

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO



Estimación de Componentes Genéticos y Selección de Familias en la Población  
de Maíz Variegado

Por:

**CARLOS ABRAHAM ALVARADO QUIÑONES**

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

**INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN**

Saltillo, Coahuila, México

Marzo 2018

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO

Estimación de Componentes Genéticos y Selección de Familias en la Población  
de Maiz Variegado

Por:


**CARLOS ABRAHAM ALVARADO QUIÑONES**


TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:


**INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN**

Aprobada por el Comité de Asesoría:

  
Dr. Humberto De León Castillo  
Asesor Principal

  
M.C. Arnoldo Oyervides García  
Coasesor

  
Ing. Raúl Gándara Huitrón

  
Dr. Gabriel Gallegos Morales  
Coordinador de la División de Agronomía

Saltillo, Coahuila, México  
Marzo 2018

## **AGRADECIMIENTOS**

A, Dios por permitirme llegar a la conclusión de esta etapa de mi vida, por guiarme en este camino y por la familia que me ha dado.

A mi Alma Mater por ser mi hogar durante este tiempo, ser proveedora de conocimiento y darme una identidad que durara por siempre.

Al Dr. Humberto de León Castillo por ser amigo y maestro y guiarme en la elaboración de este trabajo.

Al M.C Arnoldo Oyervides por su colaboración en la asesoría de este trabajo, su amistad y consejos.

Al Ing. Raúl Gándara Huitrón por brindarme el apoyo en la revisión de este trabajo de investigación.

Al M.C. Antonio Vela por formar parte en la revisión de este presente, también por su apoyo y amistad.

A Luz, por su apoyo y compañía.

A mis amigos, que siempre estuvieron ahí para ofrecer un consejo y alegrar los días.

## **DEDICATORIA**

A Dios y mi familia.

Por darme la vida y ser guía en cada etapa de ella, por su amor incondicional, sus consejos y nunca dejarme solo, esto es mas de ustedes que mío.

## RESUMEN

Es importante que el mejoramiento poblacional de maíz cuente con estrategias de selección que le permitan desarrollar e identificar materiales efectivos, con atributos agronómicos superiores al original y que tenga un amplio espectro de adaptabilidad. El presente trabajo se realizó con una población de maíz variegado, donde una de las finalidades era conocer la heredabilidad de 13 variables agronómicas bajo el diseño genético Carolina del Norte I. Los objetivos de esta investigación fueron: i) Identificar diferencias en las familias de hermanos completos. ii) Realizar la caracterización genética de la población maíz variegado. iii) Determinar en base a los estimados, que estrategia de mejoramiento brindará las mejores respuestas a la selección. iv) Seleccionar familias sobresalientes mediante un ISB. La evaluación de las familias del diseño I se realizó en el campo Bajío de la UAAAN; donde se evaluaron 160 familias de hermanos completos, el diseño utilizado fue un bloques incompletos bajo un arreglo de alfa-látice con dos repeticiones. las variables estudiadas fueron: días a floración macho, días a floración hembra, por ciento de humedad, altura de planta, altura de mazorca, acame de tallo, acame de raíz, mala cobertura, plantas con fusarium, calificación de planta, calificación de mazorca, peso hectolítrico y rendimiento. Los resultados indican que se encontraron diferencias estadísticas solo en cuatro de las 13 variables evaluadas dentro de las familias. Los valores de la varianza aditiva fueron mayores a los de dominancia en todas las variables. En la exploración y caracterización genética de la población, se encontró que la población variegada obtuvo valores reproductivos aceptables que se traducirán en tener aceptables respuestas a la selección.

Se encontraron heredabilidades altas en ocho de 13 variables evaluadas; intermedias en cuatro de 13 y bajas una de 13 dentro de la población, por lo tanto, se podrá emplear selección recurrente con tres métodos de mejoramiento diferentes como son: estructuras familiares de medios hermanos para caracteres de alta heredabilidad, estructuras de hermanos completos para heredabilidades intermedias y progenies endogámicas para caracteres con heredabilidades bajas. Fueron seleccionadas las familias más sobresalientes en atención al valor del mérito del ISB, esto correspondió a un 10 por ciento. De forma paralela se eligió el 10 por ciento de los mejores machos también con atención al IS, esto por el diseño genético que se manejó durante el trabajo. Con estas familias se hizo una recombinación y se generó un compuesto balanceado de cinco mil semillas, que constituye el primer ciclo de selección. Se sugiere que, con este compuesto sembrado, se elijan las mejores mil plantas que presenten buena sanidad, mismas que serán autofecundadas y a la cosecha elegir las que tengan una alta incidencia en la coloración por transposones, (maíces variegados).

Por lo tanto, el siguiente ciclo de selección será bajo el esquema de líneas S1 que incluirá 200 líneas S1.

**Palabras clave:** Caracterización Genética, Maíz Variegado, Varianza Aditiva, Heredabilidad, Índices de Selección Básico.

## ÍNDICE DE CONTENIDO

AGRADECIMIENTOS .....	i
DEDICATORIA .....	ii
ÍNDICE DE CUADROS .....	vi
<b>I. INTRODUCCIÓN .....</b>	<b>1</b>
Objetivos:.....	3
Hipótesis:.....	3
<b>II. REVISIÓN DE LITERATURA .....</b>	<b>4</b>
Importancia del Maíz .....	4
Maíces de Especialidad.....	4
Mejoramiento Poblacional .....	6
Hermanos Completos .....	8
Índices de Selección (IS).....	9
Diseño Genético I Carolina del Norte.....	11
Heredabilidad.....	11
<b>III. MATERIALES Y MÉTODOS .....</b>	<b>13</b>
Material Genético.....	13
Evaluación .....	14
Labores Culturales.....	14
Diseño Experimental.....	19
Componentes de Varianza .....	20
Estimación de Parámetros Genéticos.....	20
Índice de Selección (IS).....	22
<b>IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....</b>	<b>25</b>
Componentes de Varianza .....	25
Selección de Familias.....	29
<b>V. CONCLUSIONES .....</b>	<b>35</b>
<b>VI. BIBLIOGRAFÍA CITADA.....</b>	<b>36</b>

## ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 4.1 Cuadrados medios del análisis de varianza de 13 variables agronómicas. ....	25
Cuadro 4.2 Concentrado de los componentes genéticos, varianzas y heredabilidades de la población variegada. ....	27
Figura 4.3 Agrupamiento de las variables de la población variegada .....	30
Cuadro 4.4 Variables y sus heredabilidades elegidas para construir el índice de selección en cada una de las poblaciones.....	31
Cuadro 4.5 Análisis de varianza para la selección de los mejores machos arrojados por los IS.....	32
Cuadro 4.6 Selección del 10% de los mejores machos arrojados por los IS. ..	32
Cuadro 4.7 Análisis de varianza donde la variable de respuesta es el IS para la selección de la mejores familias .....	33
Cuadro 4.8 Selección del 10% de los mejores machos arrojados por los IS. ..	33



## I. INTRODUCCIÓN

El maíz es una materia prima esencial para la alimentación y la industria de la transformación, es tal la magnitud de su importancia que supera, a la de cualquier otro cultivo, no solo por sus bondades como alimento si no adicionando que es fuente de empleo para un cuantioso número de personas, que trabajan en su industrialización. Es por ello que la diversidad genética del mismo es tan importante, siendo la senda principal para la obtención de nuevas variedades, tolerantes a todos los factores desfavorables para su producción.

El agricultor mexicano busca procedimientos para el aumento de su rendimiento y una mejor calidad de su producto, que se vea reflejado en un alza de las utilidades (*Marques, 1985*).

Se estima, que en promedio el 76.5% de los productores, utilizan semilla criolla, la cual seleccionan de su cosecha. En regiones con agricultura de subsistencia, el uso de semilla criolla varia de 80 al 100%, comúnmente son variedades desarrolladas y conservadas por los agricultores, a través de múltiples generaciones de selección empírica, para caracteres específicos como textura de grano, color, forma de mazorca, sanidad, ciclo vegetativo, entre otros, cada agricultor conserva su material genético, acorde a las características que más sean de su utilidad (*Herrera, et al., 2002*)

El maíz, es el cultivo de mayor importancia en nuestro país, algunas poblaciones criollas presentan deficiencias agronómicas, por lo tanto, es necesario realizar mejora genética en las poblaciones base y así obtener poblaciones, que puedan ser más redituables para los productores.

