

POTENCIAL PRODUCTIVO Y SELECCIÓN
FAMILIAR EN POBLACIONES EXPERIMENTALES
DE MAÍZ PARA EL SURESTE DE COAHUILA

Huberto Sandoval Rodas

TESIS

Presentada como requisito parcial para
obtener el grado de:

**MAESTRO EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO**



**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA
“ANTONIO NARRO”**

Saltillo, Coahuila, México.
Agosto de 2014

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

SUBDIRECCIÓN DE POSTGRADO

POTENCIAL PRODUCTIVO Y SELECCIÓN FAMILIAR EN POBLACIONES
EXPERIMENTALES DE MAÍZ PARA EL SURESTE DE COAHUILA

TESIS POR

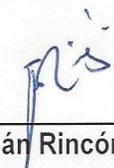
HUBERTO SANDOVAL RODAS

Elaborada bajo la supervisión del comité particular de asesoría y aprobada
como requisito parcial, para optar al grado de

MAESTRO EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO

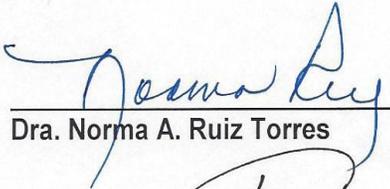
COMITÉ PARTICULAR

Asesor principal:



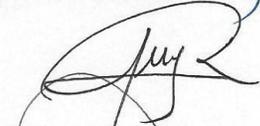
Dr. Froylán Rincón Sánchez

Asesor:



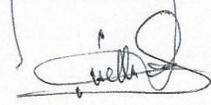
Dra. Norma A. Ruiz Torres

Asesor:



Dr. Juan Manuel Martínez Reyna

Asesor:



M.C. Ricardo Cuellar Flores



Dr. Fernando Ruiz Zarate
Subdirección de Postgrado

Saltillo, Coahuila, México. Agosto de 2014.

AGRADECIMIENTOS

Primeramente a Dios por darme la oportunidad de vivir, la fuerza necesaria para seguir adelante, el conocimiento y la inteligencia para alcanzar una de mis metas más importantes, también por estar conmigo en todo momento y ayudarme en cada instante de mi vida y por cuidar de mis familiares y amigos.

A la Universidad Autónoma Agraria “Antonio Narro”, por brindarme la oportunidad de realizar mis estudios de maestría a través del Departamento de Fitomejoramiento.

Al **Dr. Froylán Rincón Sánchez**, por permitirme participar en su trabajo de investigación, por toda su orientación, por el apoyo brindado y por su gran contribución para mi formación profesional.

A los integrantes del comité de asesores la **Dra. Norma A. Ruiz Torres**, el **Dr. Juan Manuel Martínez Reyna** y al **M.C. Ricardo Cuellar Flores** por sus valiosas sugerencias en la revisión del presente trabajo.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (**CONACYT**), por el apoyo económico brindado durante mis estudios de Postgrado.

A la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA) y al Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas (SNICS) por el financiamiento del proyecto de investigación a través del **Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura** (SINAREFI).

Al **Ejido El Mezquite**, a Don Lupe y el equipo de agricultores por permitir realizar el trabajo de investigación en su colectivo.

DEDICATORIA

A mi Padre el señor Ariel Sandoval Rodas, a mi Madre la señora Delia Rodas Gómez por haberme dado la oportunidad de formarme como profesionista por creer en mí y darme su apoyo incondicional por sus consejos y por enseñarme que todo es posible cuando uno se lo propone.

A mis hermanos Rusbel Sandoval Rodas y Hugo Alberto Sandoval Rodas porque son parte importante de mi vida y que sin su apoyo jamás lo hubiera logrado, gracias a ambos por su comprensión y consejos.

A mi Esposa Martha Elena De los Santos Vásquez por su gran apoyo todo este tiempo juntos, gracias por los momentos tan gratos que he pasado a su lado.

Mi hijo Brian Alejandro Sandoval De los Santos por los momentos de felicidad que me regala todos los días desde el momento en que nació.

A mis abuelos(a) Segundo Sandoval Ramírez, Elvira Rodas Hernández, Carlos Rodas Estrada, María Gomes Vilchis por su gran cariño y haber hecho de mí un hombre de bien.

Quiero que sepan que esto que he logrado ha sido gracias a ustedes porque a pesar de todo nunca me dejaron solo y siempre estuvieron a mi lado, los quiero mucho y toda mi vida voy a recordar lo que han hecho por mí.

COMPENDIO

POTENCIAL PRODUCTIVO Y SELECCIÓN FAMILIAR EN POBLACIONES EXPERIMENTALES DE MAÍZ PARA EL SURESTE DE COAHUILA

POR

HUBERTO SANDOVAL RODAS

MAESTRÍA EN CIENCIAS EN
FITOMEJORAMIENTO

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO. AGOSTO - 2014

DR. FROYLÁN RINCÓN SÁNCHEZ ---ASESOR---

Palabras clave: *Zea mays* L., poblaciones de amplia base genética, selección combinada, líneas S₁.

La combinación de poblaciones adaptadas con poblaciones de amplia base genética ha generado poblaciones experimentales con potencial de rendimiento para el sureste de Coahuila. Los objetivos del presente trabajo fueron evaluar agrónomicamente 12 poblaciones experimentales de maíz y realizar selección en poblaciones sobresalientes con base en líneas S₁. La evaluación agronómica de las poblaciones y de 50 familias (líneas S₁) seleccionadas de cada población se llevó a cabo en dos localidades en 2011: El

Mezquite, Galeana, N.L. y dos ambientes en General Cepeda, Coah., bajo condiciones de riego. Las familias de las poblaciones seleccionadas fueron sometidas a un índice de selección donde se incluyó al rendimiento de grano ($t\ ha^{-1}$), días a floración masculina, cobertura de mazorcas (%), prolificidad y altura de planta (cm). Los resultados mostraron que las poblaciones experimentales cuentan con buen potencial de rendimiento ya que superan a las variedades usadas como testigos. Se identificaron cinco poblaciones experimentales superiores en rendimiento de grano: PBTR0P, PA6221 y PI6221E con comportamiento estables, la población PA6222 con adaptación a áreas de transición y la población PB6221 para áreas intermedias. Estas poblaciones son en promedio 10 días más tardías que las variedades precoces adaptadas a la región, pero con buena producción de grano, por lo tanto, representan una alternativa como variedades de polinización libre. En cada población se seleccionaron 10 familias para la recombinación genética y avanzar un ciclo de selección.

ABSTRACT

PRODUCTION POTENTIAL AND FAMILY SELECTION IN EXPERIMENTAL POPULATIONS OF MAIZE FOR THE SOUTHEAST OF COAHUILA.

By

HUBERTO SANDOVAL RODAS

MAESTRÍA EN CIENCIAS EN
FITOMEJORAMIENTO

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO. AUGUST - 2014

DR. FROYLÁN RINCÓN SÁNCHEZ ---ADVISOR---

Key Words: *Zea mays L.*, populations of broad basis genetic, selection combined the lines S_1 .

The combination of adapted populations with broad basis genetic populations has created experimental populations with yield potential for the southeast of Coahuila. The objectives of this study were to evaluate agronomically 12 experimental populations of maize and to achieve selection in outstanding populations based on S_1 lines. The agronomic evaluation of populations and 50 families (lines S_1) selected from each population was conducted at two locations in 2011: Mezquite, Galeana, N.L. and two

environments in General Cepeda, Coah., under irrigated conditions. The families of the populations selected were subjected to index selection where grain yield ($t\ ha^{-1}$), days to flowering, husk cover (%), prolificacy and plant height (cm) were included. The results showed that the experimental populations have good yield potential since highly outstanding the varieties used as checks. Five high yielding experimental populations were identified: PBTR0P, PA6221 and PI6221E, with stability performance, the population PA6222 with adaptation to transition areas and population PB6221 to intermediate areas. These populations are on average 10 more days late than early varieties adapted to the region, but with good grain production, therefore, they represent an alternative as open-pollinated varieties. In each population 10 families were selected for genetic recombination and to advance one selection cycle.

ÍNDICE DE CONTENIDO

I. INTRODUCCIÓN	2
Objetivos	3
Hipótesis.....	3
II. REVISIÓN DE LITERATURA	4
Importancia del maíz	4
Mejoramiento de poblaciones.....	5
Selección para caracteres múltiples.....	7
III. MATERIALES Y MÉTODOS	9
Material genético	9
Evaluación agronómica	10
Ubicación de los sitios experimentales.....	11
Diseño experimental y análisis	11
Manejo del cultivo.....	13
Variables estudiadas	13
Análisis de la interacción poblaciones x ambientes	16
Selección familiar	17
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	18
Evaluación agronómica de poblaciones	18
Análisis de dispersión gráfica genotipos x el ambiente de evaluación	25
Evaluación agronómica de líneas S ₁	28
Selección familiar	29
V. CONCLUSIONES	34

VI. LITERATURA CITADA	35
VI. APENDICE	39

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro		Página
1	Poblaciones experimentales de maíz y variedades utilizadas como testigo en el estudio, evaluadas en 2011...	9
2	Coordenadas geográficas y datos climáticos de las localidades utilizadas en la evaluación agronómica 2011...	11
3	Metas e intensidades de selección utilizadas en la selección familiar.....	17
4	Cuadrados medios del análisis de varianza para las variables en estudio de las poblaciones experimentales evaluadas en 2011.....	18
5	Medias de caracteres agronómicos en los ambientes de evaluación 2011.....	20
6	Cuadrados medios del análisis de varianza por localidad de las poblaciones experimentales evaluadas en 2011.....	21
7	Medias del rendimiento de grano y floración masculina de los genotipos por ambiente de evaluación en 2011.....	23
8	Cuadrados medios del análisis de varianza de las familias evaluadas en 2011.....	28
9	Índices de selección y medias de caracteres en estudio en la población PITROP.....	30
A1	Índices de selección con medias a través de localidades para cinco variables en estudio en la población PI6222.....	40
A2	Índices de selección con medias a través de localidades para cinco variables en estudio en la población PATROP..	41
A3	Índices de selección con medias a través de localidades para cinco variables en estudio en la población PB6222E..	42

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura		Página
1	Interacción genotipos (Poblaciones + Testigos) × Ambientes de evaluación, con base en el rendimiento de grano, evaluadas en tres ambientes: General Cepeda (GC1 y GC2) y El Mezquite, Galeana, N. L. (MEZ).....	27
2	Interacción Familias x Variables para la población PITROP, con base a los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2) de las variables en estudio: FM = Floración masculina, APTA = Altura de planta, MCOB= Mala Cobertura de mazorca, PRO = Prolificidad, REND = Rendimiento, ASP= Aspecto de Planta, CMAZ Calificación de Mazorca.....	32
A1	Dispersión de la interacción Familias x Variables para la población PI6222, con base a los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2) de las variables en estudio.....	40
A2	Dispersión de la interacción Familias x Variables para la población PATROP, con base a los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2) de las variables en estudio.....	41
A3	Dispersión de la interacción Familias x Variables para la población PB6222E, con base a los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2) de las variables en estudio.....	42

I. INTRODUCCIÓN

México es reconocido como el centro de origen y domesticación del maíz (*Zea mays* L.) y es donde se encuentra la mayor diversidad genética (Hernández y Esquivel, 2004). El maíz es uno de los cultivos agrícolas más importantes por la diversificación de su uso, ya que se utiliza para consumo humano y pecuario, así como para productos utilizados como materia prima en las industrias minera, textil, electrónica y farmacéutica (FAO, 2011).

