



Universidad Autónoma Agraria
Antonio Narro



Componentes de Varianza Genética y Heredabilidad en una Población de Maíz Amarillo Tropical

Genetic Variance Components and Heritability in a Tropical Yellow Maize Population

Arnoldo Oyervides-García^{a*}, Luis Hernández-San Juan^b, Alfredo De la Rosa-Loera^a,
Humberto De León-Castillo^a

^aDpto. de Fitomejoramiento, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Calzada Antonio Narro 1923, Colonia Buenavista, C. P. 25315, Saltillo, Coahuila, México

Abstract

There are several mating designs to study the breeding potential of a population which permit to estimate the effects and genetic variances. This makes possible the assessment of the heritability and response to selection. Genetic design I from North Carolina has been used in maize. The objectives of this research were: To estimate the proportion of additive and dominance genetic variance and heritability in strict sense; to a population of yellow corn, of broad genetic basis. To suggest an effective breeding procedure this allows improving the quantitatively inherited traits. Genetic material consisting of 300 full-sib families was developed with Design I North Carolina and evaluated in Úrsulo Galvan, Veracruz, using an incomplete block design, Alfa latice (0.1), with two replications. The effects and genetic variances, were computed by using the VARCOMP procedure (METHOD=TYPE1), of the SAS program (SAS Institute, 1999). These components were used to estimate additive genetic variance (σ^2_A), dominance variance (σ^2_D), heritability and standard error, as shown by Hallauer and Miranda (1981). Results indicated that the population showed a similar genetic structure with very few differences between and within traits. The analysis of variance, the classification variables for males, the variables that showed significant differences with (σ^2) were: height of plant and ear. The great proportion of genetic variance was attributed to additive effects, in plant height the $\sigma^2_A = 44.68$, and grain yield was $\sigma^2_A = 0.13$. The estimates of dominance variance were negative or similar to zero. The values of heritability (h^2) were downward, yield was $h^2 = 17\%$. In the estimation of components of variance under Design I, the material derived from a population of ample genetic variability can be selected and crossed in dent form by flint, which allows to find good heterotic behavior, and to choose a scheme of Inter-population improvement, having an advance in the improvement.

Keywords: Zea mays L., Design I of North Carolina, genetic parameters, and heritability

* Autor para correspondencia. Tel. y Fax:(844)411-03-10
Correo electrónico: aoyervidesg@hotmail.com
(A. Oyervides García)

Resumen

Para estudiar el potencial genotécnico de una población existen diversos diseños de apareamiento, que permiten estimar los efectos y varianzas genéticas, lo que posibilita el cálculo de la heredabilidad y respuesta a la selección. En maíz frecuentemente se ha utilizado el Diseño I de Carolina del Norte. Los objetivos de esta investigación fueron i). Estimar la proporción de varianza genética aditiva (σ_A^2), de dominancia (σ_D^2) y heredabilidad en sentido estricto (h^2); ii). Sugerir un efectivo procedimiento de mejoramiento genético, que permita mejorar las características de herencia cuantitativa a una población de maíz amarillo. El material genético consistió en 300 familias de hermanos completos (FHC), desarrollados bajo el diseño I de Carolina del Norte y evaluados en Úrsulo Galván, Veracruz, utilizando un diseño de bloques incompletos con arreglo alfa latice (0.1), con dos repeticiones. Los efectos y varianzas genéticas se estimaron utilizando el procedimiento VARCOMP (Method=type1) e IML del programa SAS (SAS Institute, 1999). Siguiendo las formulas de Hallauer y Miranda (1981). Los resultados indicaron que la población mostró una estructura genética con pocas diferencias entre y dentro de variables. La mayor proporción de la varianza genética fue atribuida los efectos aditivos, en altura de mazorca la $\sigma_A^2 = 44.68$, y rendimiento la $\sigma_A^2 = 0.13$. La σ_D^2 para todas las variables fueron iguales a cero. La h^2 para rendimiento fue 17 %. En la estimación de componentes de varianza bajo el Diseño I, los progenitores derivados de una población de amplia variabilidad genética pueden ser seleccionados y cruzarse en forma de dentados por cristalinos, lo cual permite encontrar un buen comportamiento heterótico, y elegir un esquema de mejoramiento inter-poblacional, teniendo un avance en el mejoramiento.