Existe interés de parte de la industria y la gastronomía, en los maíces pigmentados, los cuales pertenecen a los maíces de especialidad, estos son una

ventana de oportunidad económica muy importante, en este tipo de mercado son valoradas las características físicas, químicas y genéticas, tales como formas, texturas y colores del grano en cada raza o variedad criolla, de ahí el valor otorgado a estos maíces *(Keleman y Hellin., 2013)*.

Es necesario la conservación y mejora de las poblaciones de maíz de especialidad, que además sean tolerantes a plagas, enfermedades, sequías y de alto rendimiento.

La Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, pone especial énfasis en el trabajo para mejorar las poblaciones de maíz, realizando la mejora de poblaciones, que darán continuidad a nuevos materiales con una mejor: sanidad, altura, precocidad y que demuestren ser estables y de alto rendimiento.

El presente trabajo, pretende mostrar cómo fue hecha la selección de destacadas familias, que, al ser recombinadas, darán origen a una nueva población variegada, por la peculiaridad del color del grano.

El diseño genético empleado para obtener los componentes genéticos fue el diseño I de Carolina del Norte.

**Objetivos:**

Identificar diferencias en las familias de hermanos completos.

Realizar la caracterización genética de la población maíz variegado

Determinar en base a los estimados, que estrategia de mejoramiento brindará las mejores respuestas a la selección.

Seleccionar familias sobresalientes mediante un índice de selección básico.

**Hipótesis:**

Al menos una familia dentro de la población será diferente a las demás.

La estimación de los componentes genéticos, repercutirá en la elección de estrategias óptimas de mejoramiento por carácter.

Será más eficiente la selección de familias mediante un ISB construido por más de una variable, que la elección de familias en base a una sola variable.

## II. REVISIÓN DE LITERATURA

### Importancia del Maíz

El maíz es el cultivo más importante de México y probablemente del mundo. Esto es por su importancia económica, social y desde el punto de vista alimentario (*Aragón et al., 2006*).

Es tal su relevancia, que es la fuente de empleo para un número importante de personas en el mundo.

En nuestro país, el maíz ocupa cerca del 80% de la superficie dedicada al cultivo de cereales. Esto es por su excelente capacidad de adaptación a una serie muy diferente de ambientes. (*Dowswell et al., 1996*) y por la gran diversidad de productos finales en los que puede llegar a ser transformado: tortilla, forraje para animales, almidones, glucosa y fructosa, solo por mencionar algunos.

Durante el periodo 2016/17, se obtuvieron los niveles más altos de producción en la historia, esto representó un aumento del 6.9 por ciento respecto al ciclo anterior, esto se refleja en una amplia disponibilidad del grano y por consecuencia, una baja importante en los precios, Las cifras indican que el 85.9 por ciento de la producción nacional correspondió a maíz blanco, 13.6 por ciento a maíz amarillo y el restante 0.5 por ciento a otros tipos de maíz (*SIAP, 2016*).

### Maíces de Especialidad

Cuando los maíces nativos son utilizados para elaborar algún producto en específico por sus características físicas y químicas son llamados también

maíces para especialidades, porque se utilizan para la elaboración de productos especializados. Es reconocido que estos maíces tienen mayor valor por su tradicional modo de producción, sus características culinarias, por el color, textura y sabor *(Keleman y Hellin, 2013)*.

Ante este panorama, las universidades y centros de investigación están realizando estudios, para promover la siembra y mejorar la productividad de los maíces llamados de especialidad, al tener estos un singular aprecio por sus peculiares características y una buena aceptación dentro de la gastronomía de nuestro país, por ende, los productores pueden encontrar en estos materiales una favorable fuente de ingresos debido, a que existen mercados especializados para este tipo maíz. *(Keleman y Hellin, 2009)*.

A diferencia de los granos blancos, los pigmentados poseen compuestos químicos llamados antocianinas, que les dan colores vistosos. Estas sustancias no son tóxicas al ser humano, al contrario son importantes al poseer propiedades nutraceuticas y antioxidantes, que al consumirlas ayudan a mantener buena salud y prevenir enfermedades *(Ramírez et al., 2010)*.

La preferencia de muchas personas por consumir productos de maíz pigmentado, se debe a que encuentran que el sabor y la textura son más agradables que el maíz blanco o amarillo. Los colores que presentan, los hacen más atractivos e invitan a su consumo *(Bello 2015)*

Para López, *et al.*, *(2016)* la diferencia entre los diferentes tipos de maíz no es el producto, si no el mercado hacia dónde van dirigidos, en los mercados locales tradicionales, se incluyen los maíces criollos y sus productos alimenticios elaborados de forma artesanal, su principal característica es que al ser estos, diferentes con propiedades particulares, van conducidos a una cadena corta de productor a consumidor; llamados mercados de especialidad, dónde los productos elaborados con estos maíces traspasan fronteras, en este mercado se valoran más las características únicas de los maíces nativos, por lo

que los consumidores, aprecian este tipo de maíz por sus características. En estos mercados se busca un desarrollo más allá de lo local.

El grano de maíz con pigmento tipo antocianino (rojo, azul, morado y negro) debe su coloración a las antocianinas, que representan uno de los principales grupos de pigmentos vegetales visibles al ojo humano. Las antocianinas, además de ser colorantes inocuos para el consumo humano, poseen importantes actividades biológicas como antioxidantes, antimutagénicas y anticancerígenas (*López-Martínez et al., 2009; Zhao et al., 2009*), por lo que son de interés para la industria alimenticia, farmacéutica y cosmética.

Los maíces pigmentados son producidos por agricultores de subsistencia, en suelos marginales y en pequeñas superficies, y la mayor parte de su producción es para autoconsumo. La acumulación del pigmento en las estructuras del grano, determina el posible uso de este tipo de maíces (*Salinas et al 2013*).

Según Vázquez, *et al*, (2010) los productores de las regiones temporaleras, prefieren los maíces de especialidad, por la adaptación a las condiciones ambientales de sus parcelas, por la facilidad para su procesamiento, por las características de los alimentos, que con ellos se preparan y porque ligados sobre todo a aspectos culturales. De manera general, la preferencia entre los distintos tipos de maíz, es por los atributos de color, sabor, textura, consistencia de las tortillas y facilidad de la masa para trabajarla.

### **Mejoramiento Poblacional**

El mejoramiento genético de poblaciones, permite generar variedades mejoradas, recomendables para agricultores que no cuentan con los recursos económicos, para adquirir semilla híbrida cada año (*Hallauer y Miranda, 1981*)

Tomando en cuenta los caracteres de interés económico, los Fitomejoradores han logrado avances en programas de mejoramiento genético poblacional,

creando variedades de uso comercial, sin dejar de lado las bondades que ofrecen los maíces de especialidad.

El mejoramiento genético es un proceso cíclico. En cada ciclo de selección, se obtienen, evalúan y se recombinan, todos los individuos de la población determinada, esto permite tomar decisiones de como modificar la composición genética de las plantas para obtener variedades o híbridos mejorados, adaptados a condiciones específicas, de mayores rendimientos económicos y de mejor calidad que las variedades originales o de fundación. Busca crear plantas cuyo patrimonio hereditario esté de acuerdo con las condiciones, necesidades y recursos de los productores rurales, de la industria y de los consumidores (*Vallejo y Estrada, 2002*).

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 líneas S1 o S2 (*Ramírez, et al. 1999*)

El mejoramiento de poblaciones de maíz mediante selección recurrente ha sido efectivo para incrementar la frecuencia de alelos favorables de importancia económica. Estas poblaciones mejoradas se han utilizado comercialmente como variedades de polinización libre y en híbridos intervarietales. (*Lonnquist, 1949; Eberhart et al., 1967; Hallauer, 1992*).

Dentro de los maíces de especialidad, lo más deseado son los genes que se encuentran dispersos en las plantas. Es de suma importancia, reunir los genes favorables y las características que uno desea en las plantas, esperando recombinar esos genes y obtener así nuevos genotipos y fenotipos con buena presencia.

## **Hermanos Completos**

La selección recurrente de hermanos completos (SRHC) fue propuesta inicialmente por Mather (1949) como cruza biparentales.