En México, el maíz se produce en dos ciclos productivos: Primavera-Verano y Otoño-Invierno, bajo las más diversas condiciones agroclimáticas de humedad (temporal y riego). A nivel nacional, la superficie sembrada promedio anual durante el 2012 fue de 7.3 millones de ha. Por lo que se refiere a la modalidad hídrica, el 82.7 % se cultiva en superficie de temporal o seco, proporción que representa 6.1 millones de ha promedio anual; mientras que un millón 269 mil ha se siembran bajo condiciones de riego (17.3 %) (SAGARPA-SIAP, 2012).

En la actualidad se reconocen 59 razas de maíz descritas en México (Mera, 2009), pero, el aprovechamiento de la diversidad o variación genética de maíz en programas de mejoramiento genético es muy limitado, ya que de las

razas descritas, solo se utilizan de manera clara cuatro: Chalqueño, para la Mesa Central, Tuxpeño en el Trópico seco y húmedo, Cónico Norteño para zonas con problemas pluviales de la Mesa Central, y Celaya para El Bajío y zonas similares (Márquez, 2005).

El cultivo de maíz en Coahuila se siembra bajo un esquema de agricultura sustentable, donde se usan en la mayoría poblaciones nativas o criollas. En el sureste del estado, en 2012 se sembraron alrededor de 18.8 mil ha de maíz para grano bajo condiciones ambientales críticas (SAGARPA-SIAP, 2012), ya que en esta parte del estado la precipitación media anual fluctúa entre 350 a 450 mm, con una temperatura promedio anual de 16.8 °C, y con presencia de heladas tempranas (INEGI, 2012), es por ello que resaltan la necesidad de buscar alternativas para mejorar la productividad de este cultivo.

El trabajo de investigación se presenta como alternativa para la identificación de poblaciones con atributos deseables como son la precocidad y potencial de rendimiento, para agricultura de temporal en la región sureste de Coahuila.

Objetivos

- Evaluar agronómicamente y determinar el potencial de rendimiento de 12 poblaciones experimentales de maíz.
- Determinar el potencial productivo y adaptación de líneas S₁ derivadas de cuatro poblaciones experimentales de maíz.

Hipótesis

Las poblaciones experimentales cuentan con atributos deseables, para ser usadas en las condiciones de agricultura de temporal del sureste de Coahuila. Las familias derivadas de las poblaciones contribuirán en el mejoramiento genético de las mismas.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Importancia del maíz

El maíz en México se produce en dos ciclos productivos: Primavera-Verano y Otoño-Invierno, bajo las más diversas condiciones agroclimáticas de humedad (temporal y riego). A nivel nacional, la superficie sembrada promedio anual durante el 2012 fue de 7.3 millones de ha. Por lo que se refiere a la modalidad hídrica, el 82.7 % se cultiva en superficie de temporal o seco, proporción que representa 6.1 millones de ha promedio anual; mientras que un millón 269 mil ha se siembran bajo condiciones de riego (17.3 %) (SAGARPA-SIAP, 2012).

Con base en la información disponible en el Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP), sobre la producción anual de maíz para grano por municipio, en el periodo 2012, en el Sureste del estado de Coahuila (Arteaga, General Cepeda, Parras, Ramos Arizpe y Saltillo) se sembraron alrededor de 18.8 mil ha, de las cuales el 95.05 % se sembró en temporal, con un rendimiento promedio 0.61 t ha^{-1} .

Rincón *et al.* (2010) realizaron 90 colectas en la mayor parte de los municipios de Coahuila, donde encontraron poblaciones de las razas Celaya, Cónico Norteño, Elotes Cónicos, Olotillo, Ratón, Tuxpeño y Tuxpeño Norteño, aunque también razas que se encontraban combinadas entre ellas como la raza Celaya en combinación con Tuxpeño y Olotillo con la raza Ratón.

Mejoramiento de poblaciones

La mejora de la población de maíz es aumentar la frecuencia de alelos favorables y mantener la variación genética. Estas poblaciones pueden servir como una fuente potencial de líneas puras superiores y contribuir a la mejora genética híbrida (Duvick, 2005).

Ruíz y Álvarez (2007) estudiaron la eficacia de la selección sobre el rendimiento y acame de plantas y otros caracteres agronómicos, en dos poblaciones sintéticas de maíz, en donde encontraron ganancias genéticas en rendimiento de 0.93 t ha^{-1} por ciclo de selección, en tanto que en el acame de plantas se redujo en un promedio de 2.6 % por ciclo de selección.

Hallauer (1985) menciona que la selección recurrente es un esquema de mejoramiento genético cíclico, en el cual se seleccionan las plantas superiores de la población que se desea mejorar, posteriormente se recombina las progenies seleccionadas, con ello se completa un ciclo de selección. Los tipos

de progenies que se pueden obtener son: líneas autofecundadas (S_1 o S_n), Hermanos Completos (HC) o Medios Hermanos (MH).

Ramírez *et al.* (2000) al utilizar selección recurrente en una población subtropical lograron una reducción en la altura de planta y mazorca de 7.48 y 5.83 cm, respectivamente, así como también se disminuyó el porcentaje de mazorcas podridas en un 0.97 % y acame de raíz en un 1.7 % por ciclo de selección.

Maya y Ramírez (2002) trabajaron con dos poblaciones tropicales de maíz bajo el esquema de selección recurrente de líneas S_2 , y una población subtropical con el método de familias de hermanos completos (FHC). Estos autores lograron un incremento en el rendimiento de grano en un 8.3 % por ciclo, mientras que para la población subtropical adaptada, el método de selección de familias de hermanos completos (FHC) fue efectivo para incrementar el rendimiento de grano en un 9.3 % por ciclo de selección.

El mejoramiento de poblaciones mediante selección recurrente puede ser inter o intrapoblacional. La selección intrapoblacional involucra el mejoramiento de una población, y los métodos más comunes para hacerlo son la selección masal y la familiar en cualquiera de sus variantes: medios hermanos paternos o maternos, hermanos completos y de Autohermanos (Ramírez *et al.*, 2000).

Selección para caracteres múltiples

Yan y Frégeau (2008) mencionan que la selección basada en múltiples características es un tema inevitable para todos los mejoradores, ya que además de rendimiento y calidad, también son objetivos esenciales de mejoramiento la resistencia a plagas y características agronómicas que determinen la adaptación y estabilidad.

La eficiencia de seleccionar simultáneamente múltiples características puede ser afectada por el número de caracteres involucrados y sus asociaciones con otras, la variabilidad y heredabilidad para cada característica, y la intensidad de selección utilizada para cada una de ellas (Dolan *et al.*, 1996).

Cerón y Sahagún (2005) indican que en el mejoramiento de plantas, los índices de selección (IS) ayudan a identificar los mejores individuos, además permiten separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres.

Barreto *et al.* (1991) desarrollaron un algoritmo computacional (Software) para aplicar 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

genotipos (líneas, familias, sintéticos, variedades, etc.), cuando ésta se basa en múltiples características evaluadas simultáneamente.

Además de los índices de selección existen métodos que asisten eficientemente la selección de individuos evaluados a través de ambientes. Yan y Rajcan (2002) aplicaron la metodología grafica "GGE biplot" para generar una figura de genotipo x característica, la cual mostró correctamente las relaciones entre las características de un cultivo de soya facilitando la comparación visual y la selección.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético

El trabajo de investigación se realizó en 12 poblaciones experimentales y cuatro poblaciones adaptadas a la región utilizada como testigos (Cuadro 1).

Cuadro 1. Poblaciones experimentales de maíz y variedades utilizadas como testigo en el estudio, evaluadas en 2011.

Entrada	Genotipos	Descripción [†]
1	PA6221	Poblaciones de Altura x 6221
2	PA6222	Poblaciones de Altura x 6222
3	PATROP	Poblaciones de Altura x TROP
4	PB6221	Poblaciones Bajas x 6221
5	PB6222	Poblaciones Bajas x 6222
6	PB6222E	Poblaciones Bajas x 6222 Estable
7	PBTROP	Poblaciones Bajas x TROP
8	PI6221	Poblaciones Intermedias x 6221
9	PI6222	Poblaciones Intermedias x 6222
10	PI6222E	Poblaciones Intermedias x 6222 Estable
11	PITROP	Poblaciones Intermedias x TROP
12	PITROPE	Poblaciones Intermedias x TROP Estable
13	VAN210	Testigo Variedad precoz UAAAN
14	PAMC ₃	Testigo Variedad experimental UAAAN
15	CAFIME	Testigo Variedad precoz
16	JAGUAN	Testigo Variedad criolla mejorada UAAAN

[†] Poblaciones de Altura (Arriba de 2000 msnm), Bajas (< a 1300 msnm) e Intermedias (entre 1300 y 2000 msnm); 6221 y 6222 (variedades sintéticas intermedias) y TROP (población experimental de origen tropical).

