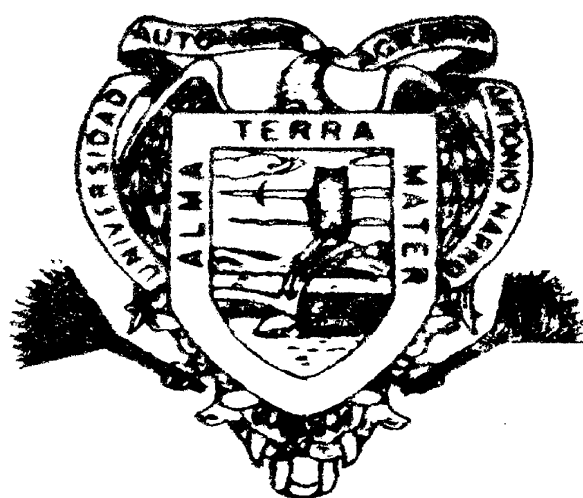


# UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA "ANTONIO NARRO"

PROGRAMA DE GRADUADOS



SELECCION ENTRE LINEAS S<sub>1</sub> EN UNA POBLACION  
CON AMPLIA BASE GENETICA DE MAIZ  
SUPERENANO (*Zea mays L.*)

I. EFECTO DE LA DENSIDAD DE POBLACION SOBRE  
LA ESTIMACION DE PARAMETROS  
GENETICOS

POR

GUILLERMO CASTAÑON NAJERA

T E S I S

PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL

PARA OBTENER EL GRADO DE:

MAESTRO EN CIENCIAS

ESPECIALIDAD FITOMEJORAMIENTO

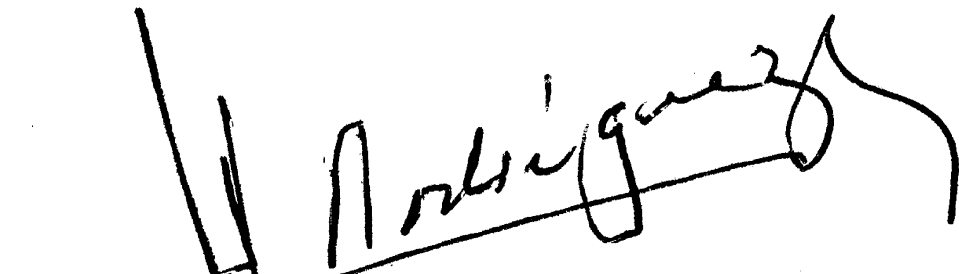
BUENAVISTA, SALTILLO, COAH. MEXICO

FEBRERO 1983


Tesis elaborada bajo la supervisión del Comité Particular de Asesoría y aprobada como requisito parcial para optar el grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS, ESPECIALIDAD FITOMEJORAMIENTO


Asesor

  
M.C. José Gpe. Rodríguez V.


Vocal

  
M.C. José Luis Gutiérrez E.

Vocal

  
Dr. Hans Raj Chaudhary

Subdirector de Postgrado

  
Dr. Jesús Torralba E.

Buenavista, Saltillo, Coah.

Febrero 1983

## DEDICATORIA

A María Inés y Luis, mis padres, con el respeto y cariño que se merecen.

Con cariño a mis hermanas Artemia, Guadalupe, Ana, Oralia, Carolina, Rosario, Aracely, Grabiela y Xochitl.

A mis hermanos Luis, César Alberto y José Dervil, por la amistad y el cariño que nos une.

A mis sobrinas y sobrinos con cariño de hermano.

Al Dr. Gregorio Vásquez G. con respeto y admiración.

A mis amigos Alfredo Sánchez López, Israel Loredó Cruz y Salvador Galván Infante.

## AGRADECIMIENTO

Al Colegio de Postgraduados de la U.A.A."A.N." por la oportunidad brindada para realizar mis estudios.

A los integrantes del Comité de Tesis M.C. José Gpe.

Rodríguez V., M.C. José Luis Gutiérrez E. y Dr. Hans Raj Chaudhary, por sus valiosas sugerencias y revisión de este trabajo.

A los Investigadores y trabajadores del Instituto Mexicano del Maíz de la U.A.A."A.N." y especialmente a los Ing(s). José R. Gómez G., Enrique J. Varela G. e Isidro Alvarez G., por su apoyo, sugerencias y orientación durante la realización de este trabajo.

A Héctor Gutiérrez por su desinteresada ayuda en el procesamiento estadístico.

Al coordinador del CAE "Campeche" M.C. Horacio Ruelas A. por el apoyo que me ha brindado.

A la Srita. Ma. Guadalupe Puente y Myrna J. Ayala por su trabajo mecanográfico.

Quiero patentizar mi muy sincero agradecimiento al CONACYT y a la Cía. CIBA-GEIGY MEXICANA, S.A. de C.V. por su apoyo económico durante la realización de mis estudios.

# CONTENIDO

	Pag.
Lista de Cuadros, Tablas y Figuras	ii
I. Introducción	4
II. Revisión de Literatura	7
2.1 Estudios sobre selección recurrente	7
2.2 Estudios sobre densidades de población	18
2.3 Estudios sobre componentes de rendimiento	19
2.4 Estudios sobre la heredabilidad	20
2.5 Estudios sobre la correlación genotípica y fenotípica	20
III. Materiales y Métodos	26
3.1 Materiales	26
3.2 Métodos de Campo	27
3.3 Métodos para calcular los parámetros bajo estudio	32
3.4 Modelo estadístico para cada densidad	33
3.5 Modelo para el análisis combinado	34
3.6 Análisis de varianza para las familias $S_1$ evaluadas en baja y alta densidad	36
3.6.1 Cálculo de los componentes de varianza, heredabilidad (S) y error estandar de las heredabilidades $EE(h^2)$	36
3.6.2 Ganancias genéticas	38
3.7 Análisis de varianza para el combinado	38
3.8 Cálculo de las correlaciones fenotípicas y genotípicas	41

	Pag.
IV. Resultados y Discusión	43
4.1 Análisis de varianza	45
4.2 Selección de las mejores familias	48
4.3 Heredabilidad y coeficientes de variación aditiva	51
4.4 Correlaciones fenotípicas y genotípicas	62
4.5 Ganancia genética por ciclo	69
V. Conclusiones	76
VI. Literatura Revisada	79
VII. Resumen	1
VIII. Apéndice	85

## Lista de Cuadros y Figuras

No. Cuadro		Pag.
1	Análisis de varianza para las familias $S_1$ evaluadas tanto en baja como en alta densidad.	36
2	Análisis de varianza para el combinado de la baja y la alta densidad.	39
3	Cuadrados medios y coeficientes de variación para cada caracter de las familias evaluadas en baja y alta densidad.	44
4	Cuadrados medios y coeficientes de variación del análisis de varianza combinado para cada uno de los caracteres evaluados.	45
5	Concentración de las medias de cada caracter por grupo en cada densidad.	49
6	Concentración de las mejores 50 familias seleccionadas en baja densidad en base a sus medias de rendimiento y características agronómicas.	52
7	Concentración de las mejores 50 familias seleccionadas en alta densidad en base a sus medias para los siguientes 11 caracteres.	53
8	Concentración de las mejores 50 familias seleccionadas en el análisis combinado (alta y baja densidad) en base a sus medias de rendimiento y características agronómicas.	54

No. Cuadro		Pag.
9	Concentración de los valores de heredabilidad por densidad para cada caracter estudiado.	57
10	Coefficientes de variación genética aditiva (%) ( $CV_A$ ) para los 11 caracteres estudiados.	61
11	Coefficientes de correlación genotípicas ( $r_g$ ) y fenotípicas ( $r_f$ ) para los 10 caracteres estudiados en cada una de las densidades baja, alta y combinado de evaluación.	63
12	Valores de ganancia a la selección por ciclo para cada variable estudiada por densidad baja, alta y combinado.	70

No. Figura		
1	Medias de rendimiento de grupos por densidad de población.	51
2	Medias de rendimiento de las 5 familias seleccionadas por grupo.	55
3	Representación gráfica de la media general de familias $S_1(\bar{X})$ y media de las familias $S_1$ seleccionadas ( $\bar{X}_S$ ) para las características altura de planta y mazorca, días a floración, acame de raíz, mazorcas podridas y mala cobertura.	74

#### Lista de Tablas

No. Tabla		
1	Lista de materiales utilizados para formar la población de donde se derivaron las líneas que se evaluaron en este experimento.	85



## VII. RESUMEN

En el presente estudio se evaluaron 230 líneas  $S_1$ , seleccionadas del primer ciclo de selección, las cuales fueron derivadas de una población formada con materiales de 3 diferentes regiones maiceras del país (Trópico seco, húmedo y Bajío).

Dicha población se sembró en el verano de 1980 en Torreón, Coah., lugar donde se derivaron por autofecundación las familias  $S_1$  evaluadas.

Para el presente estudio se establecieron dos experimentos, uno en Río Bravo, Tamps. y el otro en Celaya, Gto., se analizó solamente la primera localidad, ya que en la segunda fueron pocas las familias que produjeron rendimiento debido a que el cultivo a lo largo de su ciclo fué afectado por diferentes factores climáticos, lluvias desde la siembra hasta la germinación y lluvias desde antes de la floración hasta después de terminada ésta.

El diseño experimental usado fué el de Bloques Incompletos, dos densidades (60 y 120,000 plantas por hectárea), 10 grupos con 23 familias cada uno y dos repeticiones por densidad.

Debido a que la fuente grupos no mostró diferencia significativa, se seleccionaron 5 familias por grupo, dando un

total de 50 familias seleccionadas en cada densidad, para el combinado de las familias seleccionadas; 23 de ellas ya se habían seleccionado tanto en baja como en alta densidad. La selección se hizo en base a las medias por grupo para cada caracter (rendimiento, días a floración masculina, diferencia en días a floración masculina y femenina, altura de planta, altura de mazorca, acame de raíz, mazorcas podridas, acame de tallo, número de hojas abajo de la mazorca, número de hojas arriba de la mazorca, número de ramas en la espiga); procurando que para rendimiento las familias seleccionadas tuvieran una media mayor y para el resto de los caracteres fueran menores.

Los valores de heredabilidad para el caracter rendimiento fueron altos, 0.73 para baja, 0.63 para alta y 0.77 para el combinado, para el resto de los caracteres fueron de tamaño significativo; cabe señalar que estos resultados están sobre estimados, debido a que las familias solo se evaluaron en un año y una localidad.

Los coeficientes de variación aditiva para rendimientos fueron en el orden de 23.60 en baja densidad, 26.62 en alta, y 24.53 para el combinado, lo cual nos dice que la población posee suficiente variabilidad genética, y que en alta densidad hay más probabilidad de éxito en ciclos posteriores, por existir más variación genética.

Las correlaciones genotípicas y fenotípicas para el carácter rendimiento con altura de planta y mazorca, acame de raíz y hojas abajo de la mazorca fueron positivas, esto nos indica que dichos caracteres se pueden utilizar como índice de selección en los ciclos siguientes para seguir mejorando la población.

Las ganancias genéticas por ciclo para el carácter rendimiento que es el principal a seleccionar son de 0.66 tons/ha. en baja, 0.81 tons/ha. en alta y 0.79 tons/ha. para el combinado, que expresadas en porcentaje y siguiendo el mismo orden son 15.21, 16.77 y 17.52 respectivamente.

## I. INTRODUCCION

En virtud de que el maíz (Zea mays L.) es el alimento básico para la población mexicana y uno de los más importantes a nivel mundial y debido a que año con año la población del mundo crece a un ritmo superior al de la producción de alimentos, principalmente en los países subdesarrollados o en vías de desarrollo, los cuales tienen que importar constantemente millones de toneladas de cereales para satisfacer sus necesidades alimenticias internas, por tal motivo el incremento en la producción de maíz por cualquier medio es de origen prioritario.

Varios son los caminos que se pueden seguir para solucionar este problema, entre ellos se tiene: apertura de nuevas tierras de cultivo, mayor densidad de población por hectárea y utilización de variedades y/o híbridos mejorados mediante un esquema de mejoramiento genético que proporcione algunas garantías de éxito.

Es bien conocido que dentro de los métodos de mejoramiento genético, el de selección recurrente es uno de los que dan los mejores resultados para mejorar el material parental de donde se podrán derivar líneas para mejorar la población y/o formar híbridos superiores. Uno de los objetivos de dicho esquema de mejoramiento, es el de incrementar la - -

frecuencia de alelos favorables y crear una recombinación genética favorable entre ellos para producir genotipos superiores, ya que con este método (Líneas  $S_1$ ) la reducción de la variabilidad genética es mucho menor que la que ocurre con algunos otros métodos (medios hermanos, hermanos completos, etc.). A medida que se avanzan las generaciones de selección y mientras exista variabilidad se aumenta la probabilidad de obtener líneas superiores en cuanto a vigor y otras características agronómicas deseables, además de que dichas líneas serán superiores en habilidad combinatoria y de esta manera se pueden formar híbridos superiores a los formados con líneas extraídas directamente de las poblaciones originales.

Es de fundamental importancia conocer el ambiente óptimo de selección, el cual será el que permita identificar con mayor facilidad los genotipos superiores.

Considerando todo lo anterior, se inició un programa de mejoramiento poblacional en el cual se usó el método de selección recurrente entre líneas  $S_1$  en dos ambientes diferentes de selección (Río Bravo Tamaulipas y Celaya Guanajuato), bajo dos densidades de población: 60 y 120 mil plantas por hectárea.

La población de la cual se derivaron los materiales bajo estudio fue formada con materiales de Trópico Seco (16 líneas normales), Bajío (4 líneas superenanas) y de Trópico

Húmedo (13 líneas tuxpeñas enanas), habiéndose realizado todos los cruzamientos posibles entre ellos y eliminando previamente todas las plantas normales, hasta formar la población de plantas enanas y derivar las líneas  $S_1$ .

Los objetivos de la presente investigación son:

a). Mejorar para rendimiento y adaptabilidad una población de maíz superenano de amplia base genética por el método de selección entre líneas  $S_1$ .

b). Detectar el efecto de población sobre las correlaciones genotípicas y fenotípicas entre rendimientos y varios componentes del mismo.

## II. REVISION DE LITERATURA

### 2.1 Estudios sobre Selección Recurrente

Dentro de los métodos de selección recurrente hay dos categorías y son: el intrapoblacional y el interpoblacional. El intrapoblacional es el mejoramiento de una población per-se. La población mejorada puede ser usada como una variedad mejorada o se pueden extraer líneas promisorias para su uso en combinaciones híbridas.

El interpoblacional es el mejoramiento de una o más poblaciones específicamente para la obtención de híbridos mejorados. (Aunque también se pueden utilizar las poblaciones mejoradas).

Se considera más útil al mejoramiento intrapoblacional para caracteres que son controlados por el tipo de acción génica aditiva con dominancia parcial o completa. El mejoramiento interpoblacional es favorecido cuando la heterocigosidad (sobredominancia) es más deseable que la homocigosidad para los loci que controlan un carácter (López, 1981).

La selección recurrente fué desarrollada como un método sistemático para incrementar la frecuencia de genes favorables o combinaciones de algunos, mientras se mantiene mucha

de la variabilidad genética deseable en una población mejorada.

Existen tres métodos de evaluación de líneas:

- a). "Clásico"
- b). "Prueba de mestizos"
- c). "Pruebas de líneas per-se"

Cortez (1980), indica que el método de líneas  $S_1$  es más efectivo para eliminar genes deletereos causantes de la reducción del rendimiento.

Browne y Falconer (1949 y 1970) citados por Luna et al en 1973. Mencionan que la prueba de líneas "per-se" consiste en probar a las líneas como tales, sin necesidad de formar mestizos, ya que con ello se prueba directamente su dotación génica aditiva.

Burton et al (1971), en su estudio concluyen que ambas, la media de rendimiento y la habilidad combinatoria general del BSK (The Krug Hi I Syn 3 Strain of "Krug Yellow Dent") fue significativamente mejorada por selección recurrente y que la selección  $S_1$  per-se fue igual o mejor que la selección de medios hermanos.

Genter y Alexander (1966) compararon rendimientos de líneas  $S_1$  obtenidas de dos programas de selección recurrente, uno



basado sobre la progenie  $S_1$  formada y el otro basado sobre la progenie de cruzas de prueba formadas. Los resultados indican que la selección resultó en un incremento de rendimiento de las líneas  $S_1$  de 31.4% en dos ciclos de selección y para cruzas de prueba de 17.9%.

Lonnquist y Lindsey (1964) compararon un grupo de líneas per-se y cruzas de prueba emparentadas. La expresión de varios de los caracteres que midieron (rendimiento, humedad a la cosecha, altura de planta y otros) fue más grande entre las líneas que entre las cruzas.

Fehr y Ortíz (1975), concluyeron que la mayor ganancia genética esperada por año fue obtenida con prueba de líneas  $S_1$  para el carácter rendimiento. Aún cuando existe más variabilidad genética aditiva entre líneas  $S_4$  que entre líneas  $S_1$  debido a la endogamia. La ganancia genética esperada por año es menor para las líneas  $S_4$  probadas debido a que se requiere de dos años por ciclo.

