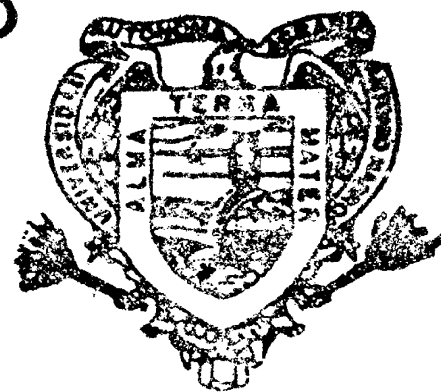


Estimación de Componentes Genéticos en Dos Poblaciones de
Maíz con Diferente Dosis de Germoplasma.

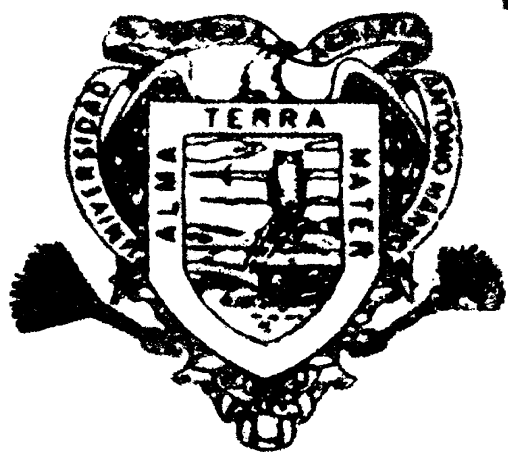
RAMIRO VIDRIO HERNANDEZ

T E S I S

**PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRIA EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO**



**BIBLIOTECA
EGIDIO G. REBONATO
BANCO DE TESIS
U.A.A.A.N.**



Universidad Autónoma Agraria

"Antonio Narro"

PROGRAMA DE GRADUADOS

Buenvista, Saltillo, Coah.

NOVIEMBRE DE 2001

13530

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA
ANTONIO NARRO

SUBDIRECCIÓN DE POSTGRADO

ESTIMACIÓN DE COMPONENTES GENÉTICOS EN DOS POBLACIONES DE
MAÍZ CON DIFERENTE DOSIS DE GERMOPLASMA
TESIS

Por

RAMIRO VIDRIO HERNÁNDEZ

Elaborada bajo la supervisión del comité particular de asesoría y
aprobada como requisito parcial para obtener el grado de:

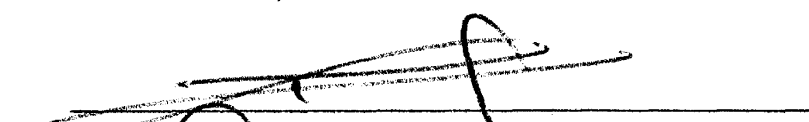
MAESTRÍA EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO

Comité Particular

Asesor principal:

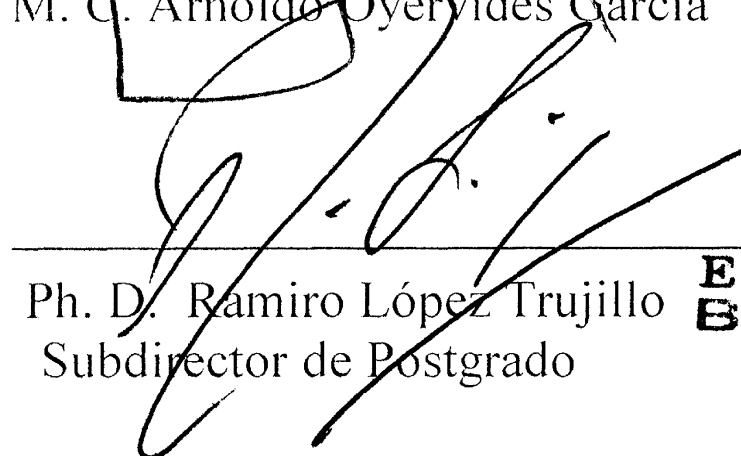

Ph. D. Froylán Rincón Sánchez

Asesor:


M. C. Humberto de León Castillo

Asesor:


M. C. Arnoldo Oyervides García


Ph. D. Ramiro López Trujillo
Subdirector de Postgrado



BIBLIOTECA
EGIDIO G. REBONATO
BANCO DE TESIS
U.A.A.A.N.

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Noviembre de 2001

AGRADECIMIENTOS

A la Inteligencia Suprema.

A mis Asesores por su apoyo e invaluable amistad.

A toda mi familia por su inagotable respaldo.

A todos mis amigos y compañeros.

A la Dirección General de Educación Tecnológica Agropecuaria (DGETa) y al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), por el apoyo brindado.

A la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro.

DEDICATORIA

A LA MEMORIA DE MARÍA CLEOFAS Y JOSÉ FIDEL.

A Mary, Carlos, Jonathan y Ramiro, Mi Mujer y mis hijos.

A Carmen, María, Esperanza, Isabel y Griselda, Mis Hermanas; y a todos los integrantes de mi muy querida familia.

A todos mis amigos.

COMPENDIO

Estimación de Componentes Genéticos en Dos Poblaciones de Maíz con Diferente Dosis de Germoplasma.

POR

RAMIRO VIDRIO HERNÁNDEZ

**MAESTRÍA EN
FITOMEJORAMIENTO**

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO. NOVIEMBRE 2001**

Ph. D. Froylán Rincón Sánchez --- Asesor ---

Palabras clave: *Zea mays* L., combinación de germoplasma, parámetros genéticos, potencial genético.

Se estimaron los componentes genéticos de dos poblaciones (A y B) de maíz formadas con diferente proporción de germoplasma criollo y mejorado (50:50 y 25:75 respectivamente). Se realizó una evaluación de 120 cruzas (30 machos y cuatro hembras por macho) obtenidas mediante el diseño de apareamiento Carolina del Norte I. La evaluación se llevó a cabo en dos localidades: Tepalcingo, Mor. y Úrsulo Galván, Ver., bajo un diseño de bloques incompletos con arreglo alfa látice (0,1), con dos repeticiones por localidad. Se registraron datos de rendimiento de mazorca (ton ha^{-1}) al 15 por ciento de humedad, días al 50 por ciento de antesis, altura de planta y de

mazorca (cm). A partir de los cuadrados medios del análisis de varianza fueron estimados los componentes de varianza debida a las estructuras familiares de medios hermanos y hermanos completos para obtener posteriormente los estimadores de los componentes genéticos aditivos y de dominancia de acuerdo al diseño genético anidado de Carolina del Norte I. Se calculó los coeficientes de heredabilidad y los errores estándar tanto de la media de cada variable en estudio como de los componentes genéticos.

Los valores medios de la población B mostraron plantas con mayor rendimiento, uniformidad y de menor altura que las plantas de la población A como resultado de la proporción mayor de germoplasma mejorado. Por otro lado, el componente genético aditivo de la población A(50:50), para los caracteres floración masculina, altura de planta y altura de mazorca fue mayor que la de dominancia, mientras que para el rendimiento de mazorca ocurrió a la inversa. En el caso de la población B, la varianza aditiva para altura de planta y mazorca fue menor en relación a la varianza de dominancia; por el contrario, en el rendimiento de mazorca la varianza aditiva fue mayor.

Los componentes genéticos aditivos y de dominancia obtenidos de las dos poblaciones fueron diferentes debido a la contribución relativa de germoplasma por efecto de la retrocruza hacia el material mejorado. La consistencia en la estimación de la varianza aditiva en las dos poblaciones así como la obtención de valores negativos en la varianza de dominancia corroboran que el diseño I de Carolina del Norte es más eficiente para estimar los componentes de varianza aditiva.

Los valores medios de las características en estudio y los coeficientes de heredabilidad de la población A (50:50) sugieren que esta puede ser utilizada en un esquema de mejoramiento poblacional. En tanto que la población B (25:75) puede ser usada como fuente de variación genética en un programa de mejoramiento genético ya que se incorpora variabilidad genética presente en el germoplasma criollo.

ABSTRACT

Estimates of Genetic Components in Two Populations of Maize with Different Doses of Germplasm

BY

RAMIRO VIDRIO HERNÁNDEZ

**MASTER OF SCIENCE
IN PLANT BREEDING**

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO. NOVEMBER 2001**

Ph. D. Froylán Rincón Sánchez --- Adviser ---

Key words: *Zea mays* L., germplasm combination, genetic parameters, genetic potentiality.

Genetic components were estimated from two populations (A and B) with different local and improved germplasm proportion (50:50 and 25:75 respectively). One hundred twenty crosses (30 males and four females within male) obtained by the North Carolina design I were in two locations: Úrsulo Galván, Ver., and Tepalcingo, Mor. in México using an incomplete blocks design with alpha lattice array (0,1), and two replications per location. Data from ear yield (ton ha⁻¹) to 15 moisture percent, days to 50 percent anthesis and plant and ear height (cm) were obtained. The variance components due to half sib and full sib families were obtained from the means square,

where, the additive and dominance genetic components estimators were computed according to the North Carolina mating design I. Heritability coefficients and standard errors from each evaluated trait as well as the genetic components were estimated.

The mean values from population B showed higher yield, uniformity and smaller plants than plants from population A as a result of the improved germplasm proportion. On the other hand, the additive genetic component from A population (50:50) for male flowering, plant and ear height was higher than the dominance component, whereas in ear yield was the opposite. In the population B, the additive variance obtained for plant and ear height was smaller than dominance variance, whereas the contrary occurred on ear yield.

The additive and dominance variance components obtained from the two populations were different due to relative contribution of the germplasm as the backcross effect to the improved material. The consistency of the additive variance estimates as well as the negative values obtaining from the dominance variance, indicate that the North Carolina design I is more efficient for the computation of the additive variance components.

The mean values from the traits studied and the heritability coefficients obtained from the A population (50:50) suggest that this population can be used on a population breeding scheme. Population B (25:75) population can be used as source of genetic variation for a plant breeding program because the genetic variability of the local germplasm is being incorporated to the improved material. germplasm.

ÍNDICE DE CONTENIDO

	Página
ÍNDICE DE CUADROS -----	xi
INTRODUCCIÓN -----	1
Objetivos -----	2
Hipótesis -----	3
REVISIÓN DE LITERATURA -----	4
Importancia de la diversidad genética del maíz-----	4
Utilización de germoplasma -----	6
Caracterización y evaluación -----	7
Identificación y selección de caracteres -----	9
Patrones heteróticos -----	10
Incorporación de características -----	13
Retrocruzas -----	15
Diseños genéticos -----	17
Diseño I de Carolina del Norte -----	17
MATERIALES Y MÉTODOS -----	20
Material genético -----	20
Ambientes de evaluación -----	21
Variables evaluadas -----	21
Diseño experimental y análisis -----	23
Análisis de varianza -----	25
Análisis genético -----	25
Estimación de parámetros genéticos -----	26
Estimaciones de las varianzas de los estimadores -----	26
RESULTADOS Y DISCUSIÓN -----	28
CONCLUSIONES -----	46
RESUMEN -----	47
LITERATURA CITADA -----	50
APÉNDICE -----	55

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro		Página
3.1	Forma del análisis de varianza individual para el Diseño Carolina del Norte I. -----	25
4.1	Cuadrados medios del análisis de varianza combinado de la población A (50:50). -----	29
4.2	Cuadrados medios del análisis de varianza combinado de la población B (75:25). -----	31
4.3	Medias de las diez mejores familias de hermanos completos de la población A (50:50) evaluadas en Úrsulo Galván, Ver. y Tepalcingo, Mor. -----	33
4.4	Medias de las diez mejores familias de hermanos completos de la población B (25:75) evaluadas en Úrsulo Galván, Ver. y Tepalcingo, Mor. -----	34
4.5.	Medias de las diez mejores familias de medios hermanos de la población A (50:50) evaluadas en Úrsulo Galván, Ver. y Tepalcingo, Mor. -----	36
4.6.	Medias de las diez mejores familias de medios hermanos de la población B (25:75) evaluadas en Úrsulo Galván, Ver. y Tepalcingo, Mor. -----	37
4.7	Medias por localidad de los caracteres evaluados en la población A y la población B. -----	38
4.8	Componentes de varianza estimados a partir del análisis de varianza combinado de la población A (50:50). -----	40
4.9	Componentes de varianza estimados a partir del análisis de varianza combinado de la población B (25:75). -----	42
4.10	Errores estándar de los componentes de varianza de las poblaciones en estudio para la variable rendimiento (REND). -----	44

I. INTRODUCCIÓN

La selección de materiales que puedan servir a los programas de mejoramiento genético requiere de un conocimiento de los materiales en evaluación y una idea clara de lo que se está buscando. Al respecto, Sprague y Finlay (1976) apuntan que la evaluación de una gran diversidad de germoplasma de diferentes lugares es un trabajo arduo, pero que puede redituarse importantes frutos, ya sea mediante la identificación de materiales sobresalientes *per se*, la de combinaciones que permitan explotar la heterosis, o bien por la posibilidad de contar con genes que determinan caracteres cuantitativos deseables que mediante recombinación y selección paulatina puedan concentrarse para generar mejores poblaciones. Se sabe que éstos son la fuente de germoplasma para los programas de mejoramiento. Sin embargo, el uso de éstos no es inmediato debido entre otros factores, al desconocimiento de las características, el atraso en el nivel de mejoramiento, y más importante todavía, la estrategia apropiada para la utilización de los mismos.