Las poblaciones experimentales fueron obtenidas a partir de la combinación de 33 poblaciones de maíz del sureste de Coahuila, México, con seis probadores de amplia base genética (Rincón y Ruiz, 2010). Posteriormente, se realizaron dos ciclos de recombinación sin selección, así

como la evaluación agronómica en el 2009 y en 2010, donde se ha observado que cuentan con potencial productivo para las condiciones climáticas del sureste de Coahuila.

Las poblaciones experimentales fueron establecidas en un lote de vivero en el ciclo agrícola otoño invierno del 2010 en Tepalcingo, Mor., donde se obtuvieron 100 familias de autohermanos (líneas S_1) dentro de cada una de las poblaciones (Cuadro 1); se identificaron las mejores 50 familias con base en la expresión y aspecto de la mazorca.

Evaluación agronómica

La evaluación de las poblaciones en estudio fue realizada durante el 2011, en El Mezquite, Galeana, N. L., (MEZ) y dos ambientes en el municipio de General Cepeda, Coah., uno en el rancho La Florida (GC1) y otro en el rancho El Pilar (GC2) bajo condiciones de riego.

Las poblaciones fueron establecidas para evaluación en experimentos repetidos en los tres ambientes en dos surcos de 4 m de largo, con una distancia entre plantas de 0.2 m, utilizando 21 plantas por surco y distancia entre surcos de 0.92 m en El Mezquite N.L. y 0.85 m para General Cepeda, Coah. En la evaluación de familias sólo se utilizó un surco para cada familia y dos ambientes, en GC1 y en MEZ.

Ubicación de los sitios experimentales

Las coordenadas geográficas y altitud para General Cepeda Coah. y El Mezquite, Galeana, N.L. fueron obtenidas con georeferenciación; la temperatura media anual y la precipitación anual corresponden a las estaciones climatológicas cercanas a las localidades. Así, los datos de GC2 provienen de la estación climatológica Rancho la Gloria, y los de El Mezquite, N. L. de la estación climatológica Agrodelta El Cuije (Cuadro 2).

Cuadro 2. Coordenadas geográficas y datos climáticos de las localidades utilizadas en la evaluación agronómica 2011.

	Localidades			Referencias
	GC1	GC2	El Mezquite, N. L.	
<u>Coordenadas geográficas</u>				
Latitud norte	25° 26' 23"	25° 23' 01"	25° 05' 22"	Georeferenciación
Longitud oeste	101° 27' 45"	101° 27' 23"	100° 42' 31"	
Altitud (msnm)	1350	1420	1890	
Temperatura media anual (°C)		19.4	14.65	COFUPRO (2011)
Precipitación anual (mm)		108.2	372.2	

GC1= General Cepeda 1 (Rancho La Florida), GC2= General Cepeda 2 (Rancho El Pilar).

Diseño experimental y análisis

Las poblaciones fueron establecidas en un diseño en bloques incompletos con arreglo α -látice (0,1) (Barreto *et al.*, 1997) utilizando cuatro repeticiones por ambiente. El diseño utilizado fue generado por un programa de cómputo CropStat 7.2 (IRRI, 2007). Para el análisis de líneas, cada población fue representada por una muestra de familias o línea S_1 , donde se utilizó dos

repeticiones por localidad debido a la cantidad de espacio y la cantidad de material a evaluación. Al mismo tiempo, los diseños generados fueron aleatorizadas dentro de cada repetición. El análisis de datos de la evaluación agronómica se realizó mediante un análisis de varianza (SAS Institute, 2004),

El análisis de las poblaciones se realizó utilizando el siguiente modelo lineal:

$$Y_{ijkl} = \mu + l_i + r_{j(i)} + b_{k(ij)} + p_l + pl_{(li)} + \varepsilon_{ijkl}$$

Donde:

μ = Efecto de la media general; l_i = Efecto de la i-ésima localidad; $r_{j(i)}$ = Efecto del j-ésimo repetición dentro de la i-ésima localidad; $b_{k(ij)}$ = Efecto del k-ésimo bloque incompleto dentro de la i-ésima localidad por el j-ésimo repetición; p_l = Efecto de la l-ésima población; $pl_{(li)}$ = Efecto de la l-ésima población por la i-ésima localidad; ε_{ijkl} = Error experimental.

El análisis de las familias fue realizado de acuerdo al establecimiento de los experimentos en campo, para lo cual se utilizó el siguiente modelo lineal:

$$Y_{ijklm} = \mu + l_i + r_{j(i)} + b_{k(ijl)} + P_l + f_{m(l)} + pl_{li} + \varepsilon_{ijkl}$$

Donde:

μ = Efecto de la media general; l_i = Efecto de la i-ésima localidad; $r_{j(i)}$ = Efecto del j-ésimo repetición dentro de la i-ésima localidad; $b_{k(ijl)}$ = Efecto del k-ésimo bloque incompleto dentro de la i-ésima localidad por el j-ésima repetición por el

l-ésima población; p_l = Efecto de la l-ésima población; $f_{m(l)}$ = Efecto de la m-ésima familia dentro la l-ésima población ; p_{li} = Efecto de la l-ésima población por la i-ésima localidad; \mathcal{E}_{ijkl} = Error experimental.

Manejo del cultivo

La siembra fue realizada en húmedo y los riegos de auxilio estuvieron en función a las condiciones de la precipitación pluvial.

La fertilización total aplicada fue de 120–60–60. A la siembra se aplicó la mitad del nitrógeno con todo el fósforo y potasio con la fórmula 17–17–17. El complemento se aplicó con el primer cultivo con urea (46–00–00).

Las labores culturales como raleo, aporque, control de malezas y control de plagas fueron realizadas según las necesidades del cultivo.

Variables estudiadas

Las variables estudiadas en la evaluación se mencionan a continuación:

- **Floración masculina (FM).** Se consideró el número de días desde la siembra hasta que el 50 % de las plantas de la unidad experimental hubieran liberado polen.

- **Floración femenina (FF).** Número de días desde la siembra hasta que emergieron los estigmas del 50 % de las plantas de la unidad experimental.
- **Asincronía floral (ASI).** Se estimó a través de la diferencia entre días de floración masculina y días de floración femenina.
- **Cobertura de mazorca.** Se realizó el conteo del número de plantas con mala cobertura de mazorca previo a la cosecha. El porcentaje de mala cobertura de mazorca (MCOB) fue calculado dividiendo el número de plantas con mala cobertura entre el número de plantas por unidad experimental.
- **Número de mazorcas (MAZ).** Se registró el número total de mazorcas cosechadas por unidad experimental.
- **Prolificidad (PRO).** Fue determinado con la relación entre el número de mazorcas y el número de plantas por unidad experimental.
- **Calificación de mazorca (CMAZ).** La variable fue considerada en la evaluación de líneas S_1 tomándose en una escala de 1 a 5; 1=bueno, 5=malo).

- **Calificación de aspecto de planta (ASP).** Esta variable fue tomada en la evolución de líneas S₁ donde se clasificó en una escala de 1 a 5; 1=bueno, 5= malo).
- **Peso de campo (PC).** Es el peso de las mazorcas de cada unidad experimental en el momento de la cosecha, expresado en kilogramos.
- **Humedad de grano (H).** Es el contenido de humedad en el grano al momento de la cosecha, expresado en porcentaje. La medida se obtuvo con el aparato Dickey John modelo 462331247, a partir de una muestra aleatoria de granos de varias mazorcas de cada unidad experimental.
- **Rendimiento de grano.** Se obtuvo multiplicando el valor del peso seco por un factor de conversión, expresado en t ha⁻¹ al 15 % de humedad. Este valor fue multiplicado por 0.85 para obtener el rendimiento estimado de grano considerando un 85 % de desgrane.
 - El peso seco (PS). Fue estimado multiplicando el peso de campo (PC) por el porcentaje de humedad utilizando la siguiente fórmula.

$$PS = PC * \left(1 - \frac{H}{100}\right)$$

- El factor de conversión (FC) fue calculado de la siguiente forma:

$$FC = \frac{100}{85} * \frac{10000}{APU} / 1000$$

Donde:

APU (Área de parcela útil), calculado como la distancia entre surcos por la distancia entre plantas por el número de plantas por parcela; 100/85, coeficiente para obtener el rendimiento al 15 % de humedad; 1000, constante usada para calcular el rendimiento en t ha⁻¹; 10000, superficie de una hectárea en m².

Rendimiento de grano ajustado (REND). Debido a fallas en el establecimiento de plantas esperadas, se realizó un análisis de covarianza por experimento usando el número de plantas como covariable. Cuando los resultados de la covariable fueron significativos, se realizó el ajuste del rendimiento de grano.

Análisis de la interacción poblaciones x ambientes

Se realizó un análisis de dispersión gráfica basado en el Análisis de Componentes Principales (ACP). Este análisis puede usarse en cualquier arreglo de datos de dos factores y es útil para identificar el genotipo de mayor potencial en cada ambiente y agrupar genotipos y ambientes con patrones similares de respuesta, basado en las medias de las poblaciones a través de ambientes (Yan y Tinker, 2006).

Selección familiar

La selección de las familias se llevó a cabo con el paquete computacional Índices de Selección (Barreto *et al.*, 1991), haciendo selección a favor del rendimiento de grano y prolificidad, en contra de la mala cobertura, tratando de mantener la media de la población para floración masculina y altura de planta aplicando las metas e intensidades indicadas en el Cuadro 3.

Cuadro 3. Metas e intensidades de selección utilizadas en la selección familiar.

Variable	Meta	Intensidad
Floración masculina	0	6
Altura de planta	0	6
Mala cobertura	-2	7
Prolificidad	1	6
Rendimiento	2.5	8

Además de los resultados del índice, se obtuvo información asociada a los parámetros de la población como:

Media de la fracción seleccionada (M.F.S): promedio de las familias seleccionadas.

