

**UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA
ANTONIO NARRO**

DIVISION DE AGRONOMIA

DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO



Variación de la primera generación de una variedad de maíz por efectos del tamaño de la población y dos métodos de polinización.

POR:

PLUTARCO MEDEROS CAMPOS

TESIS

PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL TITULO DE
INGENIERO
AGRONOMO EN LA ESPECIALIDAD DE FITOTECNIA
Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Mayo de 1999.

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA
ANTONIO NARRO

DIVISION DE AGRONOMIA

Variación de la primera generación de una variedad de maíz por efectos del tamaño de la población y dos métodos de polinización

POR:

PLUTARCO MEDEROS CAMPOS

TESIS

QUE SE SOMETE A CONSIDERACION DEL H. JURADO EXAMINADOR COMO
REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL TITULO DE: INGENIERO
AGRONOMO EN LA ESPECIALIDAD DE FITOTECNIA.

APROBADA

El presidente del jurado

Dr. Froylán Rincón Sánchez

M.C. Humberto de León Castillo
Asesor

M.C. José L. Quemé de León
Asesor

Dra. Norma A. Ruiz Torres
Asesor

El Coordinador de la División de Agronomía

M.C. Reynaldo Alonso García Velasco

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Mayo de 1999.

AGRADECIMIENTOS

A mi alma terra mater por haberme brindado la oportunidad de culminar mis estudios de licenciatura, así como mi formación profesional.

Al Dr. Froylán Rincón Sánchez por el apoyo que siempre me brindo así como el interés demostrado durante el desarrollo de esta investigación fungiendo como asesor principal.

Así mismo al M.C. José L. Quemé y al M.C. Humberto de León por sus apoyos, revisión y valiosas sugerencias al presente trabajo de estudio.

A mis compañeros y amigos de la 2^a. Sección de filotecnia generación 86 por haberme brindado su amistad incondicional y apoyo moral.

Así también a la Lic. Sandra por haberme brindado su apoyo en el manejo de la computadora.

DEDICATORIA

A mis padres:

Celestina Campos Gómez

A la memoria de mi padre Julio Mederos Nieto

Con profundo respeto y cariño por haberme brindado su apoyo en todo momento a través de sus consejos y ejemplos durante toda mi formación profesional.

A mis hermanos: Clara, Irma, Martha, Patricia, Narciso y Yanet por su apoyo en todo momento en mi vida personal, como en mi vida profesional.

A mis cuñados y sobrinos: A la memoria de mi cuñado Victor, y a los aun presentes Jorge, Nestor y Ramón, así también a todos mis sobrinos.

A mis amigos (as): Nohemi, Wendoline, Francia, Antonio, Eulogio y a todos los de la Morelos Sur 1387.

INDICE DE CONTENIDO

AGRADECIMIENTOS	i
DEDICATORIA	ii
INDICE DE CONTENIDO	iii
INDICE DE CUADROS	iv
INDICE DE FIGURAS	iv
RESUMEN	v
I. INTRODUCCION	1
II. REVISION DE LITERATURA	4
2.1. Recursos fitogenéticos	4
2.2. Regeneración de germoplasma	5
2.3. Equilibrio de Hardy - Weinberg	8
2.3.1. Tamaño de la población	9
2.3.2. Métodos de polinización	11
2.3.3. Investigaciones de la variación de los caracteres	12
III. MATERIALES Y METODOS	14
3.1. Localidades de estudio	14
3.2. Material genético	15
3.3. Definición de los tratamientos	15
3.4. Diseño experimental	17
3.5. Manejo del cultivo	17
3.6. Variables registradas	18
3.7. Análisis de la información	20
3.7.1 Análisis de varianza	20
3.7.2 Análisis de dispersión	21
3.7.3 Análisis multivariado	21
IV. RESULTADOS Y DISCUSION	23
4.1. Análisis de Varianza	23
4.2. Análisis de dispersión	26
4.3. Análisis multivariado	32
4.3.1. Métodos de polinización	34
4.3.2. Efecto de muestreos dentro de polinización mezcla de polen	37
4.3.3. Efecto de muestreos dentro de polinización planta a planta	39
V. CONCLUSIONES	41
VI. BIBLIOGRAFIA	42

INDICE DE CUADROS

Cuadro 3. 1. Combinación de tratamientos utilizados en el estudio.	16
Cuadro 4. 1. Cuadrados Medios del análisis de varianza y coeficientes de variación para los diferentes caracteres en estudio.	24
Cuadro 4. 2. Medias de Métodos de polinización (MEZ y PAP), muestreos (MUE) y la interacción MPOL*MUE para las variables en estudio.	25
Cuadro 4. 3. Error estándar de la media [$E.E.(\bar{Y}_i)$] para una población de individuos (n=38) obtenidos al azar de cada tratamiento.	28
Cuadro 4. 4. Estructura canónica del análisis discriminante canónico.	33
Cuadro 4. 5. Distancia de Mahalanobis, F y $Pr > F$ para la comparación deniveles de métodos de polinización, y los muestreos dentro de cada método de polinización.	34

INDICE DE FIGURAS

Figura 4. 1. Dispersión de individuos de la primera generación usando la polinización planta a planta (PAP) y mezcla de polen (MEZ).	36
Figura 4. 2. Efecto del número de individuos (MUE) dentro del método de polinización mezcla de polen (MEZ).....	38
Figura 4. 3. Efecto del número de individuos (MUE) dentro del método de polinización planta a planta (PAP).	40

RESUMEN

Actualmente la conservación de los recursos genéticos de plantas cultivadas es un tema a tratar de gran importancia en México, debido a que representan la fuente de germoplasma útil para inyectar variabilidad a los materiales mejorados así como la fuente de caracteres deseables en el fitomejoramiento. La conservación de esta variabilidad genética tiene que ver con los sistemas de incrementos, en particular, los métodos de polinización en especies alógamas de los materiales conservados en los bancos de germoplasma. Durante la regeneración de semilla los materiales genéticos pueden sufrir cambios en su estructura genética debido entre otros factores al método de polinización y al número de individuos que participan para definir la regeneración de semilla, ocasionando erosión genética o deriva genética por efecto del muestreo aleatorio de individuos y consecuentemente un muestreo de alelos.

En México se tiene una gran riqueza genética de diferentes especies. Entre las especies importantes destaca por su gran interés económico y social el maíz (*Zea mays* L.). La conservación de los materiales nativos y/o criollos de este cultivo ya sea en forma *ex situ* como *in situ* juega un papel muy importante en asegurar la sobrevivencia de los diferentes tipos de organismos vivos.

En el presente trabajo de investigación se estudiaron varios puntos importantes con relación a la variación de la primera generación de una variedad de maíz por efectos del tamaño de la población y dos métodos de polinización utilizados en la regeneración de semilla. Se utilizó una variedad criolla de maíz, debido a que no se le sigue un proceso sistemático en el manejo, por lo que puede considerarse una población en equilibrio. Se sometió a dos métodos de incremento (MPOL): Polinización planta plata (PAP) y mezcla de polen (MEZ), resultando en una mezcla de familias de hermanos completos y medios hermanos respectivamente. En cada método de incremento se utilizó diferente tamaño de muestra representado por el número de individuos al momento de la siembra. Así, se usaron 4, 8 y 12 surcos con un establecimiento en campo de 84, 168 y 252 individuos respectivamente (M1, M2 y M3).

La evaluación consistió en la siembra de los tratamientos donde se obtuvo información a nivel de planta de características agronómicas como: altura de mazorca,

número de hojas arriba de la mazorca y floración; datos de la mazorca: longitud y diámetro de la mazorca, número de hileras, peso de la mazorca y peso de semilla, índice mazorca/olote. Para llegar a los resultados obtenidos se realizaron dos tipos análisis: Análisis de varianza individual y posteriormente un análisis multivariado. Debido a que el análisis de varianza de los caracteres en estudio no mostraron un patrón que indique a profundidad los efectos que causan los MPOL y MUE en el incremento de una variedad de amplia base genética se procedió a efectuar un análisis de varianza multivariado. En estos análisis de varianza multivariado lo que se pretende es reducir la dimensionalidad del problema analizando la variación total representada por las variables originales, la cual se explica por unas cuantas variables nuevas.

Los resultados del análisis de varianza, análisis de dispersión de los individuos de la primera generación y el análisis multivariado, se concluye que los métodos de polinización tienen un efecto diferencial en las características fenotípicas de los individuos en la siguiente generación, debido en parte al muestreo aleatorio de individuos y al nivel de endogamia que producen. Por otra parte, la variación fenotípica de los individuos de la primera generación de regeneración tiende a incrementarse conforme se reduce el número de progenitores, siendo diferente en magnitud con respecto a los métodos de polinización.

En relación al mantenimiento de la variación existente en la población, el análisis multivariado permitió inferir que el incremento de semilla usando mezcla de polen puede ser mas eficiente comparado con el de planta a planta. El comportamiento observado en el presente estudio permite suponer que a medida que se reduce el número de progenitores, la representación de alelos en la siguiente generación será mas eficiente usando el método de polinización a través de mezcla de polen. Sin embargo, es necesario realizar estudios adicionales donde se pueda corroborar el comportamiento encontrado en la presente investigación.

I. INTRODUCCION

Una de las riquezas que se tienen en México son los recursos genéticos de plantas, las cuales representan un acervo genético de gran utilidad para los programas de mejoramiento. Mediante los programas de mejoramiento genético se obtienen variedades de alto rendimiento, buena calidad, características agronómicas sobresalientes, entre otras. El éxito del mejoramiento se basa principalmente en la eficiencia de la selección y de la diversidad genética existente en las poblaciones objeto de la selección.