Palabras clave: *Zea mays* L., Diseño I de carolina del norte, parámetros genéticos, y heredabilidad

Introducción

La estimación de componentes de varianza genética, es un asunto importante en el campo de la genética cuantitativa, en donde siempre es requerido un diseño de apareamiento genético, para la estimación de tales efectos; como la de varianza aditiva y de dominancia, lo que posibilita el cálculo de la heredabilidad y respuesta a la selección (Wu *et al.*, 2006). Hallauer y Miranda (1981), revisaron varios trabajos y encontraron que la varianza genética aditiva para rendimiento de grano, generalmente es 2 a 4 veces mayor que la varianza de dominancia. Lamkey y Edwards (1999) agregan que estas diferencias dependen de la población bajo estudio, y que los efectos aditivos son más importantes que los de dominancia en poblaciones de amplia base genética. Los componentes de varianza son por definición valores positivos, a pesar de esto, las estimaciones de varianza pueden ser negativas, pudiendo deberse esto a un inadecuado modelo genético, por no considerar la varianza epistática e inadecuada técnica experimental (Searle, 1971).

En los diseños genéticos, se hace una serie de supuestos que pueden no corresponder a las situaciones reales y son: apareamiento aleatorio, organismos diploides, solo dos alelos en cada locus y ausencia de epistasis y de ligamiento entre loci (Márquez, 1992). Márquez y Hallauer (1970), estudiaron el efecto del tamaño de muestra para machos y hembras por macho, concluyendo que un número mínimo de 32 machos, y una muestra de ocho hembras por macho eran adecuados para el carácter rendimiento en maíz. Gouesnard y Gallais (1992), refiriéndose también el Diseño I, resaltan la falta de congruencia entre realidad y modelo genético, y destacan que en ocasiones los efectos recíprocos y la epistasis, usualmente supuestos ausentes o despreciables, son fuente de sesgos en la estimación de la varianza de dominancia; estos autores

encontraron que una desviación del modelo de apareamiento aleatorio, consistente en el apareamiento de un macho con hembras correlacionadas, produce un sesgo positivo en la estimación de la varianza aditiva.

La heredabilidad de un carácter métrico es una de sus propiedades más importantes, y se define como el cociente de la varianza genética aditiva sobre la varianza fenotípica (Falconer, 1990), que determina la ganancia genética de selección y una estrategia de mejoramiento (Falconer y Mackay, 1996). El grado de precisión del estimador de H^2 o h^2 dependerá a su vez del grado de precisión con que se estime σ_G^2 o σ_A^2 y del valor de σ_P^2 . Y reviste gran importancia en el mejoramiento genético por selección (Molina, 1992). La heredabilidad (h^2) difiere según la característica en estudio, Hallauer y Miranda (1981), encontraron que el porcentaje de heredabilidad para rendimiento de grano y longitud de grano es menor a 30%, mientras que para, altura de planta fue $>50<70\%$ y $>30<50\%$ en prolificidad. La magnitud de las estimaciones de heredabilidad, es afectada por el ambiente, población de referencia, muestra de genotipos evaluados, método de cálculo y tipo de progenies.

Cuando se ha obtenido una estima se desea poder indicar su precisión, y es el error estándar una herramienta aceptada científicamente. La precisión de una estima depende de su varianza del muestreo; mientras más pequeña sea esta, se obtendrá una precisión más alta y el error estándar es la raíz cuadrada de la varianza del muestreo. La precisión de un estima de heredabilidad, es indicado por su error estándar (Falconer, 1990). Otros factores que afectan la calidad de los estimadores son el número de repeticiones utilizadas en el experimento de evaluación y el nivel de endogamia de los progenitores de las familias evaluadas Sahagún (1997), encontró que el nivel de endogamia de los progenitores guarda una relación directa con la precisión de los estimadores de los componentes de varianza genéticos en los diseños I y II de Carolina del Norte. En el caso del Diseño I se encontró que al utilizar dos repeticiones y progenitores con un coeficiente de endogamia igual a 0.5, se obtienen estimadores de la varianza de dominancia más precisos que los obtenidos con cinco repeticiones y progenitores no endogámicos.