Media de la población (M.Pob): promedio de todas las familias involucradas en la selección.

Diferencial de selección (D.S): diferencia estimada que existe entre la media de la población original y la media de la fracción seleccionada.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Evaluación agronómica de poblaciones

Para dar cumplimiento a los objetivos planteados en el trabajo, en éste apartado se presentan los resultados de los análisis de varianza (ANVA) realizado solamente para seis variables agronómicas consideradas de mayor relevancia (Cuadro 4).

Cuadro 4. Cuadrados medios del análisis de varianza para las variables en estudio de las poblaciones experimentales evaluadas en 2011.

Fuente de Variación	GL	FM (d)	APTA (cm)	MCOB %	PRO	REND (t ha ⁻¹)
Localidades (Loc)	2	34824.00 **	3058.73	4815.90 *	0.680 **	159.40 **
Repeticiones (Rep)/Loc	9	18.04	1772.07 **	617.07 **	0.029	5.87 *
Bloques /Loc x Rep	36	7.70 **	500.80 *	68.44	0.017	2.04 **
Genotipos (Gen)	15	219.93 **	2632.22 **	295.82 **	0.036 *	4.01 **
Poblaciones (Pob)	11	100.45 **	1310.15 **	278.30 **	0.034 *	3.28 **
Testigos (Tes)	3	181.60 **	749.96	428.40 **	0.018	2.20
Pob vs Tes	1	1521.60 **	20768.30 **	240.20 *	0.109 *	17.58 **
Loc x Gen	30	17.18 **	265.66	95.10 **	0.023	1.75 *
Pob x Loc	22	8.41 **	314.88	89.43 *	0.017	1.40
Tes x Loc	6	25.32 **	175.56	122.00 *	0.038 *	3.08 **
(Pob vs Tes) x Loc	2	77.75 **	15.49	155.70 *	0.049	0.95
Error	99	2.25	291.51	49.70	0.017	1.02
	CV (%)	1.82	8.14	44.68	13.183	19.07

** , * = significativo al 0.01 y 0.05 de probabilidad, respectivamente; GL = Grados de libertad, FM = Floración masculina, APTA = Altura de planta, MCOB= Mala Cobertura de mazorca, PRO = Prolificidad, REND = Rendimiento, CV % =Coeficiente de variación.

Los resultados del análisis de varianza (Cuadro 4) indican que las localidades mostraron diferencias en días a floración masculina, prolificidad y rendimiento ($P \leq 0.01$), y mala cobertura de mazorca ($P \leq 0.05$). Esto se debe a que las condiciones ambientales de las localidades son diferentes, pero representativas del sureste de Coahuila (Cuadro 2).

Los genotipos mostraron diferencias ($P \leq 0.01$) para floración masculina, altura de planta, mala cobertura y rendimiento; en el caso de la prolificidad, la diferencia al 0.05 de probabilidad. Debido a que en los genotipos se encuentran las poblaciones experimentales y los testigos usados como referencia, se realizó la descomposición de la suma de cuadrados en los componentes Poblaciones, Testigos y la comparación Poblaciones vs Testigos. Se encontró que las poblaciones presentan diferencias ($P \leq 0.01$) para FM, APTA, MCOB y rendimiento de grano y $P \leq 0.05$ para PRO, mientras que para los testigos no se observa diferencias para REND. Lo anterior indica que las diferencias estadísticas entre genotipos se deben básicamente a las poblaciones incluidas en el estudio.

En la interacción genotipos x localidades, se encontraron diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) en la floración masculina y mala cobertura de mazorca; en tanto que en rendimiento de grano, diferencia al 0.05 de probabilidad. Sin embargo, al analizar la descomposición de la suma de cuadrados, se observa que en la fuente de variación Testigos x Localidades es la que está contribuyendo en la significancia de la interacción Genotipos x Localidades en

la variable rendimiento de grano. Lo anterior indica que bajo las condiciones del análisis (Poblaciones + Testigos) no se observa interacción para Poblaciones x Localidades. A este respecto, es posible una interpretación diferente si se eliminan los testigos del análisis.

En el Cuadro 5 se muestra la comparación de medias de las localidades donde fueron sembradas las poblaciones para su evaluación en el 2011.

Cuadro 5. Medias de caracteres agronómicos en los ambientes de evaluación 2011.

Localidades	FM (d)	APTA (cm)	MCOB %	PRO	REND (t ha ⁻¹)
El Mezquite, N.L.	109.94 a [†]	205.76 a	15.41 a	1.08 a	6.86 a
Gral. Cepeda 1	73.45 b	204.68 a	24.72 a	0.88 b	3.53 c
Gral. Cepeda 2	63.22 c	219.09 a	7.19 b	1.04 a	5.53 b
Media	82.20	209.85	15.77	1.00	5.30
Tukey ($\alpha=0.05$)	2.09	20.77	12.26	0.08	1.19

[†] Valores con la misma letra dentro de la misma columna son estadísticamente iguales, FM = Floración masculina, APTA = Altura de planta, MCOB= Mala Cobertura de mazorca, PRO = Prolificidad, REND = Rendimiento.

La localidad El Mezquite, N.L., demostró ser la más rendidora, pero fue donde las poblaciones se comportaron más tardías. Lo anterior se debe a que en esta localidad las condiciones del clima son frías por ser un ambiente de Transición - Altura, donde se alarga el ciclo vegetativo del cultivo. Pecina *et al.* (2009) mencionan que las poblaciones tropicales al ser evaluadas en localidades de altura y de menor temperatura promedio al de procedencia, se vuelven más tardías.

Se realizó un análisis de varianza por localidad para de esta forma dar una explicación general del comportamiento de las poblaciones y testigos, los resultados se presentan en el Cuadro 6.

Cuadro 6. Cuadrados medios del análisis de varianza por localidad de las poblaciones experimentales evaluadas en 2011.

Fuente de Variación	GL	FM (d)	APTA (cm)	MCOB (%)	PRO	REND (t ha ⁻¹)
General Cepeda 1						
Repeticiones (Rep)	3	1.360	1662.496 *	1604.060 **	0.045	6.076 **
Bloques / Rep	12	2.920	626.607	94.449	0.017	1.725 **
Genotipos	15	52.029 **	1121.801 *	206.665 *	0.042	2.698 **
Poblaciones (Pob)	11	28.671 **	760.428	222.105 *	0.047	1.975 **
Testigos (Tes)	3	28.429 **	439.873	180.024	0.041	3.558 **
Pob vs Tes	1	367.153 **	6991.252 **	12.162	0.002	6.574 **
Error	33	3.031	502.249	85.528	0.028	0.361
CV (%)		2.370	10.949	37.397	19.041	17.038
General Cepeda 2						
Repeticiones (Rep)	3	2.723	2903.214 **	72.892	0.019	4.576 **
Bloques / Rep	12	1.425	452.144	18.690	0.013	1.529
Genotipos	15	37.507 **	830.796 **	44.283	0.031 *	2.560 *
Poblaciones (Pob)	11	13.555 **	378.736	49.853	0.013	1.228
Testigos (Tes)	3	32.649 **	149.784	24.639	0.029	3.622 *
Pob vs Tes	1	283.699 **	7373.348 **	70.277	0.204 **	12.380 **
Error	33	1.294	228.04	25.562	0.012	0.984
CV (%)		1.800	6.892	70.294	10.641	17.944
Mezquite Galeana, N.L.						
Repeticiones (Rep)	3	50.051 **	750.5 02 **	174.282 **	0.025	6.962 *
Bloques / Rep	12	18.759 **	423.6 53 **	92.198 *	0.022	2.895
Genotipos	15	161.769 **	1291.789 **	262.016 **	0.010	2.731
Poblaciones (Pob)	11	75.626 **	830.361 **	190.787 **	0.008	3.200
Testigos (Tes)	3	180.503 **	475.205 *	529.166 **	0.022	0.964
Pob vs Tes	1	942.320 **	6529.859 **	417.071 **	0.008	1.731
Error	33	2.432	144.235	38.016	0.012	1.728
CV (%)		1.419	5.837	40.012	10.127	19.147

** , * = significativo al 0.01 y 0.05 de probabilidad, respectivamente; GL = Grados de libertad, FM = Floración masculina, APTA = Altura de planta, MCOB= Mala Cobertura de mazorca, PRO = Prolificidad, REND = Rendimiento, CV % =Coeficiente de variación.

En la variable rendimiento de grano (Cuadro 6), se encontró diferencia estadística ($P \leq 0.01$) entre poblaciones en la localidad de General Cepeda 1; en tanto que en las dos localidades restantes, no se encontraron diferencias estadísticas. Lo anterior puede explicar el comportamiento diferente de las poblaciones a través de los ambientes de evaluación, en una interpretación de la interacción poblaciones x localidades. Caso similar ocurre con el análisis de los testigos a través de localidades, ya que se observaron diferencias significativas entre ellos para rendimiento en la Localidad de General Cepeda 1. Se observó también diferencias ($P \leq 0.01$) en días FM, para las tres localidades.

Se realizó la comparación de medias para las variables Rendimiento de grano y floración masculina, para poblaciones dentro de localidades (Cuadro 7), para observar el comportamiento.

Cuadro 7. Medias del rendimiento de grano y floración masculina de los genotipos por ambiente de evaluación en 2011.