La diversidad genética juega un papel importante en asegurar la sobrevivencia de los diferentes tipos de organismos vivos, puesto que se logra adaptación a las diferentes condiciones bióticas y abióticas. Se le atribuye a México, Centroamérica y parte de América del Sur como centros de origen del maíz. México es considerado como primer centro de origen del maíz en el mundo dado que es aquí donde se encuentra la mayor riqueza genética de este cultivo. Además, es uno de los cultivos más importante del país, el cual abarca el 40% (cerca de 8 millones de ha) de la superficie cultivada. En 1986, México ocupó el cuarto lugar en producción de maíz a nivel mundial, después de Estados Unidos, China y Brasil (FAO, 1987).

En México, el maíz es un cultivo básico de subsistencia que se cultiva sobre todo en condiciones de temporal, con buena adaptación a las diferentes condiciones ecológicas del país. Cerca del 75% de la producción anual se emplea en la alimentación

humana, 20% en la alimentación animal y producción de semilla y el 5% como insumo industrial (Echeverría, 1990).

Una gran parte de la diversidad genética de este cultivo se encuentra en bancos de germoplasma. Las funciones principales de un banco de germoplasma incluyen la recolección, conservación, caracterización, evaluación y distribución de material genético. Por otra parte, el manejo y mantenimiento de germoplasma incluye la regeneración o rejuvenecimiento de material genético con problemas de viabilidad o bien cuando se cuenta con poca semilla.

El presente trabajo, se ubica en una de las actividades del mantenimiento de germoplasma, la regeneración de semilla de maíz. La regeneración de semilla implica una consideración directa de la expresión de las características generales de las especies, el mecanismo reproductivo y los efectos de las condiciones ambientales en sus características fenotípicas. Factores semejantes como presión de selección unidireccional, flujo de genes y efectos ambientales pueden conducir a la población a formar una nueva estructura genética por la fijación de alelos por efecto de los factores antes mencionados. En este sentido, el método de polinización en poblaciones de polinización cruzada tiene un efecto directo sobre la constitución genética de la población debido a los diferentes niveles de endogamia que puedan lograrse.

La preservación de la variabilidad genética de la población esta asociada a los métodos de regeneración, de tal manera que las muestras no sufran cambios en la estructura genética para evitar erosión genética. El problema de muestreo aleatorio de semillas o deriva genética es uno de los factores más importantes a considerar en la regeneración de germoplasma de reserva.

En el presente trabajo de investigación se estudiaron varios puntos importantes de la primera generación de una variedad de maíz con relación al efecto del tamaño de la población y dos métodos de polinización utilizados en la regeneración de semilla, para lo cual se plantearon los siguientes objetivos.

1. Estudiar la variación de la primera generación en una variedad de maíz regenerada con dos sistemas de polinización.
2. Estudiar los efectos del número de individuos que representan a la población después de la primera generación de regeneración en una variedad de maíz.

Hipótesis

1. Es posible identificar diferencias en la variación de la primera generación de regeneración de maíz sometida a dos métodos de polinización y diferente número de individuos que la representan.

II. REVISION DE LITERATURA

2.1. Recursos fitogenéticos

Los recursos fitogenéticos se refiere al germoplasma vegetal de importancia inmediata o con valor potencial a futuro. En especies domesticadas, es la suma de todas las combinaciones genéticas como resultado del proceso evolutivo.

La conservación de los recursos fitogenéticos tiene la finalidad de mantener al máximo la variabilidad genética posible. En el caso del maíz, esto es útil para el mejoramiento genético puesto que con ello se puede aprovechar la diversidad genética para mejorar la calidad y cantidad de la producción, la materia prima para la industria y la incorporación de germoplasma resistente a factores adversos.

Para tener un conocimiento de la diversidad genética del maíz en México se tuvo que hacer una clasificación de una gran variedad de materiales nativos y criollos con características particulares que las hacen ser diferentes unas de otras. Esta clasificación se debe en gran medida al trabajo que Wellhausen y colaboradores realizaron para describir y clasificar los maíces mexicanos en 32 razas, para lo cual se consideran las principales características, su relación con sus ancestros, así como su distribución geográfica (Wellhausen *et al.*, 1951).

De la inmensa riqueza de recursos fitogenéticos vegetales disponibles en México, destaca por su gran importancia económica y social el maíz (*Zea mays* L.). Cabe

mencionar que sin los materiales mejorados de maíz que se tienen actualmente la producción sería muy escasa, de ahí la importancia de evitar la erosión genética de las variedades nativas y/o criollas para poder mantener e introducir genes deseables a materiales mejorados o en proceso de mejoramiento.

La preservación de los maíces criollos y nativos mexicanos ha sido motivada por diversas razones, debido a que se pueda contar con germoplasma para el mejoramiento genético, ya que se cuenta con una gran diversidad de razas que pueden ser utilizadas para mejorar materiales de estrecha base genética que puedan responder a cambios naturales. Marshall (1990), clasifica a los recursos fitogenéticos de la siguiente manera: 1) Materiales mejorados en uso y variedades obsoletas, 2) Variedades locales o primitivas, 3) Malezas o parientes silvestres de plantas cultivadas y especies silvestres con valor actual o potencial de uso en los programas de mejoramiento, o como nuevos cultivos y 4) Fuente de genes especializados (mutaciones genéticas, traslocaciones, inversiones).

2.2. Regeneración de germoplasma

Se le llama germoplasma al material genético que constituye las bases físicas de la herencia y que se transmite de generación en generación a través de las células germinales. Una accesión es el identificador del material genético en el banco de germoplasma. La accesión puede estar representada por una muestra de una variedad local o nativa, población mejorada o línea avanzada. El número de semillas en la muestra debe ser suficiente para representar la variación genética existente en la población o material genético a conservar. El IBPGR (Consejo Internacional de

Recursos Fitogenéticos) recomienda un mínimo de 4,000 semillas para materiales heterogéneos. Hawkes (1982) indica que se requieren 2,500 semillas para representar la diversidad genética de una población. Por otra parte, Crossa (1989) indica que para colecciones nativas u otras poblaciones panmicticas de maíz, se recomienda obtener en la cosecha hasta 100 o más mazorcas producidas por accesión para incluir genotipos o alelos que se presentan en frecuencias de 5%. En la regeneración de germoplasma se recomienda usar el mismo número de individuos y tamaño de la población a través de generaciones. Cuando se usa diferente número de individuos se conduce a un tamaño efectivo intermedio como resultado del promedio a través de estas generaciones (Roelofsen, 1982; Falconer, 1990).

La regeneración es el proceso de renovación de una accesión, usando una muestra de semillas tomadas al azar, las cuales son sembradas y cultivadas bajo condiciones similares, de tal manera que las semillas recolectadas en la cosecha poseen las mismas características de la muestra original (Hanson, 1985). Una de las actividades más importantes en la conservación del material genético es el mantenimiento de las semillas en los bancos de germoplasma, estos deben producir siempre plantas con características representativas de la accesión. El IBPGR recomienda que las especies conservadas a través de semillas deben ser regeneradas cuando la viabilidad este por debajo del 85% (The U.S. National Plant Germplasm System, 1991). La regeneración también será necesaria cuando el número de semillas de una accesión esté por debajo del número requerido para completar tres ciclos de regeneración (Hanson, 1985). Los materiales genéticos se envían para su regeneración a sitios previamente identificados los cuales cuentan con características ambientales mas o menos similares a aquellas del

sitio original. En este sentido, el ambiente de regeneración juega un papel muy importante que influye en la expresión de las características fenotípicas de la accesión.

El mantenimiento de la variación y la calidad genética dependen del método de rejuvenecimiento que va ser usado. La variación genética puede estar condicionada al número total de alelos diferentes en la población, y estos determinan las características genéticas, intrínsecas de la población (Roelofsen, 1982). Los materiales en cultivos de polinización cruzada, deben separarse en espacio o en tiempo para evitar que el polen pase de un material a otro. En el caso de maíz, debido a que el viento puede influir en el acarreo de polen debe considerarse una distancia de 300 a 500 m entre los materiales que van a ser regenerados. Como no es posible disponer de suficientes lotes aislados para la regeneración de germoplasma, la alternativa es el sistema controlado de la polinización, comúnmente la polinización que genera fraternales a través de la cruza Planta a Planta (Donald *et al.*, 1992).

Durante la regeneración pueden presentarse cambios indeseables debido a factores genéticos tales como cambios en la constitución genética, hibridación accidental y presiones de selección en el cultivo (Donald *et al.*, 1992). Las consecuencias que podría traer la regeneración de semilla serían los cambios en la frecuencia de alelos, así como la determinación del número de generaciones requeridas para que algunos genes puedan perderse bajo condiciones ambientales existentes donde la población puede llegar a evolucionar (Roelofsen, 1982).

2.3. Equilibrio de Hardy - Weinberg

La ley de Hardy-Weinberg establece que en una población alógama infinitamente grande y con apareamiento aleatorio, las frecuencias génicas y genotípicas permanecen constantes de generación en generación. Las frecuencias genotípicas quedan determinadas por las frecuencias génicas y el equilibrio se alcanza en una sola generación de apareamiento al azar, no importando la composición inicial de la población, siempre que exista ausencia de selección, mutación o migración (Falconer, 1990). El fundamento teórico de esta ley se basa en los principios de segregación y recombinación independiente de genes planteados por Mendel, para lo cual se supone la presencia de otras condiciones de difícil control en la práctica. Estas condiciones, incluyendo las mencionadas en la ley de Hardy - Weinberg se resumen de la siguiente manera: a) Tamaño de la población infinita; b) Apareamiento al azar; c) Ausencia de mutación, selección y migración; d) Herencia diploide; e) Dos alelos en cada locus; f) Genes autosómicos y g) Ausencia de herencia materna.