Galarza et al (1973), en una comparación de líneas per-se y prueba de mestizos concluyen que el método per-se para estudiar aptitud combinatoria general de líneas de primera generación es más eficiente, rápido y económico que el método para evaluar esa misma aptitud mediante la prueba temprana de mestizos.

Sprague (1939) señala que mediante una identificación temprana de genotipos de alto rendimiento durante el proceso de endocria, se puede permitir descartar el material inferior y dedicar todo el esfuerzo en los materiales deseables.

Lonnquist (1950), indica que la prueba temprana ayudará en la identificación de líneas de alta aptitud combinatoria.

Singh y Singh (1977), desarrollaron y evaluaron progenies biparentales de un compuesto de maíz opaco-2 en tres densidades de población (25, 50 y 120 mil plantas por hectárea). Los mayores rendimientos se lograron con las progenies que se obtuvieron y evaluaron en alta densidad (100 mil plantas por hectárea), no siendo así para los que se evaluaron en baja densidad.

Russell y Teich (1967), sugieren que es más efectiva la selección de líneas per-se para máximo rendimiento por unidad de superficie en alta densidad, empero en este ambiente se manifiesta una respuesta correlacionada indeseable, la cual es mayor altura de planta.

Carangal et al (1971), compararon líneas  $S_1$  contra cruas de prueba con un probador emparentado y otro no emparentado. Las correlaciones genotípicas estudiadas fueron más grandes

entre las cruzas de prueba que entre las  $S_1$ . Sin embargo, algunas líneas  $S_1$  seleccionadas fueron comunes en ambos procedimientos.

Lonquist y Castro (1967), indican que la selección de líneas  $S_1$  utiliza mayor la varianza genética aditiva que la no aditiva y que las cruzas de prueba utilizan más varianza genética no aditiva.

Penny et al (1967), usaron un grupo de líneas  $S_1$  para probar resistencia al barrenador del tallo y necesitaron solamente dos ciclos de selección para aumentar la frecuencia de genes para resistencia. Con tres ciclos de selección produjeron variedades resistentes al barrenador.

McGhill y Lonquist (1955), indican que comparando líneas  $S_1$  per-se y selección por mestizos, encontraron que los dos métodos son iguales en mejoramiento interpoblacional, pero que el mejoramiento de cada población fué mejor por líneas  $S_1$  per-se, que para la selección en base a mestizos.

Ramírez (1980), comparó el método de líneas per-se y el de mestizos para determinar cuál es más efectivo para evaluar ACG de líneas endocriadas, concluyendo lo siguiente:

1. Que para estimar ACG en un grupo de líneas  $S_1$ , se puede emplear cualquiera de los dos métodos, líneas  $S_1$

per-se o mestizos.

2. El número de líneas seleccionadas estadísticamente fué igual para el método de líneas  $S_1$  per-se que para el de mestizos.

Jinahyon y Russell (1969), mejoraron una población para resistencia a la podredumbre del tallo por selección recurrente, mediante el método de líneas  $S_1$  durante tres ciclos de prueba, después de la cual obtuvieron una población mejorada en donde prácticamente todas las líneas  $S_1$  tenían mayor resistencia, que la población original.

Genter (1973), comparó líneas  $S_1$  y cruzas de prueba después de dos ciclos de selección, mediante selección recurrente, encontrando que la selección de líneas  $S_1$  fue más efectiva que la de cruzas de prueba para rendimiento en ambos ciclos; siendo también más efectiva la selección de líneas  $S_1$  en el incremento de la frecuencia de genes que contribuyen al rendimiento.

Duclos y Crane (1968), compararon líneas  $S_1$  vs. cruzas de prueba formadas, encontrando que la media de rendimiento de las líneas fué mayor que la de cruzas de prueba en el primer ciclo de selección.

Lonquist (1968), evaluó 169 líneas  $S_1$  de un sintético mediante (1) líneas per-se (2) mestizos con un probador no

emparentado (3) mestizos con la población original como probador, en sus resultados encontró que hubo más ganancia para rendimiento con la evaluación de cruzas de prueba con un probador no emparentado, enseguida la evaluación de líneas per-se y con la prueba de cruzas de prueba con la población original como probador no hubo ganancia para rendimiento.

Genter y Alexander (1962), evaluaron líneas  $S_1$  y mestizos en dos localidades por un período de 2 años encontrando que la media de las líneas fué mayor que la de las cruzas de prueba. También observaron menor efecto del medio ambiente sobre las líneas que sobre las cruzas de prueba.

Jorgenson y Brewbaker (1927), estudiaron la correlación de varios caracteres cuantitativos en líneas  $S_3$  y  $S_4$  de maíz, de los resultados obtenidos concluyeron que las correlaciones fueron positivas y significativas para dichos caracteres estudiados.

Anónimo (tesis profesional E.U.A.), estudió los progresos de cuatro ciclos de selección recurrente, basándose en la evaluación de progenies entre  $S_1$  para mejorar la población para resistencia a Downy mildew y rendimiento de grano. De los resultados obtenidos ellos indican que la selección recurrente bajo la formación de progenies  $S_1$  fué efectiva en la mejora del nivel de resistencia a dicha enfermedad y

un alto grado en el aumento del rendimiento.

Silapapun, A. (1981), comparó la selección de progenies  $S_1$  y selección masal, encontró que la selección entre progenies  $S_1$  fué más efectiva para reducir la susceptibilidad a *P. sorghi*.

En su estudio estimó ganancias genéticas y la heredabilidad en ambos métodos, encontró que en selección de progenies  $S_1$  fué mayor la ganancia por ciclo ( $C_1$  9.35,  $C_2$  2.12) la heredabilidad 4.5% y para selección masal las ganancias por ciclo fueron ( $C_1$  6.11,  $C_2$  1.68), el valor de la heredabilidad 1.17%.

Alvarado (1956), utilizó para su estudio 190 líneas autofecundadas ( $S_1$  y  $S_2$ ) y como mestizos (las líneas las cruzó con una variedad) para estudiar las correlaciones genotípicas y fenotípicas de caracteres cuantitativos de las mazorcas de las líneas y de las cruzas en que intervinieron contra rendimiento. De los resultados de su experimento, concluye que existe correlación positiva y significativa de algunos caracteres tales como longitud de mazorca, diámetro de mazorca, número de hileras de granos, etc., tanto para las líneas como para las cruzas en las que intervinieron. En base a que algunos de los caracteres están correlacionados con rendimiento, esto nos dá la posibilidad de desarrollar híbridos de alto rendimiento.

Cortez (1980), indica que después de las  $S_1$  ya no es conveniente hacer selección para rendimiento, porque a medida que se endocrían las líneas son menos vigorosas, además de que mediante  $S_1$  se eliminan muchos genes delereteos recesivos causantes de la baja reducción de rendimiento.

West et al (1980), compararon la selección de líneas  $S_1$  per-se y la de hermanos completos para el carácter rendimiento en tres poblaciones de maíz, a tres densidades de siembra (52, 69, 17 mil plantas por hectárea) encontraron que la respuesta a la selección de las líneas  $S_1$  fue más significativa que la de hermanos completos en una de dichas poblaciones, en las otras dos, la respuesta a la selección no difiere con cualquiera de los dos métodos.

Jan-orn, citado por Romero (1981), hizo comparaciones de ganancias obtenidas en base a la respuesta a la selección basándose en tres métodos, medios hermanos, hermanos completos y autohermanos ( $S_1$ ), de sus resultados, él concluye que mediante la selección familiar de autohermanos, comparándola con los otros métodos en cuanto a rendimiento, ésta fue muy superior a la de medios hermanos y hermanos completos, haciendo notar que en la selección de autohermanos se lleva mayor tiempo por ciclo que los otros métodos.

Syrus ABD-Michani (1980), evaluaron dos poblaciones la Ms13 y la variedad Jellicorse en dos localidades. Encontraron

que las líneas  $S_1$  de la Ms13 y sus cruzas de prueba dieron más altos rendimientos que la variedad Jellicorse en el ambiente más favorable, pero esta diferencia no fue significativa. Sin embargo, concluyeron que las condiciones desfavorables de las localidades de prueba proveen la máxima expresión de rendimiento en las plantas seleccionadas. Las estimaciones de la varianza genética fueron más altas entre líneas  $S_1$  que entre cruzas de prueba para muchos caracteres (rendimiento, días a floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca y otros), y más altas entre las progenes de Ms13 que las de la variedad Jellicorse.

Nelson (1980), de los resultados experimentales de los diferentes métodos de selección recurrente (selección masal, hermanos completos, medios hermanos, mazorca por surco, líneas  $S_1$ , etc.) y recíproca recurrente (hermanos completos, medios hermanos, etc.) concluye que se puede mejorar genéticamente el rendimiento por cualquiera de los métodos de mejoramiento de cada sistema (SR o SRR), esperando una ganancia con cada uno de ellos de 3.4% por ciclo de selección.

Poneleit et al (1981), evaluaron veinte progenies  $S_1$  de cada una de las cinco poblaciones de maíz de donde se derivaron dichas progenies. El objetivo de su estudio fue el de conocer las correlaciones fenotípicas y genotípicas entre pares de caracteres de los que se mencionan enseguida:



porcentaje de materia seca acumulada, máximo tamaño de grano y período efectivo de llenado de grano, encontrando variación genética para cada uno de ellos, además encontraron correlaciones genéticas positivas para el período de llenado de grano con rendimiento en tres de las poblaciones, el tamaño de grano en cuatro de ellas y el período efectivo de llenado de grano con rendimiento en cuatro de las poblaciones, el número de granos estuvo positivamente correlacionado con rendimiento en cada una de las poblaciones.

Smith (1980), evaluó los métodos de mejoramiento de selección recurrente entre líneas  $S_1$  y medios hermanos, encontró que los cambios en las frecuencias génicas y media de rendimiento fue más efectiva entre líneas  $S_1$  que en medios hermanos, en cambio la depresión endogámica estimada fue igual para los dos métodos de selección.

Smith et al (1982) evaluaron 144 líneas  $S_1$  durante 2 años en dos densidades (42, 95 mil plantas por hectárea) en una sola localidad del sintético BSUL 1. De 14 caracteres estudiados (rendimiento, jorrismo, número de ramas en la espiga, acame, rendimiento de la segunda mazorca y otros) encontraron heredabilidades significativas en un rango de 0.31% para área de la hoja y grano en alta densidad y de 0.91% para número de ramas en la espiga en baja densidad. De sus correlaciones calculadas encontraron que los caracteres floración de la hembra, intervalo de floración

masculina y femenina, y rendimiento por planta están altamente correlacionadas con rendimiento y plantas jorras en ambas densidades.

De sus resultados obtenidos ellos sugieren que mediante selecciones subsecuentes para reducir el jorrismo e incrementar el rendimiento en densidades de siembra altas puede ser posible en el sintético BSUL 1.

Indican también que con estos resultados podrían tener más ganancia para otros caracteres al seleccionar en altas densidades en lugar de bajas densidades.

## 2.2 Estudios sobre Densidades de Población

El-Lakany y Russell (1971), estudiaron el efecto de diferentes densidades de población (baja, media y alta) y la correlación que existe entre diferentes caracteres (altura de planta y mazorca, diámetro de mazorca, peso de 300 granos entre otros), señalando los autores que existe mayor número de caracteres correlacionados con rendimiento en alta densidad.

Gebre-Mariam y Larter (1979), estudiaron el efecto de la densidad de población en triticales hexaploide y trigo para rendimiento de grano, componentes de rendimiento, contenido de proteína y lisina. Encontrando que el rendimiento

de grano no fue afectado con el incremento de la densidad de población, pero el peso de 1,000 granos, número de granos por espiga y número de espigas fértiles por planta sí fueron afectados por el aumento de la densidad de población.

Sowell et al (1961), citado por Chávez (1980), estudiaron la línea Hy de característica enana y la Hy normal, encontraron que la línea enana produjo mayor rendimiento que la normal cuando se les sembró a densidades de población extremadamente altas.

### 2.3 Estudios sobre Componentes de Rendimiento

Grafius (citado por Moll et al, 1962), presentó evidencias de que los componentes de rendimientos tales como: número de mazorcas, número de hileras por mazorca, número de granos por hilera y peso de granos están gobernados por grupos de genes independientes.

Kariya y T. Yamamoto (1963), estudiaron varios caracteres en arroz tales como longitud de la panícula entre otros. Encontraron que los valores de heredabilidad para la mayoría de los caracteres fueron altos, excepto para el de longitud del tallo. Concluyendo que en la selección para adaptación a altas densidades de población, el material

debe llevarse hasta  $F_5$ , después de la cual la selección para altas densidades puede realizarse.

Fletes (1967), estudió varios caracteres en dos variedades de maíz de la raza chalqueño para determinar índices de selección, algunos de los caracteres son: número de mazorcas por planta, número de hileras por mazorca, número de granos por hilera y peso de granos, concluyendo que el método de selección bajo índice de selección es más eficiente que el método de selección masal directa, para mejorar rendimiento.

#### 2.4 Estudios sobre la Heredabilidad

Agudelo y Márquez (1975), estimaron heredabilidad mediante la regresión progenie-progenitor en tres densidades de siembra (20, 60 y 100 mil plantas por hectárea); llegaron a la conclusión que la densidad de siembra en la cual se debe hacer la selección es aquella en la que se obtiene la más alta heredabilidad.

#### 2.5 Estudios sobre la Correlación Genotípica y Fenotípica

Ordas y Stucker (1977), estudiaron correlaciones genotípicas y fenotípicas en líneas  $S_1$  de dos poblaciones de maíz, en tres densidades de siembra (29, 40 y 50 mil plantas por

hectárea), encontraron que dichas correlaciones tienden a aumentar cuando se aumenta la densidad de población y que por lo tanto, la selección debe hacerse en altas densidades.

Sánchez (1974), estimó el tipo de acción génica para algunos caracteres agronómicos como rendimiento, altura de planta, número de granos por hilera, etc., y encontró significancia para la acción genética aditiva, así como para la no aditiva. En cambio para los caracteres floración y profundidad de grano solo fue importante la acción génica aditiva.

Robinson et al (1951), hicieron estudios sobre correlaciones genotípicas y fenotípicas de varios caracteres en maíz, encontrando que la longitud y diámetro de mazorca tiene baja correlación con otros caracteres.

Johnson et al (1955), calcularon correlaciones genotípicas y fenotípicas en frijol soya para 24 caracteres en líneas  $F_3$  de dos poblaciones, trece de los caracteres que se midieron fueron bajos e inconsistentes entre las dos poblaciones. Los valores de los otros caracteres para las correlaciones genotípicas y fenotípicas fueron de valor considerable.

Torres et al (1974), estudiaron las correlaciones genotípicas y fenotípicas en cinco variedades de papa, con el objeto de aplicar la teoría de los índices de selección para

mejorar el rendimiento de tubérculo de *Solanum tuberosum*. En este estudio encontraron que la selección para peso de tubérculo resultó positivamente correlacionado con algunos caracteres tales como número de ramas, número de hojas, ancho del foliolo terminal y número de tubérculos.

Cortaza (1970), estimó las correlaciones genéticas en caracteres de maíz, tales como número de hojas arriba de la mazorca, hileras de granos por mazorca, diámetro de mazorca, rendimiento, entre otros. De los resultados obtenidos encontró que los caracteres que se consideran como componentes de rendimiento resultaron altos y positivamente correlacionados con él.

Ramakrishna et al (1978), estudiaron la influencia de los caracteres cuantitativos en 25 progenies de variedades de trigo duro. En las correlaciones tanto genotípicas como fenotípicas se encontró que fueron altas en la mayoría de los pares de caracteres estudiados (rendimiento, número de granos por espiga, peso de 1,000 granos y longitud de la espiga, entre otros).

Arévalo y Molina (1974), calcularon varianzas y covarianzas genotípicas y fenotípicas en once caracteres agronómicos con la finalidad de construir índices de selección para rendimiento de grano. De acuerdo a los resultados de este estudio, ellos determinaron que la selección para rendimiento

de grano por el método de índices de selección se sugiere como más efectivo que la selección directa por el método convencional.

Goldenberg (1968), refiriéndose a la correlación dice que cuando ésta es entre dos o más caracteres puede adoptar una asociación completa, como en el caso de los caracteres cualitativos o pueden presentarse grado de correlación ( $r$ ) que constituye una característica de los caracteres métricos.

El empleo de la correlación puede usarse como medio para la obtención de una mayor efectividad en la selección, cuando la condición del carácter deseable es difícil de seleccionar, ya sea por dificultades de identificación, medición o baja heredabilidad, el empleo de un carácter correlacionado con alta heredabilidad o fácilmente medible puede resultar más conveniente.