Un programa de desarrollo de híbridos por lo general necesita un mínimo de dos poblaciones contrastantes de buen comportamiento *per se* que muestren un alto grado de heterosis en las combinaciones híbridas. El primer intento para una identificación sistemática de complejos raciales y grupos heteróticos de germoplasma tropical fue hecho por Wellhausen a principios de los años 60., en donde el mejor par heterótico resulto ser Tuxpeño en combinación con ETO. Uno de los patrones heteróticos mas conocidos esta compuesto por Reid Yellow Dent por Lancaster Sure Crop, (Dentado por Cristalino) para el mundo, mientras que para Europa el US Dent y European Flint, el CIMMYT ha realizado un amplio trabajo en la clasificación de germoplasma, principalmente en maíces tropicales y subtropicales (Paliwal *et al.*, 2001). Melchinguer y Gumber (1998), definen un grupo heterótico como un grupo de individuos relacionados o no, que provienen de la misma o diferente población pero que muestran similar comportamiento en aptitud combinatoria y heterosis cuando se cruzan con individuos de otro grupo genéticamente diferente. Y un patrón heterótico lo definen un par de grupos heteróticos complementarios que al cruzarse producen descendencia que exhibe una alta heterosis y un excelente desempeño de híbridos. De León *et al.*, (2005), encuentra que las combinaciones germoplasmicas de mayor potencial de rendimiento para la región de El Bajío, son maíz enano en combinación con maíz tropical y maíz enano con maíz de alta calidad de proteína.

En el programa de mejoramiento genético correspondiente al trópico húmedo, el Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario E. Castro Gil” de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, trabaja en el mejoramiento genético de maíz amarillo, con el objetivo de conformar poblaciones con alta frecuencia de alelos favorables y excelente comportamiento agronómico, de donde se puedan derivar líneas endogámicas, con aptitud para la formación de variedades e híbridos con excelentes rendimientos. Los objetivos del presente trabajo fueron: 1) Estimar la proporción de varianza genética aditiva y de dominancia y la heredabilidad en sentido estricto, a una población de maíz amarillo; y 2) Sugerir un efectivo procedimiento de mejoramiento genético, que permita mejorar las características de herencia cuantitativa presentes en la población.

Materiales y Métodos

Material genético

Los componentes de varianza genética se estimaron, de 300 familias de hermanos completos de maíz amarillo tropical. Obtenidas del apareamiento de 50 progenitores masculinos de grano cristalino cada uno apareado con seis hembras de grano dentado, de acuerdo al diseño I de Carolina del Norte (Comstock y Robinson, 1948). Donde el nivel de endogamia de ambos progenitores fue de 0.5. El ensayo se realizó de diciembre a mayo de 2006, en el Centro Bachillerato Tecnológico Agropecuario No.17 en la localidad de Úrsulo Galván, bajo un diseño de bloques incompletos con arreglo de alfa latice (0.1), con dos repeticiones, siendo la unidad experimental de dos surcos de cinco metros con 25 plantas por parcela aproximadamente, cada repetición consto de 10 bloques, los que a su vez, estaban formados por 30 parcelas de familia de hermanos completos cada una. El modelo lineal empleado para el diseño de bloques incompletos fue el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + B_{j(i)} + \gamma_k + \varepsilon_{ijk}$$

Los análisis genéticos estadísticos se realizaron, a las variables; altura de planta, altura de mazorca, prolificidad y rendimiento. Los valores de varianza aditiva (σ_A^2), varianza de dominancia (σ_D^2), heredabilidad en sentido estricto (h^2) y errores estándar, se estimaron utilizando el paquete estadístico SAS V8, con los procedimientos, GLM, VARCOMP (Method=type1), e IML. Las instrucciones proporcionadas al programa fueron siguiendo las formulas de Hallauer y Miranda (1981). El modelo lineal del análisis genético fue el siguiente:

$$Y_{ijkl} = \mu + R_i + G_j + GR_{ij} + M_{k(j)} + H_{l(k*j)} + Eijkl$$

En donde para: Y_{ijkl} = Observación del k-ésimo macho cruzado con la l-ésima hembra, en la i-ésima repetición, dentro del j-ésimo grupo; μ = Efecto de la media general; R_i = Efecto de i-ésima repetición; G_j = Efecto de j-ésimo bloque; GR_{ij} = Efecto del j-ésimo grupo por la i-ésima repetición, $M_{k(j)}$ = Efecto del k-ésimo macho dentro del j-ésimo bloque; $H_{l(k*j)}$ = Efecto de la l-ésima hembra dentro del k-ésimo macho dentro de j-ésimo bloque y, $Eijkl$ =Efecto de la variabilidad no controlada.

Resultados y Discusión

La interpretación y discusión de los resultados que se muestran en Cuadro 1, se realizará considerándolos como un modelo de efectos fijos en este caso, ya que es de importancia para el programa de mejoramiento.

