taba, S., Castaño, E., & Martínez-Peniche, R. A. (2007).** Efecto del tamaño del gránulo de almidón de maíz en sus propiedades térmicas y de pastificado. *Rev. Fitotec. Mex*, 30(3).
- Nyquist, W. E. (1991).** Estimation of Heritability and prediction of selection response in plant populations. *Grit. Rev. Plant Sci.* 10:235-322.
- Paliwal, R. L., Granados, G., Lafitte, H. R., Violic, A. D., & Marathée, J. P. (2001).** El maíz en los trópicos: Mejoramiento y producción (No. 28). Food & Agriculture Org.
- Perales, H., & Golicher, D. (2011).** Modelos de Distribución para las Razas de Maíz en México y Propuesta de Centros de Diversidad y de Provincias Bioculturales.
- Robles, S. R. (1986).** Genética elemental y fitomejoramiento práctico. Ed. Limusa, S.A de C.V., México, D.F., 477 p.
- Sánchez J, J., M. M. Goodman & C. W. Stuber. (2000).** Isozymatic and morphological diversity of maize of México. *Economic Botany.* 54 (1): 43-59.
- Searle, S. R. (1971).** Topics in variance component estimation. *Biometrics.* 27:1-74.
- Silva, R. J. & Monteverde P. E. (1998).** Estimación de componentes de varianza genética de una población indehisciente de ajonjolí tipo chino utilizando dos diseños de apareamiento. *Revista de la Facultad de Agronomía (Maracay).* 24(1):
- Soares de Lima, J. M., Pravia M. I., Ravagnolo O., & Montossi F. (2011).** Índice de selección para la Cría: “Una nueva herramienta disponible en Uruguay para seleccionar reproductores por su mérito económico en la raza Hereford”. Programa Nacional de Carne y Lana, INIA Uruguay.

Wellhausen, E. J., A. Fuentes O. & A. Hernández C. en colaboración con P. C. Mangelsdorf. (1957). Races of maize in Central America. NAS-NRC. Washington, D. C. 128 p.

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

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