La evaluación y caracterización sistemática permite identificar material con potencial de uso para los programas de mejoramiento, con base en la expresión de caracteres de interés en uno o más ambientes (Castillo – González y Goodman, 1989; Pollak, 1993).

En este sentido, la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro ha venido trabajando en el estudio y evaluación de poblaciones nativas de diferentes zonas ecológicas que permitan:

a) Conformar una plataforma de variabilidad de donde se puedan derivar potencialmente materiales que a futuro representen fuentes importantes de características deseables a incorporar en híbridos o líneas de altos rendimientos.

b) Identificar una estrategia que en el corto plazo permita el aprovechamiento de las variedades nativas y criollas con potencial.

El presente trabajo de investigación forma parte de dicho programa y se propone los siguientes

Objetivos:

Estimar los componentes genéticos de dos poblaciones de maíz con diferente proporción de germoplasma criollo y mejorado.

Proporcionar información temprana del potencial de las poblaciones en estudio para el mejoramiento genético.

Proveer germoplasma base a partir del cual se puedan obtener materiales genéticos mejorados.

Hipótesis

La proporción de germoplasma criollo y mejorado en la poblaciones en estudio contribuye a la expresión diferencial de las características agronómicas y por lo tanto en sus componentes genéticos. Los índices relativos en sus componentes permiten identificar estrategias para su utilización en el mejoramiento genético.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Importancia de la Diversidad Genética del Maíz

La variabilidad genética del maíz se debe a los mismos mecanismos que operan en las poblaciones de los organismos en el proceso evolutivo, tanto de manera espontánea como bajo domesticación, así como a los numerosos nichos ecológicos y los efectos ambientales que cada condición climática ejerce sobre las poblaciones para determinar la adaptación de éstas (Carballoso *et al.*, 2000).

En México, a pesar de que existen 50 razas de maíz hasta ahora documentadas, tal diversidad no ha sido aprovechada, teniendo como base para la obtención de variedades mejoradas a sólo cuatro razas: Chalqueño, Cónico, Celaya y Tuxpeño (Márquez, 1996). El mismo autor señala que existen numerosos estudios que muestran los altos niveles de heterosis en cruzas interraciales, cuestión que tampoco ha sido utilizada en forma adecuada.

Goodman (1990), señala que la diversidad genética del maíz se encuentra concentrada comúnmente por un gran número de materiales en los bancos de germoplasma. Las colecciones están representadas por variedades sintéticas o poblaciones de amplia base genética tales como las variedades tradicionales

desarrolladas por los agricultores, compuestos raciales y en algunos casos por sus parientes silvestres. Sin embargo, las poblaciones *per se*, o grupos raciales no han sido eficientemente utilizadas debido a la falta de caracterización y evaluación, documentación de la información, así como por actividades de premejoramiento de las poblaciones (Goodman, 1990; Salhuana, 1988).

En nuestro país se han realizado varias investigaciones encaminadas a la evaluación y selección de material nativo de maíz con diversos objetivos; así, Muñoz *et al.* (1976), al evaluar maíces nativos recolectados en diferentes localidades de valles altos, observaron que ninguno superó al mejor de los híbridos en el campo experimental; pero en las localidades foráneas bajo condiciones limitantes de cultivo, hubo por lo menos una colecta con rendimiento igual o superior a los híbridos probados, debido a que los maíces nativos fueron en general más precoces y con mayor capacidad de adaptación a condiciones adversas. Basados en lo anterior, estos autores sugieren un plan de utilización inmediata del potencial de los maíces nativos y un plan a largo plazo para sumar las características favorables de éstos y las de los híbridos.

Si la uniformidad de los cultivos contribuye a la vulnerabilidad genética, entonces la diversidad es frecuentemente el mejor seguro contra ella. Los procedimientos usados por la mayoría de los fitomejoradores tienden más a reducir que a extender la base genética de las plantas cultivadas (Jugenheimer, 1981).

Oyervides *et al.* (1985), señalan que al ampliar la base genética en los programas de mejoramiento se puede incrementar el potencial de rendimiento del cultivo en

cuestión, pues así se incrementa la probabilidad de identificar nuevas combinaciones heteróticas y nuevos alelos para la resistencia a enfermedades; este hecho ha contribuido a incrementar el interés en el uso de fuentes de germoplasma exótico.

A este respecto, Márquez (1996), señala que es incipiente la investigación para el aprovechamiento más amplio de la riqueza genética con el objetivo de conferir a las variedades bajo cultivo una mayor diversidad alélica tanto intra como inter varietal, que las haga menos frágiles a las condiciones adversas del medio ambiente. El enfoque orientado al mejoramiento de germoplasma nativo para desarrollo de material genético utilizable en cultivares es muy restringido. Sin embargo, Márquez (1996), reporta avances significativos en el mejoramiento de este tipo de cultivares.

Utilización de Germoplasma

Goodman (1965), señala que para que la selección sea efectiva, la variabilidad genética debe estar presente en los materiales de mejoramiento, y que el éxito de un programa de mejoramiento depende en gran parte de la elección de materiales que contengan suficiente variabilidad genética. Este autor evaluó 256 familias de hermanos completos y de medios hermanos formadas a partir de progenitores provenientes de un compuesto (West Indian Composite) conteniendo germoplasma criollo del Caribe. Al seleccionar para rendimiento, altura de mazorca y planta, concluye que el efecto de la adición de germoplasma exótico a maíces adaptados produjo materiales con varianzas genéticas para rendimiento, consistentemente superiores a las del compuesto Corn Belt, usado como testigo. Pollak (1996), menciona que los maíces híbridos de los Estados

Unidos tienen una base genética muy reducida, usando únicamente un pequeño porcentaje de todo el germoplasma de maíz disponible. Esto incrementa grandemente la vulnerabilidad a problemas de enfermedades y plagas, puede conducir a un rendimiento deficiente, crea dificultades para desarrollar híbridos para las nuevas demandas del mercado.

Caracterización y evaluación

La evaluación, selección y utilización de los materiales genéticos generalmente ha obedecido a necesidades inmediatas, para la cual se busca una solución en el corto plazo, y pocas veces se tiene en mente un plan estratégico para un aprovechamiento a largo plazo. En ocasiones, la base genética de los programas de mejoramiento es reducida, de modo que pueden presentarse casos de vulnerabilidad de los cultivos ante el ataque de agentes adversos, o limitaciones para obtener materiales que respondan al dinamismo del mercado.

Uno de los mecanismos usados por los mejoradores para incorporar los genes favorables existentes en el germoplasma criollo, es la infiltración génica, que consiste en cruzar poblaciones mejoradas con germoplasma criollo, a fin de ampliar la base genética de las poblaciones mejoradas, formar nuevas poblaciones con potencial, o mejorar las poblaciones involucradas. Para determinar tanto el potencial como la cantidad óptima de germoplasma criollo a ser usado en el mejoramiento de una población de maíz adaptada, Crossa y Gardner (1987), desarrollaron y evaluaron en dos localidades, tres poblaciones con diferente proporción de germoplasma criollo y mejorado (0:100, 25:75 y 50:50 de

germoplasma criollo y mejorado respectivamente). Usaron para la evaluación 90 líneas S_1 de cada población obtenida, encontrando en sus resultados que el uso de germoplasma criollo incrementó la variación genética de la población 50:50; aunque rindió significativamente menos y fue más tardía que las otras dos poblaciones. Los mismos autores señalan que sus resultados sugieren que en esta población están actuando genes mayores para la falta de adaptación.

Las evaluaciones realizadas en el proyecto “Germplasm Enhancement of Maize” (GEM por sus siglas en inglés), mostraron que el germoplasma exótico contiene genes para resistencia a plagas, aumento en el rendimiento y características de calidad. El uso de este germoplasma ayudará a proveer en el futuro las mejores materias primas para satisfacer la demanda para las diversas producciones de carne, huevo, leche y muchos otros alimentos y usos industriales (Pollak, 1996).

Carrillo (1982), evaluó en Tamaulipas 25 poblaciones de la Franja Maicera estadounidense, usando como probador la cruz $V-401 \times V-402$ (variedades San Juan y Breve de Padilla respectivamente), además, realizó cruzas de prueba de germoplasma mexicano de Trópico seco, Húmedo y Bajío en el que incluyó 28 poblaciones (criollas, mejoradas y en proceso de formación), las que a su vez, tuvieron como probadores a $V-524$, PAN16 (Sintético Tropical Tardío – Antonio Narro), PAN17 (Sintético Tropical Intermedio – Antonio Narro), y PAN18 (Sintético Tropical Precoz – Antonio Narro). Los resultados indican buena heterosis de las poblaciones sobresalientes de la Faja Maicera con $V401 \times V-404$. En la evaluación de maíces mexicanos destaca que al

menos cinco poblaciones (V-524, PAN14, V-402, V-401 y VS-413), combinaron bien con Zapalote Chico (base genética de los sintéticos Precoz, Intermedio y Tardío).

A fin de probar la factibilidad de obtener por selección materiales de altos rendimientos y con buena adaptación a Valles Altos, Navas y Cervantes (1991), evaluaron las generaciones F_4 , F_5 , F_7 y F_8 , las cuales fueron generadas a partir de material exótico formado por cruza entre las razas tropicales de maíz de México, obtenidas del cruzamiento de colectas representativas (Tuxpeño, Chapalote, Olotillo, Zapalote Grande, Vandeño, Tepecintle, Harinoso de ocho y Nal-Tel). Se encontraron diferencias significativas en todos los caracteres estudiados, concluyendo que para rendimiento, la respuesta a la selección fue mayor, aunque los cambios obtenidos en la mayoría de los otros caracteres favorecieron la adaptación. Los resultados positivos obtenidos en la selección para adaptación de plasma germinal tropical en Valles Altos, *amplían las posibilidades para el mejoramiento genético mediante la inclusión de fuentes exóticas, las cuales se pueden mejorar previamente (en pequeñas poblaciones, inclusive), para cruzarse posteriormente con el material local.*

Identificación y selección de caracteres

Torres *et al.* (1994), reportan que a partir de 1985, el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), ha puesto énfasis en el mejoramiento para maíces de Valles Altos en México, utilizando nuevas tecnologías y la introducción de germoplasma exótico. La característica a incorporar ha sido la tolerancia a la depresión por endocría, mediante la producción de híbridos triples de generaciones avanzadas.

Estos autores reportan que el 38 por ciento de los 163 híbridos probados tuvieron mayor rendimiento sobre el mejor híbrido testigo, menor altura de planta y mayor precocidad; usaron en el ensayo cruza simples del CIMMYT, los cuales tuvieron menos hijos y mayor resistencia al acame de raíz, y como machos, líneas del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales y Agropecuarias (INIFAP), concluyendo que es posible obtener niveles altos de heterosis existentes entre germoplasma mejorado y exótico.