Genotipos	Rendimiento de grano (t ha ⁻¹)				Floración masculina (d)			
	PROM	GC1	GC2	MEZ	PROM	GC1	GC2	MEZ
<u>Poblaciones</u>								
PBTROP	6.163 *	4.103 *	6.656 *	7.731 *	86.1 *	75.8 *	65.8 *	116.8 *
PB6221	5.917 *	4.728 *	6.514 *	6.510	86.5 *	77.3 *	66.5 *	115.8 *
PA6221	5.896 *	4.226 *	6.081	7.381	85.6 *	75.8 *	66.0 *	115.0 *
PI6222E	5.804 *	3.206	6.775 *	7.431	85.8 *	77.5 *	65.0 *	114.8 *
PA6222	5.789 *	3.930	5.665	7.673 *	84.6 *	76.0 *	65.3 *	112.5 *
PATROP	5.589	3.575	5.348	7.845 *	84.7 *	76.3 *	64.8 *	113.0 *
PI62222	5.559	3.687	5.309	7.681 *	82.4	72.5	63.3	111.5 *
PB6222	5.466	3.188	5.820	7.390	86.0 *	77.8 *	65.8 *	114.5 *
PITROP	5.386	3.868	5.557	6.734	82.7	72.5	63.8	111.8 *
PITROPE	5.383	4.147 *	5.289	6.712	85.3 *	77.0 *	65.0 *	113.8 *
PB6222E	5.075	3.901	5.489	5.837	84.1 *	75.5 *	64.0 *	112.8 *
PI6221	4.106	2.064	5.035	5.220	74.8	65.8	59.5	99.0
Medias	5.511	3.719	5.803	7.012	84.0	75.0	64.5	112.6
<u>Testigos</u>								
PAMC3	5.409	4.749 *	4.828	6.650	82.3	72.3	64.0 *	110.8 *
JAGUAN	4.885	3.314	4.644	6.697	78.3	69.5	59.5	106.0
CAFIME	4.479	2.031	5.610	5.794	71.9	65.0	56.0	94.8
VAN210	4.038	1.772	3.768	6.574	74.3	69.0	57.5	96.5
Medias	4.703	2.967	4.713	6.429	76.7	68.9	59.3	102.0
Media general	5.309	3.531	5.530	6.866	82.2	73.5	63.2	109.9
EE	0.352	0.449	0.573	0.758	0.6	0.9	0.6	1.3

*= Identificación de las poblaciones con valores superiores a $\mu + EE$, PROM= Promedio; GC1= General Cepeda 1, GC2= General Cepeda 2, MEZ= Mezquite y EE=Error estándar.

En cada variable se hace una distinción de las poblaciones con valores superiores al valor obtenido por $\mu + EE$. De esta manera, en el rendimiento promedio de grano, destacan las poblaciones PBTROP, PB6221, PA6221, PI6222E y PA6222, con un rango de 5.79 a 6.16 t ha⁻¹, donde la población PBTROP alcanzó un rendimiento promedio de 6.163 t ha⁻¹, el cual representa un 52.6 %, con respecto al testigo VAN210 que obtuvo el valor más bajo.

Se puede explicar del Cuadro 7, que en cada localidad se identifican los genotipos superiores y que estos son diferentes debido al comportamiento diferencial como respuesta de la interacción genotipos x localidades (Cuadro 4).

En el caso de las poblaciones, aunque en cada localidad también se identifican las más rendidoras, se observó que no son afectadas de manera general por el ambiente de evaluación (Cuadro 4). Sin embargo, estas diferencias en el comportamiento indican la adaptación específica a cada ambiente en particular. Las poblaciones que fueron utilizadas como testigos, con excepción de la PAMC₃, que es una variedad amarilla experimental, son variedades registradas adaptadas a condiciones ambientales de temporal o secano. En el presente estudio las poblaciones experimentales son en general superiores en rendimiento a las variedades Testigo (Cuadro 7).

También, con excepción de PAMC₃, las variedades testigo son materiales precoces. Sin embargo, existe una diferencia en el promedio de días a floración masculina de 14 (material más precoz y más tardío), lo cual varía de acuerdo al ambiente de evaluación de 13, 10 y 22 días para los ambientes para los ambientes General Cepeda 1, General Cepeda 2 y el Mezquite, respectivamente.

Análisis de dispersión gráfica genotipos x el ambiente de evaluación

La respuesta de interacción de los genotipos (Poblaciones + Testigos) × Ambientes de evaluación (Figura 1), puede ser útil para identificar las poblaciones con adaptación específica a las condiciones de los sitios incluidos en el estudio. Dicha Figura representa la dispersión de las poblaciones con respecto a los tres ambientes de evaluación, con una explicación del 81.6 % de la variación total en el rendimiento de grano.

En el eje de las abscisas se indica el rendimiento promedio de los genotipos, en tanto que el eje de las ordenadas corresponde a la respuesta específica de los genotipos en los ambientes de evaluación (Yan y Tinker, 2006). Como los ambientes de evaluación son los probadores de los genotipos, el eje de la abscisa es proporcional a los efectos de aptitud combinatoria general; en tanto que la ordenada, la aptitud combinatoria específica (Yan y Kang, 2003), por tanto, los genotipos ubicados cerca de la línea paralela a las abscisas, son considerados como estables en rendimiento de grano a través de ambientes.

Se puede observar que en general, las poblaciones PITROP, PB6222, PA6221, PBTROP, PITROPE y PI6222E, tienen un comportamiento estable a través de los ambientes representativos del sureste de Coahuila en rendimiento de grano. Pham *et al.* (1989) mencionan que un genotipo es generalmente considerado estable, si su rendimiento de grano varía poco de año en año en

una dada localidad, o varía poco a través de localidades dentro de un “mega-ambiente” al cual el genotipo está adaptado en un sentido amplio.

Como se aprecia en la Figura 1, existen poblaciones adaptadas a ambientes específicos como son las poblaciones PI6222, PATROP y PA6222 a áreas de transición y altura en la localidad El Mezquite, Galeana, N.L., en tanto que las poblaciones PB6222E, PB6221 y PI6221 con adaptación a áreas intermedias como General Cepeda, Coahuila.

En los testigos, la población PAMC₃ demostró no tener interacción con el ambiente, mantiene un comportamiento estable a través de los ambientes de evaluación. Este material es una población experimental con potencial de rendimiento tanto en las localidades intermedias como en las zonas de transición y altura del sureste de Coahuila.

Dentro de los testigos, se aprecia a las variedades VAN210 y JAGUAN adaptadas a zonas de altura. La variedad VAN210 es una variedad desarrollada para áreas de temporal. La variedad JAGUAN es una variedad criolla mejorada liberada por la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN) y fue la de mejor comportamiento a través de ambientes. La población CAFIME se encuentra adaptada a localidades intermedias, este material es una variedad precoz producida por Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP).

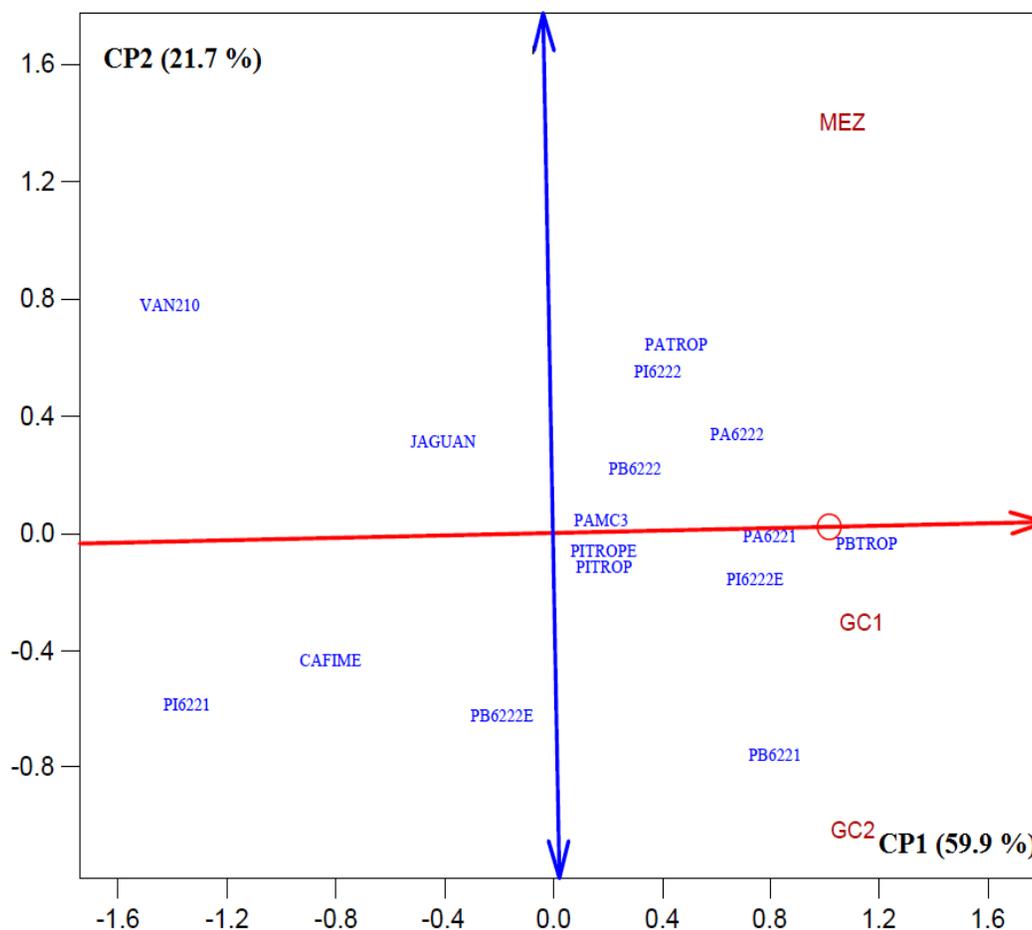


Figura 1. Interacción genotipos (Poblaciones + Testigos) × Ambientes de evaluación, con base en el rendimiento de grano, evaluadas en tres ambientes: General Cepeda (GC1 y GC2) y El Mezquite, Galeana, N. L. (MEZ).

Se identificaron cinco poblaciones con buen potencial de rendimiento de ciclo intermedio a través de ambientes: PBTR0P, PA6221 y PI6222E con un comportamiento estable a través de ambientes; la población PA6222 con adaptación a áreas de transición y la población PB6221 con potencial para la localidad de General Cepeda, Coah., en altitudes intermedias. Estas poblaciones son en promedio 10 días más tardías que las variedades precoces

adaptadas a la región (Cuadro 7), pero con buena producción de grano, por lo tanto, representan una alternativa como variedades de polinización libre.