Arévalo et al (1974), estudiaron once parámetros (rendimiento por planta, espigas por planta, grano y otros) genéticos en cebada malter, a para determinar el tipo de acción génica que gobierna a éstos, estimar heredabilidad en sentido amplio y estricto, estimar correlaciones genéticas y fenotípicas, etc.

Este autor señala que la mayor parte de la varianza genética total se debe a la acción de genes con efectos aditivos en la mayoría de los caracteres estudiados, excepto para -- rendimiento, espigas por planta y área foliar.

Choo, Kannenberg (1980), en un estudio sobre la frecuencia génica mediante tres diferentes métodos de mejoramiento -- (selección masal, mazorca por surco modificado y selección recurrente de líneas  $S_1$ ) encontró que el método de líneas  $S_1$  es más eficiente que los otros dos. Observó también en su estudio que las frecuencias génicas fueron cambiadas más rápidamente con la selección de líneas  $S_1$ .

Aguilar et al (1980), evaluaron 3 variedades de algodón -- (Del Cerro, acala 1517-70, stoman 254), estudiaron los caracteres, porcentaje de fibra, número de semillas por planta, número de motas por planta y otros, correlacionándolos con rendimiento encontraron correlaciones positivas y significativas para los caracteres: tamaño de cápsula con número de semillas por cápsula (0,67, 0.77, 0.93), índice de semilla con índice de fibra (0.32, 0.63, 0.93), longitud al 2.5% con la resistencia de la fibra (0.32, 0.67, 0.36).

La conclusión a la que llegaron en su estudio es que las correlaciones positivas entre los otros componentes de rendimiento y calidad de la fibra indican que esos parámetros -- pueden ser escogidos por el fitomejorador como índices de --



selección en un programa de mejoramiento.

### III. MATERIALES Y METODOS

#### Area de Trabajo

Para la presente investigación se establecieron dos experimentos, uno en la localidad de Río Bravo, Tamps. y el otro en Celaya, Gto.

En la primera localidad se sembró a principios del mes de marzo de 1981. En Celaya, Gto. en el mes de mayo del mismo año, el experimento se vió afectado en dos de sus etapas más críticas: siembra y germinación, y en la floración; lo que ocasionó que en un número reducido de familias por grupo fueron las que dieron rendimiento y en vista de que era muy difícil realizar los análisis estadísticos se optó por desechar dicha localidad de evaluación.

#### 3.1 Materiales Genéticos

Se evaluaron 230 líneas  $S_1$  derivadas de la población que formó el Instituto Mexicano del Maíz de la U.A.A. "Antonio Narro" en 1980, con líneas superenanas de maíz (Tabla A-1) con 50% de germoplasma de líneas superenanas del Bajío, 25% de germoplasma de líneas normales (no enanas) del Trópico Seco y 25% de líneas enanas ( $br_2 br_2$ ) de Trópico Húmedo.

Habiéndose eliminado previamente individuos no enanos, autofecundando solo plantas enanas. Las líneas con que se formó la población fueron seleccionadas en base a su aptitud combinatoria general y en cruzas con materiales diferentes, evaluados en diferentes localidades (trópico seco, bajo y trópico húmedo).

### 3.2 Métodos de Campo

Las líneas  $S_1$  se evaluaron en 10 grupos de 23 líneas cada uno, bajo dos densidades de población (60 y 120,000 plantas por hectárea) el diseño experimental fue el de bloques incompletos con dos repeticiones en cada densidad de evaluación.

La comparación de las familias se hizo en la localidad de Río Bravo, Tamps (trópico seco).

Cada línea se sembró en un surco de 20 plantas, espaciadas a 11 y 22 cms. respectivamente a 0.86 mts. de ancho para darnos una densidad aproximada de 120 y 60,000 plantas por hectárea.

Se sembraron dos semillas por golpe para después aclarar a una planta por mata.

Las condiciones de crecimiento durante el ciclo del cultivo fueron normales.

Se fertilizó con la fórmula 100-60-00 en la primera etapa de desarrollo del cultivo y para la segunda se usó la fórmula 100-00-00, aplicándose ésta a los 45 días, después de la primera.

Algunas de las características consideradas para hacer la selección de las mejores líneas fueron las siguientes.

Tomándose en planta (altura de planta y mazorca, hojas abajo y arriba de la mazorca, número de ramas en la espiga, etc.), estas mediciones se hicieron en 5 plantas escogidas al azar dentro de cada parcela, tomando solamente a aquéllas con competencia completa.

Para las características tomadas en mazorca de cada parcela se escogió una muestra representativa de ellas 5 y/o 3 mazorcas para hacer dichas mediciones.

Altura de Planta:

Se tomó en centímetros desde la base hasta la hoja bandera de la planta, se midieron 5 plantas tomadas al azar en la parcela experimental.

**Altura de Mazorca:**

Distancia en centímetros, tomada desde la base de la planta hasta el nudo de inserción de la mazorca principal, midiéndose 5 plantas por parcela experimental.

**Acame de Tallo:**

Número de plantas con el tallo quebrado abajo de la mazorca, expresándose en por ciento.

**Acame de Raíz:**

Número de plantas con inclinación de más de  $30^{\circ}$  de la vertical, expresándose en por ciento.

**Mala Cobertura:**

Como el número de mazorcas donde el totomoxtle no terminaba en punta, se expresó en por ciento.

**Pudrición de Mazorca:**

De las mazorcas cosechadas se contó las que presentaron pudrición, expresándose en por ciento.

**Hojas Arriba de la Mazorca:**

Se contó el número de hojas a partir de la del nudo de inserción de la mazorca hasta la hoja superior.

### Hojas Abajo de la Mazorca:

Se contó el número de hojas desde la inmediata inferior a la del nudo de inserción de la mazorca hasta las más cercanas a la base.

### Días a Floración Masculina:

Fue tomado como el número de días a partir de la siembra hasta que el 50% de las plantas en la parcela estuvieron derramando polen.

### Días a Floración Femenina:

Como el número de días a partir de la siembra hasta que el 50% de las plantas de la parcela presentaban estigmas receptivos.

### Rendimiento:

Se cosechó todas las plantas dentro de la parcela útil y el peso se transformó a toneladas por hectárea de mazorca al 15.5% de humedad, corrigiéndose el rendimiento por fallas de acuerdo a la fórmula desarrollada en la Universidad de

Iowa  $\frac{M - 0.3F}{M - F}$  Donde:

M = Matas

F = Fallas

0.3 = Constante

**Diámetro de Mazorca:**

Medido en centímetros, en la tercera parte intermedia de la mazorca.

**Longitud de Mazorca:**

Medida en centímetros, desde la parte basal de la mazorca hasta la parte apical de la misma.

**Número de Hileras:**

Como el número de hileras que componen la mazorca.

**Número de Granos por Hilera:**

Como el número de granos que tenía una hilera tomada al azar de cada una de las mazorcas que componían la muestra.

**Peso de 300 Granos:**

Como el peso de los granos, expresado en gramos de la muestra de mazorcas tomadas de cada parcela.

**Diámetro de Olote:**

Medido en centímetros, en la tercera parte intermedia de la mazorca.

**Profundidad de Grano:**

Medido en centímetros, como la diferencia del diámetro de

de mazorca y diámetro de olote, dividido entre dos.

$$\frac{D.M. - D.O.}{2} = P. \text{ grano}$$

Número de ramas en la espiga:

Como el número total de ramas en una planta tomada al azar.

### 3.3 Métodos para calcular los parámetros genéticos bajo estudio en base a los análisis de varianza

La hipótesis planteada en el presente estudio es la siguiente:

$$H_0 : g_1 = g_2 = \dots = g_{10}$$

$$H_a : g_1 \neq g_2 = \dots \neq g_{10}$$

Donde:

$H_0$  : Hipótesis nula

Las familias de todos los grupos son genéticamente iguales.

$H_a$  : Hipótesis alterna

Las familias de los grupos no son genéticamente iguales.

$g_1$  : Grupo 1 con 23 familias diferentes a las de los otros grupos.

$g_2$  : Grupo 2 con 23 familias diferentes a las de los otros grupos.

$g_{10}$  : Grupo 10 con 23 familias diferentes a las de los otros grupos.



## Análisis estadísticos

Los datos en porcentaje de los caracteres acame de raíz, mazorcas podridas y mazorcas con mala cobertura se transformaron a ArcSen  $\sqrt{\frac{\text{Porcentaje } X + 0.5}{100}} * \left(\frac{180}{3.1416}\right)$

para ajustarlos a una distribución normal.

La adición de 0.5 fue para ajustar el porcentaje de 0 y poder transformar el ArcSen.

El caracter acame de tallo no se analizó, debido a que no hubo diferencias entre las familias, hubo puras calificaciones de cero.

3.4 El modelo estadístico para la densidad baja es el siguiente:

$$Y_{ijk} = U + G_k + R/G_{jk} + F/G_{ik} + FR/G_{E_{ijk}}$$

Donde:

$i = 1, 2, \dots, f$  familias

$j = 1, 2, \dots, r$  repeticiones

$k = 1, 2, \dots, g$  grupos

$Y_{ijk}$  = Observación de la  $i^{\text{ava}}$  familia en la  $j^{\text{ava}}$  repetición del  $k^{\text{avo}}$  grupo.

$U =$  Media general

$$\begin{aligned}
 R_j &= \text{Efecto de la } j^{\text{ava}} \text{ repetición } (j = 1..2) \\
 G_k &= \text{Efecto del } k^{\text{avo}} \text{ grupo } (k = 1..10) \\
 R/G_{jk} &= \text{Efecto conjunto de la } j^{\text{ava}} \text{ repetición} \\
 &\quad \text{dentro del } k^{\text{avo}} \text{ grupo.} \\
 F/G_{ik} &= \text{Efecto de la } i^{\text{ava}} \text{ familia dentro del} \\
 &\quad k^{\text{avo}} \text{ grupo} \\
 FR/G_{ijk} &= E_{ijk} = \text{Error experimental}
 \end{aligned}$$

Con este modelo se asume que:

$$\begin{aligned}
 r_j &\sim \text{DNI } (0, \sigma^2 R) \\
 g_{jk} &\sim \text{DNI } (0, \sigma^2 G) \\
 r/g_{jk} &\sim \text{DNI } (0, \sigma^2 R/G) \\
 f_{ik} &\sim \text{DNI } (0, \sigma^2 F/G) \\
 \epsilon_{ijk} &\sim \text{DNI } (0, \sigma^2 e)
 \end{aligned}$$

El análisis anterior, lo mismo que todas las suposiciones se emplean para la densidad alta de 120,000 plantas por hectárea.

3.5 El modelo para el análisis combinado de las dos densidades es el siguiente:

$$\begin{aligned}
 Y_{ijkl} &= U + D_1 + G_k + GD_{kl} + R/DG_{jkl} + F/G_{ik} + DF/G_{ilk} \\
 &\quad + \epsilon_{ijkl}.
 \end{aligned}$$

Donde:

$$i = 1, 2, \dots, f \text{ familias}$$

- $j = 1, 2, \dots, r$  repeticiones  
 $k = 1, 2, \dots, g$  grupos  
 $l = 1, 2, \dots, d$  densidades  
 $Y_{ijkl}$  = Observación de la  $i^{\text{ava}}$  familia en la  $j^{\text{ava}}$  re-  
 petición del  $k^{\text{avo}}$  grupo de la  $l^{\text{ava}}$  densidad  
 $U$  = Media general  
 $D_l$  = Efecto de la  $l^{\text{ava}}$  densidad ( $l = 1..2$ )  
 $G_k$  = Efecto del  $k^{\text{avo}}$  grupo ( $g = 1..10$ )  
 $GD_{kl}$  = Efecto del  $k^{\text{avo}}$  grupo por la  $l^{\text{ava}}$  densidad  
 $R_{jkl}$  = Efecto de la  $j^{\text{ava}}$  repeticón dentro del  $k^{\text{avo}}$   
 grupo por la  $l^{\text{ava}}$  densidad  
 $F_{ik}$  = Efecto de la  $i^{\text{ava}}$  familia en el  $k^{\text{avo}}$  grupo  
 ( $i = 1..23$ )  
 $DF_{ilk}$  = Efecto de la  $i^{\text{ava}}$  familia por la  $l^{\text{ava}}$  densi-  
 dad dentro del  $k^{\text{avo}}$  grupo  
 $\epsilon_{ijkl}$  = Error experimental.

Bajo el modelo anterior, se asume:

$$\begin{aligned}
 D_l &\sim \text{DNI} (0, \sigma^2_D) \\
 G_k &\sim \text{DNI} (0, \sigma^2_G) \\
 GD_{kl} &\sim \text{DNI} (0, \sigma^2_{GD}) \\
 R_{jkl} &\sim \text{DNI} (0, \sigma^2_R) \\
 F_{ik} &\sim \text{DNI} (0, \sigma^2_F) \\
 DF_{ilk} &\sim \text{DNI} (0, \sigma^2_{DF}) \\
 \epsilon_{ijkl} &\sim \text{DNI} (0, \sigma^2_\epsilon)
 \end{aligned}$$

3.6. Análisis de varianza para las familias evaluadas tanto en baja y alta densidad.

Cuadro 1. Análisis de varianza para las familias  $S_1$ , evaluadas tanto en baja como en alta densidad.

FV	GL	SC	CM	ECM
Grupos (G)	$g - 1$	$\frac{\sum_k Y^2_{..k}}{fr} - \frac{y^2_{...}}{grf}$		
Rep/grupos (R/G)	$(r-1)g$	$\frac{\sum_{jk} Y^2_{.jk}}{f} - \frac{\sum_k Y^2_{..k}}{fr}$	$M_3$	$\sigma^2_e + f\sigma_r^2/g$
Fam/grupos (F/G)	$(f-1)g$	$\frac{\sum_{ik} Y^2_{i.k}}{r} - \frac{\sum_k Y^2_{..k}}{fr}$	$M_2$	$\sigma^2_e + r\sigma_f^2/g$
E.E.	$(r-1)(f-1)g$	$\frac{\sum_{ijk} Y^2_{ijk}}{f} - \frac{\sum_{jk} Y^2_{.jk}}{r} - \frac{\sum_{ik} Y^2_{i.j}}{r} + \frac{\sum_k Y^2_{..k}}{fr}$	$M_1$	$\sigma_e^2$
Total	$frg - 1$	$\frac{\sum_{ijk} Y^2_{ijk}}{fgr} - \frac{y^2_{...}}{fgr}$		

donde:

G = Grupos

R/G = Repeticiones dentro de grupos

F/G = Familias dentro de grupos

E.E. = Error experimental

3.6.1. Cálculo de los componentes de varianza y heredabilidad (S), error estandar de las heredabilidades.

Los componentes de varianza y heredabilidad se estiman de la siguiente manera, asumiendo que  $p = q = 0.5$  y  $\sigma_D^2 = 0$ .

Donde:

$$\sigma^2_A = \sigma^2_F = \frac{M_2 - M_1}{r}$$

$$\sigma^2_e = M_1 \text{ Cuadrado medio del error}$$

$M_2$  Cuadrado medio de familias anidada en grupos

$$\sigma^2_A = \sigma^2_F = \text{Varianza genética aditiva de familias}$$

$$\sigma^2_e = \text{Varianza del error}$$

$r$  = Repeticiones.

La varianza fenotípica se calculó de la siguiente manera:

$$\sigma^2_f = \frac{\sigma^2_e}{r} + \sigma^2_A$$

Donde:

$$\sigma^2_f = \text{Varianza fenotípica}$$

$$\sigma^2_e = \text{Varianza del error}$$

$$\sigma^2_A = \text{Varianza aditiva}$$

$r$  = Repeticiones

La heredabilidad para todas las características se calculó como sigue:

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

Con un error estandar igual a  $EE(h^2) = \frac{EE(\sigma^2_F)}{\sigma^2_f}$

Donde:

$$V(\sigma^2_F) = \frac{2}{(r)^2} \left[ \frac{M_2^2}{g l_2 + 2} + \frac{M_1^2}{g l_1 + 2} \right]$$

$$EE(\sigma^2_F) = \sqrt{V(\sigma^2_F)}$$

### 3.6.2 Coeficientes de variabilidad genética aditiva y ganancias genéticas.

El coeficiente de variabilidad genética aditiva se estimó como:

$$CV_A = \sqrt{\frac{\sigma^2_F}{\bar{X}}} \times 100$$

La ganancia genética por ciclo y expresada esta en porcentaje se estimó de la siguiente manera.

$$\Delta Gc = Sh^2 \quad \Delta Gs\% = \frac{\Delta Gc}{\bar{X}_S} \times 100$$

Donde:

- S = diferencial de selección ( $\bar{X}_S - \bar{X}$ )
- $h^2$  = heredabilidad en sentido estricto de un caracter
- $\bar{X}_S$  = media de un caracter cualquiera en las familias seleccionadas
- $\bar{X}$  = media del mismo caracter pero en la población.

### 3.7 Análisis de varianza para el combinado

En el Cuadro 2 se presenta el Análisis de Varianza Combinado de las dos densidades de población.