El esquema de selección recurrente de hermanos completos, se ha usado exitosamente, para lograr las características deseadas en una planta “arquetipos” que pueden ir desde el rendimiento de grano, hasta una reducción de las alturas de plantas y mazorcas, resistencia a plagas y sequías entre muchas otras propiedades (Coutiño, et al., 2008)

Es la descendencia del apareamiento entre dos individuos o cruza planta a planta (PaP). La familia será proveniente de la semilla que se forma del cruzamiento directo de la planta o bien de la cruza directa y un cruzamiento bilateral.

Las familias de HC se pueden ser originados por dos vías. En una los cruzamientos se hacen entre dos plantas no relacionadas con ninguna otra o cruza planta a planta (PaP). En este caso, el número de cruza será la mitad del número de las plantas. En la otra, se sigue la técnica de polinización llamada “cruza en cadena” (CeC), en la cual una planta poliniza a otra, ésta poliniza una tercera, está a una cuarta, hasta que la última poliniza a la primera; en este caso se tienen (n) cruza, tantas como plantas (Márques, 1985). En este caso las semillas generadas se consideran una misma familia. En los dos casos los miembros de la familia tienen los dos padres en común siendo HC.

Hallauer y Eberhart (1970) sugiriendo el uso de plantas prolíficas, para producir las familias de hermanos completos. Las familias de hermanos completos son producidas recíprocamente en una mazorca de cada planta y la otra mazorca de cada planta es autofecundada y es usada en la recombinación para formar el siguiente ciclo de la población.



Los pasos que se siguen en la selección de familias de hermanos completos son los siguientes:

- 1) Generación de familias de hermanos completos.
- 2) Evaluación de las familias.
- 3) Recombinación de las familias.

De este modo, son necesarias tres generaciones mínimo para cumplir con un ciclo de selección.

Para reducir este tiempo Dhillon y Khehra (1984) sugieren una modificación al método, donde la recombinación de las familias seleccionadas y la generación de nuevas familias de hermanos completos son llevadas al mismo tiempo, haciendo cruza ínter - plantas entre familias seleccionadas, teniendo el cuidado de no cruzar familias con progenitores comunes, lo cual conduciría a la endogamia.

De acuerdo con Reyes (1990) el método de selección familiar de hermanos completos (S.F.H.C) no ha sido utilizado de una forma tan amplia al requerir cuantioso trabajo de campo ya que es un método muy costoso, pues implica gastos en mano de obra, bolsas de polinizar y glaciés. Pero se puede decir que es más eficiente que otros métodos, al tener el control en ambos progenitores.

### **Índices de Selección (IS)**

Un Índice de selección, es el procedimiento utilizado para hacer selección de una forma paralela, en el que se incluyan varias características, tomando en consideración los aspectos genéticos y también la importancia económica de las propiedades involucradas. Esta serie está compuesta principalmente por dos ecuaciones; la primera, es aquella en la cual se incluyen aquellas peculiaridades que se desean mejorar, en sí, aquellas que comprenden el

objetivo de la selección y se denominan genotipo agregado; la segunda se constituye con las características sobre aquellas que se hace la selección, las cuales, se denominan criterios de selección (Yáñez, 2005).

Existen varios métodos, para el mejoramiento genético simultáneo de varios caracteres, y los tres de mayor importancia son: selección en tándem, selección simultánea de caracteres independientes e IS. Los Índices de Selección, permiten separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres. Cada método tiene una eficiencia diferente y el que proporcione la ganancia genética máxima por unidad de tiempo y esfuerzo es el mejor (Cerón y Sahagún, 2005).

Para Restrepo, *et al.*, (2008) el Índice de Selección, es un método en el cual se desarrolla una ecuación que da valores óptimos a la importancia económica de cada característica, la heredabilidad y a las correlaciones genéticas y fenotípicas, de manera que permite separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres.

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

Córdova (1991) dice que al construirse un IS adecuadamente, tomando todos los factores en consideración, se convierte en el mejor método de selección, dando como resultado un mejoramiento genético más acelerado, con relación al tiempo y esfuerzos empleados en su aplicación.

Según Rodríguez, *et al.*, (2015) para la selección del mejor genotipo, hay que tomar en cuenta un gran número de características agronómicas, algunas de las cuales, pueden estar correlacionadas desfavorablemente. Una herramienta de gran utilidad, son los Índices de Selección, que permiten identificar genotipos que involucren varias características simultáneas.

### **Diseño Genético I Carolina del Norte**

Los Diseños I y II de Carolina del Norte, juegan un papel primordial en el mejoramiento genético vegetal, para estimar los componentes de varianza genética, de una población de referencia (*Fehr, 1991*).

Dentro de los esquemas de mejoramiento genético de plantas, los diseños genéticos, se han utilizado para determinar los efectos y/o variancias genéticas en una población. El objetivo de los diseños genéticos, además de caracterizar genéticamente una determinada población de plantas, es poder estimar para una característica dada, qué proporción de la variabilidad fenotípica observada, se debe a causas genéticas (*Lagos y Criollo, 1997*)

La medición de múltiples características bajo estos diseños, permite también la estimación de componentes de covarianza, y las correlaciones fenotípicas y genotípicas, entre las características medidas (*Hallauer y Miranda, 1988*).

### **Heredabilidad**

Entre los parámetros genéticos más importantes se encuentra la heredabilidad; que en sentido amplio ( $h^2$ ), es la porción de la varianza fenotípica que corresponde a la varianza genética total; en sentido estrecho ( $h^2$ ), es la porción

de la varianza fenotípica que corresponde a la varianza genética aditiva. El principal uso de heredabilidad en mejoramiento genético, es la predicción de ganancia por selección (*Oyervides, et al., 1993*).

De acuerdo con Navarro (1992) la heredabilidad fue definida por Falconer (1981), como la importancia relativa de la herencia en la determinación de los valores fenotípicos de los individuos.

Allard (1980) definió a la heredabilidad, como la proporción de la variabilidad observada, debida a los efectos aditivos de los genes.

Según Brauer (1981), los estudios de heredabilidad, son útiles para determinar la proporción de la variación total, observada de un carácter, que corresponde a factores genéticos y a factores ambientales.

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

Para Ligarreto y Ospina (2009) La heredabilidad tiene una estrecha relación con la selección. La selección, busca obtener y aislar grupos de individuos genéticamente mejores dentro de la población original. El éxito de la selección varía de una población a otra, dentro de una especie o de especie a especie. Si hay considerable variación genotípica de tipo aditivo, y una alta heredabilidad, la selección puede causar grandes y permanentes cambios en la población. La varianza genotípica de tipo aditivo puede estar presente, pero si la heredabilidad es baja, la selección no es efectiva.

### **III. MATERIALES Y MÉTODOS**

#### **Material Genético**

El material genético que constituye la población variegada, es procedente de la mezcla de materiales: rojos, blancos y amarillos. El peculiar color de la variedad variegada, se obtuvo por las porciones de ADN que se movilizan dentro de un mismo cromosoma, el nombre más común para esta singular característica, es “genes saltarines o trasposones” y fue descubierta por la investigadora Bárbara McClintock a mitad del siglo XX.

La Población variegada, es por lo general plantas de porte normal, que se caracterizan por ser semilla de color rojo que presenta franjas de color blanco en posición longitudinal, generadas por una alta frecuencia de transposones, lo que le da interés de uso científico, responde muy bien al manejo agronómico y uso de insumos agrícolas, presenta madurez diversa ya que dentro de la población, se encuentran familias precoces intermedias y tardías, presenta entre nudos largos espigas compactas el grano es de tipo dentado.

En junio del 2016 en el campo experimental “Bajío” de la UAAAN fue sembrado el ensayo para rendimiento. En el que se evaluaron 160 familias de hermanos completos. Usando 43 progenitores masculinos, cada uno fue cruzado con diferente número de hembras. La evaluación de las familias y el análisis genético se llevó a cabo a partir del ensayo de rendimiento, evaluado bajo el diseño de bloques incompletos con un arreglo alfa-látice.

## **Evaluación**

La evaluación de las 160 familias se realizó en el campo directo de la UAAAN, (Bajío) ubicado en Buenavista, Saltillo, Coahuila con las coordenadas correspondientes a 25° 21'2" Latitud Norte y 101°2' Longitud Oeste con una Altitud de 1730 msnm, una temperatura media anual de 17.7°C y una precipitación pluvial anual de 228.6 mm.