A fin de aprovechar el potencial de los maíces criollos, Herrera *et al.* (1994), afirman que una opción importante es la cruce intervarietal entre criollos sobresalientes por variedades mejoradas, lo que da la posibilidad de seleccionar combinaciones favorables que superen en rendimiento a los materiales progenitores por un lado, y por otro, en adaptación a las variedades comerciales a las condiciones edafo-climáticas de la región de cultivo.

Patrones heteróticos

Stojsin y Kannenberg (1995), señalan que las poblaciones seleccionadas de maíz pueden ser usadas en programas de desarrollo de híbridos de dos maneras: como fuente de líneas endogámicas para la producción de híbridos, para lo cual, generalmente deben estar integradas en un patrón heterótico definido; y como fuente de alelos favorables para mejorar líneas endogámicas existentes. Esas poblaciones pueden tener características indeseables por ser exóticas o inadaptadas, pero deben contener alelos favorables no existentes en las líneas endogámicas a mejorar. En su estudio de 17 poblaciones en su mayoría Canadienses, estos autores concluyen que el método de

Dudley (Dudley, 1987), fue generalmente eficiente en la detección de las frecuencias de genes favorables más altas entre las poblaciones estudiadas, aunque no hayan encontrado diferencias significativas entre ellas como para considerar la mejor fuente de genes favorables.

Muchas poblaciones tropicales y subtropicales de maíz han sido mejoradas y evaluadas *per se* y cruzadas entre sí para orientar a los mejoradores sobre su óptimo aprovechamiento en la formación de variedades mejoradas, principalmente híbridos. En general, los patrones heteróticos entre poblaciones se han definido de acuerdo a los tipos de endospermo de grano dentado y cristalino, y no a la divergencia genética, debido a que la mayoría de ellas se han formado de compuestos con materiales de diferentes regiones en el mundo. Las poblaciones tropicales y subtropicales han combinado mejor con los materiales derivados de BSSS (Iowa Stiff Stalk Synthetic), que con otros tipos introducidos de áreas templadas y similares, debido probablemente, a la mayor divergencia genética entre ellas. Se espera que el uso del germoplasma exótico se incremente más rápidamente en el desarrollo de híbridos que en variedades de polinización libre, por la mayor manifestación de la heterosis en los primeros (Ron, 1994).

Godshalk y Kauffmann (1995) reportan avances significativos en la obtención de combinaciones híbridas entre líneas provenientes de grupos heteróticos exóticos con líneas de grupos heteróticos adaptados a los climas de los Estados Unidos; concluyen que existe considerable potencial para utilizar germoplasma exótico para ampliar la base genética del maíz estadounidense.

En México, Hernández (1994), formó un compuesto para altitudes bajas con poblaciones sobresalientes detectadas en evaluaciones en el trópico, además de otros sintéticos en los que se han integrado materiales tropicales y subtropicales, y se han probado cruzamientos intervarietales para detectar combinaciones que presenten alta heterosis.

En altitudes intermedias se está tratando de incorporar germoplasma de los Estados Unidos y de poblaciones nativas sobresalientes seleccionadas en los últimos años (Hernández, 1994).

La variación climática del trópico mexicano ha desarrollado importante variedad de tipos y razas de maíz, cuya diversidad puede ser explotada para el mejoramiento poblacional. Con este fin, buscando patrones heteróticos entre diez poblaciones tropicales, Gómez *et al.* (1994) realizaron una investigación en maíz tropical (en las localidades de: Cotaxtla, Ver., Iguala, Gro., La Huerta, Jal., Campeche, Camp., y Ocozocuautla, Chis.), donde se identificó patrones heteróticos sobresalientes por localidad, encontrando progenitores que pueden ser útiles, como la población Tuxpeño C8 sequía que puede ser fuente de planta y mazorca bajas, así como de precocidad; destacando que por regiones serían V530 x VS535 para el Golfo, y V531 x VS535, para el Pacífico; para el trópico (V530 x V531) como una fuente y VS535 como el otro progenitor.

Incorporación de características

Para determinar heterosis entre accesiones de germoplasma nativo con los grupos heteróticos predominantes en Estados Unidos, es adecuado usar como probadores materiales de comportamiento ampliamente conocido (Salhuana *et al.*, 1998). Dentro del Proyecto Latinoamericano de Maíz (LAMP), tras dos etapas de evaluación *per se* de 12,112 y 2,794 accesiones respectivamente, las 69 accesiones seleccionadas fueron cruzadas usando como probadores los híbridos simples bastante difundidos en los Estados Unidos (B73xB14A, Oh43xMo17 y SR76). En la cuarta etapa, se efectuaron ensayos de rendimiento en donde incluyeron tanto los mestizos formados como sus probadores; concluyen que sus resultados permitieron identificar germoplasma que tuvo comportamiento igual o mejor que los testigos en todos los países involucrados (Argentina, Chile, Uruguay y U.S.A.). Esto podría indicar su utilidad para mejorar el carácter rendimiento; señalan que aunque los mestizos mostraron significativa mejoría en cuanto a precocidad, y acames, es necesario un mejoramiento adicional para el uso más amplio de estos materiales.

Con la finalidad de evaluar colectas nativas de maíz, Manjarrez y Murillo (1994) evaluaron 64 materiales originales recolectados y sus respectivas cruzas con tres probadores que fueron de ciclo precoz (V-424), de ciclo intermedio (H-422) y de ciclo tardío (H-511); obteniendo que las cruzas resultaron con mejores características agronómicas y mayor rendimiento que las colectas originales.

Dentro de las características deseables en los híbridos de maíz, está la capacidad que tengan para aprovechar en su totalidad el potencial ambiental donde son evaluados. La obtención de este tipo de materiales depende mucho del germoplasma utilizado, su grado de adaptación y de su precocidad. Generalmente, los genotipos tardíos manifiestan rendimientos superiores que los genotipos precoces. Teniendo como objetivo identificar híbridos eficientes de alto potencial y fuentes de germoplasma útiles en la formación de híbridos, Peña y Martín del Campo (1994) evaluaron 41 híbridos constituidos con líneas de germoplasma de trópico seco, líneas derivadas de Mich-21, braquítico y líneas élite de Bajío y trópico seco, concluyendo que es posible detectar híbridos eficientes, estables y de alto potencial.

Berlanga *et al.* (1994), destacan que entre los híbridos que se explotan actualmente en las regiones maiceras de México, existen muy pocas diferencias en cuanto a rendimiento se refiere, diferenciándose principalmente en otras características agronómicas, especialmente tipo de planta y precocidad. A fin de incorporar ésta última característica en una serie de híbridos experimentales, estos autores realizaron un ensayo cruzando 60 cruces experimentales provenientes de progenitores líneas élite tardías con donadores de precocidad (VS-201, Cafime, Zacatecas 58 y Zapalote Chico); encontrando en sus resultados diferencias significativas para rendimiento y días a floración, lo que permitió identificar y seleccionar materiales para éstos caracteres los cuales presentaron también estabilidad para rendimiento y mejores características agronómicas que los testigos usados; concluyen que existe suficiente variación genética en estas cruces experimentales para los caracteres evaluados, y que el método de selección gamética fue eficiente para incorporar precocidad.

Retrocruzas. La práctica de este procedimiento con el objetivo de mejorar la transferencia de genes favorables presentes en el germoplasma criollo al adaptado, merece debida atención, sobre todo si su uso representa ventajas ya sea en la obtención de líneas, el mejoramiento de poblaciones o en la reducción de los ciclos necesarios para lograr las metas de un programa de mejoramiento. A este respecto, Dudley (1982), diseñó un entorno teórico para desarrollar y evaluar mediante simulación por computadora, métodos que conjugan entre otros parámetros: clases de loci presentes en los progenitores, frecuencias de genes favorables y desfavorables, grado de dominancia y nivel de punto de partida para la selección (población F_2 , Rc_1F_2 , Rc_2F_2 y Rc_3F_2), y número de generaciones de selección. Este autor concluye que los puntos principales surgidos de su estudio son aplicables tanto al mejoramiento de líneas endogámicas (para uso como progenitores de híbridos o como variedades *per se*), como al mejoramiento de poblaciones para uso como variedades o como fuente de líneas endogámicas.

Según Dudley (1982), las etapas principales a considerar son: 1) Si uno de los progenitores posee más loci conteniendo alelos favorables que el otro, al menos una generación de retrocruza antes de iniciar la selección, aumentará la probabilidad de obtener una población que se comporte mejor que cualquiera de los progenitores, o una línea superior al mejor de sus progenitores, la cual sea obtenida del mejor de sus progenitores, 2) Una selección iniciada en la generación adecuada será necesaria ya sea para mejorar la media de la población al nivel deseado, o para incrementar la probabilidad de obtener a un nivel razonable una línea endogámica superior, y 3) Son

Retrocruzas. La práctica de este procedimiento con el objetivo de mejorar la transferencia de genes favorables presentes en el germoplasma criollo al adaptado, merece debida atención, sobre todo si su uso representa ventajas ya sea en la obtención de líneas, el mejoramiento de poblaciones o en la reducción de los ciclos necesarios para lograr las metas de un programa de mejoramiento. A este respecto, Dudley (1982), diseñó un entorno teórico para desarrollar y evaluar mediante simulación por computadora, métodos que conjugan entre otros parámetros: clases de loci presentes en los progenitores, frecuencias de genes favorables y desfavorables, grado de dominancia y nivel de punto de partida para la selección (población F_2 , Rc_1F_2 , Rc_2F_2 y Rc_3F_2), y número de generaciones de selección. Este autor concluye que los puntos principales surgidos de su estudio son aplicables tanto al mejoramiento de líneas endogámicas (para uso como progenitores de híbridos o como variedades *per se*), como al mejoramiento de poblaciones para uso como variedades o como fuente de líneas endogámicas.

Según Dudley (1982), las etapas principales a considerar son: 1) Si uno de los progenitores posee más loci conteniendo alelos favorables que el otro, al menos una generación de retrocruza antes de iniciar la selección, aumentará la probabilidad de obtener una población que se comporte mejor que cualquiera de los progenitores, o una línea superior al mejor de sus progenitores, la cual sea obtenida del mejor de sus progenitores, 2) Una selección iniciada en la generación adecuada será necesaria ya sea para mejorar la media de la población al nivel deseado, o para incrementar la probabilidad de obtener a un nivel razonable una línea endogámica superior, y 3) Son

convenientes padres más diversos, uno más útil, o más generaciones de retrocruzas antes de la selección.

Córdoba y Vasal (1996), señalan que existe muy poca información en la literatura previa a la década de los 90's en relación al esquema de retrocruzas, el CIMMYT ha formado germoplasma para diferentes estratos y los programas nacionales han liberado materiales en base a poblaciones que poseen 50 por ciento de germoplasma nativo y 50 por ciento de germoplasma introducido y en algunas de las poblaciones de Valles Altos se han usado infiltraciones de germoplasma exótico realizando al menos una retrocruza.

Si la mayoría de las razas identificadas en México no se usan en programas de mejoramiento genético por su estrecha adaptabilidad, planta y mazorca altas, entonces se hace necesario mejorar a éstas antes de someterlas a los métodos tradicionales de selección recurrente e hibridación en cuanto a las características adaptabilidad, altura de planta y mazorca y días a floración (Márquez *et al.*, 1996).

El efecto de la retrocruza sobre la estructura de la población se manifiesta en el cambio de frecuencias génicas y del comportamiento hacia el padre recurrente, creando bloques de ligamiento genético similares a los del padre recurrente. El cambio en las frecuencias génicas probablemente afectará la varianza genética de la población. Al respecto, Hoffbeck *et al.* (1995) realizaron trabajos en los que incorporaron germoplasma exótico a los complejos germoplásmicos estadounidenses en los que analizaron tres niveles de retrocruza y tres ciclos de inter-apareamiento, concluyendo

que la retrocruza es útil en la incorporación de germoplasma exótico, aunque sus resultados no apoyan el uso de inter-apareamiento repetido.

Diseños Genéticos

Los diseños genéticos o diseños de apareamiento son planes de cruzamiento entre individuos de una población, con el objetivo de estudiar teóricamente los efectos y las varianzas genéticas que se presentan en las progenies (variables causales), para luego relacionar dichos efectos con los datos físicos de dichas progenies (variables observables), y así poder estimar los parámetros genéticos que interesen al mejorador. Generalmente dichos parámetros son: la varianza genética, la varianza ambiental y la varianza fenotípica, con las cuales se puede estimar la heredabilidad, para poder hacer predicciones de la respuesta de selección (Márquez, 1992).