La ley de Hardy - Weinberg determina como se mantiene la variación genética existente en una población de apareamiento al azar a través de sus generaciones. En una población específica, explica el porqué no se manifiesta depresión en el rendimiento en generaciones avanzadas de variedades de polinización libre, en contraste a lo que sucede con las producidas por hibridación, donde es conocida la disminución del rendimiento en la segunda generación. En esa generación, las frecuencias genotípicas no están en equilibrio, pero a partir de la siguiente generación las frecuencias génicas y genotípicas se aproximan al equilibrio, no existiendo mayor disminución en el rendimiento. Los

gametos haploides masculinos y femeninos portaran los alelos recesivos y dominantes, estos al combinarse aleatoriamente en el proceso de la fecundación formarán nuevos genotipos cuyas frecuencias genotípicas dependerán directamente de las frecuencias génicas.

La interpretación estadística de los cambios y recombinaciones de genes y genotipos se hace en base a la expansión del binomio $(a + b)^2$. Cuando se tiene un par de genes se describe lo siguiente: $(a + b)^2 = a^2 + 2ab + b^2$. Los valores de a y b se sustituyen por los valores de las frecuencias del alelo dominante y recesivo, que por ser frecuencias, ambos suman la unidad. La frecuencia del alelo dominante se identifica por " p " y la del recesivo por " q "; $p + q = 1$. De esta manera se tiene:

$(p + q)^2 = p^2 + 2pq + q^2$. Es decir, las frecuencias génicas de p y q se recombinaron para distribuirse en la progenie en los genotipos homocigotos dominantes $AA = p^2$, heterocigotes $Aa = 2pq$ y los homocigotes recesivos $aa = q^2$.

En base a estos procesos algebraicos se puede demostrar que las frecuencias génicas y genotípicas se mantienen en equilibrio después de una generación de apareamiento aleatorio, de acuerdo a la ley de Hardy – Weinberg (Falconer, 1990).

2.3.1. Tamaño de la población

Una población en el sentido genético, no es sólo un grupo de individuos sino un grupo reproductivo. Las características de la población dependen de la constitución genética de los individuos y de la transmisión de los genes de una generación a la siguiente (Falconer, 1990). Una población genética se define como un grupo de individuos que comparten un mismo grupo de genes (Molina, 1992). En consecuencia,

entre estos individuos existen relaciones genéticas que confieren a la población características propias que la hacen diferente bajo condiciones de asociación simpátrica, a otra u otras poblaciones. Una población natural de un organismo alógamo normalmente tiene una variabilidad genética considerable aunque ésta solo se manifiesta parcialmente en el nivel fenotípico (Eilert, 1985).

La población esta considerada como un grupo grande de individuos de ambos sexos dentro del cual cada individuo tiene la misma probabilidad de aparearse con otro. A ésta población se le conoce también como población panmictica o mendeliana. Una población mendeliana tiene dos atributos principales que son: frecuencias génicas y fuente o reservorio génico (Falconer, 1990).

Las muestras de variaciones ocurridas sólo por azar pueden ser importantes para determinar los genes que se hallan entre el grupo de gametos que han dado origen a la prole. Todas las poblaciones son finitas y a medida que su tamaño disminuye, aumentan las probabilidades de que las frecuencias génicas de los gametos sean distintas de los que tiene la población parental debido a errores en la obtención de las muestras (Mettler y Gregg, 1972). El tamaño de la muestra constituye un problema práctico no sólo en programas de evaluación, sino también en la recolección, introducción, conservación, renovación e incremento de germoplasma. Para el caso de poblaciones de reproducción sexual, es frecuente que en cada generación cambien las frecuencias génicas debido a lo inadecuado de las muestras con que se incremento el material o debido a la selección natural o humana (Ortega, 1978).

La contribución de los gametos para la siguiente generación depende de plantas individuales, así como la estructura genética de la accesión que pueda cambiar conforme al tamaño efectivo de la población. Cuando el número de semillas y la polinización son

controladas durante la regeneración, el tamaño efectivo de la población tiende a ser el doble de la población original. Una muestra de semillas equilibrada generalmente representa familias menores que pueden ir dentro de un gran volumen de semilla. En sumatoria el número de semillas de plantas diferentes de cada muestra original pueden ser incluidas en la regeneración de semillas, a través de ciclos de selección esto es de gran importancia para el mantenimiento del tamaño efectivo de la población para evitar así deriva genética, incremento de endogamia y subsecuentemente pérdida de genes.

2.3.2. Métodos de polinización

Los métodos de polinización son usados para formar cruzas fraternales las cuales difieren en el grado de endogamia dependiendo del sistema de polinización. En maíz, dos métodos que comúnmente se usan para regenerar germoplasma son la polinización planta a planta (# PAP) o cruzas en cadena y la mezcla de polen proveniente de diversos individuos (#). Son cruzas fraternales el apareamiento entre plantas hermanas, generalmente para aumentar la semilla de líneas puras, o para el incremento y mantenimiento de la semilla de poblaciones heterocigotas cuando no es posible usar lotes aislados. El sistema de cruzamientos es uno de los factores mas importantes que afectan la estructura genética de la población (De Pace *et al.*, 1982). Estos autores señalan que un reducido tamaño de la población aunado a un aumento en la tasa de endogamia o alguna ventaja selectiva de los homocigotes puede incrementar el número de individuos semejantes en comparación con una población grande con apareamiento al azar.

En la regeneración de germoplasma se evita, la contaminación por posibles cruzamientos o mezclas de semillas y algunas pérdidas de alelos o erosión genética debido a poblaciones pequeñas y subsecuentemente, un incremento en los niveles de endogamia. El tamaño óptimo de la muestra para regenerar accesiones no emparentadas esta determinado por la frecuencia de alelos de genes raros presentes en la accesión (Taba, 1995).

La endogamia puede mantenerse por autofecundación o apareamiento dentro de líneas. La regeneración requiere polinización artificial cuando no se tiene ninguna parcela de campo en forma aislada. En el caso de muestras viejas de semilla su capacidad de germinación tiene una significativa disminución, ello puede ser difícil para establecer suficientes plantas que podrían polinizarse, en algunos casos las accesiones carecen de adaptación, debido a esto puede ser un fracaso la regeneración, esta dificultad puede ser parcialmente directa por la estimación del porcentaje de germinación de la muestra anterior por sembrar utilizando datos de pasaporte para seleccionar el lugar donde el material disponible esperado se adapte (Taba, 1995).

2.3.3. Investigaciones de la variación de los caracteres

Se han hecho pocos trabajos en los cuales se demuestre que hay variación en la población a través de generaciones subsecuentes y que finalmente llegue a equilibrarse comprobándose la ley de Hardy – Weinberg. Pérez (1997), al realizar una evaluación de generaciones filiales en nueve híbridos de maíz (*Zea mays* L.) en tres localidades de la zona tropical baja de Guatemala, concluyó que los híbridos F₁ son estadísticamente

superiores en rendimiento a la F_2 y F_3 . En la generación F_2 , las filiales entraron en equilibrio genético, ya que no existieron diferencias en rendimiento al pasar de F_2 a F_3 .

Los híbridos HE-9122, HB-85, HE-9103, y HE-9101, presentaron la mayor reducción de rendimiento al pasar de F_1 a F_2 con porcentajes de 39, 29, 28 y 28% respectivamente, mientras que el híbrido HA-28 mostró la menor reducción de rendimiento con 9%, al pasar de F_1 a F_2 .

Las filiales F_2 y F_3 fueron similares estadísticamente en rendimiento a las variedades de polinización libre lo cual indica que se puede utilizar semilla de generaciones avanzadas de híbridos, cuando no se disponga de semilla. También concluyó que en las características agronómicas días a floración, no sufre cambio al pasar de una generación a otra, mientras que las características altura de planta y altura de mazorca si presentaron cambios significativos al pasar de F_1 a F_2 , pero no existieron diferencias entre F_2 y F_3 .

III. MATERIALES Y METODOS

3.1. Localidades de estudio

El estudio se realizó en dos localidades, Tepalcingo, Mor. y Celaya, Gto. En la primera localidad se encuentra ubicado el campo experimental de la UAAAN donde se llevo acabo la multiplicación de semilla y la generación de los diferentes tratamientos. La evaluación posterior de los tratamientos se llevó a cabo en Celaya, Gto.

La localidad de Tepalcingo se encuentra localizada en los 18° 26' latitud Norte y 98° 18' longitud Oeste con una altitud de 1,100 msnm, con una temperatura media anual de 23°C y una precipitación media anual de 942.9 mm.

Características de Celaya, Gto. Se considera una localidad representativa del bajío mexicano, debido a que es muy importante para las actividades agrícolas de México. En ésta localidad se han hecho varias investigaciones que son de importancia para el desarrollo de la agricultura. Se encuentra ubicada en los 20° 31' latitud Norte y a los 100° 49' longitud Oeste, con una altitud de 1,800 msnm. Las condiciones climatológicas que predominan en la región son: Temperatura media anual de 18°C y una precipitación media anual de 683 mm.

3.2. Material genético

Se utilizó una variedad criolla de maíz recolectada en el ejido Garambullo, Municipio de Parras, Coahuila. Esta variedad de amplia base genética, se usó para estudiar la variación en la primera generación por los posibles efectos de dos métodos de polinización y diferente número de individuos. Se utilizó este material genético debido a que no se le sigue un método de manejo sistemático, por lo tanto pudiera suponerse que cumple con las características de una población panmictica.

3.3. Definición de los tratamientos

El planteamiento del experimento inició con la siembra del material genético en Tepalcingo, Mor. en el ciclo agrícola 1997-1998, usando parcelas de 4, 8 y 12 surcos, donde se sembraron 84, 168 y 252 individuos, en lo sucesivo se les identificará como M1, M2 y M3 respectivamente. El incremento del material con diferente número de individuos representa un muestreo diferente en la población (MUE). Se sembraron dos repeticiones de estos tratamientos para incrementarlos usando dos métodos de polinización: fraternales planta a planta (PAP) y Mezcla de polen (MEZ) respectivamente, lo cual dio como resultado un total de seis tratamientos.