Cuadro 1. Cuadros medios y parámetros genéticos a través del Diseño I de Carolina del Norte

F.V.	G.L.	Altura		Prolificidad	Rendimiento
		Planta	Mazorca		
Rep	1	1683.37 **	504.16	0.252 **	0.18
Gpos	9	592.96 **	242.24	0.056 **	1.47
Gpos X Rep	9	135.78	241.11	0.029 **	4.95 **
M(G)	40	333.91 **	284.56 **	0.013	1.04
H/M/G	250	204.97	150.52	0.012	0.64
Error	290	195.88	154.17	0.013	0.86
C.V		8.17	14.51	12.082	12.11
σ_A^2		42.967	44.685	0.0003	0.134
$EE\sigma_A^2$		25.04	21.176	0.001	0.078
σ_D^2		-24.766	-52.005	-0.002	-0.57
$EE\sigma_D^2$		54.882	42.649	0.003	0.199
h^2		0.203	0.273	0.027	0.17
EEh^2		0.118	0.129	0.08	0.099

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad ≤ 0.05 y 0.01 respectivamente; G.L = Grados de libertad; Rep = Repeticiones; M = Machos; H(M) = Hembras dentro de machos; y C.V = Coeficiente de variación. σ_M^2 = Varianza de machos; $\sigma_{H/M}^2$ = varianza de hembras dentro de machos; σ_A^2 = Varianza aditiva; $EE\sigma_A^2$ = Error estándar de la varianza aditiva; σ_D^2 = varianza de dominancia; $EE\sigma_D^2$ = Error estándar de la varianza de dominancia y h^2 = heredabilidad en sentido estricto; EEh^2 = error estándar de la heredabilidad en sentido estricto.

En el Cuadro 1 la fuente de variación de repeticiones, las variables que mostraron diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$) fueron; altura de planta y prolificidad, lo cual permite indicar que estas variables presentaron comportamiento diferente, entre repeticiones, que puede atribuirse a una heterogeneidad de las condiciones de los bloques. En el estudio de poblaciones bajo el Diseño I de Carolina del Norte, comúnmente se presentan un número grande de familias de hermanos completos que evaluar, en la cual se recomienda realizar bloques o grupos dentro de cada repetición, se comprueba su utilidad en los resultados obtenidos en este trabajo. En la fuente de variación de grupos, resulto altamente significativo ($P \leq 0.01$), para las variables altura de planta, y prolificidad.

En la fuente de variación de machos dentro de grupos, se encontró diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$), en altura de planta, altura de mazorca, indicando que la agrupación de

machos dentro de grupos, solo en algunas características presentaron diferencias más significativas. En la fuente de variación para hembras dentro de machos, los niveles de significancia fueron mayores a ($P \geq 0.05$), para las variables evaluadas, por lo tanto no se detectaron diferencias a estos niveles de significancia.

Los valores de los componentes de varianza genética aditiva y de dominancia fueron diferentes para cada variable. Siendo la varianza aditiva mayor a los valores de la varianza de dominancia. Hallauer y Miranda (1981), reportan que la varianza genética aditiva, fue dos a cuatro veces mayor que la varianza de dominancia, al evaluar el rendimiento de grano, revisados en diferentes trabajos. Lamkey y Edwards (1999), mencionan que estas diferencias dependen de la población bajo estudio. En la varianza dominancia para las variables altura de planta, altura de mazorca, prolificidad y rendimiento, fueron valores negativos y considerados como iguales a cero. Estos resultados comúnmente se presentan al utilizar el Diseño I de Carolina del Norte, (Comstoc y Robinsón, 1948; 1952), Gouesnard y Gallais (1992), lo atribuyen, a la presencia de epistasis en el estudio, supuestos despreciables en el modelo. Márquez y Sahagún (2000), a demás de la epistasis agregan, la endogamia como un supuesto que debería ser considerado.

Los valores para heredabilidad (h^2) obtenidos para altura de planta y altura de mazorca, 0.203 y 0.273, respectivamente, se considera como bajos, y en rendimiento los valores fueron 0.170. Hallauer y Miranda (1981), menciona que los valores de heredabilidad difieren según la población y la característica en estudio, y que estos son influenciados por el ambiente. El mismo autor menciona que la heredabilidad en rendimiento de grano en maíz es menor a la heredabilidad de las demás características, y le proporciona un valor de $<30\%$, los valores mas altos de heredabilidad los encuentra en altura de planta y mazorca con $<50>70\%$.