La teoría y los métodos para el estudio de la variabilidad genética en maíz, fueron presentados por Comstock y Robinson (1948). Sus diseños permiten la estimación de las porciones aditivas y no aditivas de la varianza genética, lo cual proporciona un indicativo del programa de mejoramiento más efectivo a emplear, así como también una forma para comparar diferentes poblaciones.

Diseño I de Carolina del Norte

Este diseño se aplica a cualquier planta alógama que permita en una población usar plantas como diferentes machos, los cuales se cruzan con un grupo de hembras

diferentes, de tal manera que existe un efecto de anidamiento de las hembras dentro de cada macho (se sacrifica o no interesa conocer el efecto de las hembras), lo cual lleva implícito que no existen efectos maternos, de tal manera que se generan familias de medios hermanos (por cada uno de los machos que se utilizan) y familias de hermanos completos (por la combinación específica de macho-hembra).

En la estimación de parámetros genéticos se hace uso de los diseños de apareamiento, los que operan en función de las covarianzas genéticas entre parientes, como los diseños dialélicos propuestos por Griffing (1956), o bien como los propuestos por Comstock y Robinson (1948, 1952), mejor conocidos como los diseños I, II y III de Carolina Del Norte, los cuales se pueden aplicar a caracteres de herencia diploide, dos alelos por locus y bajo los supuestos de equilibrio de ligamiento y ausencia de epistasia. Cada uno de ellos provee estimaciones de la varianza genética aditiva y de dominancia, haciendo también una estimación de la heredabilidad y el grado de dominancia. A este respecto, Robles (1986), señala que conocer la heredabilidad es de relevante importancia ya que es una buena indicación de que la selección de los individuos para producir la próxima generación, resultarán en progenies con fenotipos similares. Por lo que la heredabilidad sirve además para decidir la metodología del mejoramiento a seguir, de manera que el avance logrado dependerá de la proporción de V_a (varianza por aditividad) en la característica.

Falconer (1983) anota que la heredabilidad es una importante propiedad de las características cuantitativas debido a que es una medida de la relación entre los valores fenotípicos y genotípicos. La estimación de varianzas genéticas en un diseño de

apareamiento se hace conectando las componentes causales (aditividad y dominancia) con las componentes observables (efectos debidos a machos y hembras) (Falconer, 1961).

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Material Genético

El estudio comprende la evaluación de 120 familias representadas por la selección aleatoria de 30 progenitores masculinos cruzados con cuatro progenitores femeninos de acuerdo al Diseño I de Carolina del Norte (Comstock y Robinson, 1948), obtenidos de dos poblaciones con diferente proporción de germoplasma criollo y mejorado. La primera población se formó con la recombinación de ocho cruces intervarietales seleccionadas en campo entre poblaciones criollas y la población 32 del CIMMYT, conteniendo una proporción de 50:50 de germoplasma criollo y mejorado. La segunda población se constituyó con las retrocruzas de las F_1 hacia el material mejorado para formar (25:75) de germoplasma criollo y mejorado respectivamente.

Las poblaciones criollas que intervinieron en la constitución de las dos poblaciones proceden de germoplasma del Caribe (Cuba 142, Cuba 163, Cuba 91 y Rdom 119) y cuatro de diferentes sitios de México (Jal 285, Son 72, Chis 463 y Tam 131). La población 32 es un material mejorado subtropical, blanco, de madurez intermedia, desarrollado a partir del compuesto Colombiano ETO, el cual fue recombinado con germoplasma de varios países de América Latina (CIMMYT, 1998).

Ambientes de Evaluación

Las 120 cruzas de cada población se evaluaron en dos localidades: Úrsulo Galván, Veracruz, de clima trópico húmedo y Tepalcingo, Morelos, considerado como zona de transición entre el trópico y el Bajío. Las ubicaciones geográficas son: 99° 01' de Longitud Oeste y 18° 40 ' de Latitud Norte, y 96° 23' de Longitud oeste y 19° 20' Latitud Norte para Úrsulo Galván, Ver., y Tepalcingo, Mor. respectivamente.

La temperatura media anual de Úrsulo Galván es de 30° C, con una precipitación de 800 mm, a una altitud de 85 msnm, en tanto que Tepalcingo, Morelos posee una temperatura media anual de 23° C, con una precipitación media anual de 942 mm y una altitud de 1160 msnm.

El manejo en relación a prácticas culturales, fertilización y control de plagas fueron de acuerdo a las recomendaciones y necesidades de cada localidad.

Variables evaluadas

Se registraron datos de las siguientes variables morfológicas: Altura de planta (AP), Altura de mazorca (AM) las cuales se determinaron tomando una planta representativa elegida al azar, midiéndola desde la base del tallo hasta la inserción de la hoja bandera, y desde la base del tallo hasta la inserción de la mazorca principal respectivamente, expresadas ambas en cm; número de mazorcas cosechadas (MAZ), dato que corresponde al total de mazorcas cosechadas dentro de cada parcela. De igual

forma se determinó el índice de prolificidad (PRO), que se obtuvo relacionando el número de mazorcas cosechadas con el número de plantas por parcela; asimismo, se registró la característica fenológica días a floración masculina (FM), correspondiente al número de días transcurridos desde la siembra hasta que el 50 por ciento de las plantas se encuentran en antesis.

La característica rendimiento (REND), se obtuvo de la siguiente forma: Del total de mazorcas cosechadas por parcela útil (peso de campo), se tomó aleatoriamente una muestra representativa de 250 g de semilla para determinarle el contenido de humedad al momento de la cosecha para calcular el porcentaje de materia seca por diferencia con el 100 por ciento. El peso seco se obtuvo multiplicando el porcentaje de materia seca por el peso de campo. El rendimiento en mazorca al 15 por ciento de humedad, se estimó multiplicando el peso seco por el factor de conversión (FC) a ton ha^{-1} .

$$FC = \frac{10,000m^2}{APU \times 0.85 \times 1000}$$

Donde :

APU = Área de parcela útil, determinado por la distancia entre surcos por la distancia de éstos y por el número de plantas por parcela; 0.85 = Constante para obtener el rendimiento al 15 por ciento de humedad; 1000 = Coeficiente para obtener el rendimiento en ton ha^{-1} ; 10,000 m^2 , equivalencia a una hectárea.

Debido a que algunas parcelas al momento de la cosecha contaban con menos plantas que las establecidas, se computó un análisis de covarianza usando el número de

plantas como covariable en el rendimiento, cuyo resultado mostró un efecto significativo, por lo que el número de plantas fue utilizado para corregir el rendimiento de grano mediante la siguiente fórmula:

$$\hat{Y}_{ij} = Y_i - b_i(x - \bar{x})$$

Donde: \hat{Y}_{ij} = Rendimiento corregido por covarianza, Y_i = rendimiento observado;

b_i = coeficiente de regresión; x = número de plantas cosechadas y \bar{x} = promedio de plantas cosechadas.

Diseño Experimental y Análisis

Las entradas fueron evaluadas bajo un diseño de bloques incompletos alfa látice (0,1), con dos repeticiones por localidad, siendo la unidad experimental de un surco de cinco metros con 21 plantas por parcela. Cada repetición constó de seis bloques, los que, a su vez, estaban formados por 20 parcelas conteniendo una familia de hermanos completos cada una.

Se realizó análisis de varianza en cada localidad y para cada población, debida a los machos y hembras dentro de machos para obtener posteriormente los parámetros genéticos, usando el diseño genético anidado de Carolina del Norte I. El modelo lineal empleado para el diseño de bloques incompletos fue el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + R_i + B_{j(i)} + T_k + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:

Y_{ijk} = Valor observado en un tratamiento; μ = Efecto de la media general; R_i = efecto de la i -ésima repetición; $B_{j(i)}$ = efecto del j -ésimo bloque dentro de la i -ésima repetición; T_k = efecto de la k -ésima familia de hermanos completos y ε_{ijk} = error experimental.

El error estándar (EE) se calculó con la siguiente fórmula:

$$EE(\bar{Y}_i) = \sqrt{\frac{\sigma_r^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2}{n}}$$

Donde: $EE(\bar{Y}_i)$ = Error estándar de la variable; σ_r^2 = varianza de las repeticiones dentro de localidades; σ_b^2 = varianza de los bloques dentro de las repeticiones dentro de localidades; σ_e^2 = varianza del error y n = número de observaciones.

Además se calculó el coeficiente de variación (CV) para determinar la variación relativa del error experimental en el análisis de varianza mediante la fórmula siguiente:

$$CV = \frac{\sqrt{CMEE}}{\bar{X}} \times 100$$

Donde: CV, coeficiente de variación; CMEE, cuadrado medio del error experimental;

\bar{X} , media general.

Análisis de varianza para el Diseño I de Carolina del Norte

Cuadro 3.1. Forma del análisis de varianza individual para el diseño genético I de Carolina del Norte.

Fuente de variación	GL	CM	ECM
Repeticiones (Rep)	$r-1$		
Machos (M)	$m-1$	M3	$\sigma^2_E + r \sigma^2_{H/M} + rh \sigma^2_M$
Hembras (H)/M	$m(h-1)$	M2	$\sigma^2_E + r \sigma^2_{H/M}$
Error	$(mh-1)(r-1)$	M1	σ^2_E
Total	$rmh-1$		

Análisis genéticos

Se practicó un análisis individual para cada una de las poblaciones en cada localidad, y un análisis combinado a través de localidades, usando el paquete estadístico SAS (SAS, 1996), mediante los cuales se obtuvieron tanto los cuadrados medios como las componentes de varianzas de los machos y de las hembras dentro de machos de cada población, calculándose también las varianzas aditivas, de dominancia y la heredabilidad (h^2).

Modelo lineal del análisis genético:

$$Z_{gijk} = \mu + M_i + H_{j(i)} + R_g + B_{k(g)} + \varepsilon_{gijk}$$

Para:

$g = 1, 2, \dots, r$ (repeticiones); $i = 1, 2, \dots, m$ (machos); $j = 1, 2, \dots, h$ (hembras/machos); $k = 1, 2, \dots, b$ (bloques).

Donde: Z_{gijk} = observación de la media de la progenie del i -ésimo macho cruzado con la j -ésima hembra, en el k -ésimo bloque dentro de la g -ésima repetición; μ = media general; M_i = efecto del i -ésimo macho; $H_{j(i)}$ = efecto de la j -ésima hembra dentro del i -ésimo macho; R_g = efecto de la g -ésima repetición; $B_{k(g)}$ = efecto del k -ésimo bloque dentro de la g -ésima repetición; ε_{gijk} = error experimental (efecto del ambiente no controlado y variabilidad genética remanente entre parcelas con la misma progenie).

Mediante el análisis de varianza combinado para el diseño I de Carolina del Norte se obtuvieron los estimados de la varianza aditiva (V_A), la varianza de dominancia (V_D) y sus respectivos errores estándar, siguiendo el método de Hallauer y Miranda (1981).

Estimación de Parámetros Genéticos

La estimación de los componentes de varianza aditiva (V_A) y la varianza de dominancia (V_D), así como la heredabilidad (h^2) se realizó utilizando las esperanzas de cuadrados medios del análisis de varianza para cada una de las poblaciones bajo estudio.

Estimación de las Varianzas de los Estimadores

Las varianzas de los estimadores de las componentes de varianza fueron calculados, usando las fórmulas de Hallauer y Miranda (1981).

$$V(v_A) = \frac{16 * 2}{(rh)^2} \left[\frac{(CMm)^2}{gl + 2} + \frac{(CMh/m)^2}{gl + 2} \right]$$

$$V(v_D) = \frac{16 * 2}{(rh)^2} \left[\frac{(CMm)^2}{gl + 2} + \frac{(h+1)^2 * (CMh/m)^2}{gl + 2} + \frac{h^2 * (CMe)^2}{gl + 2} \right]$$

$$V(v_E) = \frac{2 * (CMe)^2}{gl + 2}$$

Donde: $V(v_A)$, $V(v_D)$ y $V(v_E)$, las varianzas de los estimadores de varianza aditiva, dominancia y error, respectivamente; CMm , CMh/m y CMe , cuadrados medios debidos a machos, hembras dentro de machos y error, respectivamente; r , h y gl , indicadores de repeticiones, hembras y grados de libertad, respectivamente.