Evaluación agronómica de líneas S₁

En esta sección se considera las poblaciones identificadas como precoces para la selección familiar (líneas S₁). Se realizó un análisis de varianza para las poblaciones PITROP, PI6222, PB6222E y PATROP (Cuadro 1), las cuales estuvieron representadas por 50 líneas cada una, evaluadas en 2011. En el análisis se incluyeron cinco variables de mayor importancia para la selección, los resultados se presentan en el Cuadro 8.

Cuadro 8. Cuadrados medios del análisis de varianza de las familias evaluadas en 2011.

Fuente de Variación	GL	FM (d)	APTA (cm)	MCOB (%)	PRO	REND (t ha ⁻¹)
Localidades (Loc)	1	449887.00 **	102026.00 *	2559.00	4.58	78.64
Repeticiones (Rep)/Loc	2	9.59	3575.30	907.80 *	0.50 *	21.03 *
Bloques/ (Pob x Loc x Rep)	70	10.56 **	986.39 **	183.60 **	0.10 **	4.74 **
Poblaciones (Pob)	3	223.90 **	16839.00 **	2086.13 **	1.11 **	23.69 *
Familias/Pob	196	29.11 **	581.27 **	257.39 **	0.07 **	1.94 **
Loc x Pob	3	24.83	6957.88 **	621.85 *	0.40	12.07
Error	520	151.49	193.86	94.45	0.03	0.76
CV (%)		2.58	8.24	125.55	19.45	29.01

** , * = Significativo al 0.01 y 0.05 de probabilidad, respectivamente; GL = Grados de libertad, FM = Floración masculina, MCOB= Mala Cobertura de mazorca, APTA = Altura de planta, PRO = Prolificidad, REND = Rendimiento, CV % =Coeficiente de variación.

En las poblaciones se observaron diferencias ($P \leq 0.05$) para rendimiento (Cuadro 8), esta variación es entendible considerando que las poblaciones, aunque son del grupo precoces, provienen de una constitución genética

diferente (Cuadro 1). Las familias dentro de poblaciones presentan diferencias ($P \leq 0.01$) para todas las variables incluidas (Cuadro 8). Lo anterior indica que dentro de cada población existe variación de consideración para realizar selección familiar, ya que se presenta un total de 50 líneas por población. En la interacción poblaciones x localidades, las variables floración masculina, rendimiento de grano y prolificidad no mostraron niveles de interacción, por lo que la selección familiar se puede realizar con promedios a través de los ambientes de evaluación.

Selección familiar

En este apartado se presentan los resultados de la selección aplicada a la población PITROP, el resto de la selección se incluye en los cuadros del apéndice (Cuadro A1 - A3). La metodología de selección fue la misma para todas las poblaciones.

Los resultados del índice de selección (Cuadro 9) muestran las mejores 10 familias seleccionadas a través de los ensayos de evaluación. De acuerdo a la metodología (Barreto *et al.* 1991) el valor del índice, entre más pequeño sea el valor de las familias, más se acerca las metas e intensidades deseadas. El objetivo del índice fue conservar la media de la población en cuanto a floración masculina y altura de planta, así como aumentar el rendimiento de grano. Los criterios de selección fueron establecidos considerando los atributos de la

planta de interés para los agricultores bajo un esquema de producción de temporal.

Cuadro 9. Índices de selección y medias de caracteres en estudio en la población PITROP.

ENT	REND (t ha ⁻¹)	FM (d)	APTA (cm)	MCOB (%)	PRO	ÍNDICE
34	4.38 *	89.75	173.68	0.00	1.23 *	4.70
3	4.49 *	93.50	172.75	2.38	1.12	5.19
15	4.70 *	92.00	180.98	5.95	1.05	6.58
13	3.46	93.00	181.55	0.00	1.02	6.82
31	3.46	91.00	174.00	1.79	1.00	6.89
9	3.51	88.25	169.35	1.67	1.02	7.06
25	3.86	86.25	172.73	0.00	0.99	7.10
40	3.66	89.25	184.78	3.57	1.03	7.26
38	3.40	91.50	157.63	0.00	0.98	7.38
27	3.34	88.75	187.00	0.00	1.01	7.51
M.F.S	3.83	90.33	175.44	1.54	1.05	
M. Pob	2.86	90.84	172.17	4.25	1.01	
D.S	0.97	-0.51	3.27	-2.71	0.04	
EE	0.51	2.28	8.58	2.01	0.08	

*= Identificación de las familias con valores superiores a $\mu + 2xEE$, **ENT** = Entrada, **ÍNDICE** = Índice de selección, **REND** = Rendimiento, **FM** = Floración masculina, **APTA** = Altura de planta, **MCOB**= Mala Cobertura de mazorca, **PRO** = Prolificidad, **M.F.S** = Media de la fracción seleccionada, **M.Pob** = Media de la población, **D.S**= Diferencial de selección, **EE**= Error estándar.

En cada variable se hace una distinción de las poblaciones con valores superiores al valor obtenido por $\mu + 2xEE$. De esta manera, para promedios en rendimiento de grano, las entradas 34, 3, 15 fueron superiores.

Se realizó una comparación entre la media de la población (promedio de todas las familias involucradas en la selección), la media de la fracción seleccionada (promedio de las familias seleccionadas) y el diferencial de

selección (diferencia estimada que existe entre la población original y la fracción seleccionada) (Cuadro 9).

De acuerdo a las metas e intensidades de selección utilizadas (Cuadro 3), la esperanza de la fracción seleccionada debería contar con valores que muestren un incremento en el rendimiento de grano y el número de mazorcas por planta, valores similares a la población original en la altura de planta y madurez, y una reducción en el porcentaje de plantas con mala cobertura de mazorca. De acuerdo a estos parámetros, el rendimiento de grano de la fracción seleccionada es superior a la media de la población objeto de selección en un 33.9 %. Se puede notar que no hubo cambios en la selección en los días a floración y la altura de mazorca (Cuadro 9), tal y como fue planeado en el proceso de selección. En el caso del número de plantas con mala cobertura de mazorca, aunque los valores en la población original son bajos, por efecto de la selección se reduce el valor de la media en un 63.7 %.

Los parámetros y procedimiento de selección familiar fueron aplicados en las poblaciones PI6222, PATROP y PB6222E, donde se obtuvieron estimadores de la fracción seleccionada con valores relativos a la población PITROP, cuyos resultados se presentan en los Cuadros A1 al A3 del apéndice.

Se realizó un análisis de dispersión gráfica de las familias para cada población. Las familias seleccionadas de la población PITROP (Cuadro 9), están señaladas en la Figura 2.

Además de las variables incluidas en la selección (Cuadro 9), se incluye en la Figura 2, las variables aspecto de planta (ASP) y calificación de mazorca (CMAZ), ambas con una escala de calificación de 1 a 5 (donde 1 es la selección óptima en este sentido). La Figura 2 muestra que la calificación de las familias en campo concuerdan con la selección a través del índice de selección.

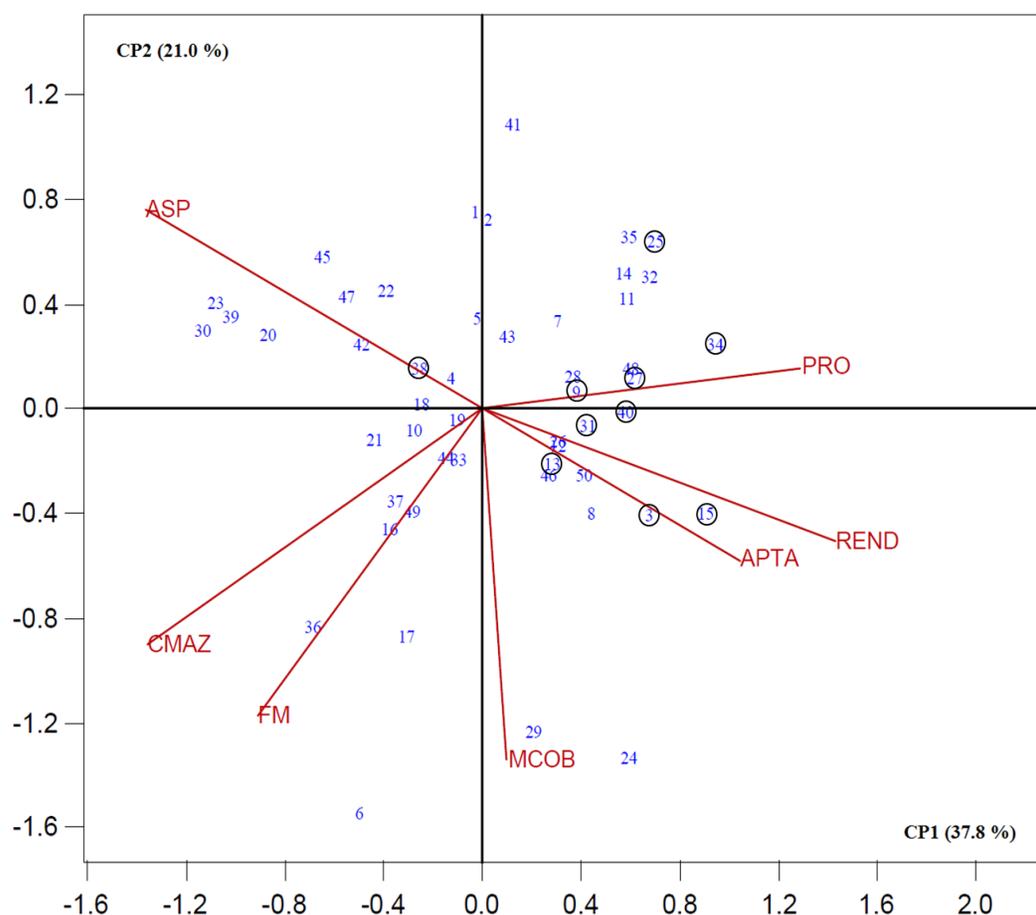


Figura 2. Interacción Familias x Variables para la población PITROP, con base a los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2) de las variables en estudio: FM = Floración masculina, APTA = Altura de planta, MCOB= Mala Cobertura de mazorca, PRO = Prolifricidad, REND = Rendimiento, ASP= Aspecto de Planta, CMAZ = Calificación de Mazorca.