## **Labores Culturales**

### **Siembra**

Se realizó manualmente depositando dos semillas por golpe, en el ciclo primavera verano (P-V) del año 2016, siendo la unidad experimental de un surco de 3.70 m, de largo por 0.80 m de ancho, con espaciamiento de 0.16 m entre plantas, con una densidad de 78, 125 plantas por hectárea

### **Fertilización**

La fórmula aplicada fue 200-100-100 kg ha<sup>-1</sup> de Nitrógeno, Fosforo y Potasio respectivamente, todo el Fosforo, Potasio y la mitad del Nitrógeno fueron aplicados a los 30 días después de la siembra, cuando la planta se observaba en etapa V3, el resto del Nitrógeno se aplicó, en el primer cultivo, adicionalmente se realizó una aplicación de micronutrientes vía foliar en etapa V6, acompañado de insecticidas.

### **Control de Malezas**

Se utilizó un herbicida pre-emergente con el nombre comercial de calibre 90, (cuyo ingrediente activo es Atrazina) a razón de 2 kg ha<sup>-1</sup>, aplicado después del riego de siembra y herbicida pos-emergente con el nombre comercial de Convey, (cuyo ingrediente activo es Topramezone 29.73% SC) a razón de 100 ml ha<sup>-1</sup>, además de deshierbes manuales según las necesidades del cultivo.

Aclareo; El aclareo se realizó en etapa V5, el objetivo fue dejar 23 plantas por parcela útil.

### **Control de Plagas**

Las plagas fueron controladas con las aplicaciones de Furadan 5G como tratamiento a la semilla y posteriormente se utilizaron los siguientes insecticidas, Proclaim (Benzoato de Emamectina) y Topgar (cyromacina), para el control de gusano cogollero y minador respectivamente.

### **Riegos**

Se hizo la siembra a tierra venida, suministrando riegos de auxilio vía cintilla obedeciendo las necesidades de agua del cultivo.

### **La Cosecha**

Se realizó de forma manual, posteriormente se obtuvieron los datos, peso hectolítrico y humedad.

### **Variables a Considerar**

Las características agronómicas que fueron evaluadas en el presente trabajo, son las que se valoran de mayor relevancia, para realizar la selección de los materiales evaluados, siendo tales características las que a continuación son descritas.

### **Días a Floración Macho (DFM)**

Días transcurridos a partir de la fecha de siembra hasta que el 50 por ciento de plantas presenten derrame de polen.

### **Días a Floración Hembra (DFH)**

Días transcurridos de la fecha de siembra hasta que el 50 las plantas tienen presencia de las primeras partes de la inflorescencia femenina.

### **Altura de Planta (ALPTA).**

Distancia comprendida desde el nivel del surco hasta la inserción de la hoja bandera, se expresa en centímetros. Es la media estimada al muestrear diez plantas al azar por parcela.

### **Altura de Mazorca (ALMAZ).**

Promedio de diez plantas muestreadas al azar por parcela, medidas desde el nivel del surco hasta la inserción de la mazorca principal, expresada en centímetros.

### **Acame de Raíz (ACRA)**

Número de plantas que presentan un ángulo de inclinación de 30° con respecto a la vertical, expresado en porcentaje.

### **Acame de Tallo (ACTA)**

Número de plantas quebradas o dobladas debajo de la mazorca.

### **Mala Cobertura (MACO)**

Número de plantas que tienen un mal envolvimiento o no cubre el total de la mazorca.

### **Plantas con *Fusarium spp* (FUS)**

Número de plantas que presentan total o parcialmente este hongo en cada parcela, tomando el porcentaje con respecto al total de las plantas establecidas.



### **Calificación de Planta (CALFP)**

Calificación visual de las plantas por parcela que cuenta con: porte, vigor, sanidad y uniformidad. La escala va de 1 a 10 (1 muy mala, 10 muy buena).

### **Calificación de Mazorca (CALMZ)**

Calificación visual en base al total de mazorcas cosechadas por parcela útil que considera llenado de grano, sanidad, tamaño uniformidad y color de mazorca. Tomando una escala de 1-10; donde: 1 corresponde a lo no deseable; y el 10 a lo mejor más sano y uniforme

### **Intensidad de Color (INTC)**

Calificación visual que se tomó una escala de 1-10 donde el 10 representa un color variegado intenso y el 5 corresponde a mazorcas con ausencia de este color.

### **Peso Hectolítrico (PH)**

Representa el peso del grano contenido en un recipiente de 100 litros, denotado por (kg hl-1) se traduce a la cantidad de materia seca de grano que hay en un volumen determinado y fue obtenido con el determinador de humedad de la marca Dickey John.

### **Porcentaje de Humedad (% H).**

Fue tomada al momento de la cosecha con un determinador de humedad de la marca Dickey John. Para sacar el peso seco se aplicó la siguiente fórmula.  $ps = \frac{(100 - \%H) \times pc}{100}$  Dónde: %H= porcentaje de humedad del grano al momento de cosecha y PC = peso de campo en kg.

### **Peso de Campo (PC)**

Peso expresado en kilogramos del total de las mazorcas cosechadas por parcela útil.

### **Por ciento de Humedad (% HUM)**

Se tomó un número de mazorcas representativas de la parcela, de las cuales se desgranaron de 3 a 5 hileras para obtener cerca de 250 gramos; esta muestra se somete a medición en un aparato Dickie John, que determina la humedad del grano. Esta actividad se realizó en campo al momento de la cosecha.

### **Número de Mazorcas Cosechadas (MAZ COS)**

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

### **Rendimiento de Grano (REND)**

En toneladas por hectárea de un grano al 15.5% de humedad.

### **Peso Seco (PS)**

Del total de mazorcas cosechadas por parcela útil se tomó aleatoriamente una muestra representativa de 250 gramos de semilla. Calculándose el por ciento de materia seca por diferencia con el 100 por ciento.

Para sacar el peso seco se utilizó la siguiente formula.

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

Finalmente, el rendimiento en mazorca al 15.5 por ciento de humedad, se obtuvo al multiplicar el peso seco por el factor de conversión (FC) a ton/ha.

Donde:

### **Rendimiento t/Ha (REND)**

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

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

0.155 = Constante para obtener el rendimiento 15.5 por ciento de humedad.

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

10,000 m<sup>2</sup> = Equivalencia a una hectárea.

### **Diseño Experimental**

Se realizó la evaluación de la estructura familiar de hermanos completos bajo un diseño de bloques incompletos con un arreglo alfa-látice, siendo la unidad experimental de un surco de 3.70 m, de largo por 0.80 m de ancho, con 23 plantas por parcela con 2 repeticiones.

$$Y_{jkl} = \mu + R_i + Bk(i) + Tl + E_{jkl}$$

Donde:

$Y_{ijlm}$  = Es el valor fenotípico observado de la cruza (l), en la repetición j, y en el bloque k.

$\mu$  = Es la media general.

$R_i$  = Es el efecto del i-ésimo ambiente.

$B_{k(i)}$  = Es el efecto del k-ésimo bloque dentro del i-ésima repetición

$T_l$  = Es el efecto del l-ésimo tratamiento.

$E_{ijkl}$  = Es el efecto aleatorio del error experimental que corresponde a la observación

### **Componentes de Varianza**

La estimación de los componentes de varianza fue a través del comando varcomp de SAS (SAS, System 9.0), que se utilizó en cada análisis de varianza donde al ejecutarlo se obtuvieron, varianza de machos, varianza de hembras dentro de machos, varianza del error.

### **Estimación de Parámetros Genéticos**

Con la estimación de los componentes de varianza antes descritos se calcularon las varianzas o parámetros genéticos como son: varianza aditiva ( $\sigma^2_A$ ), varianza de dominancia ( $\sigma^2_D$ ), y sus respectivos errores estándar, siguiendo el método de Hallauer y Miranda (1981).