Las componentes de varianza aditiva (V_A) y varianza de dominancia (V_D) fueron estimadas de la siguiente manera: $V_A = 4 V_M$; $V_D = 4 (V_{H(M)} - V_M)$; $V_G = 4(V_{H(M)})$;

$$V_F = V_A + V_D + V_{GE} + V_E.$$

La heredabilidad (h^2), se obtuvo de la razón entre la varianza aditiva (V_A) y la varianza fenotípica (V_F).

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En este capítulo se presentan los resultados obtenidos de los análisis de varianza realizados a las dos poblaciones evaluadas, bajo el sistema de apareamiento Diseño de Carolina del Norte I en dos localidades. En ambas poblaciones, el análisis de varianza se realizó en forma individual, con la finalidad de conocer el comportamiento de cada una de ellas en cada ambiente; además, se practicó un análisis de varianza a través de las localidades de evaluación.

En el Cuadro 4.1 se presentan los cuadrados medios del análisis combinado y las significancias de las características evaluadas obtenidos en la población A (proporción 50:50 de germoplasma criollo y mejorado). Los machos y las hembras dentro de machos que representan las covarianzas familiares de medios hermanos (FMH) y de hermanos completos (FHC) respectivamente, mostraron diferencias altamente significativas ($p \leq 0.01$) para las variables floración masculina (FM), altura de planta (AP), altura de mazorca (AM), rendimiento (REND) y prolificidad (PRO), aunque ésta última fue sólo significativa ($p \leq 0.05$) para FHC. Lo anterior significa que tanto las FMH como las FHC presentan variación en la manifestación de dichos caracteres.

La interacción de machos con localidades (M*Loc) resultó significativa ($p \leq 0.01$) para los caracteres FM, REND y PRO, ($p \leq 0.05$) para AM y no significativa para AP. Por su parte, la interacción de las H/M con las localidades (H/M * Loc) resultó

significativo ($p \leq 0.05$) para REND y PRO; lo que indica que al menos una FHC mostró un comportamiento diferencial de un ambiente a otro en producción y prolificidad, en tanto que mostraron un comportamiento similar en floración, altura de planta y mazorca.

Cuadro 4.1. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado de la población A (50:50 de germoplasma criollo y mejorado).

F. V.	G.L.	FM días	G.L.	AP cm	AM cm	G.L.	REND (ton ha ⁻¹)	PRO índice
Localidades (Loc)	1	8722.09 **	1	37259.69 *	15987.10 ns	1	43.51 ns	0.95 *
Repeticiones (Rep)/Loc	2	3.21 ns	2	1399.77 ns	2173.22 ns	2	5.14 ns	0.02 ns
Bloques (Blk)/Rep/Loc	20	2.70 ns	20	633.68 **	549.55 **	20	2.24 *	0.03 ns
Machos (M)	29	7.98 **	29	1062.76 **	656.07 **	29	5.11 **	0.06 **
Hembras (H)/M	86	3.45 **	86	418.45 **	375.75 **	86	3.19 **	0.04 *
M * Loc	29	3.56 **	29	260.43 ns	404.66 *	29	2.73 **	0.05 **
H/M * Loc	84	2.33 ns	86	300.35 ns	275.88 ns	86	1.82 *	0.04 *
Error	194	1.77	203	231.01	243.08	206	1.35	0.03
C.V. (%)		2.21		6.49	11.32		22.87	18.42

* y ** = Significativo al 0.05 y 0.01 de probabilidad respectivamente; ns = no significativo; C.V.(%)= Coeficiente de Variación. G.L.= Grados de libertad; FM= Floración masculina; AP= Altura de planta; AM=Altura de mazorca; REND= Rendimiento; PRO= Prolificidad.

Los caracteres AP y AM mostraron significancia estadística ($p \leq 0.01$) en los bloques dentro de repeticiones; en REND se presentó diferencias al 0.05 de probabilidad lo que indica la eficiencia del diseño en la cuantificación de la variación existente en el campo de evaluación, al menos en estos caracteres.

Desde el punto de vista de Falconer (1983), la interacción genotipo por ambiente, cualquiera que sea su naturaleza da lugar a una componente de varianza adicional. Esta varianza es el componente de interacción que puede aislarse y medirse únicamente bajo condiciones bastante artificiales. Un análisis de varianza en una clasificación de dos entradas de genotipos y ambientes producirá estimas de la varianza genética (entre genotipos), de la varianza ambiental (entre ambientes) y de la varianza atribuible a la

interacción de genotipos con ambientes. Este autor señala también que la existencia de la interacción se relaciona con la adaptación de los individuos a las condiciones locales, y que puede significar incluso que el mejor genotipo en un ambiente no lo es en otro diferente.

El Cuadro 4.2 muestra los cuadrados medios de las variables FM, AP, AM, REND y PRO, así como las significancias de la población B cuya conformación es 25:75 de porcentajes de germoplasma criollo y mejorado respectivamente. La variación presente en los genotipos evaluados se hace manifiesta en la significancia ($p \leq 0.01$) presentada en todas las variables descritas (M y H/M). De igual forma, la interacción entre los machos y el ambiente mostró diferencias significativas ($p \leq 0.01$) para FM, AM y PRO, en tanto que para AP y REND ésta fue al 0.05 de probabilidad. Por su parte, las H/M no interactuaron con los ambientes de estudio en la misma forma, ya que a excepción de la variable PRO, que presentó significancia ($p \leq 0.05$), las demás se mostraron estadísticamente similares en comportamiento, coincidiendo con los resultados obtenidos en la población A (50:50 de germoplasma criollo y mejorado), a excepción del rendimiento, el cual sí muestra diferencia estadística al 0.05 de probabilidad (Cuadro 4.1).

La existencia de diferencias significativas ($p \leq 0.05$) en el rendimiento, y al 0.01 de probabilidad para el resto de las variables en la fuente de variación bloques dentro de repeticiones dentro de localidad, indica que el doble anidamiento colaboró en mejorar la eficiencia del experimento. La fuente de variación localidades mostró significancia ($p \leq 0.01$) para la variable FM, significancia ($p \leq 0.05$) para AP y no significancia para

las demás, lo que significa que los ambientes difieren estadísticamente sólo en algunas variables. Los coeficientes de variación para las variables presentadas oscilan dentro del rango aceptable.

Cuadro 4.2. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado de la población B (25:75 de germoplasma criollo y mejorado).

F. V.	G.L.	FM días	G.L.	AP cm	AM cm	G.L.	REND (ton ha ⁻¹)	PRO índice
Localidades (Loc)	1	10490.64 **	1	18747.82 *	8317.30 ns	1	26.97 ns	0.06 ns
Repeticiones (Rep)/Loc	2	7.26 ns	2	699.27 ns	531.99 ns	2	18.11 *	0.23 ns
Bloques (Blk)/Rep/Loc	20	3.58 **	20	611.39 **	425.21 **	20	2.30 *	0.06 **
Machos (M)	29	5.57 **	29	487.17 **	354.13 **	29	4.62 **	0.06 **
Hembras (H)/M	89	2.24 **	89	298.72 **	269.12 **	89	2.52 **	0.05 **
M * Loc	29	3.21 **	29	275.26 *	367.83 **	29	2.45 *	0.07 **
H/M * Loc	85	1.83 ns	85	180.68 ns	176.76 ns	85	1.84 ns	0.04 *
Error	201	1.43	206	169.14	169.59	205	1.38	0.03
C.V. (%)		2.01		5.92	10.66		21.21	17.28

* y ** = Significativo al 0.05 y 0.01 de probabilidad respectivamente; ns = no significativo; C.V. (%) = Coeficiente de Variación. G.L. = Grados de libertad; FM = Floración masculina; AP = Altura de planta; AM = Altura de mazorca; REND = Rendimiento; PRO = Prolificidad.

La importante interacción de las familias evaluadas con el medio ambiente en que fueron estudiadas, representa la posibilidad de que algunos genotipos se vean influenciados por el ambiente, de forma tal que manifiesten la característica de mazorcas múltiples, lo cual bajo ciertas condiciones, tiene repercusión directa sobre el rendimiento (Oyervides, 1986).

Lo anterior puede relacionarse con las interacciones entre el genotipo y los ambientes en que fueron probadas las familias de la población B (25:75), donde cabe destacar que en las FMH (machos), se encontró alta significancia ($p \leq 0.01$) para los caracteres floración masculina (FM), altura de mazorca (AM) y prolificidad (PRO), lo que representa la posibilidad de que algunas familias se vean favorecidas por las

condiciones ambientales y manifiesten precocidad, buen porte y potencial en la expresión de mazorcas múltiples respectivamente. En cuanto a los caracteres altura de planta (AP) y rendimiento (REND), la magnitud de la interacción mostró diferencias significativas ($p \leq 0.05$), abriendo la posibilidad de seleccionar materiales que interactúen positivamente para la expresión de rendimiento y porte adecuado.

Márquez (1992), señala que en cualquier fenómeno biológico natural que implique el crecimiento y desarrollo de genotipos, éstos se llevan a cabo en una serie de ambientes. Salvo los experimentos controlados en que a los genotipos se les proporcionan ambientes dados, los genotipos irán encontrando en tiempo y espacio una serie de condiciones ambientales a las que tienen que hacer frente para sobrevivir. Aún cuando aparentemente el medio no cambiara por influencia exterior, en sí el mismo genotipo tiende a cambiarlo, pues al crecer y desarrollarse actúa sobre aquel modificándolo. Esta modificación actúa entonces en otra forma sobre el genotipo y lo hace cambiar también, generándose así una interacción entre el genotipo y el ambiente en que se desarrolla, conocido como interacción genotipo-ambiente o interacción genético-ambiental.

En un intento por entender la expresión del genotipo a través de ambientes, así como el comportamiento de las familias derivadas de las dos poblaciones evaluadas, se presenta la información por separado de ambas, considerando las principales características evaluadas.

En el Cuadro 4.3 se presenta la media de las diez mejores familias de hermanos completos (FHC) de la población A (50:50), las medias por localidad y la media general de la población para las variables rendimiento (REND), floración masculina (FM), altura de planta (AP), altura de mazorca (AM) y prolificidad (PRO). Se observa un comportamiento diferencial de las familias a través de los ambientes de evaluación, obteniéndose rendimientos mayores en la localidad de Tepalcingo, Mor. En esta localidad, la expresión de los materiales fue más tardía con aproximadamente diez días de diferencia en promedio, sin embargo, la altura de planta se reduce; se pueden apreciar también los efectos de la interacción de las familias con el medio ambiente de evaluación, ya que al tratarse de familias con el mismo contenido genético evaluadas en ambientes distintos, los cambios mostrados por ellas a través de sus caracteres, son atribuibles a la influencia de dicha interacción.

Cuadro 4.3. Medias de las diez mejores familias de hermanos completos de la población A (50:50) evaluadas en Úrsulo Galván Ver. y Tepalcingo, Mor.

Orden	CRUZA	REND (ton ha ⁻¹)			FM días		AP cm		AM cm		PRO índice	
		H x M	Media	U. G. †	Tep. †	U. G.	Tep.	U. G.	Tep.	U. G.	Tep.	U. G.
1	85 x 22	8.425	6.395	10.456	55	65	235	227	127	140	1.02	1.35
2	42 x 11	7.832	5.720	9.944	55	63	250	247	142	152	1.06	1.02
3	106 x 27	7.205	4.662	9.748	54	63	255	210	135	140	0.93	1.04
4	96 x 24	7.141	5.865	8.417	56	67	230	207	135	123	1.00	1.12
5	4 x 1	7.088	5.980	8.196	56	68	273	240	180	145	0.97	1.21
6	70 x 18	7.085	6.626	7.544	55	66	248	238	145	145	1.05	0.97
7	53 x 14	6.848	5.607	8.090	55	65	267	227	155	135	0.90	0.99
8	69 x 18	6.724	6.472	6.976	57	66	247	235	137	153	0.97	1.24
9	71 x 18	6.417	4.901	7.933	55	66	235	222	142	137	0.97	1.03
10	84 x 31	6.388	5.947	6.829	56	66	247	238	148	145	0.94	0.87
Media		5.083	4.787	5.378	56	65	243	225	144	132	0.95	0.85
EE		0.599	0.603	1.037	1.09	0.82	10.57	11.94	10.73	12.56	0.06	0.15

†=Úrsulo Galván, Veracruz; †= Tepalcingo, Morelos; EE= Error estándar; REND= Rendimiento; FM= Floración masculina; AP= Altura de planta; AM=Altura de mazorca; PRO= Prolificidad.