El análisis de la interacción Familias y Variables (Figura 2) con base a los dos primeros componentes principales, en conjunto explican el 58.8 % de la

variación total acumulada en las siete variables en estudio. Las familias están representadas en la Figura por su número de entrada, en tanto que las variables están indicadas por los vectores a partir del origen.

El ángulo que forman los vectores de los caracteres a partir del origen, indica el nivel de asociación entre ellos (Yan y Tinker, 2006). Por otro lado el ángulo menor a 30° , formado entre los vectores de las variables a partir del origen, indica una asociación entre las variables APTA, PRO y REND que en estos vectores se encuentran la mayoría de las familias seleccionadas en el índice de selección (Cuadro 9), y que de acuerdo a la selección, son familias con buen potencial de rendimiento, mejor porte de planta, precoces, y con mayor índice de mazorcas por planta. Además, estas familias fueron identificadas en el desarrollo del cultivo (aspecto de planta) y a la cosecha (calificación de mazorca) como el grupo con las mejores calificaciones.

V. CONCLUSIONES

1. La mayoría de las poblaciones experimentales cuentan con buen potencial de rendimiento, ya que superan a las variedades usadas como testigos, pero fueron en promedio 10 días más tardías.
2. Se identificaron cinco poblaciones experimentales superiores en rendimiento de grano: PBTROP, PA6221 y PI6221E con comportamiento estable, la población PA6222 con adaptación a áreas de transición y la población PB6221 para áreas intermedias.
3. Se realizó la selección familiar (líneas S_1) en cuatro poblaciones para obtener el siguiente ciclo de selección.

VI. LITERATURA CITADA

- Barreto H. J., G. O. Edmeades, S. C. Chapman, J. Crossa. 1997. The alpha lattice design in plant breeding and agronomy: Generation and analysis. *In: G. O. Edmeades, M. Bänzinger, H. R. Mickelson, and C. B. Peña-Valdivia (eds.). Developing Drought and Low N-Tolerant Maize. Proceedings of a Symposium. March 25-29, 1996. CIMMYT, El Batán, México. México, D. F. pp. 544 – 551.*
- Barreto H. J., J. A. Bolaños y H.S. Córdova. 1991. Programa índice de selección. Guía para la operación del Software. CIMMYT. México, D.F. 27 p.
- Cerón R., J. J., y J. Sahagún C. 2005. Un índice de selección basado en componentes principales. *Agrociencia*. 39: 667-677.
- COFUPRO (Coordinadora Nacional de las Fundaciones Produce A. C.). 2011. Red Nacional de Estaciones Estatales Agroclimatológicas. Disponible en línea <http://clima.inifap.gob.mx/redclima/> (revisado el 2 de septiembre del 2013).
- Dolan D. J., D. D. Stuthman, F. L. Kolb, and A. D. Hewings. 1996. Multiple trait selection in a recurrent selection population in oat (*Avena sativa* L.). *Crop Science* 36:1207-1211.
- Duvick D., N. 2005. Genetic progress in yield of United States maize. *Maydica*. 50:193-202.

- FAO. 2011. Bases de Datos Sustantivos. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Disponible en línea <http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx> (Verificado el 10 de octubre de 2013).
- Hallauer A. R. 1985. Compendium of recurrent selection methods and their application. CRC. Critical Reviews in Plant Science. 3:1-33.
- Hernández C., J. M. y G. Esquivel E. 2004. Rendimiento de grano y características agronómicas en germoplasma de maíz de valles altos de México. Rev. Fitotec. Mex. 27 (Núm. Especial 1): 27-31.
- Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI). 2012. Cuaderno Estadístico Municipal de Saltillo, Coahuila de Zaragoza. Aspectos Geográficos. Disponible en <http://www.inegi.org.mx/> (Consultado el 23 de Agosto del 2013).
- IRRI. 2007. CropStat for Windows Version 7.2. International Rice Research Institute. Metro Manila, Philippines.
- Márquez S., F. 2005. Consideraciones generales sobre el mejoramiento de maíces criollos. *In*: Márquez O., L. F. (ed). Memoria de la Primera Reunión de Mejoradores de Variedades Criollas de Maíz en México. Exhacienda Nazareno, Xoxocotlán, Oax. 22-23 de Septiembre de 2005. Centro Regional Universitario Sur, Universidad Autónoma Chapingo. Sociedad Mexicana de Fitogenética. pp: 153-162.
- Maya L., J. B. y J. L. Ramírez. 2002. Selección recurrente en tres poblaciones de maíz para el subtrópico de México. Rev. Fitotec. Mex. 25: 201-207.
- Mera O., L. M. 2009. Diversificación y Distribución Reciente del Maíz en México. *In*: Kato Y., T.A., C. Mapes, L.M. Mera, J.A. Serratos, R.A. Bye. (eds.).

Origen y diversificación del maíz: una revisión analítica. Universidad Nacional Autónoma de México, Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. México, D.F. pp: 69-86.

Pecina M., J. A., M. C. Mendoza C., J. A. López S., F. Castillo G. y M. Mendoza R. 2009. Respuesta morfológica y fenológica de maíces nativos de Tamaulipas a ambientes contrastantes de México. *Agrociencia*. 43: 681-694.

Pham, H. N., S. R. Waddington and J. Crossa. 1989. Yield stability of CIMMYT maize germplasm in international and on-farm trials. *In: Variability in grain yields implications for agricultural research and policy in developing countries*. Anderson, J. R. and Hazell, P. B. R. (eds). Johns Hopkins University Press. USA. pp :185-205.

Ramírez D., J.L., J. Ron P., J. J. Sánchez G. y M. Chuela B. 2000. Selección recurrente en la población de maíz subtropical PABGT-CE. *Agrociencia* 34: 33-39.

Rincón S., F., F. Castillo G. y N. A. Ruiz T. 2010. Diversidad y Distribución de los Maíces Nativos en Coahuila, México. SOMEFI. Chapingo, Méx. 27p.

Rincón S. F., y N. A. Ruiz. T. 2010. Aptitud combinatoria y potencial de rendimiento de poblaciones criollas de maíz del sureste de Coahuila, México. *In: Mejoramiento, conservación y uso de los maíces criollos*. Nájera R., M. B. y C. A. Ramírez M. (eds.). Sociedad Mexicana de Fitogenética, A.C., Consejo Estatal de Ciencia y Tecnología de Michoacán y la Universidad de Michoacán de San Nicolás de Hidalgo. Morelia, Mich., México. pp :12-22.

- Ruiz J., I. G. and A. Álvarez. 2007. Six cycles of S_1 recurrent selection in two Spanish maize synthetics. Spanish Journal of Agricultural Research. 5(2), 193-198.
- SAGARPA–SIAP. 2012. Agricultura: Producción Anual. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP), Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA). Disponible en línea <http://www.siap.gob.mx>. (Verificado el 18 de Agosto de 2013).
- SAS Institute. 2004. SAS/STAT ® 9.1 User'S Guide. Cary, NC:SAS Institute Inc. USA. 5121 p.
- Yan W. and I. Rajcan. 2002. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. Crop Sci. 42:11-20.
- Yan W. and J. Frégeau-Reid. 2008. Breeding line selection based on multiple traits. Crop Sci. 48:417-423.
- Yan, W. and M. S. Kang. 2003. GGE Biplot analysis. A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC Press LLC, New York. 271p.
- Yan W. and N. A. Tinker. 2006. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. Canadian Journal of Plant Science Vol.86 pp: 623 –645.

VII. APENDICE

Cuadro A1. Índices de selección con medias a través de localidades para cinco variables en estudio en la población PI6222.

ENT	REND (t ha ⁻¹)	FM (d)	APTA (cm)	MCOB (%)	PRO	ÍNDICE
53	4.45	90.75	178.25	1.25	1.12	5
86	4.86	89.25	158.30	3.77	1.34	5
75	4.38	92.75	172.80	0.00	0.97	6
61	4.30	92.50	178.60	5.56	1.15	6
76	4.72	95.50	173.67	3.57	0.94	7
92	4.55	92.75	161.07	11.38	1.19	7
83	4.41	90.75	190.20	2.50	1.14	7
89	4.75	89.50	193.75	0.00	1.03	7
99	3.70	89.75	158.63	0.00	1.18	7
93	3.89	89.00	155.05	4.56	1.27	7
M.F.S	4.05	90.89	167.24	5.06	1.12	
M. Pob	3.52	91.01	164.43	9.79	1.03	
D.S	0.53	-0.12	2.80	-4.74	0.09	
EE	0.75	3.94	13.14	8.95	0.14	

ENT = Entrada, REND = Rendimiento, FM = Floración masculina, APTA = Altura de planta, MCOB = Mala cobertura, PRO = Prolifricidad, ÍNDICE = Índice de selección, M.F.S = Media de la fracción seleccionada, M.Pob = Media de la población, D.S= Diferencial de selección, EE= Error estándar.