Varianza genética ( $\sigma^2_G$ ), varianza fenotípica ( $\sigma^2_F$ ) y heredabilidad ( $h^2$ ), como sigue:

Varianza Aditiva,  $\sigma^2_A = 4 \sigma^2_M$

Varianza de Dominancia,  $\sigma^2D = 4(\sigma^2H(M) - \sigma^2M)$

Varianza Genética,  $\sigma^2G = (\sigma^2A + \sigma^2D)$

Varianza Fenotípica,  $\sigma^2F = (\sigma^2E/R) + \sigma^2A + \sigma^2D$

Se planteó realizar la selección de las mejores estructuras familiares de la población. Para este caso la selección se realizó con la herramienta estadística índices de selección (IS), el cual se construye con pocas variables que representen a todo el conjunto de variables obtenidas dentro de cada población, para hacer esto fue necesario visualizar el agrupamiento natural mediante un gráfico Biplot y este fue obtenido a través de un análisis AMMI, así identificar y tomar una variable de cada grupo de acuerdo con los criterios de selección.

El primer paso para analizar y observar si existe agrupamiento por correlación entre los caracteres obtenidos en campo, es necesario trabajar con las mismas unidades, dado a que cada carácter fue tomado en diferente unidad como son: días, kg, cm, porcentaje etc., las variables deben ser estandarizadas y la formula que se utilizó fue la siguiente:

$$Z = \frac{Y_i - \gamma}{\sigma}$$

Dónde: Z = Valor estandarizado.

$Y_i$  = Valor observado.

$\bar{Y}$  = Promedio de  $Y_i$ .

$\sigma$  = Desviación estándar de la variable en cuestión.

Después de tener los datos estandarizados de las 13 variables se prosiguió al acomodo de la siguiente manera, dónde los genotipos fueron la primera columna de forma vertical y las variables de forma horizontal, por lo tanto, cada genotipo contenía valores estandarizados a través de cada una de las variables.

Con el interés de observar el gráfico Biplot, para observar los agrupamientos naturales existentes entre las 13 variables anteriormente descritas, por lo tanto, el modelo aditivo de efectos principales e interacciones multiplicativas, AMMI se representa en la siguiente fórmula matemática:

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

Dónde:  $Y_{ij}$  = Comportamiento del  $i$ -ésimo genotipo en la  $j$ -ésima variable.

$\mu$  = media general.

$g_i$  = efecto del  $i$ -ésimo genotipo.

$e_j$  = efecto de la  $j$ -ésima variable.

$P$  = Numero de ejes de componentes principales considerados en el modelo AMMI que van desde que  $k=1$ .

$\lambda_k$  = Raíz cuadrada del vector característico del  $k$ -ésimo eje del ACP.

$\alpha_{ij}$  = Calificación del ACP para el  $k$ -ésimo eje del  $i$ -ésimo genotipo.

$\gamma_{jk}$  = Calificación del ACP para el  $k$ -ésimo eje de la  $j$ -ésima variable.

$\varepsilon_{ij}$  = Error aleatorio de  $i$ -ésimo genotipo en la  $j$ -ésima variable.

### **Índice de Selección (IS)**

Las variables seleccionadas que conformaron el índice de selección en la población variegada, fueron la variable (FM), como carácter para precocidad, calificación de planta (REND), como carácter correlacionado con las variables rendimiento y calificación de mazorca que lleva implícita, los criterios como; vigor, porte, sanidad, precocidad y potencial de rendimiento, por lo tanto las plantas con alto rendimiento tuvieron alta calificación, también se utilizó la

variable fusarium (FUS), ya que es importante seleccionar plantas con resistencia a fusarium.

Los índices se construyeron con base a la metodología propuesta por (Barreto, *et al.*, 1991), dónde la ecuación empelada para estimar el índice fue la siguiente:

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

Dónde: IS = Índice de selección.

Y<sub>j</sub>...n= variable en unidades Z.

M<sub>j</sub>...n= meta de selección.

I<sub>j</sub>...n=intensidad de selección.

La meta de selección asignada a cada variable se refiere a las unidades de desviación estándar del promedio que se desea lograr en la selección.

La meta toma valores de -3. a +3, con valor negativo la selección será para aquellos genotipos que se encuentren por debajo de la media de la población para la variable en evaluación, por el contrario, valores positivos son aquellos genotipos que se encuentren por arriba de la media de la población y para seleccionar genotipos que se encuentren cercanos al promedio se utilizan metas con valor de cero.

La intensidad de selección es el grado de importancia que se le asignan a cada una de las variables a ser utilizadas en la selección y toma valores de 1 a 10. Este valor es diferente para cada una de las variables, según el criterio del investigador. El valor de intensidad más pequeño (1) es asignado a la variable de menor interés y el valor más alto (10) representa la variable de mayor importancia.

Los valores obtenidos del IS fueron usados como variable de respuesta en un análisis de varianza, también se utilizó la prueba de medias Tukey ( $p < 0.05$ ), los individuos seleccionados fueron los que tuvieron el índice más bajo, dado que son las distancias más cercanas a la meta deseada y que según Barreto et al., (1991) son los individuos superiores respecto a los genotipos buscados.



#### IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Con el propósito de dar cumplimiento a los objetivos establecidos, así como también rechazar o no las hipótesis planteadas se presentan los resultados del análisis de varianza y la discusión, obtenidos al ser trabajados bajo el Diseño de Carolina del Norte I.

##### Componentes de Varianza

En el Cuadro 4.1 se encuentran los cuadrados medios obtenidos del análisis de varianza que se realizó para cada variable, que se utilizarán para obtener los componentes de la varianza genética y, así caracterizar a la población en estudio.

**Cuadro 4.1.** Cuadrados medios del análisis de varianza de 13 variables agronómicas

FV	GL	REND	DFM	DFH	ADR	ADT
REP	1	7.420358 NS	120.86416**	401.812214**	6544.96677**	513.68944*
BLOQ (REP)	13	4.3787663 NS	13.994645**	25.754491**	463.53419**	86.84034 NS
M	42	11.2783065**	21.984001**	34.966092**	372.91276**	171.10514 NS
H (M)	123	5.8361221 NS	10.372982**	13.569339**	282.29644 NS	157.03633 NS
ERROR		5.402311	5.434913	8.596939	227.8153	127.87908
CV		24.8391	3.157993	3.874854	81.01161	96.90646

#### Cuadro 4. 1. ....Continuación.

CALMZA	ALTPLTA	ALTMZA	MLCOB	PLNFU	CALFPLA	PESOHSL	%HUMEDA
1.4976088 NS	72.15938 NS	641.45751 NS	1.54049 NS	400.59327 NS	1.1099766 NS	131.1382039**	56.65**
0.972438 NS	455.40389 **	307.26695 NS	68.7869 NS	132.57633 NS	0.7683522 NS	8.8561661NS	4.74*
1.4566613**	466.11717 **	744.3865**	247.64335**	277.29308 **	1.8648595**	10.1117657**	3.99*
0.9451022 NS	280.4753 NS	314.34688 NS	101.12263 NS	185.06309 NS	1.4833081**	5.3825537NS	3.65*
0.8509128	229.4629	252.9714	91.26944	175.06559	1.0228404	5.317537	2.57
22.918	7.335054	12.59683	86.3106	55.05846	26.16565	3.332339	6.849916

\*= significativo, \*\*=altamente significativo, NS= no significativo, FV= fuentes de variación, GL= grados de libertad, % HUM= porcentaje de humedad, DFM= días a floración macho, DFH= días a floración hembra, ALPTA= altura de planta, ALTMZA= altura de mazorca, ADR= acame de raíz, ADT= acame de tallo, MLCOB= mala cobertura, PLNFU= plantas con fusarium, REND= rendimiento, CV= coeficiente de variación, PESOHSL= peso electrolítico, CALMZA= calificación de mazorca, CALFPLA= calificación de planta

La fuente de variación repeticiones y bloque dentro de repeticiones indica que existen diferencias ( $P \leq 0.05$ ) significativas y ( $P \leq 0.01$ ) altamente significativa en siete de las 13 variables. Estas diferencias pueden ser atribuidas a una desigualdad entre los bloques así también como al manejo agronómico, factores edáficos y pluviales variados lo que se refleja en un comportamiento diferente. Esta situación destaca la eficiencia del diseño ya que estos efectos fueron eliminados del error.

La fuente de variación de que corresponde a machos se detectaron diferencias significativas ( $P \leq 0.05$ ) y altamente significativas ( $P \leq 0.01$ ) en 12 de las 13 las variables evaluadas, esto indica una amplia variabilidad dentro de la población, esta variación expresada en los machos se traduce en que al menos uno de ellos tiene que ser estadísticamente diferente del resto.