Los parámetros estimados para dicho análisis fueron los siguientes, asumiendo que  $\sigma^2_D = 0$

Cuadro 2. Análisis de varianza combinado para baja y alta densidad.

FV	GL	SC	CM	ECM
Dens (D)	(d-1)	$\frac{\sum_1 y^2 \dots 1}{grf} - \frac{y^2 \dots}{dgrf}$	M <sub>7</sub>	$\sigma^2 + r\sigma^2_{DF/G} + f\sigma^2_{R/DG} + fr\sigma^2_{DG} + frg\sigma^2_D$
Grupo (G)	(g-1)	$\frac{\sum_k y^2 \dots k}{drf} - \frac{y^2 \dots}{dgrf}$	M <sub>6</sub>	$\sigma^2 + r\sigma^2_{DF/G} + dr\sigma^2_{F/G} + f\sigma^2_{R/DG} + rfr\sigma^2_{DG} + drfr\sigma^2_G$
D x G	(d-1)(g-1)	$\frac{\sum_{kl} y^2 \dots kl}{rf} - \frac{\sum_1 y^2 \dots 1}{grf} - \frac{\sum_k y^2 \dots k}{drf} + \frac{y^2 \dots}{dgrf}$	M <sub>5</sub>	$\sigma^2 + r\sigma^2_{DF/G} + fr\sigma^2_{R/DG} + rfr\sigma^2_{DG}$
Rep/DG	(r-1)dg	$\frac{\sum_{jkl} y^2 \dots jkl}{f} - \frac{\sum_{kl} y^2 \dots kl}{rf}$	M <sub>4</sub>	$\sigma^2 + fr\sigma^2_{R/DG}$
Fam/G	(f-1)g	$\frac{\sum_{ig} y^2 \dots i.k}{dr} - \frac{\sum_k y^2 \dots k}{drf}$	M <sub>3</sub>	$\sigma^2 + r\sigma^2_{DF/G} + rdr\sigma^2_{F/G}$
DxF/G	(d-1)(f-1)g	$\frac{\sum_{ikl} y^2 \dots i.kl}{r} - \frac{\sum_{kl} y^2 \dots kl}{fr} - \frac{\sum_{ik} y^2 \dots i.k}{dr} + \frac{\sum_k y^2 \dots k}{drf}$	M <sub>2</sub>	$\sigma^2 + r\sigma^2_{DF/G}$
E.E.	(r-1)(f-1)gd	$\frac{\sum_{ijkl} y^2 \dots ijkl}{f} - \frac{\sum_{jkl} y^2 \dots jkl}{r} - \frac{\sum_{ikl} y^2 \dots i.kl}{fr} + \frac{\sum_{kl} y^2 \dots kl}{fr}$	M <sub>1</sub>	$\sigma^2_e$
TOTAL	frgd-1	$\frac{\sum_{ijkl} y^2 \dots ijkl}{frgd} - \frac{y^2 \dots}{frgd}$		

$$\sigma^2_A = \sigma^2_F = \frac{M_3 - M_2}{rd}$$

Donde:

$M_3$  = cuadrado medio de familias anidada en grupos

$M_2$  = cuadrado medio de la interacción de familias por densidad anidada en grupos

$r$  = repeticiones

$D$  = densidades.

El cálculo de la varianza de la interacción familias por densidades se expresó de la siguiente manera:

$$\sigma^2_{FD} = \frac{M_2 - M_1}{r}$$

La varianza fenotípica se expresó como:

$$\sigma^2_f = \frac{\sigma^2_e}{rd} + \frac{\sigma^2_{FD}}{d} + \sigma^2_F$$

La heredabilidad se estimó como:

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

Su error estandar de la heredabilidad se estimó de la siguiente forma según Hallauer y Miranda (1981).

$$EE(h^2) = \frac{EE(\sigma^2_F)}{\sigma^2_f}$$

Donde:

$$V(\sigma^2_F) = \frac{2}{(rd)^2} \left[ \frac{M_3^2}{g l_3 + 2} + \frac{M_2^2}{g l_2 + 2} \right] \quad EE(\sigma^2_F) = \sqrt{V(\sigma^2_F)}$$



La ganancia esperada por ciclo entre progenies  $S_1$  asumiendo que la varianza de dominancia es igual a cero se calculó como sigue:

$$\Delta GC = Sh^2 \quad \Delta GC(\%) = \frac{GC}{\bar{X}_s} \times 100$$

Donde:

$S$  = diferencial de selección ( $\bar{X}_s - \bar{X}$ )

$\bar{X}_s$  = media de familias seleccionadas

$\bar{X}$  = media de la población

El coeficiente de variabilidad genética aditiva se estimó como:

$$CV_A = \frac{\sqrt{\sigma^2_F}}{\bar{X}} \times 100$$

### 3.8 Cálculo de las correlaciones fenotípicas y genotípicas.

Las correlaciones fenotípicas y genotípicas se calcularon usando los productos medios de los análisis de covarianza y las varianzas de los análisis de varianza individuales.

Correlación genotípica

$$r_{G(x,y)} = \frac{\text{Cov. } G(x,y)}{\sqrt{\sigma^2_{G(x)} \cdot \sigma^2_{G(y)}}$$

Correlación fenotípica

$$r_{f(x,y)} = \frac{\text{Cov. } f(x,y)}{\sqrt{\sigma^2_{f(x)} \cdot \sigma^2_{f(y)}}$$

Donde:

FV = fuentes de variación en el modelo

GL = grados de libertad

SC = suma de cuadrados

CM = cuadrados medios

ECM = esperanzas de cuadrados medios

D = densidades

G = grupos

DxG = densidades por grupo

R/DG = repeticiones anidado dentro de densidades por grupo

F/G = familias anidado en grupos

DxF/G = densidades por familia anidado en grupos

E.E. = error experimental.

U. N. A. M. I. C.

## IV. RESULTADOS Y DISCUSION

### 4.1 Análisis de Varianza

Los análisis de varianza mostraron que no hay diferencia significativa para la fuente grupos, de acuerdo con la Prueba de Duncan al 0.05% y 0.01% de probabilidad tanto en los análisis de baja, alta y combinado para los 11 caracteres estudiados (Cuadro 3 y 4). Lo que nos lleva a aceptar la hipótesis nula  $H_0: g_1 = \dots = g_{10}$  y rechazar la alterna  $H_a: g_1 \neq \dots \neq g_{10}$ .

Empero para familias se encontró significancia en ambas densidades, para cada uno de los 11 caracteres, en el análisis de varianza combinado (Cuadro 4), aparte de haber significancia para familias hubo también para densidades en los caracteres altura de mazorca, acame de raíz, mazorcas podridas y mala cobertura.

Estos resultados no coinciden con los presentados por Cortés Navarrete (1981), donde agrupó familias de medios hermanos derivados del compuesto Calera-74, él encontró diferencia significativa entre grupos como en familias dentro de grupos, para las variables que él estudió (rendimiento, días a floración, altura de planta y altura de mazorca).

las familias evaluadas en baja y alta densidad de población para cada uno de los caracteres estudiados.

	FV	GL	REND TQV/HA***	DFLORM	DDFLORMF	ALPTA	ALMAZ	ACR	MAP	MAC	NOHAB	NOHAR	NORAM
B	Grupos	9	2.4917	41.3336	5.400	0.0167	0.0041	52.1301	417.8524	356.3502	12.4205	0.4640	33.4708
A	Rep/grup.	10	1.1695	47.4543	6.540	0.0068	0.0040	52.9674	249.6738	161.8060	17.9978	0.4109	128.9935
J	Fam/grup.	220	1.8030**	11.7791**	2.5800**	0.0330**	0.0105**	48.0576*	183.1899**	339.8227**	0.7075**	0.3925**	31.0227**
A	E.E.	220	0.4923	6.9154	1.590	0.0063	0.0028	37.5413	62.1519	128.6116	0.3660	0.1972	6.6208
	C.V.%		20.46	3.55	42.031	8.90	19.29	22.67	24.16	28.45	9.72	8.42	20.55
A	Grupos	9	2.6570	15.3838	1.9500	0.0815	0.0473	38.4014	405.7365	377.3312	7.7452	0.4408	25.7333
L	Rep/grup.	10	2.5539	21.2022	3.6300	0.0276	0.0113	18.6014	1336.2485	494.0828	23.9152	0.1848	43.4652
T	Fam/grup.	220	2.8413**	6.7504**	1.690**	0.0336**	0.0127**	38.3385	247.3444**	304.3414**	0.7059**	0.2316**	29.3117**
A	E.E.	220	1.0651	2.8658	1.320	0.0050	0.0026	37.8932	119.4045	140.7361	0.4107	0.1439	5.5698
	C.V.%		29.17	2.27	22.98	7.81	17.27	21.92	25.11	32.50	9.81	7.41	19.82

Donde: FV = Fuentes de variación  
 GL = Grados de libertad  
 REND = Rendimiento  
 DFLORM = Días a floración masculina  
 DDFLORMF = Diferencia en días a floración masculina y femenina.  
 ALPTA = Altura de planta  
 ALMAZ = Altura de mazorca  
 ACR = Acame de raíz  
 MAP = Mazorcas podridas  
 MAC = Mala cobertura  
 NOHAB = Número de hojas abajo  
 NOHAR = Número de hojas arriba  
 NORAM = Número de ramas en la espiga  
 \*, \*\* Significativa al 0.05% y 0.01% de probabilidad  
 \*\*\* Mazorca al 15.5% humedad

Cuadro 4. Cuadrados medios y coeficientes de variación del análisis de varianza combinado para cada uno de los caracteres bajo estudio.

FV	GL	REND TON/HA***	DFLORM	DDFLORMF	ALIPTA	ALIMAZ	ACR	MAP	MAC	NCHAB	NCHAR	NORAM
Densidades	1	2.7271	50.7130	391.3000	0.0186	0.0940**	259.6690*	27217.76**	2588.3821**	21.9174	5.6348	87.0533
Grupos	9	3.4431	21.6396	1.5800	0.0074	0.0339	44.4387	521.0572	581.7722	3.3304	0.5841	43.4141
G x D	9	1.7054	35.0778	5.7900	0.0206	0.0175	46.0927	302.5316	151.9093	16.8353	0.3208	15.7899
Rep/G x D	20	1.8617	34.3283	10.14	0.0172	0.0077	35.7857	792.9611	327.9444	20.9565	0.2978	86.2298
Fam/grup.	220	3.7791**	13.9018**	2.3100**	0.0602**	0.0206**	49.3361*	344.5768**	485.8043**	1.0177**	0.4534**	54.5999*
(Fam) (Dens)/G	220	0.8652	4.6277	2.0000	0.0065	0.0026	37.0600	85.9576	158.3598	0.3958	0.1704	5.7345
E.E.	440	0.7787	4.8896	1.4800	0.0056	0.0027	37.7172	90.7782	134.6739	0.3883	1.1706	6.0953
C.V. %		25.33	2.98	30.41	8.37	18.25	22.29	25.02	30.39	9.77	7.95	20.21

Donde: \*, \*\* Significativo al 0.05% y 0.01% de probabilidad

CV = Coeficiente de variación expresado en porcentaje

\*\*\* Mazorca al 15.5% humedad.

Los resultados del presente estudio corroboran con los presentados por Céspedes Torres (1982), el usó el mismo diseño experimental para evaluar 133 líneas de girasol, encontró que no hubo diferencia significativa para grupos en los caracteres estudiados que fueron rendimiento y porcentaje de aceite.

El no haber encontrado significancia entre grupos nos dice que las familias que contiene un grupo se comportan de forma similar a la de los otros, pero que entre familias del mismo grupo se comportan diferente, debido a que la fuente familias anidado en grupos mostró diferencias altamente significativas para los caracteres evaluados en este estudio.

En el mismo Cuadro 3 se presentan los cuadrados medios y coeficientes de variación para cada una de las variables estudiadas, encontrando coeficientes de variación diferentes para la variable rendimiento y la diferencia en días a floración masculina y femenina, donde el primero fue mayor en densidad alta y el segundo en baja. Se piensa que esto se debe a que cuando hay condiciones homogéneas para el desarrollo del cultivo (menos competencia por luz, nutrientes, humedad, etc.) se puede reducir el error experimental, para la segunda variable diferencia en días a floración masculina y femenina, quizás se deba a que en baja densidad no a todas las familias se les tomó los días a floración femenina sino que para estimar esta variable se calculó una media para

cada experimento, lo que sin duda contribuyó a que el error experimental se incrementara tanto en la densidad baja, alta y combinado.

En el Cuadro 4 se presentan los cuadrados medios del análisis combinado para las dos densidades, en dicho cuadro se observan diferencias significativas al 0.01% de probabilidad para las familias: grupos en todos los caracteres estudiados, lo cual concuerda con los análisis individuales por densidad (Cuadro 3) lo que nos demuestra que existe variabilidad de las familias para las variables estudiadas.

En la interacción familias por densidad no se encontró diferencias significativas para ninguna de las variables, y se puede interpretar diciendo que la densidad de población no interviene en el comportamiento individual de cada familia, probablemente esto se debe a que faltó evaluar el material genético en un mayor número de ambientes. Ya que los resultados que se encontraron no concuerdan con los que obtuvieron Miller et al (1959), donde encontraron que las variedades mostraron diferentes respuestas, cuando se desarrollaron en diferentes ambientes.

Para la fuente densidades si hubo diferencias significativas al 0.01% de probabilidad para las variables altura de mazorca, acame de raíz es solo significativa al 0.05%, lo mismo que para mazorcas podridas y mala cobertura, lo que nos indica que la -

poca diferencia (Cuadro 3) que muestran las medias individuales del caracter acame de raíz en baja y alta densidad nos dice que en alta densidad hubo más acame entre familias dentro de grupo como entre grupos.

#### 4.2 Selección de las mejores familias

En base a los resultados de los análisis de varianza, y a que solo hubo diferencia de familias anidado grupos, se procedió a hacer la selección de las mejores 50 familias en cada densidad (baja, alta y combinado), aplicando una presión de selección del 22%, esto nos dá dicha cantidad de familias seleccionadas mencionadas anteriormente, esta presión de selección es en base a las recomendaciones que hacen la mayoría de los mejoradores de plantas, de que en las primeras generaciones de cualquier método de selección la presión de selección debe ser moderada para no endocriar a la población en pocos ciclos de selección.

En el Cuadro 5 se puede observar las medias por grupo para cada caracter en cada densidad de población, dichas medias sirvieron para seleccionar solo aquellas familias que presentaron medias de rendimiento mayores que las de su respectivo grupo, pero menores para el resto de las variables.

Según se observa en el mismo Cuadro 5 y en la Figura 1 para la variable rendimiento, algunos grupos (3,5,8 y 10) mostra-



No. GRUPO	REND TON/HA***	DFLORM	DDFLORMF	ALTPTA CMS	ALIMAZ CMS	ACR	MAP	MAC	NOHAB	NOHAR	NORAM	
	10	3.82	75	3	89	27	28.18	37.73	44.02	6.00	5.46	11.43
B	4	3.64	74	4	90	27	25.85	30.08	38.57	5.96	5.13	12.80
	5	3.57	73	3	89	27	27.89	34.97	43.99	5.61	5.30	12.00
A	8	3.55	73	4	88	28	26.33	32.12	38.93	6.35	5.26	13.20
	9	3.45	75	3	86	26	28.83	30.84	39.37	5.76	5.30	13.02
J	7	3.41	74	3	92	27	25.85	37.17	37.75	5.61	5.24	11.39
	3	3.38	73	3	92	29	26.00	30.46	37.87	6.46	5.24	13.46
A	2	3.25	73	4	87	27	26.53	33.04	43.17	6.70	5.13	13.78
	6	3.15	74	4	91	28	27.11	29.49	38.32	6.65	5.33	11.78
	1	3.06	76	3	88	26	27.75	30.44	36.60	7.15	5.37	12.37
	$\bar{X}$	3.43	74	3	89	27	27.03	32.63	39.36	6.22	5.28	12.52
	3	3.98	74	5	96	34	27.98	44.63	36.67	6.50	5.20	12.65
A	5	3.90	76	5	86	28	28.40	43.92	41.41	7.11	5.09	11.89
	4	3.66	74	5	89	27	28.88	41.69	36.02	6.28	5.06	13.15
L	6	3.63	74	5	95	32	29.28	44.16	32.38	5.98	5.29	10.49
	9	3.53	74	5	83	24	28.19	38.83	36.62	7.15	5.15	12.04
T	10	3.46	75	5	92	32	26.30	44.64	34.54	6.91	5.15	11.83
	8	3.44	74	5	85	25	27.98	39.06	37.80	6.13	5.04	11.83
A	7	3.33	75	5	93	29	27.34	44.43	33.95	6.55	4.94	11.83
	2	3.23	74	5	91	31	27.73	49.16	40.73	6.49	5.16	12.13
	1	3.22	74	5	90	30	29.18	44.05	34.92	6.22	5.13	11.20
	$\bar{X}$	3.54	74	5	90	29	28.13	43.46	36.50	6.53	5.12	11.90
	5	3.74	74	4	87	28	28.15	39.45	42.70	6.36	5.20	11.85
C	4	3.65	74	5	89	27	27.37	35.89	37.30	6.13	5.09	12.91
O	3	3.65	74	5	94	31	26.99	37.54	37.27	6.46	5.23	13.14
M	10	3.64	75	4	91	30	27.24	41.19	39.29	6.46	5.30	11.63
B	8	3.50	74	5	87	26	27.16	35.59	38.38	6.24	5.15	12.51
I	9	3.49	74	4	84	25	28.51	38.84	38.00	6.46	5.23	12.53
N	6	3.38	74	5	93	30	28.20	36.83	35.35	6.30	5.30	11.08
A	7	3.38	74	4	92	28	26.60	40.80	35.85	6.10	5.09	11.68
D	2	3.24	74	5	89	29	27.12	41.10	41.95	6.60	5.14	12.95
O	1	3.14	75	4	89	28	28.47	37.25	35.76	6.68	5.25	11.78
	$\bar{X}$	3.48	74	4	90	28	27.58	38.05	38.19	6.38	5.20	12.21

\*\*\* Mazorca al 15.5% de humedad.