De igual manera, en el Cuadro 4.4 se presentan las diez mejores FHC de la población B (25:75) y los valores obtenidos de las características rendimiento (REND), floración masculina (FM), altura de planta (AP), altura de mazorca (AM) y prolificidad (PRO). La interacción genotipo-ambiente también se manifestó en las diferencias mostradas por el comportamiento diferente de las familias al ser evaluadas en diferente localidad. Como ejemplo de la interacción se puede mencionar a las FHC 48x12 y 108x27, cuyo comportamiento permanece casi constante en la primera, y con una considerable diferencia en la segunda.

Cuadro 4.4. Medias de las diez mejores familias de hermanos completos de la población B (25:75) evaluadas en Úrsulo Galván, Ver. y Tepalcingo, Mor.

Orden	CRUZA H x M	REND (ton ha ⁻¹)			FM días		AP cm		AM cm		PRO índice	
		Media	U. G. †	TEP. ¶	U. G.	TEP.	U. G.	TEP.	U. G.	TEP.	U. G.	TEP.
1	33 x 9	7.532	6.440	8.624	54	63	245	237	125	135	0.94	1.04
2	119 x 30	7.510	5.965	9.061	55	65	235	210	137	105	1.08	1.19
3	35 x 9	7.441	5.867	9.013	55	63	218	205	105	112	1.02	0.99
4	45x12	7.354	7.706	7.002	55	63	250	195	130	113	1.02	1.12
5	90x23	7.280	6.977	7.583	55	66	222	220	130	123	1.02	1.06
6	88 x 22	7.162	6.215	8.108	54	64	248	227	142	123	1.26	1.49
7	73 x 19	7.150	6.617	7.683	54	63	223	203	123	117	1.03	1.38
8	48 x 12	7.003	6.962	7.044	55	65	225	220	125	115	0.97	1.21
9	80 x 20	6.876	5.970	7.781	55	66	245	230	137	133	0.91	1.34
10	108 x 27	6.616	4.672	8.559	57	66	213	215	127	138	1.08	1.13
Media		5.537	5.267	5.821	55	65	226	214	126	118	0.98	0.97
EE		0.628	0.705	1.048	1.00	0.72	9.68	9.60	9.45	9.69	0.08	0.16

†=Úrsulo Galván, Veracruz; ¶= Tepalcingo, Morelos; EE= Error estándar; REND= Rendimiento; FM= Floración masculina; AP= Altura de planta; AM=Altura de mazorca; PRO= Prolificidad.

Al igual que en la población A, los caracteres agronómicos evaluados de las diez mejores familias de la población B, tuvieron una expresión más favorable cuando fueron evaluadas en Tepalcingo, Mor.

Los valores medios de las variables AP y AM indican que la población B (25:75 de germoplasma criollo y mejorado respectivamente) obtuvo resultados inferiores a la media de la población A en ambas localidades. Por otro lado, se observa que los genotipos son más prolíficos en la población B que en la población A, características asociadas al germoplasma mejorado. Lo anterior se puede explicar por la proporción del germoplasma mejorado, la cual expresa el fenotipo del material mejorado en mayor contribución.

En el caso del carácter prolificidad (PRO), el promedio se vio incrementado en la población B; y algunas familias presentaron éste carácter en forma considerable (cruzas 73x19 y 88x22), las cuales pueden representar potencial para explotar dicho carácter.

En el Cuadro 4.5 se presentan los valores medios de las variables rendimiento (REND), floración masculina (FM), altura de planta (AP), altura de mazorca (AM) y prolificidad (PRO) de las diez mejores familias de medios hermanos (FMH) de la población A (50:50). Los valores medios de las familias en el Cuadro 4.5 representan el comportamiento del macho en combinación con las hembras a través de localidades, y por lo tanto, la expresión de su aptitud combinatoria. Por esta razón, algunos de los machos que aparecen en el Cuadro 4.3 no figuran en el Cuadro 4.5 por que fueron reemplazados por otros que mostraron mayor consistencia en el rendimiento obtenido a través de todas sus cruzas.

Cuadro 4.5. Medias de las diez mejores familias de medios hermanos (FMH) de la población A (50:50) evaluadas en ambas localidades.

Orden	FMH macho	REND (ton ha ⁻¹)	FM días	AP cm	AM cm	PRO índice
1	11	6.261 *	60	234	143	1.00
2	22	6.162 *	61	238	138	0.97
3	18	6.143 *	61	234	139	1.04
4	1	5.708 *	61	245	148	0.97
5	6	5.651	61	240	138	0.92
6	24	5.575	60	222	129	0.96
7	10	5.533	61	227	137	0.94
8	19	5.524	60	243	146	0.96
9	13	5.425	61	228	130	0.93
10	25	5.297	58	206	126	0.91
Media		5.092	60	234	138	0.90
EE		0.303	0.342	4.160	4.244	0.041

Media = Media poblacional, EE= Error estándar; REND= Rendimiento; FM= Floración masculina; AP= Altura de planta; AM=Altura de mazorca; PRO= Prolificidad; *, mayor que $\mu + 2$ el EE.

En el Cuadro 4.6 se presentan los valores promedios de las variables rendimiento (REND), floración masculina (FM), altura de planta (AP), prolificidad (PRO) y altura de mazorca (AM) de las diez mejores familias de medios hermanos (FMH) de la población B (25:75). Se puede observar que la mayor parte de los machos que aparecieron en el Cuadro 4.4 figuran también en el Cuadro 4.6, mostrando un rendimiento ligeramente menor pero con mayor consistencia a través de sus cruzas. Los valores medios de las FMH de la población B (Cuadro 4.6.), la cual cuenta con 25:75 de germoplasma criollo y mejorado respectivamente, manifestaron mayor rendimiento que los de la población A con una proporción de 50:50 de germoplasma criollo y mejorado respectivamente (Cuadro 4.5), lo que pudiera atribuirse a la conformación germoplásmica entre las dos poblaciones.

Cuadro 4.6. Medias de las diez mejores familias de medios hermanos de la población B (25:75) evaluadas en ambas localidades.

Orden	FMH macho	REND (ton ha ⁻¹)	FM días	AP cm	AM cm	PRO índice
1	20	6.514 *	61	232	132	1.08
2	27	6.452 *	60	219	125	0.98
3	30	6.435 *	60	217	119	1.00
4	23	6.381 *	61	217	123	1.03
5	9	6.243 *	59	224	120	1.02
6	28	6.082	60	215	122	1.00
7	16	6.034	60	229	127	1.01
8	12	5.881	59	217	117	0.98
9	3	5.758	60	229	131	0.96
10	19	5.704	59	208	120	1.04
Media		5.588	60	219	122	0.98
EE		0.317	0.324	3.650	3.499	0.045

Media = Media poblacional, EE= Error estándar; REND= Rendimiento; FM= Floración masculina; AP= Altura de planta; AM=Altura de mazorca; PRO= Prolificidad; ; *, mayor que $\mu + 2$ el EE.

La media de floración masculina (FM) fue ligeramente menor en la población B; por su parte, la altura de planta (AP) y la altura de mazorca (AM) permanecieron similares en ambas poblaciones, mientras que la media de prolificidad (PRO) disminuyó ligeramente en la población B.

En el Cuadro 4.7 se presentan las medias de cada localidad de las dos poblaciones evaluadas y la media a través de localidades, para las características rendimiento (REND), floración masculina (FM), altura de planta (AP), altura de mazorca (AM), prolificidad (PRO). El rendimiento (REND) promedio de la población B (25:75) fue superior al de la población A (50:50) en un 9.07 por ciento (0.461 ton ha⁻¹), lo que indica que el efecto de la retrocruza hacia el progenitor mejorado se manifiesta incrementando la frecuencia de alelos favorables en la descendencia obtenida acumulados en la población mejorada original. Lo anterior coincide con Hoffbeck *et al.*

(1995), quienes afirman que el efecto de la retrocruza sobre la estructura de la población es cambiar las frecuencias génicas y el desempeño medio hacia las del progenitor recurrente, y crear bloques de ligamiento genético similares a los de dicho progenitor. Estos autores agregan que el cambio en las frecuencias génicas probablemente afectará la varianza genética de la población, pero si las frecuencias génicas de los progenitores son desconocidas, los cambios en la varianza debidos a la retrocruza no pueden ser predichos. Por su parte Falconer (1983), señala que la retrocruza afecta la varianza en una forma, la cual depende de la frecuencia génica de la población, del tipo de acción génica afectando el carácter y de la fase de ligamiento.

Cuadro 4.7. Medias por localidad de los caracteres evaluados en la población A y la población B.

	REND (ton ha ⁻¹)	FM días	AP cm	AM cm	PRO índice
Población A (50:50)					
U. G. †	4.787 a ^{††}	56 b	243 a	144 a	0.95 a
TEP. ††	5.398 a	65 a	225 b	132 a	0.85 b
Promedio	5.092	60	234	138	0.90
E. E.	0.303	0.34	4.16	4.24	0.04
Población B (25:75)					
U. G.	5.281 a	55 b	226 a	126 a	0.98 a
TEP.	5.895 a	65 a	213 b	118 a	0.97 a
Promedio	5.588	60	219	122	0.98
E. E.	0.317	0.32	3.65	3.50	0.05

† = Úrsulo Galván, Veracruz. †† = Tepalcingo, Morelos; REND= Rendimiento; FM= Floración masculina; AP= Altura de planta; AM=Altura de mazorca; PRO= Prolificidad. †† Valores con la misma letra son estadísticamente iguales.

En términos generales se observa que la población B (25:75 de germoplasma criollo y mejorado) obtuvo valores mayores de rendimiento, plantas con menor altura y más prolíficas. Se identifica que las poblaciones mostraron un comportamiento similar

de sus variables a través de las localidades, sin embargo, la expresión fenotípica mejor se encontró en la localidad de Tepalcingo, Mor., lo que podría convertir a la población B con potencial de mejoramiento que la población A, y evidencia además que la utilización del esquema de retrocruza puede ser una estrategia útil de aprovechamiento de los materiales criollos. Estos resultados coinciden con los obtenidos por Bridges y Gardner (1987), quienes buscando la mejor población para inicio de mejoramiento a partir de la cruce de germoplasma criollo con mejorado, concluyen que cuando los valores iniciales medios de la población adaptada son superiores a las del germoplasma criollo, la retrocruza uno (RC_1), es la mejor población de partida para metas a corto plazo. Estos autores agregan que la retrocruza uno es la mejor población de partida cuando la media de la población mejorada es mayor que la media de la población criolla debida a un mayor número de loci con alelos favorables presentes. Estos resultados coinciden también con los obtenidos por Albrecht y Dudley (1987), quienes concluyen que cuando sólo la característica rendimiento es tomada en cuenta, la población conteniendo 25 por ciento de germoplasma criollo fue el mejor material de inicio en un programa de mejoramiento genético.

Los resultados obtenidos son similares a los de Sánchez *et al.* (1973), quienes estudiando familias de líneas de variedades y de compuestos provenientes de cruzamiento Mesa Central x Trópico, en Cotaxtla, Ver. y Tepalcingo, Mor., determinan que la dosis de germoplasma exótico que maximiza el rendimiento, varía con el tipo de material usado y con el medio ambiente en que el material de cruce es probado. Estos autores concluyen que para Tepalcingo, Mor. la dosis de germoplasma exótico

(proveniente de la Mesa Central, en dicho trabajo) para variedades, es de 28.63 por ciento.