En la fuente de variación hembras dentro de machos, se detectaron diferencias altamente significativas y significativas en cuatro de las variables evaluadas, esto indica que existen familias con diferente comportamiento agronómico, dicha variación se puede deber a la información genética, estas diferencias fueron encontradas en las variables: DFM, DFH, CALP, POR CIENTO de HUMEDAD y esto permitirá la mejor elección dentro de las mismas.

Al conocer la diferencia de las variables se puede establecer que es factible hacer mejoramiento dentro de las variables DFM, DFH, CALP Y POR CIENTO de HUMEDAD; son variables directamente ligadas a los aspectos de precocidad y porte de planta. Sin embargo, es importante conocer sus heredabilidades para así decidir cuál será el método de mejoramiento a emplear.

Al respecto en el Cuadro 4.2 vamos a encontrar los componentes de varianza que servirán para hacer las estimaciones de heredabilidad, con atención a las covarianzas de las estructuras familiares que genera este diseño de apareamiento.

La varianza aditiva estimada en las variables sugiere que la selección recurrente logrará avances significativos en la mejora de todas estas variables, ya que son caracteres con facilidad para ser transmitidos y la selección será eficiente, para mejorar la población.

**Cuadro 4.2.** Concentrado de los componentes genéticos, varianzas y heredabilidades de la población variegada.

ESTIMADORES	DFH	ALTPLA	ALTMZA	PLANF	ACR	ACT
$\sigma^2_M$	3.22068	28.9537	58.93737	18.65765	10.74744	13.26169
$\sigma^2_{(H)M}$	2.93808	48.26069	61.0073	14.08644	15.08355	16.09112
$\sigma^2_A$	12.88272	115.8148	235.74948	74.6306	42.98976	53.04676
$\sigma^2_D$	0	0	0	0	0	0
$\sigma^2_E$	17.16767	222.967345	352.34223	156.893635	165.163975	112.20673
$h^2$	0.75040585	0.51942494	0.66909232	0.4756764	0.26028533	0.47275917

ESTIMADORES	REND	%HUM	MALACOB	PESH	CALFP	CALFMZA	DFM
$\sigma^2_M$	1.00552	0.08044	24.17015	0.61289	0.06455	0.11281	1.80158
$\sigma^2_{(H)M}$	0.24858	0.43127	7.6869	-0.12602	0.23845	0.07104	2.35058
$\sigma^2_A$	4.02208	0.32176	96.6806	2.45156	0.2582	0.45124	7.20632
$\sigma^2_D$	0	0.10951	0	0	0	0	0
$\sigma^2_E$	6.64173	1.78152	139.89694	5.20779	0.78292	0.85341	10.08593
$h^2$	0.60557716	0.18060982	0.69108445	0.47074863	0.32979104	0.52874937	0.71449237

$\sigma^2_M$  = Varianza de machos;  $\sigma^2_{(H)M}$  = Varianza de hembras dentro de machos;  $\sigma^2_A$  = Varianza aditiva;  $\sigma^2_D$  = Varianza de dominancia;  $\sigma^2_E$  = Varianza del error;  $h^2$  = Heredabilidad;

Los valores bajos en la varianza aditiva en cualquier variable implican que los valores reproductivos son mínimos, por lo tanto, el mejoramiento de esas variables se dificulta, pensando en solucionar esto se deben emplear métodos de mejoramiento agresivos como progenies endogámicas que permitan aumentar rápidamente la varianza aditiva, de no lograr estos objetivos la selección sería ineficiente.

Respecto a la heredabilidad ( $h^2$ ) las variables con valores  $> 0.5$ , se consideran de alto valor reproductivo, lo que indica que son caracteres que pueden ser transmitidos fácilmente entonces el mejoramiento de esas características serían relativamente sencillo, los métodos sugeridos son selección recurrente, que no requiera tanto control artificial de la polinización y por lo tanto debe redundar en un mayor éxito las variables implícitas dentro de este valor son: REND, CALFMZA, DFM, DFH, ALTPLA, MALACOB, ALTMZA Y ACT.

Las variables con valores estimados de heredabilidad ( $h^2$ ) comprendidos entre 0.2 y 0.5 son consideradas heredabilidades intermedias, por lo tanto, si se plantea mejorar estas variables deberán ser manejadas bajo un esquema de hermanos completos que ha demostrado ser una excelente herramienta cuando las heredabilidades son intermedias, dentro de estas se encuentran las variables PH, CALFP, PLANF y ACT, atribuidas al rendimiento, porte y sanidad que son tres de las cinco características más importantes para la selección de materiales. Se puede someter a toda la población a este modelo de mejoramiento, y así avanzar de forma directa en cuanto a heredabilidades medias y altas de forma simultánea.

En las variables donde la heredabilidad ( $h^2$ ) es menor de  $<0.2$ , se recomienda mejorarlas con el uso de progenies endogámicas éstas permiten aumentar el valor reproductivo de los individuos de una manera más rápido, este método lo podemos emplear en las variables: POR CIENTO de HUMEDAD. Sin embargo, en general se puede afirmar que existe una gran heredabilidad en el resto de las variables por lo que podríamos avanzar de forma exitosa con otro método de mejoramiento antes de querer implementar las progenies endogámicas.

Una vez estimadas las heredabilidades para cada una de las variables así también como sus varianzas genéticas, la siguiente tarea es seleccionar las familias que son superiores dentro de la población. Y así poder constituir el primer ciclo de selección en esta población.

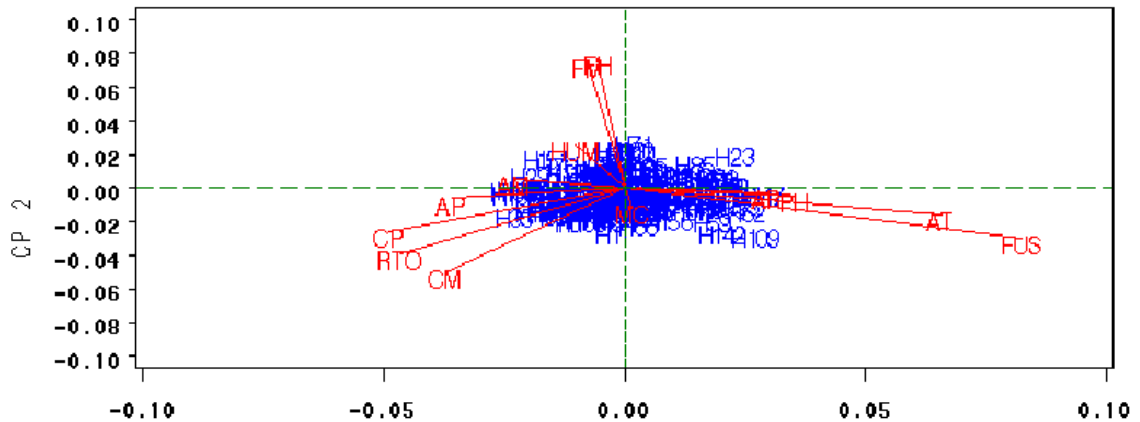
### **Selección de Familias**

Para poder seleccionar familias existen diferentes formas, estas pueden ir desde la simple observación, hasta el uso de un Índice de Selección sofisticado que permita realizar la correcta elección de familias, en lo particular en este estudio se empleó un Índice de Selección básico (IS) propuesto por (Barreto, *et al.*, 1991), para construirlo utilizamos tres variables de las trece evaluadas en cada población, una representativa de potencial de rendimiento, otra de sanidad y otra atendiendo el porte y la precocidad de las familias.

La elección de las variables para construir el índice fue con el auxilio del agrupamiento natural que existió entre ellas, el cual fue obtenido mediante el gráfico Biplot, generado por el análisis estadístico del AMMI, dentro de cada agrupamiento natural se eligió la variable que presentara mayor diversidad en base a la longitud de su vector, así como el grado de heredabilidad, importancia económica y agronómica.

En la Figura 4.3 se observa el agrupamiento de las variables de la población variegada, se obtuvieron tres grupos quedando de la siguiente manera, en el cuadrante uno se agruparon las variables que se asocian con la sanidad: FUS, AT, PH, MC Y AR aquí la variable elegida fue porcentaje de plantas con fusarium.