D. BAJA - - - - -  
D. ALTA - . - . - . - . - . - .  
COMBINADA - - - - -

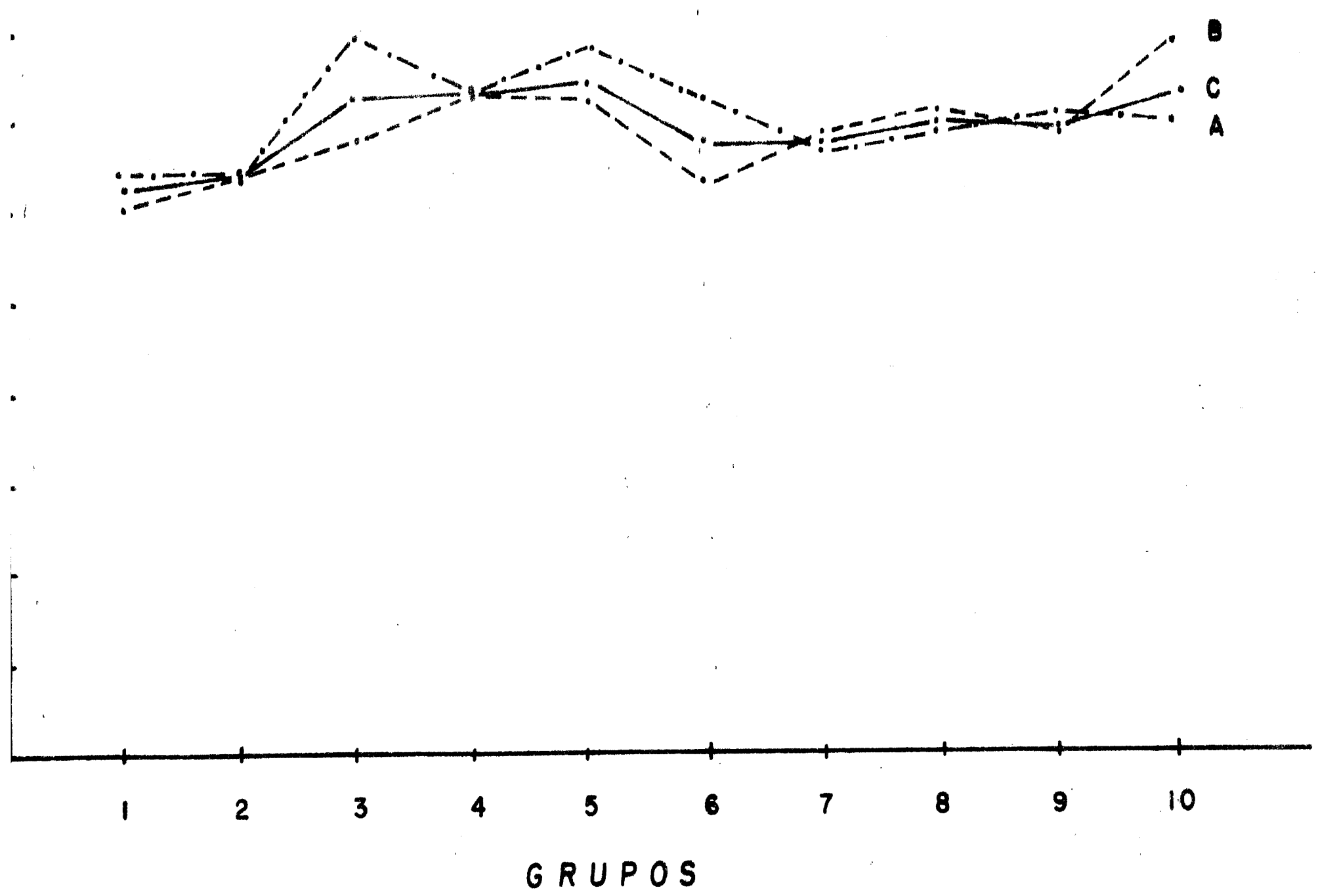


FIGURA 1. MEDIAS DE RENDIMIENTO DE GRUPOS POR DENSIDAD DE POBLACION

ron un incremento a mayor densidad de población, lo cual es bueno porque ésto nos dice que las familias que contienen estos grupos no se ven afectadas al sometérselos a densidades altas. De igual forma se comportaron dichas familias en el análisis combinado. Esto se contrapone con lo que dicen Pendleton y Seif, Donald y otros, citados por Chávez en 1980, quienes argumentan que la reducción del rendimiento de los híbridos enanos se debe al incremento de la densidad de población, es decir, a mayor densidad de población disminuye el rendimiento.

En los Cuadros 6, 7 y 8 podemos observar a las mejores 50 familias seleccionadas en cada densidad, la Figura 2 nos muestra la media de las familias seleccionadas en su respectivo grupo y en la cual se observa al compararla con la Figura 1 que hubo ganancia para la variable rendimiento en cada densidad de población.

En el mismo Cuadro 8 observamos que algunas familias (9,17, 30,27,24, etc.) fueron también seleccionadas en baja y alta densidad, lo que nos reafirma que las familias poseen consistencia para la variable rendimiento.

#### 4.3 Heredabilidades y coeficientes de variación aditiva

De las esperanzas de cuadrados medios de cada análisis individual y combinado se estimaron las varianzas aditivas

Cuadro 6. Concentración de las medias de las mejores 50 familias seleccionadas en baja densidad, en base a sus medias de rendimiento y características antrópicas.

Nº. GRUPO	No. TRAT.	RENDIM. T/M/A	DIFLORM	DIFLORMP	ALTPDA. CM.	ALTMZ. CM.	ACR	MAP	MAC	NOHAB	NOHAR	NORAM
1	17	4.76	74	3	70	30	21.31	17.48	28.05	7.00	5.00	17.00
1	9	4.06	73	2	74	26	30.00	23.99	26.25	7.00	5.00	12.50
1	12	3.89	76	3	85	17	29.99	26.65	37.50	7.00	6.00	12.50
1	21	4.25	75	2	104	39	30.00	19.45	29.55	6.50	5.00	15.00
1	19	5.62	76	2	95	31	30.00	30.54	40.35	8.00	5.00	10.00
2	30	5.27	73	5	91	31	30.00	23.97	26.11	8.00	5.00	14.00
2	46	3.97	72	4	104	44	19.78	27.85	35.72	6.50	5.50	12.50
2	27	4.53	72	3	104	34	27.49	29.07	41.13	6.00	5.00	8.50
2	24	3.74	71	5	94	35	21.76	20.70	37.50	7.00	5.50	14.00
2	33	4.06	73	4	107	37	22.90	20.38	34.96	6.50	5.00	15.50
3	64	4.89	72	3	94	24	23.72	24.45	38.51	6.00	5.50	17.00
3	58	5.22	74	3	98	36	25.35	21.40	34.08	6.50	4.50	14.00
3	68	3.83	73	2	88	30	28.81	27.06	32.62	6.50	5.00	10.50
3	57	4.41	72	5	100	32	25.05	23.51	30.22	6.50	5.00	14.50
3	61	4.15	77	4	87	31	21.95	17.52	30.27	7.00	5.00	10.50
4	70	4.23	75	2	91	29	22.27	29.46	20.54	6.00	4.50	9.50
4	75	4.59	72	4	95	30	21.13	19.56	19.56	5.50	5.00	12.00
4	85	4.64	72	4	81	24	30.00	26.46	37.52	6.50	5.50	14.50
4	84	4.91	74	5	100	44	26.83	19.88	33.12	6.50	5.00	20.50
4	73	3.72	73	4	91	12	18.14	23.97	40.66	5.50	5.50	13.00
5	108	3.76	73	3	96	31	17.30	27.06	27.06	5.00	5.00	15.50
5	114	3.89	74	4	100	34	30.00	23.06	30.00	5.00	5.00	8.50
5	95	4.14	76	3	91	23	30.00	33.92	38.88	6.00	6.00	9.50
5	101	3.90	74	4	102	33	27.06	29.95	25.78	5.50	5.00	9.50
5	96	4.99	80	2	94	29	30.00	29.00	33.78	6.00	5.00	7.50
6	123	4.16	74	4	96	34	30.00	20.32	25.69	5.50	5.50	11.50
6	120	3.86	73	5	102	27	30.00	29.57	31.82	7.00	5.00	9.50
6	122	3.87	73	5	61	14	30.00	29.02	37.50	6.00	5.00	7.50
6	117	4.60	75	3	109	43	29.06	22.75	24.95	5.00	5.50	24.50
6	129	4.69	74	4	106	34	16.39	29.01	43.33	6.50	5.50	3.50
7	160	4.41	72	4	90	25	30.00	30.00	19.90	5.50	5.00	13.00
7	157	4.62	75	2	108	41	25.35	25.05	30.00	6.50	5.00	5.50
7	155	4.33	75	3	86	28	30.00	25.00	30.98	6.00	5.00	13.50
7	147	4.09	71	3	95	36	22.03	27.67	28.56	5.00	5.00	19.50
7	140	4.14	76	3	84	30	21.46	39.71	29.68	5.50	5.00	10.50
8	184	4.24	73	3	78	12	26.11	29.24	25.03	8.00	5.00	11.00
8	181	4.45	74	2	88	36	16.49	19.06	23.07	6.50	5.50	14.00
8	177	5.12	72	4	109	34	30.00	23.07	36.90	6.00	5.50	13.50
8	186	4.24	72	4	96	27	30.00	24.89	23.98	5.50	5.50	10.00
8	180	3.79	72	3	68	25	30.00	24.99	24.99	5.50	5.00	12.00
9	195	3.63	74	3	92	25	30.00	17.85	14.77	5.50	5.00	11.00
9	197	3.93	76	3	79	27	30.00	27.40	39.93	6.50	5.00	7.50
9	198	4.16	74	4	84	23	30.00	28.83	39.23	6.00	5.00	13.50
9	186	4.24	72	2	96	27	30.00	24.89	23.98	5.50	5.50	12.00
9	193	4.04	76	2	85	22	30.00	26.57	43.40	6.00	5.50	11.50
10	217	5.54	73	3	98	23	22.03	31.17	32.03	5.50	6.00	7.00
10	212	4.17	76	2	96	29	17.20	22.76	29.20	7.00	5.00	7.00
10	211	4.11	72	3	99	24	30.00	11.51	29.41	5.00	5.50	6.50
10	229	5.09	80	4	107	37	30.00	42.12	28.26	6.50	5.50	9.00
10	223	4.17	76	4	87	34	30.00	17.56	47.51	7.50	5.50	18.00
Med. Sel. de Selección		4.34	75	3	92	29	26.38	26.67	31.47	6.27	5.21	12.06
		3.33	71	3	39	27	27.03	32.63	39.36	6.22	5.28	12.52
		0.91	1	0	3	2	-0.65	-5.96	-7.89	-0.05	-0.08	-0.48

Mazorca al 15.5% humedad.



Cuadro 8. Concentración de las mejores 50 familias seleccionadas en el análisis combinado (alta y baja densidad) en base a sus medias de rendimiento y características morfológicas.

No. GRUPO	No. TRAT.	RENT*** TON/HA	DEFORM	DEFORM*	ALPTA. CMS.	ALMAZ. CMS.	ACR	MAP	MAC	NOHAR	NOHAR	NOHAR
1	9*	4.29	73	3	77	27	10.00	29.21	10.96	6.50	5.25	11.75
1	17*	4.30	74	4	71	20	22.20	24.29	24.81	6.50	5.00	16.75
1	12	3.71	75	3	98	19	30.00	29.75	31.13	6.25	5.50	12.50
1	8	4.53	76	4	97	35	29.50	37.17	35.62	7.00	5.00	15.00
1	21	4.69	74	3	104	40	39.27	28.21	29.74	6.25	5.00	14.00
2	30*	5.17	73	4	93	35	28.36	28.00	26.38	7.25	5.00	12.75
2	27*	5.40	72	3	101	36	23.75	31.16	34.02	6.50	5.00	7.75
2	24*	4.38	72	4	95	34	27.97	29.10	31.92	6.75	5.50	13.50
2	46	4.14	73	5	104	47	22.57	28.12	32.02	6.50	5.25	11.30
2	33	3.92	73	4	107	35	28.14	37.47	36.87	6.50	5.00	14.75
3	58*	4.94	74	3	100	38	26.13	20.18	32.84	6.25	4.75	13.25
3	64*	4.47	74	4	95	29	22.79	35.20	32.59	6.00	5.25	16.25
3	68*	3.94	74	3	84	30	29.16	33.26	34.63	6.50	5.00	11.00
3	66	4.58	72	4	95	28	22.91	32.54	28.26	6.50	6.00	13.25
3	47	3.90	74	4	96	33	37.00	32.72	35.63	6.75	5.50	14.50
4	72	4.24	73	4	87	21	22.79	28.30	25.62	5.50	5.00	14.50
4	75*	4.72	73	5	92	22	22.25	36.91	28.48	5.75	5.00	11.50
4	89	4.99	74	4	83	26	30.00	34.56	34.56	6.00	5.00	12.25
4	85	3.99	73	5	79	23	20.00	35.86	33.44	6.25	5.25	14.50
4	84	4.78	74	5	100	43	22.79	28.30	25.62	6.50	5.00	16.75
5	96*	4.61	79	4	83	27	22.73	35.76	34.84	6.75	5.00	8.25
5	101*	4.30	75	5	102	35	28.53	31.85	25.95	6.25	5.00	11.00
5	114*	4.93	75	5	100	37	30.81	27.84	24.26	5.75	5.00	7.00
5	108	4.32	74	4	95	35	22.71	25.42	25.62	6.25	5.00	17.25
5	110	4.02	73	5	87	23	27.23	33.36	27.61	5.50	5.25	8.25
6	121	3.74	76	6	106	34	30.00	26.95	19.02	6.00	6.00	7.50
6	123*	4.21	74	4	98	36	30.00	26.09	21.06	5.50	5.25	11.25
6	124	4.15	74	4	72	28	31.05	28.06	26.60	6.00	5.25	13.25
6	130	4.34	73	4	83	23	26.60	29.06	32.19	6.00	5.00	5.25
6	135	4.00	75	4	108	38	20.60	33.36	23.16	7.25	5.75	14.00
7	157*	4.73	76	4	98	40	25.82	30.98	22.38	7.00	5.00	3.00
7	158	4.89	74	4	104	39	30.00	29.37	30.34	7.00	5.25	17.25
7	160*	4.37	73	5	92	26	30.00	36.25	21.40	6.25	5.00	14.00
7	147*	4.29	72	4	102	33	26.02	33.06	30.21	5.50	4.50	20.75
7	155	4.25	76	4	80	24	30.00	28.81	32.43	6.75	5.00	13.25
8	176	4.99	76	5	95	34	26.25	32.36	37.12	7.50	5.75	18.00
8	181*	4.93	74	4	86	24	19.50	28.87	26.26	6.00	5.25	14.00
8	184*	4.41	74	3	78	29	24.31	22.12	24.88	7.75	5.00	11.25
8	171	5.40	73	4	81	28	25.83	33.59	34.61	6.50	5.00	11.50
8	175	4.26	74	4	107	34	30.00	20.42	32.79	6.00	5.50	9.25
9	186*	4.39	72	3	82	21	30.00	26.59	26.99	6.25	5.25	11.00
9	206	5.18	75	4	103	32	25.92	23.51	35.61	7.00	5.25	10.75
9	195*	4.11	73	4	89	24	30.00	18.23	22.39	6.50	5.25	11.50
9	188*	5.57	73	4	86	22	27.85	28.49	34.30	6.25	5.00	12.50
9	202	3.85	73	5	77	22	30.00	27.99	35.13	6.00	5.00	13.25
10	211	3.72	72	4	95	22	30.00	35.82	26.29	5.00	5.00	6.75
10	228	6.70	75	4	116	42	23.48	25.67	32.70	7.00	5.50	15.00
10	229*	5.07	80	5	102	36	27.68	30.80	25.82	7.50	5.25	7.75
10	212*	4.17	76	4	103	31	23.13	34.29	30.96	7.25	5.50	6.75
10	217	4.73	73	4	96	27	30.90	41.18	34.47	6.25	5.50	10.00
$\bar{X}$ Fam. Sel.		4.51	74	4	93	31	27.25	30.13	29.65	6.41	5.19	12.31
$\bar{Y}$ Población		3.49	74	4	90	28	27.68	38.05	38.18	6.38	5.20	12.21
Dif. de selección		1.03	0	0	3	3	-0.43	-7.92	-8.53	0.03	-0.01	0.01

\* Familias seleccionadas tanto en baja como en alta densidad.