En el Cuadro 4.8 se presentan los parámetros genéticos para las características floración masculina (FM), altura de planta (AP), altura de mazorca (AM) y rendimiento (REND) de la población A (50:50), resultado del análisis combinado a través de las localidades de evaluación.

Cuadro 4.8. Componentes genéticos estimados a partir del análisis de varianza combinado de la población A (50:50).

Estimadores	FM días	AP cm	AM cm	REND (ton ha ⁻¹)
V _M	0.29	4.93	13.36	0.05
V _{H/M}	0.33	39.67	18.82	0.37
V _{M*L}	0.15	0.00	14.93	0.15
V _{H(M)*L}	0.32	34.91	21.85	0.26
V _A	1.16	179.70	53.42	0.20
V _D	0.18	-21.04 [†]	21.87	1.28
V _E	1.76	228.63	249.20	1.35
V _F	4.38	547.96	411.89	3.88
V _{GE}	1.28	139.63	87.40	1.05
h ²	0.26	0.33	0.13	0.05

V_M, V_{H/M}, V_{M*L}, V_{H(M)*L}, los componentes de varianza debidos a Machos, Hembras dentro de Machos, la interacción de M y H/M por localidad; V_A, V_D, V_E, V_{GE}, y V_F los estimadores de Varianza aditiva, de dominancia, ambiental, de interacción con el ambiente y fenotípica; h² la Heredabilidad; [†] Valores negativos fueron considerados igual a cero.

Las varianzas genéticas son funciones de la frecuencia de genes, número de loci operando y grado de dominancia como lo indica Dudley (1982), y los cambios que pueden ocurrir con la selección son desconocidos.

Los parámetros genéticos estimados para la población A (50:50), muestran que para los caracteres floración masculina (FM), altura de planta (AP) y altura de mazorca (AM), la varianza aditiva (V_A) fue mayor que la de dominancia (V_D). En el caso del carácter rendimiento (REND), la varianza de dominancia (V_D) fue superior a la varianza aditiva (V_A), lo que confirma lo expuesto por Falconer (1983), respecto de la inexistencia de correlación alguna entre estos parámetros. De tal suerte que si se pretendieran aprovechar la varianza de los valores reproductivos de esta población, lo mejor sería emplear un esquema de selección recurrente que fuera acumulando genes aditivos favorables para obtener materiales con precocidad y porte adecuados, y si se quisiera seleccionar con base en el carácter rendimiento, sería mejor un esquema de hibridación. Los valores para heredabilidad (h^2) obtenidos para floración masculina y altura de planta (0.26 y 0.33 respectivamente) se consideran intermedios, mientras que los correspondientes a altura de mazorca y rendimiento (0.13 y 0.05 respectivamente) se consideran bajos.

En el Cuadro 4.9 se presentan los parámetros genéticos obtenidos para los caracteres floración masculina, altura de planta, altura de mazorca y rendimiento de la población B (25:75). Se puede observar que para las características floración masculina y rendimiento, los valores de (V_A) son mayores que los de (V_D), mientras que sucede a la inversa con los caracteres altura de planta y altura de mazorca. La heredabilidad (h^2) para el carácter floración masculina (FM) se considera intermedia, en tanto que el mismo parámetro se considera bajo para los caracteres altura de planta, altura de mazorca y rendimiento, los cuales podrían ser aumentados mediante el establecimiento

de esta población en ambientes más uniformes con la finalidad de reducir la varianza ambiental, o mediante la inyección de variabilidad genética.

Cuadro 4.9. Componentes genéticos estimados a partir del análisis de varianza combinado de la población B (25:75).

Estimadores	FM días	AP cm	AM cm	REND (ton ha ⁻¹)
V_M	0.14	6.69	0.00	0.11
$V_{H/M}$	0.13	32.26	23.66	0.19
V_{M*L}	0.20	12.40	19.16	0.07
$V_{H(M)*L}$	0.26	11.53	6.82	0.25
V_A	0.57	26.77	0.00	0.43
V_D	-0.06 [†]	102.27	94.64	0.31
V_E	1.40	165.62	167.93	1.39
V_{GE}	1.03	49.60	76.62	1.01
V_F	3.0	344.26	339.19	3.14
h^2	0.19	0.08	0.00	0.14

V_M , $V_{H/M}$, V_{M*L} , $V_{H(M)*L}$, los componentes de varianza debidos a Machos, Hembras dentro de Machos, la interacción de M y H/M por localidad; V_A , V_D , V_E , V_{GE} , y V_F los estimadores de Varianza aditiva, de dominancia, ambiental, de interacción con el ambiente y fenotípica; h^2 la Heredabilidad; [†] Valores negativos fueron considerados igual a cero.

Dudley (1982), afirma que la media de una población en apareamiento aleatorio es función de sus frecuencias génicas en sus loci y de la proporción de ellos, y por ello se puede suponer que esto ocurrió con las poblaciones en estudio.

El efecto de la retrocruza efectuada en la población B (25:75) incrementó el rendimiento y el índice de prolificidad, y redujo la altura de la planta (Cuadro 4.7). A diferencia de los resultados en la población A (Cuadro 4.8), en esta población se encontró la varianza aditiva superior a la de dominancia en el rendimiento de mazorca por efecto de la infiltración génica de los materiales criollos. Esta combinación de

condiciones resulta positiva y permitiría considerar a esta población como material potencial para programas de mejoramiento.

Los componentes genéticos aditivos y los valores de h^2 encontrados en la población A para la floración, altura de planta y mazorca (Cuadro 4.8), sugieren que esta población pudiera ser utilizada en un esquema de mejoramiento poblacional con la finalidad de aprovechar el potencial genético de la población mejorada en la variedad criolla.

Las componentes genéticas cambiaron de proporción en algunos de los caracteres evaluados cuando cambió la conformación germoplásmica de las poblaciones, así, en el carácter FM, la (V_A) continuó siendo mayor que la varianza de dominancia (V_D). En tanto que en los caracteres AP y AM disminuyó la proporción de (V_A) cuando la población contuvo 25 por ciento de germoplasma criollo (Cuadro 4.9). En el rendimiento de mazorca, la varianza aditiva fue mayor que la varianza de dominancia, lo que se considera una tendencia favorable para considerar la aplicación de selección recurrente en la población B (25:75). Los valores negativos encontrados para la componente (V_D) fueron considerados iguales a cero para los cálculos de h^2 , y pueden deberse a la insuficiencia de muestreo por el diseño genético I de Carolina del Norte a la que hacen referencia Márquez y Hallauer (1970), o bien, debido a problemas experimentales, o al incumplimiento de las suposiciones del modelo genético (Gouesnard y Gallais, 1992).

En general, los coeficientes de heredabilidad variaron de intermedios a bajos en la población A (Cuadro 4.8), y relativamente inferiores en la población B (Cuadro 4.9), a excepción de la estimada para rendimiento, la cual se vio incrementada.

En el Cuadro 4.10 se presentan las varianzas y errores estándar de los estimadores para la variable rendimiento para ambas poblaciones en cada localidad.

Cuadro 4.10. Errores estándar de los componentes de varianza de las poblaciones en estudio para la variable rendimiento (REND).

Localidades	$V(v_A)$	$EE(v_A)$	$V(v_D)$	$EE(v_D)$	$V(EE)$	$EE(v_{EE})$
			Población A (50:50)			
U. G. †	0.067	0.258	0.237	0.487	0.008	0.089
Tep. ¶	0.691	0.831	3.268	1.808	0.081	0.284
			Población B (25:75)			
U. G.	0.026	0.161	0.322	0.568	0.011	0.103
Tep.	0.653	0.808	2.245	1.498	0.083	0.288

† Uúrsulo Galván, Ver., ¶ Tepalcingo, Mor.; $V(v_A)$, $EE(v_A)$, $V(v_D)$, $EE(v_D)$, $V(EE)$ y $EE(v_{EE})$, las varianzas y los errores estándar de la varianza aditiva, de dominancia y del error, respectivamente.

Se puede observar que la varianza del estimador del componente genético aditivo fue considerablemente menor que el correspondiente a la varianza de dominancia en ambas poblaciones, lo que corrobora que el Diseño I de Carolina del Norte estima con mayor precisión la varianza aditiva. Por otro lado, debido a la complejidad en la obtención de la varianza de dominancia en este diseño, además de que es común que se obtengan valores relativamente mayores con respecto a la varianza aditiva, se obtienen valores negativos en las estimaciones (Hallauer y Miranda, 1981).

Los valores de $V(v_A)$ y de $V(v_D)$ en general, disminuyeron en la población B respecto de la población A, lo que coincide con los valores de Cuadrados Medios descritos en los Cuadros 4.1 y 4.2, donde las varianzas tanto para Machos como para Hembras dentro de Machos, se redujeron cuando la población contuvo 25:75 de germoplasma criollo y mejorado respectivamente, lo que podría indicar una mayor uniformidad en la población B y una consecuente reducción en sus varianzas. Además, mientras que la varianza aditiva es mayor en la población A (Cuadro 4.8) e inferior en la población B (Cuadro 4.9), la precisión de la estimación de la varianza aditiva fue mayor, al presentar un menor error estándar que el correspondiente al estimador de la precisión de la varianza de dominancia (Cuadro 4.10) lo que permite suponer que este sería un comportamiento ideal para poblaciones que se pretenden mejorar por medio de selección recurrente. Finalmente, el efecto de la retrocruza en la población B tendió a mostrar una media de rendimiento mayor (Cuadro 4.7), y a presentar mayor uniformidad en dicho carácter, al verse reducido el valor del estimador de la precisión de la varianza aditiva (Cuadro 4.10). No obstante, el incremento observado en el valor del estimador de la varianza de dominancia puede ser debido a errores de muestreo del diseño de apareamiento empleado.

V. CONCLUSIONES

La expresión fenotípica de la población B(25:75 de germoplasma criollo y mejorado, respectivamente) manifestó las características de un material mejorado, como incremento del rendimiento, número de mazorcas por planta y la reducción de la altura de planta y mazorca por efecto de la proporción mayor del germoplasma mejorado.

Los componentes genéticos aditivos y de dominancia obtenidos de las dos poblaciones se mostraron diferentes debido a la contribución relativa del germoplasma por efecto de la retrocruza hacia el material mejorado.

Se corrobora que el Diseño I de Carolina del Norte es más eficiente para estimar los componentes de varianza aditiva en el rendimiento de mazorca.

Los valores medios de las características en estudio y los coeficientes de heredabilidad (h^2) sugieren que la población A(50:50) puede ser utilizada en un esquema de mejoramiento poblacional. En tanto que la población B(25:75) puede ser usada como fuente de variación genética en un programa de mejoramiento genético.

VI. RESUMEN

Se estimaron los componentes genéticos de dos poblaciones de maíz formadas con diferente proporción de germoplasma. La primera población (A) se constituyó con una proporción de 50:50, en tanto que en la segunda (B), esta proporción fue de 25:75 de germoplasma criollo y mejorado respectivamente. Los componentes genéticos fueron estimados a partir de la evaluación familiar obtenida mediante el diseño de apareamiento Carolina del Norte I, obteniéndose en cada caso un total de 120 cruza (30 machos y cuatro hembras por macho). La evaluación se llevó a cabo en dos localidades: Tepalcingo, Mor. y Úrsulo Galván, Ver., bajo un diseño de bloques incompletos con arreglo alfa látice (0,1), con dos repeticiones por localidad. La unidad experimental fue de un surco de cinco metros con 21 plantas. Se registraron datos de rendimiento de mazorca (ton ha^{-1}) al 15 por ciento de humedad, días al 50 por ciento de anthesis, altura de planta y de mazorca en cm. Se realizó un análisis individual para cada una de las poblaciones en cada localidad, y un análisis combinado a través de localidades con base en el diseño experimental. Con los cuadrados medios se obtuvieron las varianzas a las estructuras familiares de medios hermanos y hermanos completos para obtener posteriormente los componentes genéticos de acuerdo al diseño genético anidado de Carolina del Norte I. Se calculó los coeficientes de heredabilidad y los errores estándar tanto de la media de cada variable en estudio como de los estimadores.