Los métodos utilizados en la polinización (MPOL) realizada son fraternales planta a planta (PAP), donde el apareamiento fue entre plantas hermanas, como resultado a la cosecha se tiene una mezcla de familias de hermanos completos. En el caso de mezcla de polen (MEZ), se dividió la parcela en tal forma que de la mitad de la parcela se obtuvo polen para llevarlo a los jilotes cubiertos de la otra mitad y viceversa,

de esta manera a la cosecha se generaron familias de medios hermanos. En cualquiera de los dos casos se marcaron las bolsas con los signos # PAP (planta a planta), o simplemente # (fraternales) escribiendo el número de parcela y la fecha de polinización (Reyes, 1983). A la cosecha se desgranó la semilla correspondiente a cada tratamiento haciendo un compuesto balanceado. La combinación de tratamientos así como el número de individuos que representan a la siguiente generación se presentan en el cuadro 3.1.

La evaluación de los tratamientos se realizó en Celaya, Gto. durante el ciclo primavera - verano de 1998, la siembra se realizó el 27 de mayo del mismo año.

Cuadro 3. 1. Combinación de tratamientos utilizados en el estudio.

Tratamiento	MPOL	MUE	Número Surcos	Plantas sembradas	Plantas cosechadas	Proporción representada
1	PAP	M1	4	84	21	25.0
2	PAP	M2	8	168	27	16.1
3	PAP	M3	12	252	62	24.6
4	MEZ	M1	4	84	17	20.2
5	MEZ	M2	8	168	29	17.3
6	MEZ	M3	12	252	50	19.8

En el Cuadro 3.1, se observa el número de individuos sembrados así como el número de individuos cosechados en la primera generación de regeneración. Lo anterior da como resultado la proporción de individuos representada en la siguiente generación que en promedio es de 25%.

3.4. Diseño experimental

Para la evaluación de los seis tratamientos se utilizó el diseño bloques completos al azar con arreglo combinatorio factorial 2 x 3 con 2 repeticiones. Los factores estuvieron representados por los dos métodos de polinización (MPOL) y los tres muestreos (MUE) que representan a los individuos de la población provenientes de los 4, 8 y 12 surcos sembrados. La unidad experimental estuvo constituida por 4 surcos de 5 m de largo separados entre sí a 75 cm y 19 cm entre plantas. Se utilizaron los dos surcos centrales como parcela útil, para la toma de datos.

3.5. Manejo del cultivo

En la evaluación de los seis tratamientos, las labores realizadas fueron las siguientes:

- Siembra: La siembra se realizó a tierra venida, se utilizaron hilos y estacas para trazar los bloques, la siembra se realizó manualmente sembrando 4 surcos de 5 metros por tratamiento depositando 42 semillas en cada surco posteriormente se aclaró a 21 plantas por surco.
- Fertilización: La fertilización consistió en una dosis de 180-90-0 Kg/ha de Urea como fuente de Nitrógeno y como fuente de fósforo el superfosfato de amonio. Las proporciones de fertilizante de estos nutrientes, se distribuyeron de la siguiente manera en el terreno. Al momento de la siembra se aplicó el 50% de Nitrógeno de acuerdo con la fórmula establecida y toda la proporción de fósforo; el otro 50% de

Nitrógeno se aplicó al momento de realizar la primer labor cultural, el fertilizante fue aplicado manualmente.

- Riegos: Los riegos se fueron aplicando mediante riego por gravedad durante todo el desarrollo del cultivo. El número de riegos estuvo sujeto a las precipitaciones que se presentaron en la región y se aplicaron en base a las necesidades del cultivo así como a las condiciones climatológicas y edáficas.
- Labores culturales: Las labores culturales para esa localidad se realizaron durante todo el ciclo vegetativo del cultivo en el momento adecuado, dando más importancia en las primeras etapas de crecimiento y desarrollo, de tal manera que se mantuviera libre de malas hierbas el cultivo.

3.6. Variables registradas

En los dos surcos centrales de cada parcela se identificaron las 38 plantas constituyendo la unidad experimental, y a cada planta se le tomó individualmente las siguientes características:

- Floración masculina (FM). Esta variable se tomó de acuerdo al número de días transcurridos desde la siembra hasta que las plantas en forma individual mostraron dehiscencia de las anteras (derrame de polen).
- Floración femenina (FF). Se basó contando el número de días transcurridos desde la siembra hasta que, las plantas en forma individual en la parcela poseían estigmas receptivos.

- Altura de mazorca (AMAZ). Fue tomada en plantas individuales en la parcela desde la base de la planta hasta el nudo de la mazorca principal donde se encuentra insertada expresándose en cm.
- Hojas arriba de mazorca (HAM). Para la toma de este dato se consideró el número de hojas de las plantas individuales situado por arriba de la mazorca principal hasta la hoja bandera.
- Número de hileras (HIL). En esta variable se contó el número de hileras de cada mazorca cosechada de las plantas individuales.
- Longitud de mazorca (LMAZ). Se tomó midiendo la mazorca desde la base más gruesa donde inician los primeros granos hasta la parte más delgada de la mazorca donde terminan los últimos granos y se expresó en cm.
- Diámetro de mazorca (DMAZ). Esta variable fue medida tomando la parte media de la mazorca, usando un vernier, esto se realizó para todas las mazorcas, expresándose en cm.
- Diámetro de olote (DOLO). Se tomó midiendo la parte media del olote con un vernier, esta variable se expresó en cm.
- Porcentaje de humedad (HUM). La expresión del contenido de humedad del grano se realizó con base a peso húmedo, en este caso se calculó por diferencia de peso entre el peso original de la muestra (peso húmedo) y el peso después del secado en la estufa (peso seco) y se estimó en porcentaje (Moreno, 1984).
- Peso de mazorca (PMAZ). Esta variable se estimó pesando cada mazorca de cada planta individual y se expresó en gramos.

- Peso de semilla (PSEM). Esta variable se obtuvo desgranando la mazorca cosechada de cada planta, procediendo a pesar en una báscula y se expresó en gramos ajustando al 15% de humedad.
- Peso de mil semillas (PMILS). Esta variable se estimó con dos repeticiones de 100 semillas pesando una muestra tomada al azar de cada mazorca individual, ajustándose a un 15% de humedad, el resultado se expresa en gramos.
- Coeficiente de desgrane (DESG). Este dato se obtuvo dividiendo el peso de la semilla de cada mazorca individual entre el peso de la mazorca total individual y se ajustó al 15%.

3.7. Análisis de la información

3.7.1 Análisis de varianza.

Para cada variable registrada se le realizó un análisis de varianza mediante la metodología de un diseño de bloques completos al azar con arreglo factorial usando el procedimiento GLM de SAS (SAS, 1989). En cada análisis de varianza se probaron los efectos de MPOL y MUE para explorar la variación que genera cada uno de ellos, así como la forma en que interactúan. El modelo lineal utilizado fue el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + r_k + \alpha_i + \beta_j + \alpha\beta_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

$i = 1, 2, \dots, \alpha$ = Métodos de polinización (PAP y MEZ).

$j = 1, 2, \dots, \beta$ = Muestreos (M1, M2 y M3).

$k = 1, 2, \dots, r$ = Número de repeticiones (2)

$\varepsilon_{ijk} = \text{NI}(0, \sigma^2)$.

Donde:

Y_{ijk} = Variable de respuesta en k-ésima repetición de la combinación del i-ésimo nivel del factor a con el nivel j-ésimo del factor b.

μ = Efecto de la media general.

r_k = Efecto de la k –ésima repetición o bloque.

α_i = Efecto del i –ésimo nivel del factor a.

β_j = Efecto del j –ésimo nivel del factor b.

ε_{ijk} = Error experimental, variable aleatoria a la cual se le asume distribución normal e independencia con media cero y varianza constante.

3.7.2 Análisis de dispersión

De la información recolectada para cada nivel dentro de los factores MPOL y MUE se procedió a obtener un número constante de individuos tomados al azar. Se escogieron 38 individuos que representaban a la población en cada uno de los seis tratamientos y se determinó por varianza (s^2), y posteriormente se calculó el error estándar de la media $E.E.(\bar{Y}_i)$ como sigue:

$$E.E.(\bar{Y}_i) = \frac{s}{\sqrt{n}}$$

donde: s = desviación estándar de la media.

n = número de individuos que representan a la muestra.

3.7.3 Análisis multivariado

Con la información obtenida en las variables en estudio se procedió a realizar un análisis estadístico multivariado discriminante canónico usando el procedimiento

CANDIS de SAS (SAS, 1989). Este análisis es una técnica de reducción de dimensiones que conjuga los análisis de componentes principales y correlación canónica, donde se explora la relación entre grupos de variables cuantitativas.

El análisis calcula la estructura canónica que consiste en obtener los coeficientes que representan la contribución de las variables originales en las combinaciones lineales nuevas (variables canónicas). Estos coeficientes son proporcionales al coeficiente de correlación entre las variables originales y las variables canónicas, por lo tanto, son útiles para la interpretación y caracterización de los mismos. Además, este análisis calcula la distancia generalizada de Mahalanobis entre pares de vectores de media.

$$D_{ij}^2 = (\bar{x}_i - \bar{x}_j)' S^{-1} (\bar{x}_i - \bar{x}_j)$$

donde:

D_{ij}^2 = Distancia generalizada entre los vectores de medias de la clase i y la clase j .

S = Matriz de varianzas y covarianzas.

$(\bar{x}_i - \bar{x}_j)$ = Diferencia entre vectores de medias de la clase i y el vector de medias de la clase j .

IV. RESULTADOS Y DISCUSION

4.1. Análisis de Varianza

Se realizó un análisis de varianza (ANDEVA) para cada variable en base al diseño de bloques completos al azar. Debido a que los resultados del ANDEVA no mostraron eficiencia relativa de los bloques con respecto al DCA, se procedió a obtener los análisis de varianza usando un diseño completamente aleatorio (DCA).