\*\*\* Nezorca al 15.5% de humedad.

D. BAJA      - - - - -  
D. ALTA.     - . - . - . - . - .  
COMBINADO    \_\_\_\_\_

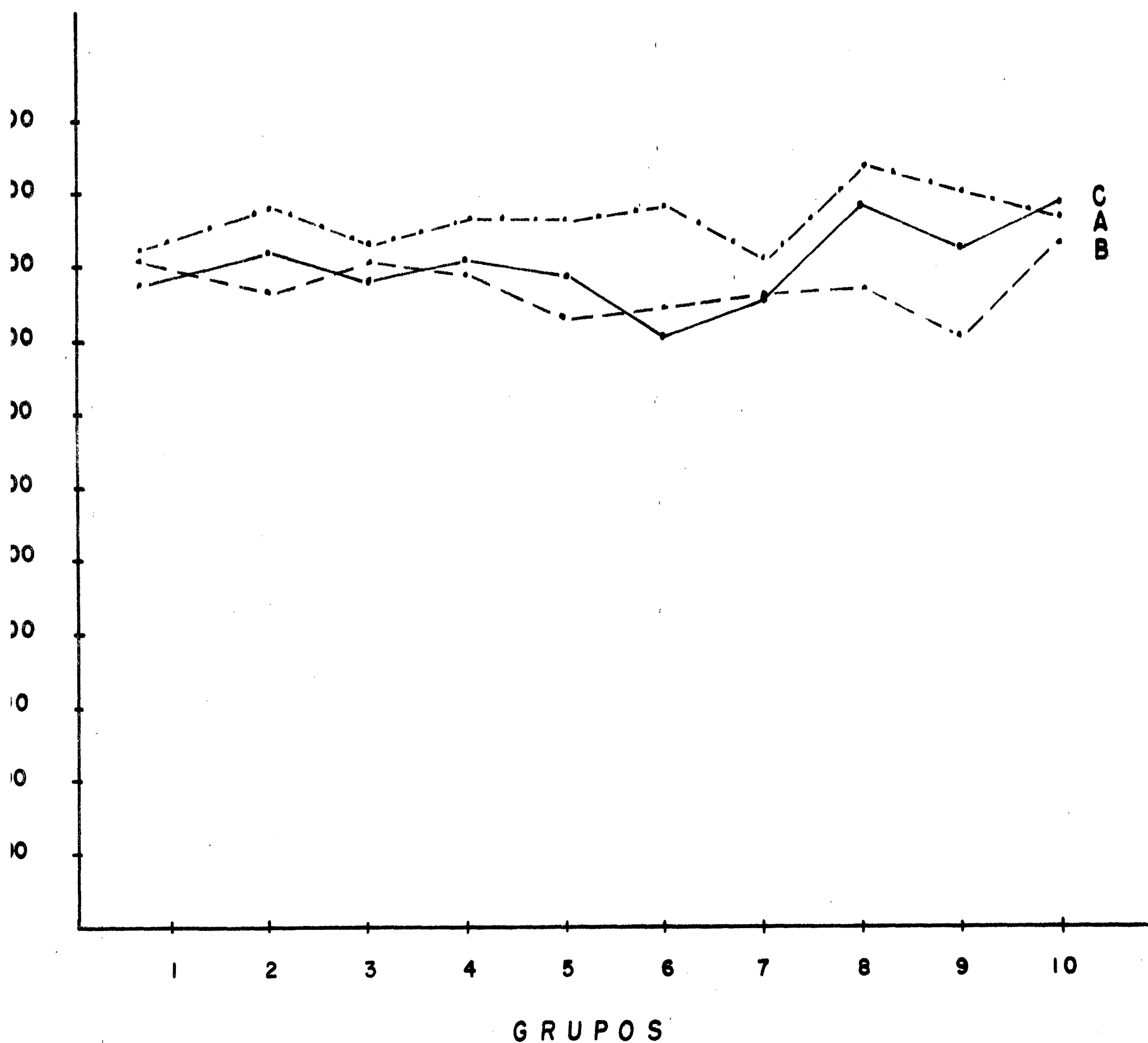


FIGURA. 2. MEDIAS DE RENDIMIENTO DE LAS 5 FAMILIAS SELECCIONADAS POR GRUPO.

( $\sigma^2_A = \sigma^2_F$ ) para cada caracter, la heredabilidad en sentido estrecho ( $h^2$ ) y el error estandar de ésta  $EE(h^2)$ . En el Cuadro 9 se muestran los valores obtenidos para estos parámetros, los cuales son de considerable magnitud, al parecer la varianza genética aditiva entre familias para el caracter rendimiento es bajo, pero debe tomarse en cuenta que para su estimación se usaron toneladas por hectárea.

Las varianzas aditivas estimadas en alta densidad para las características REND, MAP, MAC y NORAM fueron de la misma magnitud, resultando más altas que las estimadas en baja densidad.

Para el combinado sucedió lo mismo, siguieron siendo las varianzas aditivas de mazorcas podridas y mala cobertura los que nos dieron los valores más altos, cabe mencionar que estos resultados son corroborados por los presentados por Nava en 1980, el trabajó con maíces superenanos aplicando el método Mazorca por surco modificado, la única diferencia en el presente trabajo y el de dicha persona es que las varianzas aditivas para altura de planta en ambas densidades de población así como en el combinado fueron altas.

Comparando las heredabilidades obtenidas para cada caracter con su respectivo error estandar se observa que son significativas, ya que para que sea un buen estimador se requiere que sea 5 veces mayor con respecto a su error estandar (E.E).



SELECCION EN DENSIDAD BAJA

	REND TON/HA***	DFLORM	DDFLORMF	ALTPTA	ALTMZ	ACR	MAP	MAC	NOHAB	NOHAR	NORAM
$\sigma^2_F$	0.6553	2.4328	0.495	0.0134	0.0039	5.2581	60.5191	105.6056	0.1708	0.0974	12.201
$\sigma^2_e$	0.4923	6.9134	1.6900	0.0063	0.003	37.5413	62.1519	128.6116	0.3660	0.1972	6.6208
$\sigma^2_f$	0.9015	5.8895	1.3000	0.0166	0.0053	24.0288	91.5951	169.9114	0.3538	0.1960	15.5114
$h^2$	.73 <sup>±</sup> .10	.41 <sup>±</sup> .11	.38 <sup>±</sup> .11	.91 <sup>±</sup> .10	.74 <sup>±</sup> .10	.22 <sup>±</sup> .10	.66 <sup>±</sup> .10	.62 <sup>±</sup> .10	.48 <sup>±</sup> .11	.50 <sup>±</sup> .11	.79 <sup>±</sup> .10

SELECCION EN DENSIDAD ALTA

$$\sigma^2_f = \frac{\sigma^2_e}{r} + \sigma^2_F$$

$$\sigma^2_F = \frac{M_2 - M_1}{r}$$

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

$\sigma^2_F$	0.8881	1.9418	0.185	0.0143	0.0051	0.2227	63.9700	81.8027	0.1476	0.0439	11.8709
$\sigma^2_e$	1.0651	2.8668	1.320	0.0050	0.0026	37.8932	119.4045	140.7361	0.4107	0.1439	5.5696
$\sigma^2_f$	1.4207	3.3751	0.845	0.0168	0.0064	19.1693	123.6723	152.1708	0.3529	0.1158	14.6557
$h^2$	.63 <sup>±</sup> .10	.58 <sup>±</sup> .10	.22 <sup>±</sup> .12	.85 <sup>±</sup> .10	.80 <sup>±</sup> .10	.01 <sup>±</sup> .13	.52 <sup>±</sup> .06	.54 <sup>±</sup> .10	.42 <sup>±</sup> .11	.40 <sup>±</sup> .11	.80 <sup>±</sup> .10

ANALISIS COMBINADO (Baja y alta densidad)

$\sigma^2_F$	0.7285	2.3185	0.0775	0.0134	0.0045	3.0690	64.6548	81.8611	0.1555	0.0708	12.2164
$\sigma^2_{fd}$	0.0432	0.0000*	0.2400	0.0004	0.000*	0.000*	0.000*	11.8430	0.0037	0.000*	0.000*
$\sigma^2_e$	0.7787	4.8896	1.4800	0.0056	0.0027	37.7172	90.7782	134.6739	0.3884	0.1706	6.0953
$\sigma^2_f$	0.9448	3.5409	0.5675	0.0150	0.0052	12.4983	87.3494	121.4507	0.2544	0.1135	13.7400
$h^2$	.77 <sup>±</sup> .10	.65 <sup>±</sup> .10	.14 <sup>±</sup> .13	.89 <sup>±</sup> .01	.87 <sup>±</sup> .10	.25 <sup>±</sup> .12	.74 <sup>±</sup> .10	.67 <sup>±</sup> .10	.61 <sup>±</sup> .10	.62 <sup>±</sup> .09	.89 <sup>±</sup> .10

\* Se consideran 0 por ser negativas

\*\*\* Mazorca al 15.5% de humedad.

$$\sigma^2_f = \frac{\sigma^2_e}{rd} + \frac{\sigma^2_{Fd}}{d} + \sigma^2_F$$

$$\sigma^2_F \text{ ó } \sigma^2_A = \frac{M_3 - M_2}{rd}$$

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

Se dice que entre más alta sea ésta es menos afectada por el medio ambiente (Cortez, 1980).

En baja densidad sólo para la variable acame de raíz resultó casi nula la significancia ( $0.22 \pm 0.10$ ), ya que para poder ser significativa la heredabilidad debe de ser 5 veces mayor a su error estandar.

Este mismo parámetro (heredabilidad) al estimarse en alta densidad resultó con valores un poco más altos que en baja densidad, dichos caracteres son días a floración, altura de planta, altura de mazorca, ésto era de esperarse, ya que como se sabe dichos caracteres tienden a expresarse más, cuando se encuentran en condiciones de densidades altas de población.

Para el resto de los caracteres, rendimiento, diferencia de días a floración masculina y femenina, porcentaje de acame de raíz, mazorcas podridas, mala cobertura, número de hojas abajo y arriba, las heredabilidades tendieron a decrecer o fueron iguales a las de la densidad baja, esto nos dice que la alta densidad no influye en la expresión de estos caracteres. Para el caracter porcentaje de acame de raíz se obtuvo un valor ( $0.01 \pm 0.13$ ) mucho menor a su error estandar, algo que no es normal, ya que en altas densidades las plantas crecen más, son más raquíticas, etc., por lo tanto debe

haber mayor porcentaje de acame, quizá esto se debió a la transformación ArcSen  $\frac{\sqrt{X + 0.5}}{100} * \left(\frac{180}{3.1416}\right)$ , ya que familias que tenían bajos porcentajes de acame con dicha transformación resultaron más acamados.

Para las variables mazorcas podridas y mala cobertura también se obtuvieron valores más pequeños de heredabilidad en la densidad baja, estos resultados son lógicos, pues a menor competencia entre plantas estas forman mazorcas más grandes, por lo que no terminan en punto, ocasionando que haya mayor pudrición. En cambio en alta densidad las mazorcas son pequeñas, hay buena cobertura y no hay pudrición en las mazorcas.

En el análisis combinado, las variables estudiadas (REND, DFLORM, DDFLORMF, ALTPLTA, etc.) dieron valores de heredabilidad mayores o iguales a cada uno de ellos en baja o en alta densidad, esto nos dice que hubo disminución de la interacción familias por densidad, lo que ocasionó que se elevaran los valores de heredabilidad. Los que al ser comparados con su error estandar resultaron ser significativos (Cuadro 9), excepto para la variable diferencia en floración masculina y femenina.

De lo antes mencionado podemos decir que la densidad influye sin duda alguna en la expresión de la heredabilidad para

algunos caracteres (MAP, NORAM), obteniéndose una mayor respuesta en ambientes sin stress.

El hecho de haber analizado a las dos densidades en forma combinada, fue porque de esta manera se puede estimar mejor la heredabilidad al controlar con más eficiencia la interacción familias por densidad.

Los coeficientes de variación genética aditiva calculados se presentan en el Cuadro 10, en el cual podemos observar que la menor variación aditiva en las dos densidades (baja y alta), así como en el combinado corresponde a los caracteres floración masculina, altura de planta, altura de mazorca, acame de raíz, hojas abajo y hojas arriba de la mazorca. Dichos valores nos indican que para estos caracteres las familias son homogéneas.

Los coeficientes de variación aditivos más altos son para los caracteres rendimiento, diferencia de días a floración masculina y femenina, mazorcas podridas, mala cobertura y número de ramas en la espiga. Estos caracteres fueron altos en ambas densidades baja, alta y combinado, lo que nos confirma una vez más que existe variabilidad entre las familias para estos caracteres, lo cual por lo que respecta al primero (REND) es bueno, ya que esto permite mayores posibilidades de efectuar selección, en lo que respecta al

Cuadro 10. Coeficientes de variación genética aditiva (%)  
( $CV_A$ ) para los 11 caracteres estudiados.

CARACTERISTICA	D E N S I D A D		
	BAJA	ALTA	COMBINADO
REND	23.60	26.62	24.53
DFLORM	2.11	1.88	2.06
DDFLORMF	23.45	8.60	16.92
ALTPTA	0.13	0.13	0.13
ALTMAZ	0.23	0.25	0.24
ACR	8.48	1.68	6.34
MAP	23.84	18.38	21.12
MAC	25.78	24.78	23.70
NOHAB	6.64	5.88	6.18
NOHAR	5.91	4.09	5.12
NORAM	27.90	28.93	28.63

resto de caracteres no es bueno, porque no se va a tener mucho éxito en los siguientes ciclos de selección, los cuales influyen bastante sobre el carácter rendimiento.

#### 4.4 Correlaciones genotípicas y fenotípicas

Estos parámetros fueron estimados entre pares de caracteres (REND - DFLORM, REND - ALTPTA, DFLORM - ALTPTA, etc.), de los estudiados en el presente trabajo, para su estimación se usaron los productos medios de los análisis de covarianza entre pares de caracteres y la varianza de cada uno de ellos de los análisis individuales. Los valores de correlación obtenidos se presentan en el Cuadro 11.

Analizando los resultados mostrados en dicho cuadro, observamos que para la variable rendimiento se encontraron correlaciones genotípicas negativas con número de ramas en la espiga en alta densidad, número de hojas arriba en ambas densidades y combinado, mala cobertura resultó negativamente correlacionado en alta densidad y combinado, mazorcas podridas en ambas densidades, días a floración masculina negativamente correlacionado con rendimiento.

Las correlaciones encontradas para el carácter NORAM parece ser lógico, ya que entre mayor es el tamaño de las espigas y hay gran número de éstas hay gran competencia, por lo que



se reducen los rendimientos. Lo mismo se podría atribuir - al caracter hojas arriba de la mazorca, ya que entre mayor número sea de éstas, le quitarán más fotosintatos y luz a la planta en la parte superior, lo que ocasiona que se formen mazorcas pequeñas reduciendo el rendimiento.

Con respecto a las correlaciones de floración masculina con rendimiento, las correlaciones encontradas entre estos pares de caracteres son negativas, lo cual concuerda con lo - presentado por Carballo (citado por Oyervides 1979), quien encontró estas correlaciones negativas para efectos aditivos, siendo estos bajos y negativos para efectos genotípicos entre dicho par de caracteres, lo que se debe esperar - es que las correlaciones que existen entre estos caracteres sean positivas, ya que es común que los genotipos que tardan más tiempo en llegar a floración producen mayores rendimientos, en el presente trabajo no resultó así.

Los caracteres que resultaron positivamente correlacionados con rendimiento son: Número de hojas abajo en ambas densidades, porcentaje de acame de raíz, altura de planta y mazorca en ambas densidades.

Por lo que respecta al caracter número de hojas abajo en - futuros ciclos de selección debe de tenerse en cuenta seleccionar plantas que tengan mayor número de hojas abajo, los otros dos caracteres resultaron correlacionados tal y -



como se esperaba, ya que es común que los materiales de mayor altura son los más rendidores.

El haber encontrado correlaciones positivas entre estos caracteres con rendimiento, coinciden con los encontrados por Oyervides, 1979.