### Biplot Variiegado



El siguiente grupo de variables que se asocian con la precocidad y el porte, se localizó en el cuadrante número dos con las variables: FH, FM, HUM, aquí la variable elegida fue floración macho.

Por último, el tercer grupo corresponde a las variables que contribuyen al rendimiento: CM, RTO, CP, AP Y AM aquí se eligió la variable rendimiento, por su excelente correlación con la productividad.

Crossa y Vargas (2000), mencionan que entre otras cosas los gráficos Biplots permiten visualizar los patrones de respuesta y agrupamiento de las variables, está herramienta ayuda en la correcta elección de variables para construir el Índice de Selección. En el Cuadro 4.4 se concentran las variables elegidas para el índice de selección y su objetivo. Estas fueron elegidas por ser las más representativas dentro de cada agrupamiento, también se hace mención que el objetivo como mejoradores es hacia donde se quiere llegar en el progreso de la población.

**Cuadro 4.4** Variables y sus heredabilidades elegidas para construir el índice de selección en cada una de las poblaciones

POBLACIÓN	VARIABLE	VARIABLE	VARIABLE	OBJETIVO
Variegada	FM	FUS	REND	Población precoz de buen porte, rendidora y sana
$h^2$	0.71449237	0.4756764	0.60557716	

$h^2$ = Heredabilidad de los caracteres en cada población; FM=Floración macho; REND= Rendimiento; FUS= Fusarium.

La selección de las familias en la población, se llevó acabo, con la construcción de un IS, para ello se eligieron las tres variables descritas en el Cuadro 4.4 bajos los siguientes criterios 1) la variable debe estar asociada en un grupo de variables y esta debe de ser la más representativa del grupo, 2) se tomó en cuenta la heredabilidad ( $h^2$ ) del carácter representado en cada variable 3) el objetivo del fitomejorador fue de suma importancia, esto permite direccionar hacia dónde se quiere llegar con la población.

El índice de selección fue estimado por repetición, los valores estimados de índices de selección fueron modelados para poder rechazar o no la hipótesis de diferencia entre los índices de selección a través de un análisis de varianza y se realizó un agrupamiento con la técnica sugerida por Tukey ( $p \leq 0.05$ ), las familias seleccionadas fueron las de los grupos con IS de valores bajos ya que de acuerdo con (Barreto *et al.*, 1991) los valores del índice están dados por distancias euclidianas, entonces las familias que presentan los valores más bajos del índice son consideradas más cercanos a las familias superiores.

En el Cuadro 4.5 se presentan el análisis de varianza empleado para la elección de los mejores machos con atención al valor al mérito de los índices de selección estimados, considerando que es la llave para la selección de quienes son los progenitores superiores. En él se encuentran diferencias significativas y altamente significativas en los machos, indicando en las variables de los

machos que se pueden encontrar diferencias significativas, debido a la diferencia que hay entre sus características fenotípicas, indican que tiene una constitución y un comportamiento distinto entre ellos.

Así mismo, dentro de las repeticiones existen diferencias altamente significativas ya que el promedio dentro de estas se comporta de una manera distinta, esto indica las diferencia que hay entre el promedio de los valores que manejan los IS por repetición. En el Cuadro 4.6 se muestra el 10 por ciento de los machos que fueron elegidos de acuerdo al valor al mérito del índice de selección.

**Cuadro 4.5** Análisis de varianza para la selección de los mejores machos arrojados por los IS.

FV	GL	SC	CM	F-VALOR	PR-F
REP	1	13.9240058	13.9240058*	4.85	0.0332
MACHOS	42	270.709438	6.4454628**	2.25	0.0051
ERROR			2.8700537		
C.V			11.85298		

\*= significativo, \*\*=altamente significativo, NS= no significativo, FV= fuentes de variación, GL= grados de libertad, SC=suma de cuadrado, CM= cuadrados medios, FVALOR= valor de la F, PR-F= f calculada

**Cuadro 4.6** Selección del 10% de los mejores machos arrojados por los IS.

Machos	Fm	FUS	REND	IS
29	70	20	12.0031154	9.311
30	73	23	11.2135435	11.989
33	77	29	9.5033709	12.221
11	77	33	8.34041338	12.265
35	70	39	8.45690914	12.267

MACHOS=machos, Fm= Floración macho; Fus= % de Fusarium; REND= rendimiento.

Es notorio que dentro de los machos se cuenta con un aceptable rendimiento, así mismo suficiente precocidad en atención a la floración, sin embargo, donde se tiene que hacer énfasis es en la alarmante incidencia de plantas con



fusarium, que a futuro si no se pone atención en mejorar este aspecto pueden seguir acarreando problemas en la sanidad.

En el Cuadro 4.7 se presenta análisis de varianza de los índices de selección para las familias de hermanos completos generadas por el diseño I de Carolina del Norte; se encuentran diferencias altamente significativas entre las repeticiones, atribuyendo esto a que hay un comportamiento diferente dentro de los promedios de los IS de cada repetición.

Para la fuente de variación correspondiente a las familias, no se encuentran diferencias estadísticas significativas, sin embargo, las hay al siete por ciento de probabilidad de error, con ellos se realizó la selección que permite la elección dentro de las mismas para así poder conformar lo que será el primer ciclo de selección de esta población. En el Cuadro 4.8 se enlistan la selección del 10% de las mejores familias arrojadas por los índices de selección.

**Cuadro 4.7** Análisis de varianza donde la variable de respuesta es el IS para la selección de la mejores familias

FV	GL	SC	CM	F-VALOR	PR-F
REP	1	536.285979	536.2859791**	127.25	<.0001
FAMILIAS	159	846.758772	5.3255269NS	1.26	0.0706
ERROR			4.214448		
C.V			10.76762		

\*= significativo, \*\*=altamente significativo, NS= no significativo, FV= fuentes de variación, GL= grados de libertad, SC=suma de cuadrado, CM= cuadrados medios, FVALOR= valor de la F, PR-F= f calculada.

**Cuadro 4.8** Selección del 10% de las mejores familias arrojados por los IS.

FAM	FM	FUS	REND	IS
27	74.5	55.20835	10.4467	13.433
126	80	19.54545	12.38425	15.614
42	72.5	66.66665	8.3539	15.909
23	73.5	46.04165	9.5077	16.018
112	77.5	20.2381	12.14065	16.068
158	73.5	41.99085	10.3135	16.259
76	73.5	39.44445	9.9855	16.294
78	74.5	36.90475	10.08445	16.449
98	71.5	45.23805	9.8958	16.46
95	73	25.31325	15.31365	16.53
152	79	18.90755	11.55775	16.546
138	75	40.9091	9.7837	16.677
108	78	20.24455	11.9149	16.794
38	76	40.2834	8.13055	16.84
32	75.5	20.83335	11.6686	16.861
33	73	39.23915	9.8489	16.913

FAM=familia, FM= Floración macho; FUS= % de Fusarium; REND= rendimiento.

Se observa que dentro de las familias seleccionadas se cuenta con un buen rendimiento, así mismo suficiente precocidad en atención a la floración, sin embargo, donde se tiene que hacer énfasis es en la alarmante incidencia de plantas con fusarium, que a futuro si no se pone atención en mejorar este aspecto pueden seguir acarreando problemas en la sanidad.

Con estas familias se hizo una recombinación y se generó un compuesto balanceado de cinco mil semillas, que constituye el primer ciclo de selección. Con este compuesto sembrado, se deben elegir las mejores mil plantas que presenten buena sanidad, mismas que serán autofecundadas y a la cosecha elegir las que tengan una alta incidencia en la coloración por transposones, (maíces variegados).

Por lo tanto, el siguiente ciclo de selección será bajo el esquema de líneas s1 que incluirá las mejores 200 plantas, seleccionadas visualmente por ser resistentes al ataque de fusarium y con alta frecuencia de transposones.

## V. CONCLUSIONES

Se encontraron diferencias solo en cuatro de las 13 variables evaluadas dentro de las familias, proporción suficiente para rechazar la hipótesis nula que indica que no hay variación dentro de las familias evaluadas.

En la exploración y caracterización genética de la población, se encontró que la población variegada obtuvo valores reproductivos aceptables que se traducirán en tener aceptables heredabilidades.