En el cuadro 4.1 se presentan los cuadrados medios del análisis de varianza donde se prueban las diferencias entre métodos de polinización (MPOL), muestreos (MUE) así como la interacción MPOL* MUE. Con respecto a los métodos de polinización (MPOL), solo en las variables HAM y DOLO se encontró diferencia estadística al 0.05 de probabilidad (Cuadro 4.1). En el resto de las variables no se encontró diferencia estadística significativa. Al comparar los niveles correspondientes a los muestreos (MUE), la variable PMILS mostró diferencia significativa al 0.05 de probabilidad; en tanto que AMAZ, FM y FF mostraron diferencia entre los niveles de muestreos al 0.01 de probabilidad. Lo anterior sugiere que la proporción relativa debida a los muestreos están generando diferencias en los caracteres antes mencionados, y al parecer el efecto del muestreo en los individuos que representan a la población es más sensible que entre los métodos de polinización.

Cuadro 4. 1. Cuadrados Medios del análisis de varianza y coeficientes de variación para los diferentes caracteres en estudio.

	MPOL	gl	MUE	gl	MPOL*MUE	gl	Error	gl	C.V.
AMAZ	0.026	1	0.250 **	2	0.116 *	2	0.040	254	10.9
HAM	6.631 *	1	2.303	2	3.784 *	2	1.207	254	11.8
FM	18.974	1	69.941 **	2	36.286 *	2	11.749	254	4.5
FF	40.956	1	99.318 **	2	24.721	2	15.652	254	5.1
HUM	17.914	1	9.580	2	44.206 **	2	9.344	254	18.8
HIL	5.871	1	21.262	2	4.247	2	8.110	254	16.6
LMAZ	10.433	1	0.083	2	6.505	2	8.127	254	21.5
DMAZ	0.027	1	0.592	2	0.718	2	0.299	254	10.9
DOLO	0.688 *	1	0.151	2	1.499 **	2	0.124	254	14.0
PMAZ	1656.553	1	3196.931	2	3876.316	2	4171.32	253	35.4
PSEM	1727.428	1	2391.765	2	3446.454	2	2988.84	253	35.7
PMIL	1223.249	1	17486.852 *	2	981.021	2	3787.32	253	18.8
DESG	0.003	1	0.000	2	0.004	2	0.002	253	4.7

*, ** Significativo al 0.05 y 0.01 respectivamente.

En el cuadro 4.1 también se muestran los resultados de la interacción MPOL*MUE. Al respecto, se encontró diferencia significativa al 0.05 de probabilidad para las variables AMAZ, HAM y FM, en tanto que para las variables HUM y DOLO la significancia fue al 0.01 de probabilidad.

Estas diferencias estadísticas indican el comportamiento diferencial de los muestreos con respecto a los métodos de polinización usados. En términos generales, los coeficientes de variación son aceptables excepto para el peso de mazorca y el peso de semilla donde se obtuvo coeficientes de 35.5 y 35.7% respectivamente (Cuadro 4.1).

Cuadro 4. 2. Medias de Métodos de polinización (MEZ y PAP), muestreos (MUE) y la interacción MPOL*MUE para las variables en estudio.

	AMAZ m	HAM	FM d	FF d	HUM %	HIL	LMAZ cm	DMAZ cm	DOLO cm	PMAZ g	PSEM g	PMILS g	DESG %
MEZ	1.82	9.13	75.44	77.33	16.53	17.00	13.04	5.02	2.57	179.85	150.69	328.82	0.84
PAP	1.84	9.46	76.00	78.16	15.98	17.32	13.46	5.00	2.46	184.88	155.91	324.61	0.84
M1	1.9	9.36	76.77	78.79	16.66	17.74	13.26	5.01	2.49	176.95	148.75	317.65	0.84
M2	1.8	9.12	74.75	76.77	16.09	16.75	13.19	5.10	2.57	188.14	158.28	342.66	0.84
M3	1.8	9.38	75.76	77.78	16.10	17.03	13.27	4.94	2.50	180.91	151.85	319.14	0.84
MEZ*M1	1.9	9.41	75.82	78.78	16.34	17.38	13.23	4.91	2.42	175.44	147.80	323.06	0.84
MEZ*M2	1.8	8.98	74.35	76.76	17.09	16.83	12.70	5.17	2.75	179.15	149.40	341.31	0.83
MEZ*M3	1.8	9.06	76.18	77.78	16.14	16.86	13.22	4.97	2.53	183.88	154.11	321.46	0.84
PAP*M1	1.9	9.32	77.44	79.80	16.96	18.07	13.29	5.10	2.55	178.39	149.65	312.51	0.84
PAP*M2	1.8	9.28	75.28	77.77	14.97	16.65	13.73	5.01	2.37	198.42	168.42	344.20	0.85
PAP*M3	1.9	9.82	75.26	77.78	16.05	17.26	13.33	4.88	2.47	176.92	148.82	316.01	0.84

De lo anterior se deduce que en el análisis individual de cada variable estudiada no se muestra claramente algún patrón que indique a profundidad los efectos de los MPOL y MUE en el incremento de una variedad de amplia base genética siguiendo los métodos utilizados. Sin embargo, las diferencias estadísticas encontradas en algunas variables tanto entre MPOL como en MUE sugieren que es probable que existan efectos en forma conjunta que se expresan en el fenotipo de los individuos de la primera generación como resultado de la regeneración de germoplasma, tal como lo muestra los resultados de la interacción MPOL*MUE en algunas variables (Cuadro 4.1).

Las medias de cada uno de los niveles dentro de MPOL y MUE, así como la interacción MPOL*MUE se presenta en el cuadro 4.2. La comparación de los niveles dentro de los factores de estudio esta dada por la prueba estadística correspondiente (Cuadro 4.1). Las medias de tratamientos para cada variable no representan un patrón definido que indique los posibles efectos tanto de muestreos como entre métodos de polinización (Cuadro 4.2).

4.2. Análisis de dispersión

Con el propósito de explorar la dispersión que generan los individuos de la primera generación de regeneración, se escogieron 38 individuos al azar de cada combinación de tratamientos y se determinó su varianza (s^2), posteriormente se calculó su error estándar de la media [$E.E.(\bar{Y}_i)$].

El error estándar de la media permite hacer comparaciones entre los diferentes tratamientos (MPOL y MUE) con respecto a la dispersión de la muestra obtenida al azar. Los resultados se presentan en el Cuadro 4.3. Un número constante de individuos de cada combinación de tratamientos ayudara a explorar la relación que por efectos del muestreo aleatorio se genera al someter diferentes tamaños de muestreo bajo dos métodos de polinización.

Cuadro 4. 3. Error estándar de la media [$E.E.(\bar{Y}_i)$] para una población de individuos (n=38) obtenidos al azar de cada tratamiento.

FACTORES	NIVELES	AMAZ m	HAM	FM d	FF D	HUM %	HIL	LMAZ cm	DMAZ cm	DOLO cm	PMAZ cm	PSEM g	PMILS g	DESG %
MPOL	PAP	0.018	0.108	0.324	0.389	0.295	0.260	0.289	0.051	0.029	6.417	5.408	6.129	0.002
	MEZ	0.019	0.101	0.337	0.369	0.290	0.261	0.257	0.048	0.038	5.745	4.869	5.526	0.007
MUE	M1	0.025	0.138	0.404	0.490	0.381	0.298	0.332	0.059	0.033	7.200	6.142	6.865	0.003
	M2	0.022	0.120	0.406	0.458	0.367	0.300	0.320	0.059	0.051	6.557	5.642	8.717	0.004
	M3	0.022	0.126	0.303	0.416	0.328	0.348	0.355	0.063	0.041	8.443	6.999	7.456	0.004
MPOL*MUE	PAP*M1	0.034	0.192	0.507	0.645	0.568	0.461	0.519	0.081	0.037	10.906	9.279	10.480	0.005
	PAP*M2	0.027	0.176	0.522	0.638	0.444	0.401	0.428	0.095	0.059	9.851	8.153	8.960	0.005
	PAP*M3	0.036	0.184	0.594	0.696	0.488	0.461	0.553	0.089	0.053	12.458	10.461	11.940	0.005
	MEZ*M1	0.036	0.201	0.617	0.734	0.517	0.374	0.422	0.085	0.054	9.548	8.173	8.930	0.005
	MEZ*M2	0.035	0.160	0.622	0.657	0.537	0.449	0.467	0.068	0.071	8.828	7.849	10.760	0.008
	MEZ*M3	0.025	0.148	0.488	0.466	0.444	0.524	0.452	0.090	0.061	11.495	9.382	9.010	0.006

En el cuadro 4.3 se observa una ligera tendencia a incrementarse el error estándar de la media cuando se usa el método de polinización planta a planta (PAP). Las variables con este comportamiento son: HAM, FF, HUM, LMAZ, DMAZ, PMAZ, PSEM y PMILS. En el resto de las variables se encontró un comportamiento opuesto. Con respecto a los muestreos (MUE), el comportamiento varía en función de las características en estudio. Aun cuando las diferencias son pequeñas, se puede observar que el error estándar se incrementa con relación a la reducción del número de individuos que representa a la población para las variables AMAZ, HAM, FM, FF y HUM. En tanto que las variables HIL, LMAZ y DMAZ siguen una respuesta opuesta. Por otro lado, DOLO, PMAZ, PSEM y PMILS no muestran tendencia alguna.

Se comento anteriormente sobre los efectos de interacción observados para algunas variables (Cuadro 4.1). El comportamiento de los errores estándar encontrados entre MPOL y MUE para las diferentes variables (Cuadro 4.3), apoyan la significancia encontrada entre MPOL*MUE. La interacción de los muestreos dentro de PAP no muestra una tendencia con respecto al número de individuos, en particular por el comportamiento del M2 donde el resultado se dispara fuera de lo esperado para la mayoría de las variables. Al comparar estos resultados con los resultados del incremento de semilla usando mezcla de Polen (MEZ), se encontró que el error estándar tiende a incrementarse con relación a la disminución del número de individuos. Las variables que muestran esta tendencia son AMAZ, HAM, FM, FF y HUM, coincidiendo con el comportamiento de estas variables al analizar los muestreos. Con excepción de FF el resto de estas variables mostraron significancia estadística en la interacción MPOL*MUE (Cuadro 4.1). También se observa en el Cuadro 4.3 que en las variables HIL,

LMAZ, PMAZ y PSEM el error estándar tiende a incrementarse con respecto al aumento en el número de individuos que representan a la población.