La variable días a floración está negativamente correlacionada con número de ramas en la espiga, acame de raíz, siendo positivas las correlacionadas de esta variable con número de hojas arriba, número de hojas abajo, mala cobertura resultó correlacionada solamente en alta densidad; altura de planta y altura de mazorca están correlacionadas en ambas densidades.

La variable altura de planta resultó positivamente correlacionada con altura de mazorca, número de hojas abajo en baja densidad y combinado, número de hojas arriba y número de ramas en la espiga en baja densidad.

Los caracteres mazorcas podridas y acame de raíz están negativamente correlacionados con altura de planta en ambas densidades. Esto no era de esperarse, ya que entre más alta es una planta es más susceptible al acame, y con esto aumenta la probabilidad de que se pudran las mazorcas, debido a que se encuentran éstos más cerca a la humedad que expide el suelo.

La altura de mazorca resultó positivamente correlacionada con número de ramas, hojas abajo y fueron negativas para hojas arriba en alta densidad, acame de raíz y mazorcas podridas están negativamente correlacionadas en ambas densidades.

Acame de raíz está negativamente correlacionada con hojas arriba en baja densidad y combinado, mala cobertura en alta y combinado y con mazorcas podridas en ambas densidades.

Mazorcas podridas resultó positivamente correlacionado con mala cobertura, hojas abajo y hojas arriba en alta densidad.

La variable mala cobertura está positivamente correlacionada con hojas arriba en alta densidad y con hojas abajo en baja.

Hojas abajo está positivamente correlacionada con número de ramas en ambas densidades, resultó también positivamente correlacionada con hojas arriba en alta densidad.

Hojas arriba de la mazorca está negativamente correlacionada con número de ramas en la espiga.

Comparando estos resultados con los encontrados con Smith et al en 1981, donde estimaron correlaciones de varios

caracteres en líneas  $S_1$  de maíz, encontraron que número de ramas en la espiga y acame están negativamente correlacionados con rendimiento, que es lo que se encontró en este estudio, aunque se contrapone a los encontrados por Cortaza en 1970, donde él sugiere que número de ramas en la espiga es un indicador de altos rendimientos en una población, por lo que dicho carácter debe de tomarse como un índice de selección para mejorar el rendimiento en esta población.

Los demás caracteres que resultaron correlacionados positivamente y negativamente era de esperarse, ya que en varios trabajos se ha demostrado lo mismo que en éste.

En resumen los caracteres: Hojas abajo, acame de raíz, altura de planta y mazorca, podemos decir que estos caracteres son los que resultan genotípicamente más correlacionados entre sí y con rendimiento, por lo que podemos decir que un mismo grupo de genes es el que determina la expresión de dichos caracteres.

Las correlaciones fenotípicas de las variables hojas abajo, acame de raíz en alta densidad, altura de mazorca y altura de planta, resultaron positivamente correlacionadas con rendimiento corroborando esto los resultados obtenidos por las personas anteriormente citadas, los caracteres que resultaron negativamente correlacionados con rendimiento fueron hojas arriba, mazorcas podridas, y días a floración

masculina en baja densidad, los cuales también resultaron con correlaciones genotípicas negativas.

Días a floración masculina solo presentó correlaciones positivas y significativas con los caracteres hojas arriba - en densidad alta y combinada, hojas abajo, altura de mazorca y de planta en baja, alta y combinada.

Altura de planta está positivamente correlacionada con número de ramas en la espiga, hojas arriba, hojas abajo y -- altura de mazorca, y negativamente correlacionada con mazorcas podridas y acame de raíz.

La variable altura de mazorca está positivamente correlacionada con número de ramas en la espiga, hojas arriba, hojas abajo y negativamente correlacionada con mazorcas podridas y acame de raíz en la densidad baja, alta y combinado.

El resto de los caracteres no presentan correlaciones significativas, excepto hojas abajo con número de ramas en baja y alta densidad y hojas arriba en alta y combinado están - negativamente correlacionados con número de ramas.

Como se puede observar (Cuadro 11) y mencionado párrafos - arriba se encontraron correlaciones significativas y positivas entre algunos caracteres, esto nos dice que los genes de ellos operan en el mismo sentido, lo contrario sucede con las

correlaciones significativas pero negativas, en donde los genes de ambos caracteres operan en sentido contrario.

En los casos de correlaciones no significativas son un indicador que los dos caracteres en cuestión no poseen genes en común, por lo tanto no se puede esperar que estén correlacionados significativa y positivamente.

#### 4.5 Ganancia genética por ciclo

Se estimó la ganancia por ciclo de selección para cada uno de los caracteres estudiados (REND, DDFLORMF, DFLORM, ATPTA, etc.), los resultados obtenidos se muestran en el Cuadro 12. Los cuales si los comparamos con los que encontró Aguilar en 1982, donde él evaluó familias  $S_1$  derivadas del  $C_4$  de selección, exceptuando a la variable rendimiento se encontró poca ganancia, considerando que las familias de este trabajo están en su primer ciclo de selección, para el resto de los caracteres las ganancias anduvieron con valores muy similares. Estos resultados indican que para ser el primer ciclo de selección en esta población se tuvieron buenas ganancias para los caracteres evaluados.

Si transformamos las ganancias obtenidas (Cuadro 12) para el carácter rendimiento de toneladas a kilogramos, encontramos que en la densidad baja se tuvo una ganancia por ciclo de 660, para la alta de 810 y para el combinado de 790.

Cuadro 12. Valores de ganancia a la selección por ciclo para cada variable estudiada por densidad baja, alta y combinado.

CARACT.	D E N S I D A D					
	BAJA		ALTA		COMBINADO	
REND	0.66	(15.21)*	0.81	(16.77)*	0.79	(17.52)*
DFLORM	0.41	( 0.55)*	0.00	(00.00)*	0.00	(00.00)*
DDEFLOMEF	0.00	( 0.00)*	0.00	(00.00)*	0.00	(00.00)*
ALTPTA	2.43	( 2.64)*	0.85	( 0.93)*	2.67	( 2.87)*
ALMAZ	1.48	( 5.10)*	2.40	( 7.50)*	2.61	( 8.42)*
ACR	-0.14	-( 0.53)*	-0.00	( 0.00)*	-0.08	-( 0.29)*
MAP	-3.93	-(14.73)*	-4.95	-(14.56)*	-5.88	-(19.52)*
MAC	-5.20	-(16.52)*	-4.04	-(13.93)*	-5.72	-(19.29)*
NOHAB	0.02	( 0.32)*	0.05	( 0.75)*	-0.02	-( 0.31)*
NOHAR	-0.04	-( 0.77)*	0.004	( 0.08)*	-0.01	-( 0.19)*
NORAM	-0.36	-( 3.00)*	0.003	( 0.03)*	0.09	( 0.73)*

$$* \Delta G_C (\%) = \Delta G_C / \bar{X}_S \times 100 \quad \Delta G_C$$

\*  $\Delta G_C$  = Ganancia genética por ciclo expresada en porcentaje.

Como podemos observar, se obtuvo mayor ganancia para la variable rendimiento en alta densidad que en baja, lo que nos indica que es mejor efectuar la selección de las familias en densidades altas.

La ganancia obtenida en el análisis combinado para la variable rendimiento fue casi igual a la obtenida en densidad alta, lo que indica que las familias muestran estabilidad para este carácter y que interaccionan poco o nada con la densidad de población.

Para el carácter floración masculina se obtuvo una ganancia de 0.41 en densidad baja lo cual es bueno, ya que este carácter se encontró que está negativamente correlacionado con rendimiento y quizá esto se deba a que la ganancia sea poca, pues se observó que en densidad alta y el combinado no hay ganancia para este carácter. Esto sin duda se debe a que sus respectivas diferenciales de selección fueron cero (0).

Para la variable días a floración masculina y femenina no se encontró ganancia.

Para el carácter altura de planta se encontró una ganancia de 2.43 cm en baja densidad, de 0.85 cm en alta y 2.67 cm en el combinado, dichas ganancias para este carácter son corroboradas por las encontradas por Nava en 1981 al efectuar

selección masal en el SSE  $C_1$ .

Las ganancias para altura de mazorca fueron 1.48 cm, 2.40 cm y 2.61 cm para baja, alta y combinado, por lo que se consideran como buenas, ya que según los valores de correlación genotípicas y fenotípicas (Cuadro 11), estas variables están positivamente correlacionadas con rendimiento, lo que nos dice que con ganancias de esta magnitud para estos caracteres en varios ciclos de selección se puede incrementar aún más el rendimiento.

Para los caracteres acame de raíz y mazorcas podridas se obtuvo una ganancia negativa, lo que nos dice que se mejoró la población para estos caracteres indeseables y que afectan en gran magnitud al rendimiento ya que están negativamente correlacionados con éste.

Hojas abajo, arriba y ramas en la espiga mostraron ganancias pequeñas, aunque de gran significancia, pues como se recordará los dos últimos están correlacionados negativamente con rendimiento; por lo que al tener respuestas negativas para estos caracteres, indirectamente se está mejorando a la población en rendimiento.

Como pudimos ver a lo largo de los resultados antes mencionados, se tuvo ganancias positivas (REND, ALTPTA, ALTMAZ), viendo esto desde el punto de vista de mejorar a la pobla-



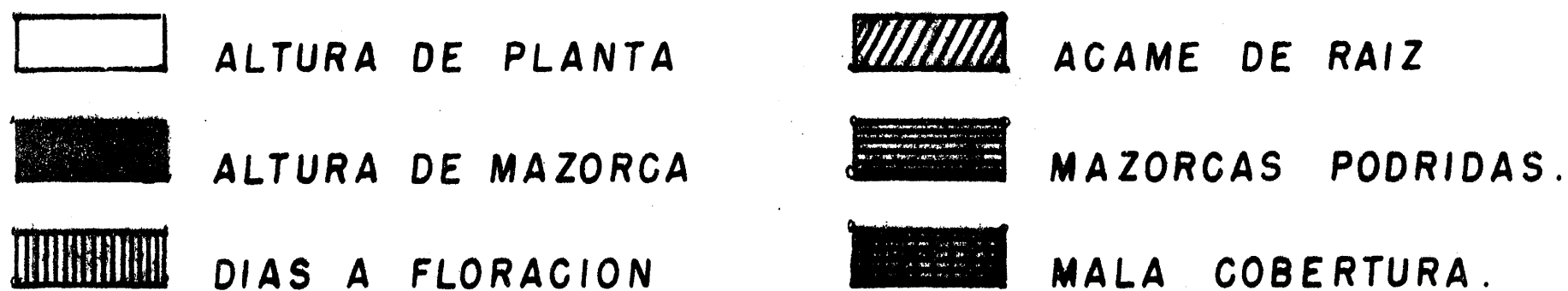
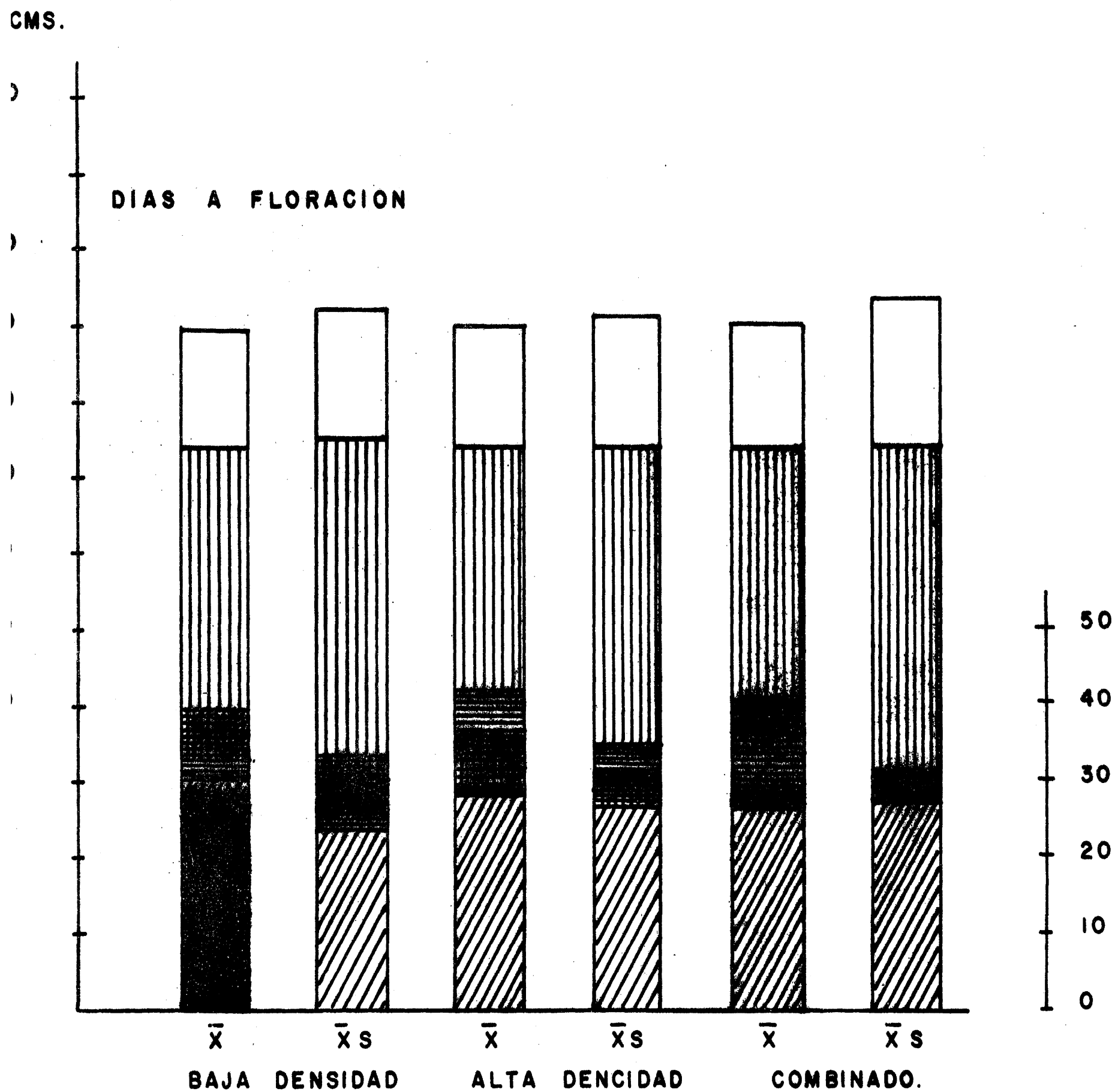
ción para todos los caracteres bajo estudio, lo que es bueno, pero no hay que olvidar que dichas evaluaciones se hicieron en solo una localidad y que al igual que las heredabilidades las ganancias también están sobreestimadas pero aún y con esto se tienen heredabilidades y ganancias de tamaño considerable para los caracteres estudiados.

En la Figura 3 se presentan las respuestas a la selección - en por ciento de varios caracteres (Altura de planta y mazorca, días a floración, acame de raíz, mazorcas podridas y mala cobertura).

Si se practicara selección para estos caracteres, por ejemplo para altura de planta en baja densidad, la respuesta a la selección sería mayor (2.64 cm) en cambio, en alta densidad sería de (0.93 cm) y como altura de mazorca está positivamente correlacionada con altura de planta ésta también aumentaría en baja, siendo de 5.10 cm y de 7.50 cm en alta, por lo cual como podemos ver para seleccionar en estos caracteres sería mejor hacer la selección en alta densidad, porque no aumentamos mucho la altura de planta y si la altura de mazorca; con lo que podemos reducir en gran magnitud al por ciento de mazorcas podridas.

Algo no esperado sucedió con por ciento de acame, ya que se esperaba que fuera mayor en alta densidad y no resultó así, la respuesta a la selección para este carácter fue mayor en baja.

FIGURA 3 : REPRESENTACION GRAFICA DE LA MEDIA GENERAL DE FAMILIAS  $S_i(\bar{x})$  Y MEDIA DE LAS FAMILIAS  $S_i$  SELECCIONADAS ( $\bar{x}_s$ ) PARA LAS CARACTERISTICAS . ALTURA DE PLANTA Y MAZORCA, DIAS A FLORACION, ACAME DE RAIZ, MAZORCAS PODRIDAS Y MALA COBERTURA.



Para mazorcas podridas y mala cobertura los valores de ganancia a la selección son decrecientes y más o menos de igual magnitud en ambas densidades, por lo que dá lo mismo seleccionar en baja, alta o en el combinado.

## V. CONCLUSIONES

Una vez terminada la evaluación del primer ciclo de selección, se obtuvieron avances considerables para la realización de los objetivos que inicialmente se plantearon los cuales fueron:

- a). Mejorar para rendimiento y adaptabilidad una población de maíz superenana de amplia base genética por el método de selección entre líneas  $S_1$ .
- b). Detectar el efecto de densidades de población sobre la estimación de ciertos parámetros genéticos, en el primer ciclo de selección, como criterio de adopción del mejor método, densidad y criterio de selección en ciclos posteriores.

Por lo que se refiere al objetivo a), observando los Cuadros 6, 7 y 8 y Figura 2, para el carácter rendimiento nos damos cuenta que este se incrementó en ambas densidades de población en el primer ciclo.