El error estándar se utiliza como un criterio para medir la precisión de los estimadores, de modo que un estimador será mas preciso en la medida que su varianza sea mas pequeña. Respecto a la varianza aditiva se puede observar que los errores estándar generalmente fueron más pequeños.

Conclusiones

La población concentra una mayor proporción de acción génica aditiva. Los valores de la varianza de dominancia fueron iguales a cero. La heredabilidad presente en la población para todas las variables fue baja. En la estimación de componentes de varianza bajo el Diseño I, los progenitores derivados de una población de amplia variabilidad genética pueden ser, seleccionados y cruzarse en forma de dentados por cristalinos, lo cual permite encontrar un buen comportamiento heterótico, y elegir un esquema de mejoramiento inter-poblacional, teniendo un avance en el mejoramiento.

Agradecimientos

A la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro por haber financiado parcialmente la realización del presente trabajo, el cual forma parte del proyecto de investigación de maíz para trópico húmedo.

Literatura Citada

- Comstock, R. E., and H. F. Robinson. 1948. The components of genetic variance in a population of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics* 4: 254-266.
- Comstock, R. E. and H. F. Robinson. 1952. Estimation of the average dominance of genes. pp. 494-516. *In: J. W. Gowen (Ed.), Heterosis*. Iowa State College Press, Ames.
- De León-Castillo., H., F. Rincón-Sánchez., M, H. Reyes-Valdés., D. Samano-Garduño., G. Martínez-Zambrano., R. Cabazos-Cadena y J, D. Figueroa-Cárdenas. 2005. Potencial de rendimiento y estabilidad de combinaciones germoplasmicas formadas entre grupos de maíz. *Rev. Fitotec. Méx.* Vol. 28(2): 135-143.
- Falconer, D. S. 1990. *Introduction to Quantitative Genetics*. 3rd ed. Longman. 438 p. USA.
- Falconer, D. S., and T. F. Mackay. 1996. *Introduction to quantitative genetics*. 4ed. Longman, Essex England.
- Gouesnard, B., and A. Gallais. 1992. Genetic variance component estimation in a nested mating design with positive assortative mating, and application to maize. *Crop Science* 32: 1127-1131
- Hallauer, A. R. and J. B. Miranda, Fo. 1981. *Quantitative genetics in maize breeding*. First edition. Iowa State Univ. Press, Ames. 468 p
- Lamkey, K. R. and J. W. Edwards. 1999. The quantitative genetics of heterosis. p. 31-48. *In: J.G. Coors and S. Pandey (ed.) The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops*, CIMMYT, Mexico City, Mexico, 17-22 Aug. 1997. ASA, CSSA, and SSSA, Madison.
- Márquez-Sánchez, F., and A. R. Hallauer. 1970. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I. Grain yield. *Crop Sci.* 10: 357-361.
- Márquez S., F. 1992. *Genotecnia Vegetal*. Tomo I. Métodos, Teoría, Resultados. AGT Ed. 357 p. México.
- Márquez, S. F., y J. Sahagún-Castellanos. 2000. Estimación de varianzas genéticas en maíz con familias independientes de hermanos completos. *Agrociencia* 34: 437-444.
- Melchinger, A. E, R. K. Gumber. 1998. Overview of heterosis and heterotic groups in agronomic crops. *In: Concepts and Breeding of Heterosis in Crop plants*. K. R. Lamkey, J. E. Staub (eds). Madison, Wisconsin. pp:29-44.
- Molina, G. J. D. 1992. *Introducción a la Genética de poblaciones y cuantitativa (algunas implicaciones en genotecnia)* 1^{er}. Ed. AGT Editor. México, D. F.
- Paliwal, R. L., G. Granados, H. R. Lafitte, A. D. Violic., J. P. Marathe. 2001. *Mejoramiento del maíz híbrido*. *In: El maíz en los trópicos: Mejoramiento y producción*. 1er. Ed. Roma.
- Sahagún C., J. 1997. Precisión de estimadores de componentes de varianza del Diseño I de Carolina del Norte con progenitores endogámicos. *Rev. Fitotec. Mex.* Vol. 20 (1):1-12.
- Searle, S. R. 1971. Topics in variance component estimation. *Biometrics*. 27:1-74.
- Wu, J., J. N. Jenkins, J. C. McCarty, and D. Wu. 2006. Variance component estimation using the additive, dominance, and additive x additive model when genotypes vary across environments. *Crop Sci.* 46:174-179.