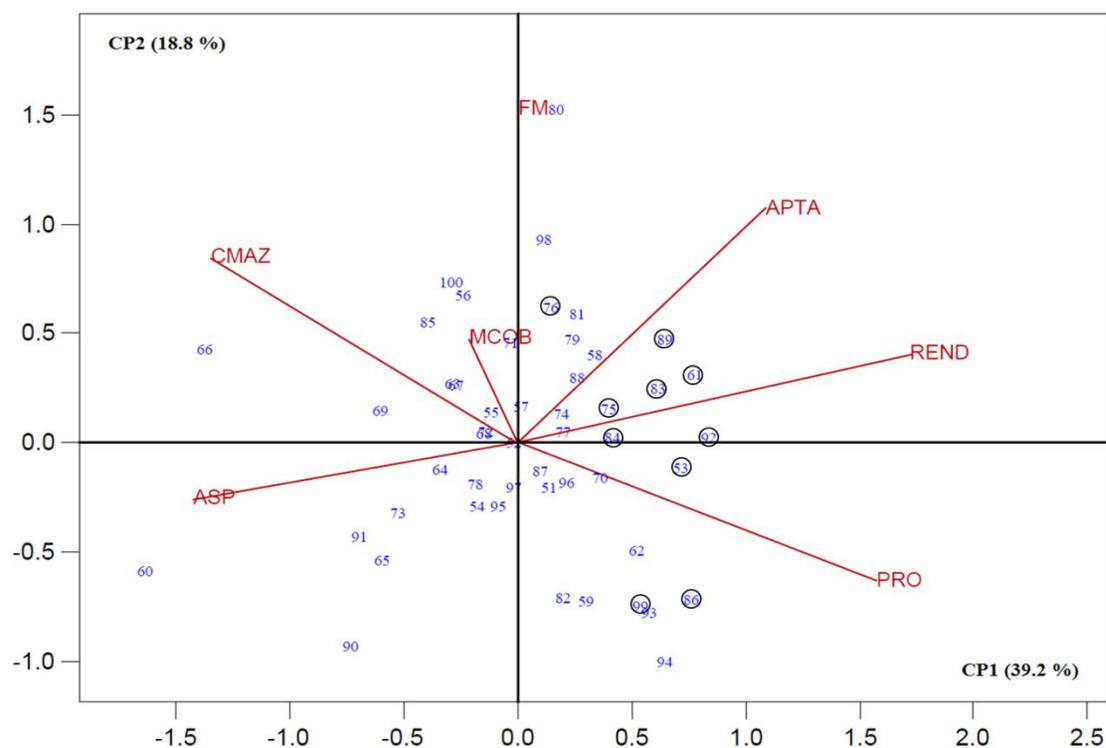


Figura A1. Dispersión de la interacción Familias x Variables para la población PI6222, con base a los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2) de las variables en estudio.

Cuadro A2. Índices de selección con medias a través de localidades para cinco variables en estudio en la población PATROP.

ENT	REND (t ha ⁻¹)	FM (d)	APTA (cm)	MCOB (%)	PRO	ÍNDICE
118	4.09	91.00	194.35	3.82	1.22	6
143	4.26	94.75	214.10	0.00	1.20	6
139	3.35	92.00	185.47	1.56	1.05	7
130	3.32	90.50	176.52	0.00	1.08	7
142	3.95	90.75	152.72	1.56	1.23	7
123	3.49	93.00	167.02	3.33	1.07	7
131	4.17	87.75	182.57	5.42	1.16	7
121	4.58	92.50	202.55	8.28	1.10	7
117	3.33	90.75	192.57	3.70	1.09	8
150	3.59	91.50	172.05	6.25	0.97	8
M.F.S	3.54	92.51	186.31	3.68	1.05	
M. Pob	2.93	93.00	179.99	5.77	0.95	
D.S	0.61	-0.48	6.32	-2.09	0.10	
EE	0.70	2.74	16.07	5.73	0.18	

ENT = Entrada, REND = Rendimiento, FM = Floración masculina, APTA = Altura de planta, MCOB = Mala cobertura, PRO = Prolifricidad, ÍNDICE = Índice de selección, M.F.S = Media de la fracción seleccionada, M.Pob = Media de la población, D.S = Diferencial de selección, EE = Error estándar.

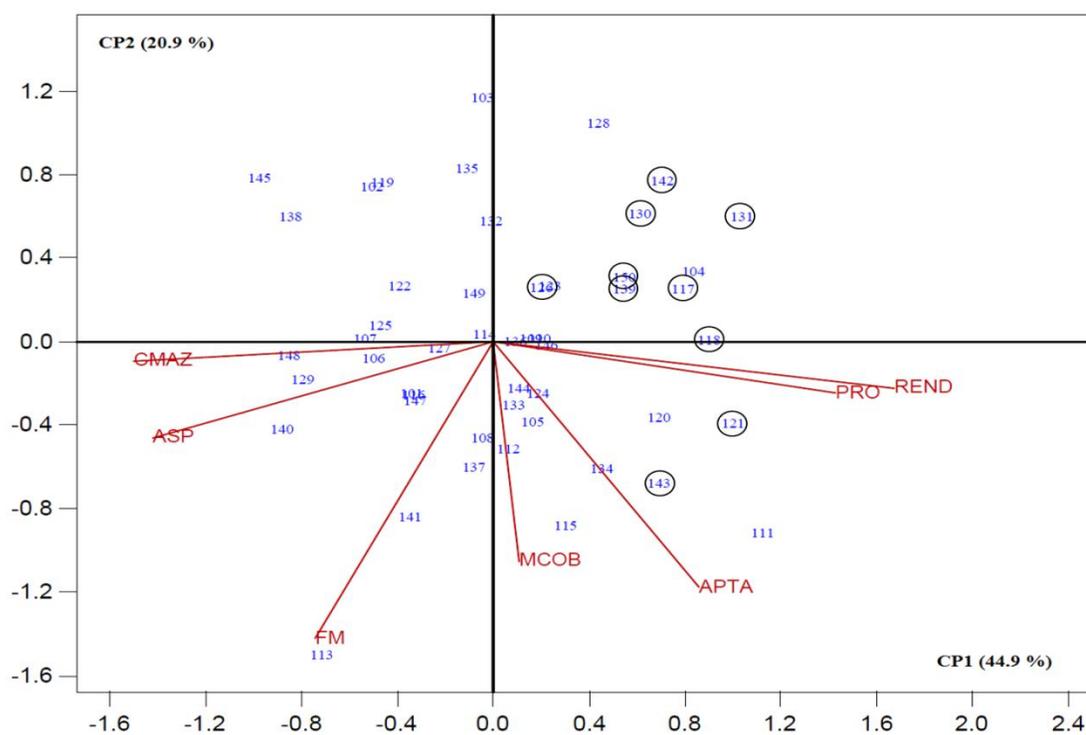


Figura A2. Dispersión de la interacción Familias x Variables para la población PATROP, con base a los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2) de las variables en estudio.

Cuadro A3. Índices de selección con medias a través de localidades para cinco variables en estudio en la población PB6222E.

ENT	REND (t ha ⁻¹)	FM (d)	APTA (cm)	MCOB (%)	PRO	ÍNDICE
198	4.49	89.25	167.45	2.50	0.99	4
166	3.49	90.25	169.15	1.19	0.89	6
164	3.56	94.00	167.67	3.57	0.91	6
152	3.75	95.00	170.57	5.83	1.05	7
171	3.10	91.50	151.15	1.39	0.94	7
188	3.45	88.75	160.32	5.13	0.81	7
193	3.17	93.50	151.57	1.19	0.86	7
185	3.15	88.75	146.95	6.38	1.03	8
153	2.86	90.00	161.57	5.26	0.91	8
160	2.65	91.75	166.67	0.00	0.96	8
M.F.S	3.32	91.01	163.22	6.20	0.92	
M. Pob	2.71	91.19	159.04	11.12	0.86	
D.S	0.61	-0.17	4.18	-4.92	0.06	
EE	0.73	3.08	10.40	11.51	0.12	

ENT = Entrada, REND = Rendimiento, FM = Floración masculina, APTA = Altura de planta, MCOB = Mala cobertura, PRO = Prolificidad, ÍNDICE = Índice de selección, M.F.S = Media de la fracción seleccionada, M.Pob = Media de la población, D.S = Diferencial de selección, EE = Error estándar.

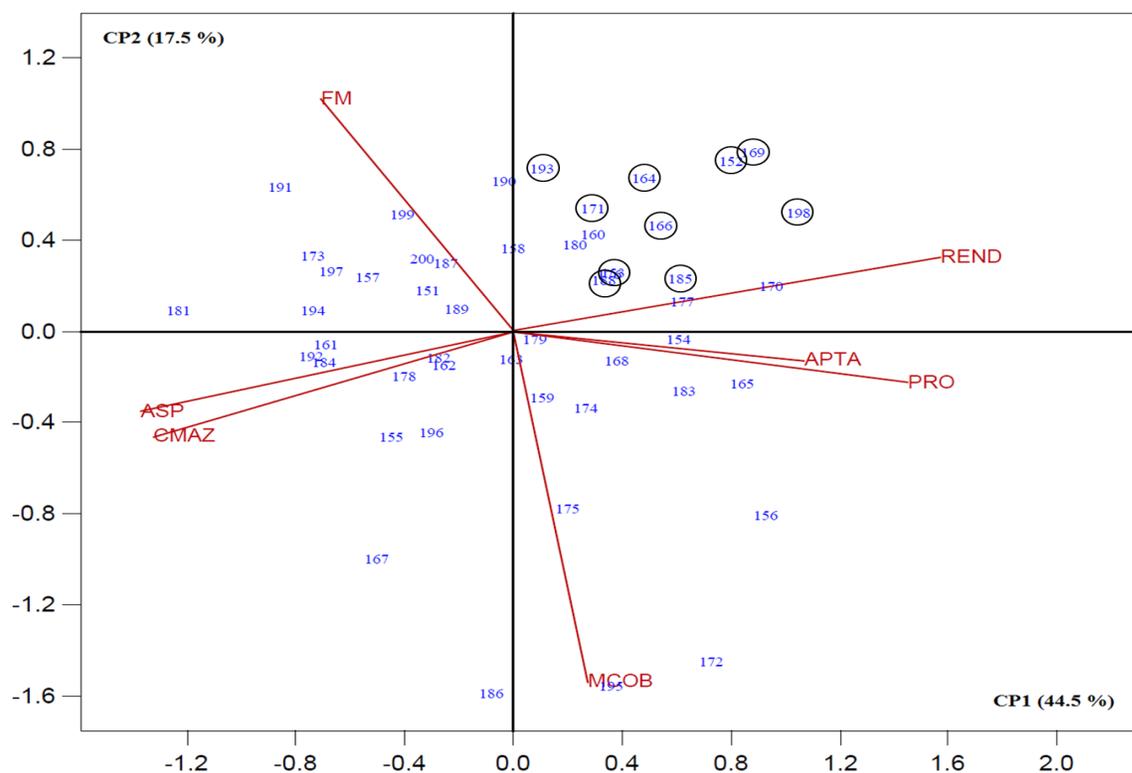


Figura A3. Dispersión de la interacción Familias x Variables para la población PB6222E, con base a los dos primeros componentes principales (CP1 y CP2) de las variables en estudio.