Para días a floración masculina y diferencia de floración masculina y femenina no se obtuvieron incrementos, esto nos dice que la ganancia para el carácter rendimiento no ocasionó un alargamiento en el ciclo vegetativo de la población.

Las alturas de planta y mazorca se incrementaron en cierta proporción, pero no a tal grado que en ciclos posteriores se pueda correr el riesgo de que la población se acame.

Para las características acame de raíz, mazorcas podridas y mala cobertura se obtuvieron decrementos de tamaño considerable, lo que nos indica que fue efectivo el primer ciclo de selección y que dichos caracteres indeseables son posibles de eliminar en pocos ciclos de selección (3 ó 4).

Para las características hojas abajo, hojas arriba y ramas en la espiga, el primero positivamente correlacionado y los siguientes negativamente correlacionados con rendimiento se obtuvo poca ganancia, por lo que no debe temerse que estos últimos sean caracteres limitantes del rendimiento en ciclos posteriores.

En lo referente al objetivo b) el efecto de densidades de población se encontró que hubo más altos rendimientos en alta densidad, los demás caracteres se redujeron en tamaño considerable con la selección, lo que nos indica que la selección fue efectiva para mejorar la población, los coeficientes de variación aditiva para rendimiento y caracteres positivamente correlacionados con este (altura de planta y mazorca, hojas abajo) son un poco mayores o iguales que los obtenidos en baja densidad.

Las heredabilidades de caracteres que se encuentran correlacionados positivamente con rendimiento (altura de planta y mazorca, hojas abajo), son mayores y los que mostraron correlaciones negativas dieron valores de heredabilidad pequeños.

Por último, la ganancia genética por ciclo de selección fue mayor para rendimiento en alta densidad, para los caracteres indeseables tales como acame de raíz, mazorcas podridas y mala cobertura fueron de magnitud decreciente en ambas densidades.

Por lo tanto, y según se muestra en los resultados obtenidos en el presente estudio, se considera que el mejor ambiente de selección es la densidad de 120,000 plantas por hectárea, pues se observó que supera ampliamente a estos mismos caracteres estudiados en baja densidad, y que para futuros ciclos de selección en esta población, la selección debe de efectuarse en densidades altas, tomando en cuenta como indicadores de selección a los caracteres que resultaron positivamente correlacionados con rendimiento y que se deben establecer experimentos en más localidades para que las heredabilidades y ganancias genéticas no estén sobreestimadas.

## VI. LITERATURA CITADA.

- Aguilar, C.G. 1982. Selección recurrente entre líneas S<sub>1</sub> para rendimiento y resistencia a Mildiu vellosa, Peronosclerospora sorghi; (w&U), shaw en la población de maíz, TIWF - DMR C<sub>4</sub>, Tesis Maestro en Ciencias, U.A.A.A.N. pp. 28-35.
- Aguilar, F. Enrique; P. León, T.; R, Vallejo R; y M.K. Srivastava, 1980. Correlación entre los principales componentes del rendimiento y la calidad de la fibra en tres variedades comerciales de algodón (Cossypium hirsutum L.), Vol. 30 (3) Jul.-Sep. Revista Interamericana de Ciencias Agrícolas. Turrialba, Costa Rica.
- Agudelo, L.C. y F. Márquez, S. 1975. Estimación de la heredabilidad por medio de la regresión progenie-progenitor usando componentes de varianza en una población de maíz, en tres densidades de siembra. *Agrociencia* 21:91-99.
- Al-Jibouri, A.H.P.A. Miller y H.F. Robinson, 1956. Genotypic and environmental variances and covariances in an upland cotton, cross of interespecific origin. *Agronomy Journal*. pp. 633-636.
- Alvarado, B.A. 1956. Correlación entre los caracteres cuantitativos de las mazorcas de las líneas de maíz y de los mismos caracteres de las cruza en que intervinieron. Tesis Profesional. E.N.A. Chapingo, México.
- Anónimo. Tesis Licenciatura. E.U.A.
- Arévalo, N.M. y José Molina, G. 1974. Eficiencia relativa de índices de selección para rendimiento de grano en cebada maltera (Hordeum vulgare L.) usando información de progenitores solos y del diseño dialélico. *Agrociencia* 16:83-95.
- \_\_\_\_\_ et al, 1974. Estimación de parámetros genéticos para once caracteres de cebada maltera (Hordeum vulgare L.) mediante el análisis de cruza dialélicas. *Agrociencia* 16:97-108.
- Burton, J.W.; L.H. Penny, Arnel R. Hallauer and S.A. Eberhart 1971. Evaluation of synthetic populations from -- maize variety (BSK) by two methods of recurrent -- selection. *Crop Sci.* 11:361-365.

- Carangal, R.V., S.M. Ali, A.F. Koble, E.M. Rinke and J.C. Senstz. 1971. Comparison of  $S_1$  with test-cross evaluation for recurrent selection in maize. *Crop Sci.* 11: 658-661.
- Cespedes, T.E. 1982. Selección recurrente en líneas  $S_1$  para rendimiento y contenido de aceite en girasol (Helianthus annuus L.) Tesis M.C. U.A.A.A.N. pp 38-63.
- Cortaza, G.E. 1970. Correlaciones genéticas y respuestas correlacionadas en caracteres de maíz. Tesis Maestro en Ciencias. Colegio de Postgraduados. Chapingo, México.
- Cortez, M.H. 1980. Apuntes mimeografiados del Curso Mejoramiento Genético Avanzado. pp 178-182. Colegio de Postgraduados. U.A.A.A.N.
- Cortés, N.J.R. 1981. Selección recurrente para tolerancia a sequía en el compuesto de maíz. Calera-74. Tesis M.C. U.A.A.A.N.
- Chávez, A.J.L. 1980. Efecto de la densidad de población y sistema de siembra sobre el rendimiento de híbridos superenanos de maíz. Tesis M.C. U.A.A.A.N. pp. 25-62.
- Choo, T.M. and Kannenberg, L.W. 1980. Changes in gene frequency during mass modified ear-to-row and  $S_1$  selection: A simulation study. *Plant Breeding Abstracts*. Vol. 50: 7-529.
- Ducleos, A. Leo and Paul, L. Crane. Comparative performance of top crosses and  $S_1$  progeny for improving populations of corn (*Zea mays* L.) *Crop Sci.* 8: 50-52.
- El-Lakany, M.A. and W.A. Russell. 1971. Relationship of maize caracteres with in test crosses of inbreds at different plant densities. *Crop Sci.* 11: 698-701.
- Fehr, R.W. and L.B. Ortíz. 1975. Recurrent selection for yield in soybeans. *Journal of Agriculture of University of Puerto Rico*. pp 222-223. Puerto Rico y Iowa, U.S.A.
- Fletes, García, Gonzalo, A. 1967. Determinación de índice de selección para mejorar el rendimiento de dos variedades de maíz de la raza chalqueño. Tesis Maestro en Ciencias. Colegio de Postgraduados. Chapingo, México.



- Cortés, M.H. 1980. Curso de Mejoramiento Genético Avanzado p. 182. Colegio de Postgraduados U.A.A.A.N.
- Cortes Navarrete J. R. 1981. Selección recurrente para tolerancia a sequía en el compuesto de maíz Calera-74 Tesis M.C. UAAAN
- Chavez Araujo J.L. 1980. Efecto de la densidad de población y sistemas de siembra sobre el rendimiento de híbridos superenanos de maíz Tesis M.C. UAAAN pp. 25-62.
- Choo, T.M. and Kannenberg, L.W. 1980. Changes in gene frequency during mass modified ear-to-row and  $S_1$  selection: A simulation study. Plant Breeding Abstracts Vol. 50:7-529.
- Ducleos, A. Leo. and Paul, L. Crane. Comparative performance of top crosses and  $S_1$  progeny for improving populations of corn (*Zea mays* L.) Crop. Sci. 8:50-52.
- El-Lakany, M.A. and W.A. Russell. 1971. Relationship of maize characters with in test crosses of inbreds at different plant densities. Crop. Sci. 11:698-701.
- Fehr, R.W. and L.B. Ortíz, 1975. Recurrent selection for yield in soybeans. Journal of Agriculture of University of Puerto Rico. pp. 222-223. Puerto Rico y Iowa, U.S.A.
- Fletes, García Gonzalo, A. 1967. Determinación del índice de selección para mejorar el rendimiento de dos variedades de maíz de la raza Chalqueño. Tesis Maestro en Ciencias. Colegio de Postgraduados Chapingo México.
- Galarza, S.M., H. Angeles y Molina 1973. Estudio comparativo entre la prueba de líneas per-se y la prueba de mestizos para evaluar aptitud combinatoria general de líneas  $S_1$  de maíz (*Zea mays* L.) Agrociencia 11:127-139.
- Gebre-Mariam, H. and E.N. Larter. 1979. Effect of plant density on yield, yield components and quality in triticale and Glenlea wheat. Can. J. Plant Sci. 59:679-683.
- Genter, F.C. 1973. Comparison of  $S_1$  and Test cross evaluation after two cycles of recurrent selection in maize Crop. Sci. 13:524-526.
- Genter, F.C. and M.W. Alexander. 1962. Comparative performance of  $S_1$  progenies and Test-Crosses of Corn. Crop. Sci. 2:516-519.

- Lonngquist, H.J. and M. Castro G. 1967. Relation of intra-population genetic effects to performance of  $S_1$  lines of maize. *Crop. Sci.* 7: 361-364.
- \_\_\_\_\_ and M.F. Lindsey. 1964. Topcross versus  $S_1$  lines performance in corn (*Zea mays* L.) *Crop Sci.* 4: 580-583.
- \_\_\_\_\_ 1950. The effect of selection for combining ability within segregating lines of corn. *Agronomy Journal.* 42: 503-508.
- López, P. Eleuterio. 1981. Apuntes mimeografiados del Curso de Mejoramiento Genético. pp 8. Colegio de Postgraduados. U.A.A.A.N.
- Luna, F.M., J. Molina y H. Angeles. 1973. Comparación de métodos para evaluar aptitud combinatoria general de líneas de maíz (*Zea mays* L.) en relación al tamaño de muestra del probador. *Agrociencia* 11: 29-40.
- McGhill, P.D. and J.H. Lonngquist. 1955. Effects of two cycles of recurrent selection for combining ability in on open-pollinated variety of corn. *Agronomy Journal* 47: 319-323.
- Miller, P.A., J.C. Williams y H.F. Robinson. 1959. Variety x environment interaction in cotton variety test and their implications. *Corp Sci.* 2: 349-359.
- Moll, H.R., K. Kojima and H.F. Robinson. 1962. Components of yield over-dominance in corn. *Crop Sci.* 2: 78-79.
- Nava, R.A. 1981. Selección mazorca por surco practicada en dos localidades y bajo dos densidades de siembra en el sintético de maíz (*Zea mays* L.) SSE. Tesis M.C. U.A.A.A.N. pp 32-50.
- Nelson, S.W. 1980. Evaluation of population improvement methods in maize. Ciba-Geigy (Pty) Ltd., Insanto, South Africa Plant Breeding Abstracts. Vol. 50(1), 27.
- Ordas, A. and R.E. Stucker. 1977. Effect of planting density on correlations among yield and its components in two corn populations. *Crop Sci.* 17: 926.
- Oyervides, G.M. 1979. Estimación de parámetros genéticos, heterosis e índices de selección en variedades tropicales del maíz adaptadas a Nayarit. Tesis M.C. Chapingo, México pp 94-96.

- McGhill, P.D. and J.H. Lonquist. 1955. Effects of two cycles of recurrent selection for combining ability in an open-pollinated variety of corn. *Agronomy Journal* 47: 319-323.
- Miller, P.A., J.C. Williams y H.F. Robinson. 1959. Variety x environment interaction in cotton variety test and their implications. *Crop. Sci.* 2: 349-359.
- Moll, H.R., K. Kojima and H.F. Robinson. 1962. Components of yield over-dominance in corn. *Crop. Sci.* 2:78-79.
- Nava, R.A. 1981. Selección mazorca por surco practicada en dos localidades y bajo dos densidades de siembra en el sintético de maíz (*Zea mays* L.) SSE. Tesis M.C. UAAAN pp. 32-50
- Nelson, S.W. 1980. Evaluation of population improvement methods in maize. Ciba-Geigy (Pty) Ltd., Insanto, -- South Africa Plant Breeding Abstracts. Vol. 50(1), 27.
- Ordaz, A. and R.E. Stucker. 1977. Effect of planting density on correlations among yield and its components in two corn populations. *Crop. Sci.* 17: 926.
- Oyervides, G.M. 1979. Estimación de parámetros genéticos, heterosis e índices de selección en variedades tropicales de maíz adaptadas a Nayarit. Tesis M.C. - Chapingo, México pp. 94-96.
- Penny, H.L., Gene E. Scott and W.D. Guthrie. 1967. Recurrent selection for European Corn borer resistance in maize. *Crop. Sci.* 7: 407-409.
- Poneleit, C.G., D.B. Egli and D.A. Reicosky. 1981. Heredability of effective filling period and associated characters in maize. *Plant Breeding Abstracts.* 5(7): 529.
- Ramakrishna, I., J. Sathyanarayanaiah and S. Mahboob, A. 1978. Associations and path-analysis in wheat (*Triticum durum* Dwarf). Thesis submitted. M.S. (AG) Degree - Andhra Pradesh Agricultural University. Hyderabad.
- Ramírez, V.H. 1980. Estudio de la ACG y ACE en líneas S<sub>1</sub> de maíz. Tesis profesional. Escuela de Agricultura - Universidad de Guadalajara.
- Robinson, F.H., R.E. Comstock and P.H. Harvey. 1951. Genotypic and phenotypic correlations in corn and their implications in selection. *Agronomy Journal* 43: 282-287.

- Romero, H.L. 1981. Índice de cosecha como criterio de selección para rendimiento en dos poblaciones de sorgo. Tesis Maestro en Ciencias. Colegio de Postgraduados. Chapingo, México p. 199.
- Russell, W.A. and A.H. Teich. 1967. Selection in (*Zea mays* L.) by inbred line appearance and test cross performance in low and high plant densities. Iowa Agric. Exp. Snt. Res. Bull. 552.
- Sánchez, G.J.J. 1974. Estudio sobre el tipo de acción génica que controla diversos caracteres agronómicos de maíz en líneas  $S_1$  del compuesto II Celaya. Tesis profesional. Escuela de Agricultura. Universidad de Guadalajara.
- Silapapum, A. 1981. Comparison of mass selection and  $S_1$  selection for improving resistance to sorghum downy mildew *Pernosclerospora sorgi* in corn (*Zea mays* L.) Plant Breeding Abstracts. Vol. 51(12): 931.
- Singh, N.B. and J. Singh. 1977. Development and evaluation in on opaque-2 maize composite at three plant population densities. Crop Sci. 17:515-516.
- Smith, C.S. J.J. Mock, and T.M. Crosbie. 1982. Variability for morphological and physiological traits association with barrenness and grain yield in the maize population, Iowa upright leaf Synthetic # 1. Crop Sci. 22: 828-832.
- Smith, O.S. 1980. Application of a modified diallel analysis to evaluate recurrent selection for grain yield in maize. Plant Breeding Abstracts. Vol. 50(12): 868.
- Sowell, W.F., A.J. Ohlrogge, and O.F. Nelson. 1961. Growth and fruiting of compact and Hy normal corn types under a high population stress. Agron. Journal 53: 25-28.
- Sprague, 1939. An estimation of the number of top cross plants required for adequate representation of a corn variety. J. Am. Soc. Agron. 31: 11-16.
- Syrus, ABD-Mishani. 1980. Evaluation of mass selection for yield in corn as measured by random  $S_1$  lines and their test crosses. Plant Breeding Abstracts. Vol. 50(1): 27.
- Torres, J.G., J. Molina, G. y E. Casas. 1974. Correlaciones genéticas e índices de selección en la genotecnia de la papa (*Solanum tuberosum* L.) Agrociencia 16:21-36.

# VIII. A P E N D I C E

Tabla A-1. Lista de materiales utilizados para formar la población de donde se derivaron las líneas que se evaluaron en este experimento.

L. Normales (T. Seco)	L. Superenanas (Bajío)	L. Tuxpeño enanas (T. Húmedo)
AN - 1	SSE 232-1-1-26-6	T.E. 2-1-1
AN - 2	SSE 255-1-1	T.E. 22-8
AN - 6	SSE 76-1-5	T.E. 40-1-1
AN - 8	SSE 53-1-2-1	T.E. 41-1-1
AN - 10		T.E. 71-I
AN - 11		T.E. 91-I
AN - 12		T.E. 12-I
AN - 13		T.E. 22-I
AN - 14		T.E. 126-2-1
AN - 16		T.E. 132-1-2
AN - 17		T.E. 156-1-1
AN - 18		T.E. 158-1-1
AN - 19		T.E. 127-2-1
AN - 20		
AN - 21		
AN - 22		