Según estos resultados, es difícil determinar los efectos del método de polinización y el número de individuos en la regeneración de germoplasma usando variables cuantitativas. La explicación teórica a los efectos de MPOL y MUE puede deberse según Falconer (1990) a dos criterios principalmente: a) varianza de la frecuencia génica y 2) la tasa de endogamia producida en una generación de regeneración dada.

Partiendo de una población en equilibrio, la varianza de las frecuencias génicas $\sigma_q^2 = \frac{p_0q_0}{2N}$ será mayor cuando se reduce el número de individuos que participan en la constitución genética de la generación siguiente. Aunque aquí se supone un apareamiento entre individuos completamente aleatorio, lo cual incluye cierto grado de endogamia también aleatorio. Por otro lado, si se considera los efectos de la endogamia (F) en una generación dada, y partiendo de una población en panmixia, la $\sigma_q^2 = p_0q_0F$ estará influenciada por éste coeficiente de endogamia. De esta manera, se discutirá los efectos de métodos de polinización como resultado en la endogamia entre los individuos de la siguiente generación. El método de polinización PAP por su sistema de cruzamientos generará una mezcla de familias de hermanos completos, donde el coeficiente de endogamia entre individuos de la descendencia es de 0.25; mientras que en la mezcla de polen (MEZ) se tienen familia de medios hermanos, es decir un coeficiente de endogamia de 0.125, el 50% menos que una familia de hermanos completos (Falconer, 1990).

Considerando la variación de la población, los dos métodos de polinización y el número de individuos, objeto del presente estudio, se espera que el error estándar se reduzca con un aumento en el número de individuos. Desde el punto de vista de los niveles de endogamia que generan ambos métodos es de esperarse que el método mezcla de polen obtenga valores menores de errores estándar, lo cual coincide en ocho de las trece variables estudiadas (Cuadro 4.3). Los individuos obtenidos a través de, PAP son por definición muy parecidos debido a que provienen de un padre y una madre y por lo tanto, la varianza dentro de ellos es reducida, pero puede ser mayor cuando se comparan individuos de otro cruzamiento.

Cuando se reduce el número de individuos existe un muestreo aleatorio de genes lo que ocasiona deriva genética en la población. Como resultado se tendrá una población representada por muy pocos individuos que dependiendo del sistema de polinización será la semejanza entre ellos en la siguiente generación. Desde el punto de vista del muestreo de alelos para conservación de germoplasma, la mezcla de polen tiene mayores probabilidades de retener el máximo de alelos diversos por la cantidad de padres (masculino) que intervienen en la descendencia. Se recomienda que la muestra óptima para representar a una población de maíz es de 100 mazorcas (Crossa, 1989). En este sentido, el número de individuos pudiera reducirse si se usa mezcla de polen para incrementar el germoplasma. En variables cuantitativas, el valor absoluto de las clases que caracterizan a la muestra de la población se reducen entre familias de HC, comparados con los obtenidos entre familias de Medios hermanos. Lo anterior repercute en el valor absoluto de la desviación estándar entre los individuos que representan la muestra de la población y por consiguiente, el error estándar de la media de la población.

4.3. Análisis multivariado

La ausencia de patrones claros en la interpretación de los efectos de los métodos de polinización y muestreos sobre los posibles cambios en la estructura genética de la población, sugirió efectuar un análisis de varianza multivariado. En estos análisis se pretende reducir la dimensionalidad del problema analizando la variación total representada por las variables originales, la cual es explicada por unas cuantas variables nuevas, generalmente expresada en dos dimensiones.

Con la información de las trece variables originales se procedió a realizar un análisis discriminante canónico, que es una combinación del análisis de componentes principales y correlación canónica, usando el procedimiento CANDISC de SAS (SAS, 1989). El análisis genera a partir de las variables originales una serie de variables nuevas (variables canónicas) que son combinaciones lineales con la contribución de las variables originales. A diferencia de las variables originales, estas nuevas variables canónicas son combinaciones lineales independientes, es decir, no correlacionadas.

Con el propósito de entender el problema objeto del presente estudio, se obtuvo un análisis donde se comparan los métodos de polinización; en seguida, se obtuvieron dos análisis para comparar los muestreos, dentro de Mezcla de Polen (MEZ) y dentro de Planta a Planta (PAP), estos últimos analizan la interacción entre MPOL y MUE.

La estructura canónica para cada análisis se presenta en el Cuadro 4.4. En los análisis para comparar los métodos de polinización (MPOL) y los muestreos (MUE) intervinieron 13 variables originales. Los coeficientes de las combinaciones lineales para las dos primeros componentes (CAN1 y CAN2) representan la contribución de estas variables originales en las variables canónicas. La varianza explicada entre estas variables originales se explica en su mayoría por los dos primeros componentes.

Cuadro 4. 4. Estructura canónica del análisis discriminante canónico.

VARIABLES	MPOL		MUE/MEZ		MUE/PAP	
	CAN1	CAN2	CAN1	CAN2	CAN1	CAN2
AMAZ	0.187	-0.110	0.523 *	-0.217	-0.159	0.197
HAM	0.443 *	-0.305 *	0.247	-0.218	-0.045	0.482 *
FM	0.240 *	0.098	0.289 *	0.425 *	-0.435 *	-0.387 *
FF	0.294 *	0.007	0.345 *	0.316 *	-0.413 *	-0.261 *
HUM	-0.253 *	0.079	-0.179	-0.270 *	-0.441 *	-0.016
HIL	0.191	0.277 *	0.114	-0.140	-0.339 *	-0.090
LMAZ	0.239	0.251 *	0.137	0.131	0.135	-0.072
DMAZ	-0.016	0.000	-0.318 *	-0.145	-0.025	-0.422 *
DOLO	-0.447 *	-0.030	-0.554 *	-0.164	-0.398 *	-0.023
PMAZ	0.117	0.172	-0.029	0.165	0.223	-0.165
RSEM	0.143	0.249	-0.010	0.160	0.248	-0.174
PMILS	-0.101	-0.182	-0.212	-0.247 *	0.366 *	-0.177
DESG	0.287 *	0.641 *	0.174	-0.071	0.360 *	-0.065

* Variables mas importantes que contribuyen a caracterizar a cada componente.

Los valores mas altos de estos coeficientes son los que determinan la importancia de estas variables originales en la determinación de cada variable canónica. Estos coeficientes son proporcionales al coeficiente de correlación. Con propósitos de interpretación, estos coeficientes caracterizan a cada uno de los componentes (CAN1 y CAN2). Los valores de D^2 , F y la probabilidad mayor que F para la comparación entre los diferentes niveles según los análisis anteriores se presenta en el Cuadro 4.5.

Cuadro 4. 5. Distancia de Mahalanobis, F y $Pr > F$ para la comparación de niveles de métodos de polinización, y los muestreos dentro de cada método de polinización.

FACTOR	COMPARACION	D^2	F	Pr > F
MPOL	PAP vs MEZ	0.50	2.37	0.0053 **
MEZ	M1 vs M2	3.78	5.71	0.0001 **
	M1 vs M3	1.33	2.06	0.0208 *
	M2 vs M3	1.53	2.06	0.0025 **
PAP	M1 vs M2	2.79	4.00	0.0001 **
	M1 vs M3	1.63	2.23	0.0126 *
	M2 vs M3	1.79	2.47	0.0055 **

La comparación de los dos métodos de polinización con una $D^2 = 0.50$ es significativa al 0.01 de probabilidad, lo cual indica que usando la información de las trece variables es posible encontrar diferencias entre ellas. Con respecto a la comparación entre los muestreos, se encontró diferencia altamente significativa para todas las comparaciones excepto entre el M1 vs M3 donde la significancia se dio al 0.05 de probabilidad, que fue el mismo resultado dentro de los dos métodos de polinización. De esta manera, usando todas las variables fenotípicas en un análisis multivariado, aparentemente se encuentran diferencias entre los niveles de los factores objeto de estudio, lo cual se dificulta cuando se analizan las variables en forma particular.

4.3.1. Métodos de polinización

La representación gráfica de las dos primeras variables canónicas se presenta en la Figura 1. La varianza total contenida en las variables originales esta representada en los dos componentes, la interpretación esta dada por la estructura canónica para los

MPOL (Cuadro 4.4). La dispersión de las observaciones en la Figura 1 puede constatar que visualmente puede notarse una diferencia entre los dos métodos de polinización. Los individuos provenientes de la polinización PAP se encuentra en su mayor parte concentrados hacia el lado derecho del primer componente. De acuerdo a los coeficientes que determinan la contribución de las variables originales, representa a los individuos más tardíos y con un mayor número de hojas arriba de la mazorca. Sin embargo, cuentan con un reducido diámetro de olote. En cuanto a la dispersión de las observaciones en este método de polinización puede notarse que es reducido comparado con el método de mezcla de polen el cual se encuentra distribuido hacia los cuatro cuadrantes de la Figura 1. En relación a la contribución de las variables originales, en la mezcla de polen se puede inferir que existe una contribución promedio en la caracterización tanto del componente 1 como el 2 (CAN1 y CAN2). Considerando que la variación explicada por estos dos componentes es la variación contenida en las 13 variables originales, la dispersión relativa entre los dos métodos de polinización puede deberse al muestreo de la variación existente en la población original que ambos métodos realizan. Desde el punto de vista de la regeneración de germoplasma donde se quiere representar o mantener al máximo la variabilidad genética, al parecer con la información obtenida en este estudio, el método de incremento a través de la mezcla de polen pudiera ser más eficiente. Es decir, se tiene una muestra de la variación más fiel comparada con PAP, tal vez debido al efecto de la endogamia, lo cual repercute en que los individuos son más parecidos y por lo tanto, entre ellos más variables, pero representan a una proporción menor de la variación existente en la población.