Se encontraron heredabilidades altas en ocho de las 13 variables evaluadas; intermedias cuatro de 13 y bajas una de 13 dentro de la población, por lo tanto se podrá emplear selección recurrente con tres métodos de mejoramiento diferentes como son : estructuras familiares de medios hermanos para caracteres de alta heredabilidad, estructuras de hermanos completos para heredabilidades intermedias y progenies endogámicas para caracteres con heredabilidades bajas, de forma personal podría implementar de forma directa la estructura familiar de hermanos completos y así avanzar de forma conjunta dentro de las heredabilidades intermedias y altas y dejar para el siguiente ciclo de selección las progenies endogámicas.

Fueron seleccionadas las familias más sobresalientes en atención al valor del mérito del IS, esto correspondió a un 10 por ciento. De forma paralela se eligió el 10 por ciento de los mejores machos también con atención al IS, esto por el diseño genético que se manejó durante el trabajo.

## VI. BIBLIOGRAFÍA CITADA

**Allard, RW, (1980).** Principios de la Mejora Genética de las Plantas. Editorial EOSA. España. 498 p.

**Aragón, C.F., S.Taba, J.M. Hernández, J. de D. Figueroa, V. Serrano y F.H. Castro. (2006).** Catálogo de maíces criollos de Oaxaca. INIFAP-SAGARPA. LibroTécnico Num. 6. Oaxaca, Oaxaca. México. 334p.

**Barreto, H. J. Bolaños, A.J. Córdova, S. H. (1991).** Programa de índices de selección, Guía para la operación de software. CIMMYT. México, D.F. 27 p.

**Bello, L. A. (2015).** Maíces pigmentados: sabrosos, bonitos y saludables. La Unión de Morelos. pp. 30,31.

**Brauer H O (1981).** Fitogenética Aplicada. ELSA. Primera impresión. México. 518 p.

**Cerón, R. J. J. Sahagún, C. J. (2005).** Un índice de selección basado en componentes principales. Agrociencia 39:667-677.

**Crossa, J. Vargas, H. M. (2000).** El análisis AMMI y la gráfica del Biplot en SAS. 42 p. Mexico, DF (Mexico). CIMMYT.

- Comstock, R.E. Robinson, G.F. (1948).** The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics* 4:254-266.
- Córdova, S. H (1991).** Respuestas diferenciales para rendimiento de híbridos de maíz evaluados en ambientes contrastantes de Latinoamérica PCCMCA 1990. *Agron. Mesoam.* 3:1-8.
- Coutiño, E.B., G.G. Sánchez y M.V.A. Vidal (2008).** Selección Entre y Dentro de Familias de Hermanos Completos de Maíz en Chiapas. *Revista Fitotecnia Mexicana* 31: 115-123.
- Dhillon, B.S. & Khehra, A.S. 1984.** Modified S1 recurrent selection in maize improvement. *Crop Sci.*, 29: 226-228.
- Dowswell, C.R., Paliwal, R.L. & Cantrell, R.P. 1996.** *Maize in the third world.* Boulder, CO, USA, Westview Press.
- Falconer D S (1984).** Introducción a la Genética Cuantitativa. F. Márquez S. (trad) Editorial CECSA. 14° imp. México. 430 p.
- Fehr W R (1991).** Principles of Cultivar Development. Volume 1. Theory and technique. Iowa State University Press. Ames, Iowa. 536 p.
- Hallauer A R (1992).** Recurrent selection in maize. *Plant Breed. Rev.* 9: 115-179
- Hallauer, A.R. & Eberhart, S.A. (1970).** Reciprocal full-sib selection. *Crop Sci.*, 10: 315-316.
- Hallauer, A.R. and Miranda F. J. B. (1981).** Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press/ Ames. 468 p.

- Hallauer, A. R. and Miranda F. J. B. (1988).** Quantitative Genetic in Maize Breeding. Iowa University Press. Ames Iowa. pp:236-237.
- Herrera, C. B. E. Castillo G. F. Sánchez G. J.J. Hernández C. J. M. Ortega P. R. A. Goodman, M. M. (2004).** Diversidad del maíz Chalqueño. *Agrociencia* 38:191-206.
- Keleman, A. y J. Hellin. (2009).** Specialty maize varieties in Mexico: A case study in market-driven agrobiodiversity conservation. *Journal of Latin American Geography* 8: 147-174.
- Keleman, A. Hellin, J. (2013).** Las variedades criollas del maíz, los mercados especializados y las estrategias de vida de los productores. Junio de 2013, de *Agricultures* Sitio web: <http://www.agriculturesnetwork.org/magazines/latinamerica/mercados/variedades-criollas-maiz>. Consulta, 18/04/2016.
- Ligarreto, G. y Ospina, A. (2009).** Análisis de parámetros heredables asociados al rendimiento y precocidad en arveja voluble (*Pisum sativum* L.) tipo Santa Isabel. *Boletín Divulgativo* 1. Facultad de Agronomía, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá.
- Lopez–Martinez L X, R M Oliart–Ros, G Valerio–Alfaro, C–H Lee, K L Parkin, H S Garcia (2009).** Antioxidant activity, phenolic compounds and anthocyanins content of eighteen strains of Mexican maize. *LWT–Food Sci. Technol.* 42:1187–1192.
- López-Martínez, L. X. Rendon, R. M. Camacho V. T. (2016).** La comercialización de los maíces de especialidad en México: Condiciones actuales y perspectivas. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*.

**López-Torres, B. J. Parkin, K. L. García H. S. (2011).** Phase II-inducing, polyphenols content and antioxidant capacity of corn (*Zea mays* L.) from phenotypes of white, blue, red and purple colors processed into masa and tortillas. *Plant Foods Hum Nutr* 66: 41 - 47.

**Márquez, S. F. (1985).** Genotecnia Vegetal. Tomo I. Métodos, Teoría y Resultados. AGT Editor, S. A. 357 p.

**Mather, K. (1949).** Biometrics Genetics. Mathuen, London

**Ramírez., M. Bañuelos, D. Rico y C. Jimenez (1993).** Potencial nutracéutico de los Maíces pigmentados. Departamento de Biotecnología, Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Iztapalapa.

**Ramírez D., J. L, P Ron, J, G Sánchez, J, J, B Chuela, M. (1999).** Selección recurrente en la población de maíz subtropical pabgt-ce. *Agrociencia* 34: 33-39. 2000.

**Restrepo, G. E, J, Pizarro, J, H Quijano (2008).** Índices de selección y niveles independientes de descarte para dos características productivas y reproductivas en un hato holstein (*Bos taurus*). Facultad de Ciencias Agrarias, Politécnico Colombiano JIC, Medellín, Colombia.

**Reyes C., P. (1990).** El maíz y su cultivo. Ed. Trillas. México. 470.

**Rodríguez, P G, F Zavala G, A Gutiérrez D, J Treviño, M Ojeda Z, M Mendoza E, (2015).** Estrategias de selección en familias de hermanos completos en dos poblaciones de maíces criollos. *Phyton* (B. Aires) vol. 85 no. 2

**Oyervidez, A.G., J.M. Mariaca, H. de León y M. Reyes (1993).** Estimación de parámetros genéticos en una población de maíz tropical\*. *Agronomía mesoamericana* 4: 30-35. 1993

**Salinas-Moreno, Y. Aragón-Cuevas, F. Ybarra-Moncada, C. AguilarVillarreal, J. Altunar-López, B. Sosa-Montes, E. (2013).** Caracterización física y composición química de razas de maíz de grano azul/morado de las regiones tropicales y subtropicales de Oaxaca. *Rev. Fitotec. Mex.* 36:23-31.

**Soares de Lima J.M., Pravia M.I., Ravagnolo O., y Montossi F. (2011).** Índice de selección para la Cría: “Una nueva herramienta disponible en Uruguay para seleccionar reproductores por su mérito económico en la raza Hereford”. Programa Nacional de Carne y Lana, INIA Uruguay.

**Vallejo C F A, S Estrada E I, (2002).** Mejoramiento Genético de Plantas. Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira. Págs. 134-136.

**Vázquez C M G, P Pérez J, J L Andrés G, J Hernández M, (2010).** Calidad de grano y de tortillas de maíces criollos del altiplano y valle del mezquital, México. *Rev. Fitotec. Mex.* 26:231–238.

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