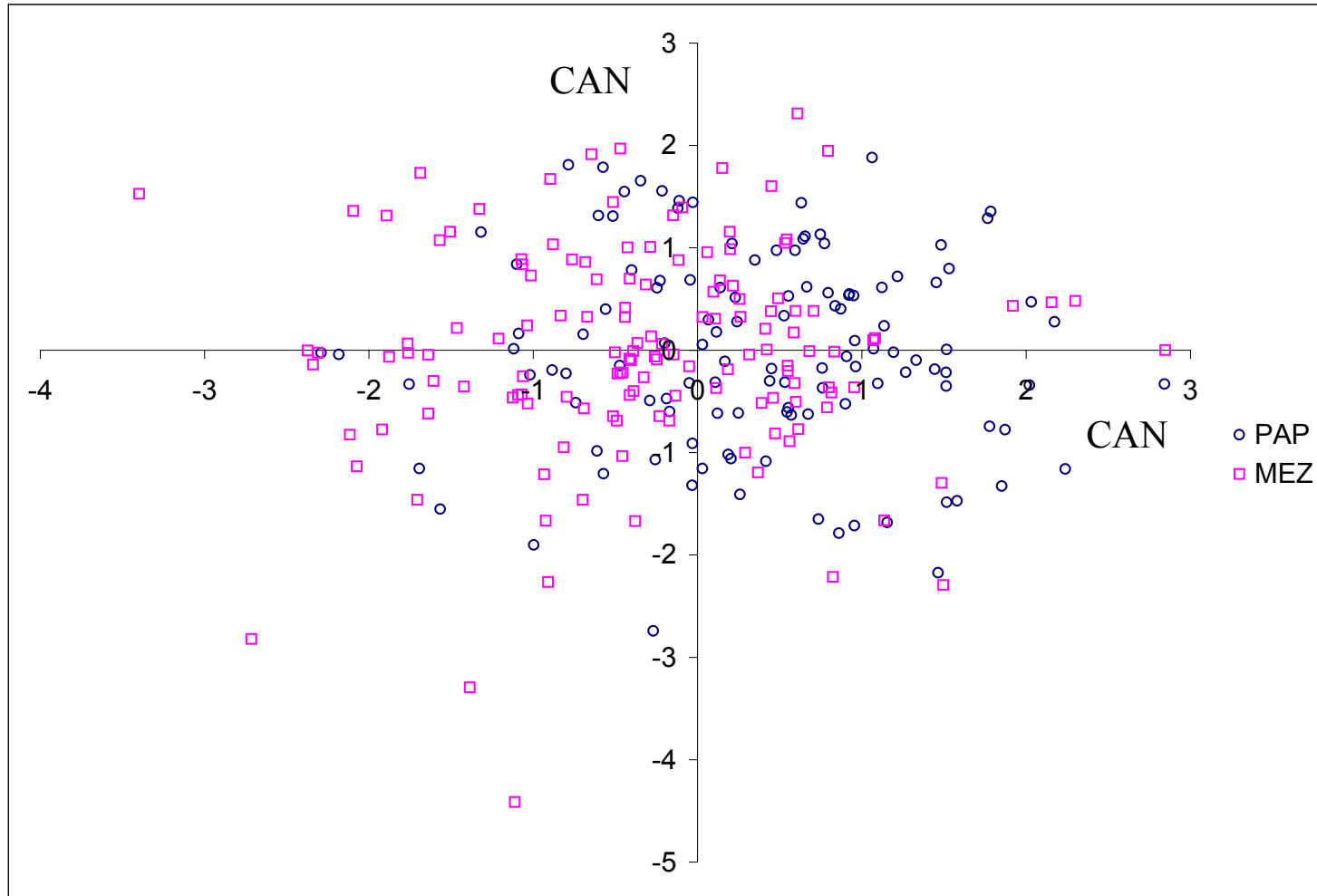


Figura 4. 1. Dispersión de individuos de la primera generación usando la polinización planta a planta (PAP) y mezcla de polen (MEZ).

4.3.2. Efecto de muestreos dentro de polinización mezcla de polen.

La Figura 2 muestra la dispersión de las observaciones obtenidas usando el método de polinización MEZ de acuerdo a la estructura canónica del Cuadro 4.4. Se puede observar que las observaciones provenientes del mayor número de individuos (M3) se encuentran distribuidos en la parte central del primer componente (CAN1), en tanto que el muestreo M1 y M2 se encuentran localizados hacia ambos lados del componente CAN1. El primer componente canónico representa la mayor proporción de la varianza explicativa contenida en las variables originales.

Considerando los coeficientes que determinan la contribución de las variables originales con la primera variable canónica puede observarse que en el M1, los individuos son más tardíos y con mayor altura de mazorca, asociados con una reducida longitud y diámetro de mazorca comparados con los individuos del M2 que se encuentra hacia el otro extremo de la Figura 2. Por otro lado, en el M3 los individuos se encuentran localizados en la parte central del componente CAN1 y distribuidos a lo largo del componente CAN2 lo cual indica la representación promedio en función de las variables originales.

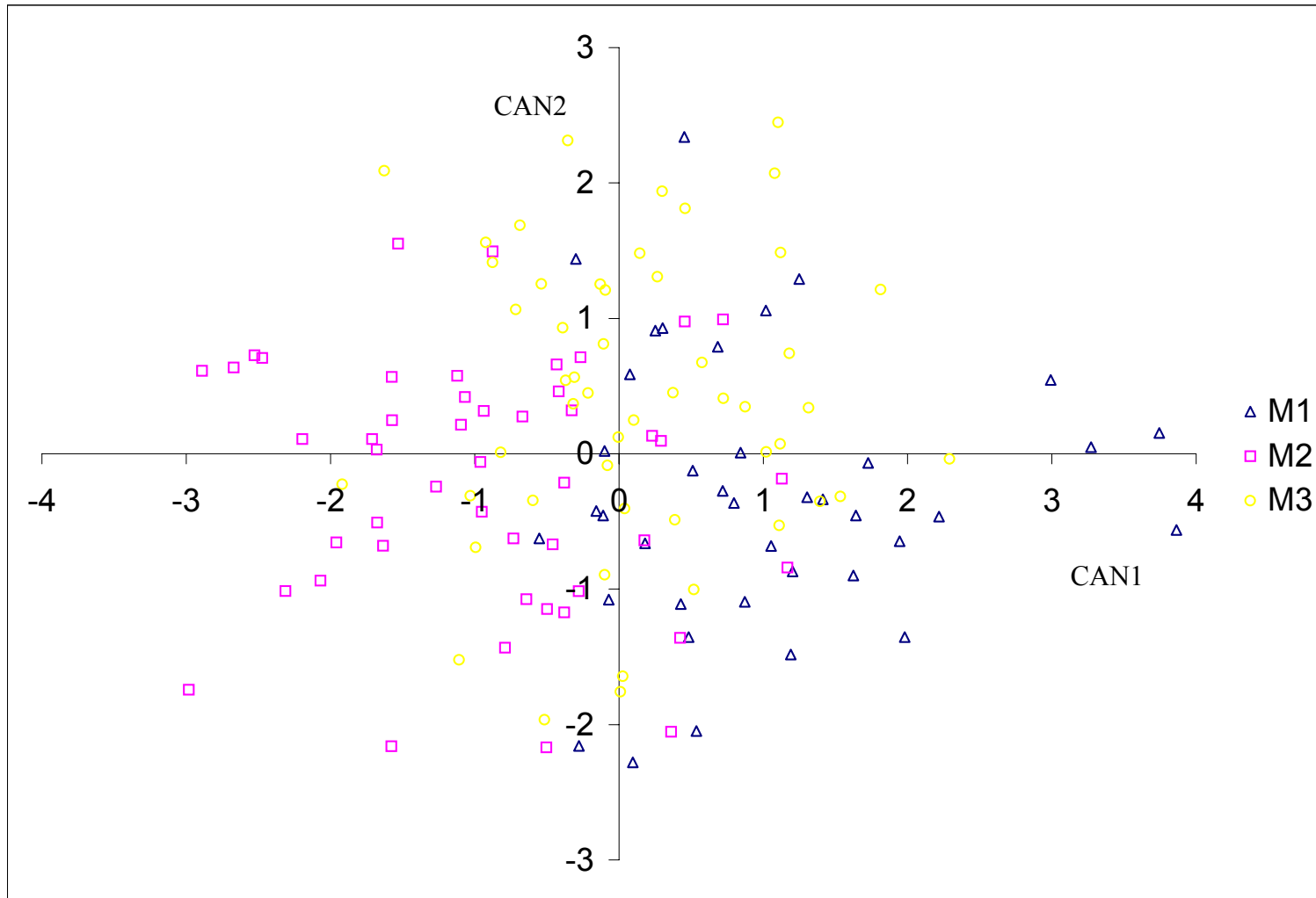


Figura 4. 2. Efecto del número de individuos (MUE) dentro del método de polinización mezcla de polen (MEZ).

4.3.3. Efecto de muestreos dentro de polinización planta a planta.

La representación gráfica de los resultados en este análisis se presenta en la Figura 3. Se puede observar que en general se sigue la tendencia encontrada en el análisis anterior, correspondiente a la mezcla de polen. Los individuos del M1 y M2 se encuentran localizados hacia los extremos del primer componente CAN1. Sin embargo, a diferencia del método mezcla de polen, en este análisis la distribución de M3 es muy amplia. Es probable que esta diferencia se deba a los efectos ocasionados por el nivel de endogamia la cual es el doble comparado con los coeficientes entre individuos provenientes de la mezcla de polen. Es importante señalar que M1 y M2 están en sentido opuesto comparados con la mezcla de polen. Esto se puede constatar con la relación de los coeficientes proporcionales a la correlación entre las variables originales y las nuevas variables canónicas Cuadro 4.4.

En este mismo Cuadro 4.4 se puede observar que las variables que son importantes para definir las variables canónicas en el método mezcla de polen no son las mismas que definen los componentes en PAP. Probablemente la selección indirecta de individuos al efectuar las polinizaciones como la endogamia que se genera en PAP contribuyan a fijar algunos caracteres o bien un muestreo aleatorio de alelos que repercuten en la expresión fenotípica de los individuos.

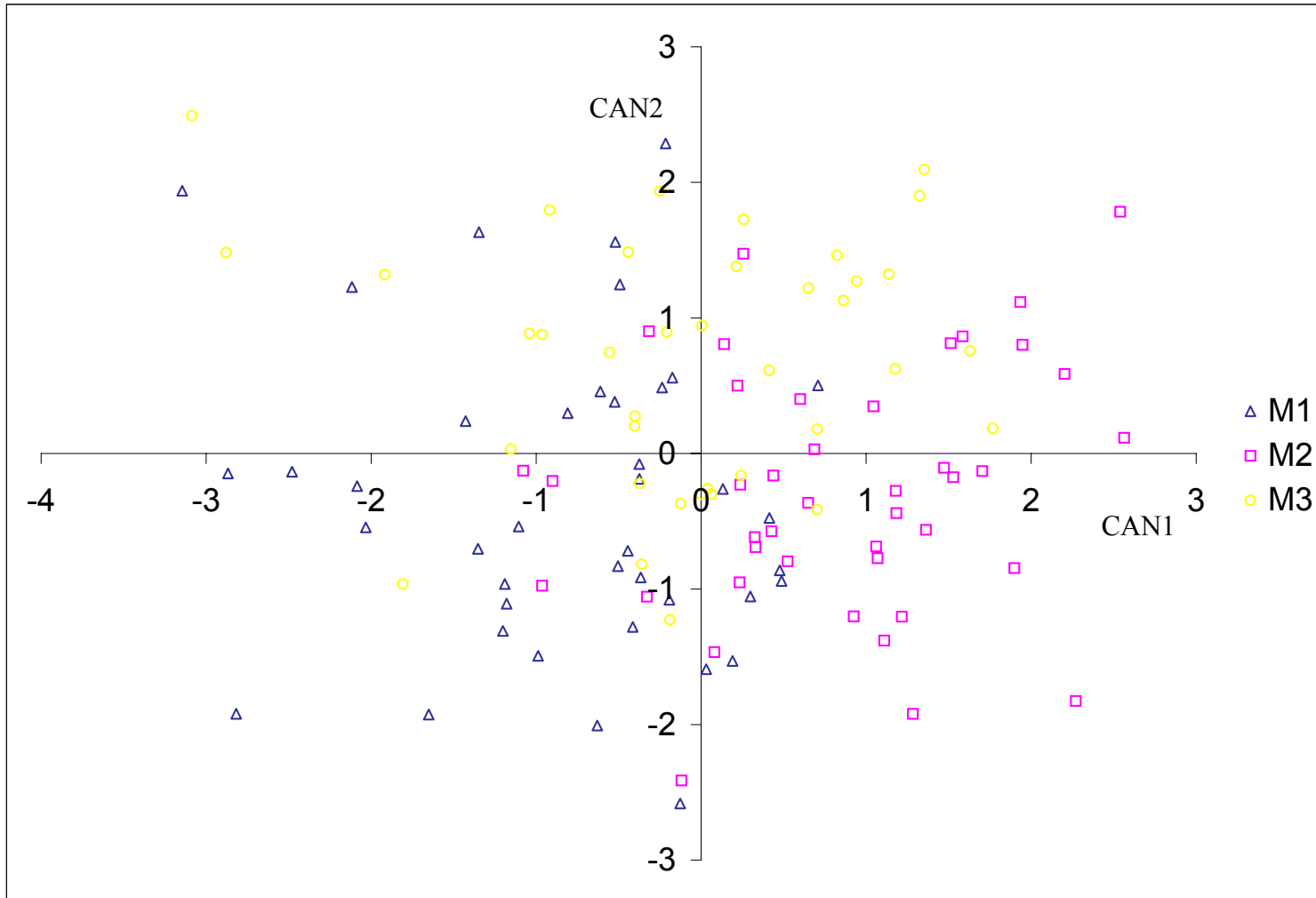


Figura 4. 3. Efecto del número de individuos (MUE) dentro del método de polinización planta a planta (PAP).

V. CONCLUSIONES

1. Los métodos de polinización planta a planta y mezcla de polen tienen un efecto diferencial en las características fenotípicas de los individuos de la siguiente generación de regeneración, debido en parte al muestreo aleatorio de individuos y consecuentemente de los alelos, además del nivel de endogamia que producen.
2. La expresión de la variación fenotípica de los individuos de la primera generación de regeneración depende de las características en estudio; en algunos caracteres agronómicos esta tiende a incrementarse conforme se reduce el número de progenitores, siendo diferente en magnitud con respecto a los métodos de polinización.
3. El análisis del comportamiento observado en el presente estudio permite suponer que en la medida que se reduce el número de progenitores del tamaño óptimo recomendado, la representación de la variación existente en la población original puede ser más efectiva cuando se usa el método de polinización a través de mezcla de polen.

VI. BIBLIOGRAFIA

- Crossa, J. 1989. Methodologies for estimating the sample size required for genetic conservation of outbreeding crops. *Theor. Appl. Genet.* 77: 153-161.
- De Pace, C., L.M. Monti, P. Perrino, E. Porceddu, P.L. Spagnoletti Zeuli and G.T. Scarascia Mugnozza. 1982. Theoretical aspects and practical implications of cross-pollination on seed regeneration of field crop genetic resources. *In:* Porceddu E. and G. Jenkins (Ed). *Seed Regeneration in Cross-pollinated Species*. A. A. Balkema / Rotterdam, Netherlands.
- Donald, L.P., J.T. Williams, N.J.H. Smith y N.M. Anishetty. 1992. *Los Bancos Genéticos y la Alimentación Mundial*. Trad. por CIAT. San José, Costa Rica. Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura. Centro Internacional de Agricultura Tropical, 260 p.
- Echeverría, R.G. 1990. Inversiones públicas y privadas en la investigación sobre maíz en México y Guatemala. Documento de Trabajo 90/03 del Programa de Economía del CIMMYT. CIMMYT. México, D.F.
- Eilert, H. G. 1985. *Genética cuantitativa. II: Selección*. Segunda edición. Editorial PUGLIESE- SIENA S.R.L. Córdoba República de Argentina. 249 p.
- Falconer, D.S. 1990. *Introducción a la genética cuantitativa*. Segunda edición. Compañía Editorial Continental S.A. de C.V., México Calzada de Tlalpan núm. 4620, México D.F. 383 p.
- FAO. 1987. *Production yearbook*. Food and Agriculture Organization. Rome Italy.
- Hanson, J. 1985. *Procedures for Handling seeds in genebanks*. Practical Manuals for Genebanks: No. 1. IBPGR. Rome, Italy.
- Hawkes, J.G. 1982. Genetic Conservation of “recalcitrant species” – an overview. *In:* Crop genetic resources: The conservation of difficult material. LA. Withers, J.T. Williams (Eds). París, IUBS/IBPGR. p. 83-92
- Mettler, E. L., y G.T. Gregg. 1972. *Genética de las poblaciones y evolución*. Primera edición. Editorial Hispano- Americana, de México, D.F. 245 p.
- Marshall, D.R. 1990. Crop genetic resources: Current and emerging issues. *In:* Brown, A.H.D., M.T. Clegg, A.L. Kahler, and B.S. Weir. (eds.). *Plant Population*

- Genetics, Breeding, and Genetic Resources. Sunderland, MA, Sinauer Associates.
- Molina G., J.D. 1992. Genética de poblaciones y cuantitativa. Primera edición. A.G.T. editor, S.A. Progreso 202 – Planta alta c.p. 11800 México, D.F. 343 p.
- Moreno M., E. 1984. Análisis físico y biológico de semillas agrícolas. Primera edición Universidad Nacional Autónoma de México. Ciudad Universitaria. 04510 México, D.F. 383 p.
- Ortega P.,R. 1978. Evaluación de Recursos Genéticos. *In*: Análisis de los Recursos Genéticos Disponibles en México. Sociedad Mexicana de Fitogenética, A.C.(ed) Tarciso Cervantes Santana , Chapingo, México.
- Peréz, R.C.N. 1997. Evaluación de generaciones filiales de nueve híbridos de maíz (*Zea mays* L.) en tres localidades de la zona tropical de la baja Guatemala, Tesis: Profesional, U.R.L.F. de C.A. y A. Pag. 57.
- Reyes, C.P. 1983. Fitogenotecnia básica y aplicada. Primera edición. A.G.T. Editor, S.A. progreso 202- planta alta México 18- D.F. 460 P.
- Roelofsen, H. 1982. Genetic conservation by regeneration. *In*: Porceddu E. and Jenkins (ed.). Seed regeneration in Cross-pollinated species. A.A. Balkema. Rotterdam, Netherlands.
- SAS Institute Inc. 1989. SAS STAT User's guide. Version 6, fourth edition, volume 1 and 2. SAS Institute, Inc. Cary, N.C.
- Taba, S. (ed.) 1995. Maize Genetic Resource. Maize Program Special Report. México, D.F. CIMMYT.
- The U.S. National Plant Germplasm System/ Committee on Managing Global Genetic Resources: Agricultural Imperatives. 1991. Managing Global Genetic Resources. National Academy Press. Washington, D.C., 171 p.
- Wellhausen, E. J., L. M. Roberts, X. Hernandez, y E. P. Mangelsdorf. 1951. Razas de maíz en México. SAG-OEE. México (folleto técnico # 5).