Los resultados del análisis de varianza mostraron diferencias estadísticas ($p \leq 0.01$) para los machos y hembras dentro de machos para todas las variables en las dos poblaciones excepto en el índice de prolificidad donde se encontró diferencias al 0.05 de probabilidad en la población A. En general, los machos mostraron un comportamiento diferente en los ambientes de evaluación, en tanto que las hembras dentro de macho su comportamiento fue similar a través de localidades.

Los valores medios de la población B mostraron plantas con mayor rendimiento, uniformidad y de menor altura que las plantas de la población A como resultado de la proporción mayor de germoplasma mejorado. Por otro lado, el componente genético aditivo de la población A(50:50), para los caracteres floración masculina, altura de planta y altura de mazorca fue mayor que la de dominancia, mientras que para el rendimiento de mazorca ocurrió a la inversa. En el caso de la población B, la varianza aditiva para altura de planta y mazorca fue menor en relación a la varianza de dominancia; por el contrario, en el rendimiento de mazorca la varianza aditiva fue mayor.

Los componentes genéticos aditivos y de dominancia obtenidos de las dos poblaciones fueron diferentes debido a la contribución relativa de germoplasma por efecto de la retrocruza hacia el material mejorado. La consistencia en la estimación de la varianza aditiva en las dos poblaciones así como la obtención de valores negativos en la varianza de dominancia corroboran que el diseño I de Carolina del Norte es más eficiente para estimar los componentes de varianza aditiva.

Los valores medios de las características en estudio y los coeficientes de heredabilidad de la población A (50:50) sugieren que esta puede ser utilizada en un esquema de mejoramiento poblacional. En tanto que la población B (25:75) puede ser usada como fuente de variación genética en un programa de mejoramiento genético ya que se incorpora variabilidad genética presente en el germoplasma criollo.

VII. LITERATURA CITADA

- Albrecht, B. and J. W. Dudley. 1987. Evaluation of four maize populations of exotic germplasm. *Crop Sci.* 27:480-486.
- Berlanga P., S., H. de León C. y G. Martínez Z. 1994. Incorporación de precocidad a híbridos experimentales de maíz a través del método de selección gamética. *In: Memorias. 11° Congreso Latinoamericano de Genética (Área Vegetal) y XV Congreso de Fitogenética. 25-30 de septiembre. Monterrey, N. L., México. p: 381.*
- Bridges, W. C. Jr. and C. O. Gardner. 1987. Foundation populations for adapted by exotic crosses. *Crop Sci.* 27: 501-506.
- Caraballosa T., V., A. Mejía C., S. Valderrama C., A. Carballo C. y F. V. González C. 2000. Divergencia en poblaciones de maíz nativas de valles altos de México. *Agrociencia* 34:167-174.
- Carrillo A., J. S. 1982. Primera fase de evaluación de germoplasma de maíz en México y Estados Unidos de América. Tesis de Licenciatura. Universidad Autónoma Agraria "Antonio Narro", Saltillo, Coahuila, México. 93p.
- Castillo-González, F. and M. M. Goodman. 1989. Agronomic evaluation of Latin American maize accessions. *Crop Sci.* 29:853-861.
- CIMMYT. 1998. A complete listing of improved maize germplasm from CIMMYT. Maize Program Special Report. Mexico, D. F. 94 p.
- Comstock, R. E. and H. F. Robinson. 1948. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics* 4:254-266.
- Comstock, R. E. and H. F. Robinson. 1952. Estimation of average dominance of genes *In: J. W. Gowen (ed.) Heterosis, 2ª. Ed., Hafner Publishing Co., Nueva York. pp: 494-516.*

- Córdoba, H. S. y S. K. Vasal. 1996. Estrategias en el desarrollo y mejoramiento del germoplasma de maíz orientado a la agricultura sustentable. *In*: López B., A., S. A. Rodríguez H., G. Martínez Z. (eds.). Memorias del Curso Internacional de Actualización en Fitomejoramiento y Agricultura sustentable.. Saltillo, Coah. México. pp: 99-123.
- Crossa, J. and C. O. Gardner. 1987. Introgression of an exotic germplasm for improving an adapted maize population. *Crop Sci.* 27:187-190.
- Dudley, J. W. 1982. Theory for transfer of alleles. *Crop Sci.* 22:631-637.
- Dudley, J. W. 1987. Modification of methods of identifying populations to be used for improving parents of elite single crosses. *Crop Sci.* 27:940-943.
- Falconer, D. S. 1961. *Introduction to Quantitative Genetics*. The Ronald Press Company, New York, 305 p.
- Falconer, D. S. 1983. *Introducción a la genética cuantitativa*. Traducción al español de la 2ª edición en Inglés por Fidel Márquez S. Ed. Continental, S. A. México. 430 p.
- Godshalk, E. B. and K. D. Kauffmann. 1995. Performance of exotic x temperate single-cross maize hybrids. *Crop Sci.* 35:1042-1045.
- Gómez M., N. O., F. Castillo G. y F. Márquez S. 1994. Identificación de un patrón heterótico de maíz en el trópico de México. *In*: Memorias. 11º Congreso Latinoamericano de Genética (Área Vegetal) y XV Congreso de Fitogenética. 25-30 de septiembre. Monterrey, N. L., México. pp: 380.
- Goodman M., M. 1965. Estimates of genetic variance in adapted and exotic populations of maize. *Crop Sci.* 5:87-90.
- Goodman M., M. 1990. Genetic and germplasm stocks worth conserving. *Journal of Heredity*, 81:11-16.

- Gouesnard, B. and A. Gallais. 1992. Genetic variance component estimation in a nested mating design with assortative mating, and application to maize. *Crop Sci.* 32:1127-1131.
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust. J. Biol. Sci.* 9:463:493.
- Hallauer, A. R. and J. B. Miranda F. 1981. *Quantitative Genetics in Maize Breeding.* Iowa State University Press / Ames. 468 p.
- Hernández C., J. M. 1994. Estimación de efectos genéticos en poblaciones nativas de maíz sobresalientes en Valles Altos Centrales, Bajío y Trópico. Tesis de Doctorado en Ciencias. Colegio de Postgraduados, Montecillo, Méx. 201 p.
- Herrera C., B. E., R. Díaz R. y A. Muñoz O. 1994. Evaluación de cruzas intervarietales en maíz en la Mixteca Alta poblana. *In: Memorias. 11° Congreso Latinoamericano de Genética (Área Vegetal) y XV Congreso de Fitogenética. 25-30 de septiembre. Monterrey, N. L., México. pp. 357.*
- Hoffbeck, M. D., S. J. Openshaw, J. L. Geadelman, R. H. Peterson, and D. D. Stuthman. 1995. Backcrossing and intermating in an exotic x adapted cross of maize. *Crop Sci.* 35:1359-1364.
- Jugenheimer, R. W. 1981. *Maíz variedades mejoradas, métodos de cultivo y producción de semillas. Traducción al español por Rodolfo Piña García. Ed. Limusa. México, D.F. 841p.*
- Manjarrez S., M. y P. Murillo N. 1994. Evaluación de colectas nativas de maíz y sus cruzas con tres probadores. *In: Memorias. 11° Congreso Latinoamericano de Genética (Área Vegetal) y XV Congreso de Fitogenética. 25-30 de septiembre. Monterrey, N. L., México. 362 p.*
- Márquez S., F. 1992. *Genotecnia Vegetal Métodos, Teoría y Resultados. Tomo I. A.G.T. editor, S.A. México, D. F. 357 p.*
- Márquez S., F. 1992. La interacción genético-ambiental en genotecnia vegetal. *In: Sánchez G., J. J., J. Ron P., F. Márquez S. (comps.). Memorias del Simposio de*

Interacción Genotipo-Ambiente en Genotecnia Vegetal. Guadalajara, Jalisco, 26 y 27 marzo de 1992. pp:1-27.

Márquez S., F. 1996. Filosofía, teoría y práctica del mejoramiento genético del maíz. *In:* López B., A., S. A. Rodríguez H., G. Martínez Z. (eds.). Memorias del Curso Internacional de Actualización en Fitomejoramiento y Agricultura Sustentable. Saltillo, Coah. México. pp: 154-160.

Márquez S., 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., L. Sahagún C., J. A. Carrera V. y E. Barrera. 1996. Conservación y Aprovechamiento de la Diversidad Racial Total del Maíz en México. Avances. *In:* López B., A., S. A. Rodríguez H., G. Martínez Z. (eds.). Curso Internacional de Actualización en Fitomejoramiento y Agricultura Sustentable. Saltillo, Coah. México. pp: 284.

Muñoz O., A., M. Liviera M. y J. Ron P. 1976. Mejoramiento del maíz en el CIAMEC II. Ampliación de la base germoplásmica y su aprovechamiento considerando caracteres agronómicos, rendimiento y estabilidad. Memorias del VI Congreso Nacional de Fitogenética (SOMEFI). Monterrey, N. L.

Navas A., A. A. y T. Cervantes S. 1991. Selección en cruzas interraciales tropicales de maíz de México para adaptación a Valles Altos. *Agrociencia* 2 (4):97-114.

Oyervides G., A. 1986. Estudio de la importancia económica de tres caracteres morfológicos de maíz. Tesis de Maestría en Ciencias. Colegio de Postgraduados, Chapingo, México. 151 p.

Oyervides G., M., A. R. Hallauer, and H. Cortez. 1985. Evaluation of improved maize populations in México and the U. S. Corn Belt. *Crop Sci.* 25: 115-120.

Peña R., A. y Martín del Campo, V. S. 1994. Estabilidad de híbridos experimentales de maíz de diferente germoplasma. *In:* Memorias. 11° Congreso Latinoamericano de Genética (Área Vegetal) y XV Congreso de Fitogenética. 25-30 de septiembre. Monterrey, N. L., México. pp: 367.

- Pollak, L. M. 1993. Evaluation of Caribbean maize accessions in Puerto Rico. *Trop. Agric.* 70(1):8-12.
- Pollak, L. M. 1996. The U. S. Germplasm enhancement of maize (GEM) project. *In:* López B., A., S. A. Rodríguez H., G. Martínez Z. (eds.). *Memorias del Curso Internacional de Actualización en Fitomejoramiento y Agricultura Sustentable*. Saltillo, Coah. México. pp: 180 - 195.
- Robles S., R. 1986. *Genética elemental y fitomejoramiento práctico*. Ed. Limusa, S. A., México, D. F. 460 p.
- Ron P., J. 1994. Mejoramiento de germoplasma de maíz del trópico-subtrópico. *In:* *Memorias. 11° Congreso Latinoamericano de Genética (Área Vegetal) y XV Congreso de Fitogenética. 25-30 de septiembre. Monterrey, N. L., México. pp: 358.*
- Salhuana, W. 1988. Seed increase and germplasm evaluation. *In:* *Recent advances in the conservation and utilization of genetic resources: Proceedings of the global maize germplasm workshop. CIMMYT, México, D. F. pp: 29-38.*
- Salhuana, W., L. M. Pollak, M. Ferrer, O. Paratori and G. Vivo. 1998. Breeding potential of maize accessions from Argentina, Chile, USA and Uruguay. *Crop Sci.* 38:866-872.
- Sánchez, M. R., J. Molina G. y E. Casas D. 1973. Efecto de dosis de germoplasma exótico y de citoplasma tropical sobre el rendimiento de cruzamientos trópico x Mesa Central en maíz (*Zea mays* L.). *Agrociencia* 11 (1): 151-179. México.
- SAS. 1996. *SAS/STAT user's guide: 6.11th ed. Vol. 2.* SAS Inst. Cary, N. C. 956 p.
- Stojšin, D. and L. W. Kannenberg. 1995. Evaluation of maize populations as sources of favorable alleles improvement of two single-cross hybrids. *Crop Sci.* 35:1353-1359.
- Torres F., J., G. Srinivasan y J. E. Lothrop. 1994. Mejoramiento para tolerancia a endocría y utilización de heterosis en maíz de valles altos. *In:* *Memorias. 11° Congreso Latinoamericano de Genética (Área Vegetal) y XV Congreso de Fitogenética. 25-30 de septiembre. Monterrey, N. L., México. pp. 355.*

VIII. APÉNDICE

Cuadro A.1. Cuadrados medios del análisis de varianza de la población A (50:50 de germoplasma criollo y mejorado respectivamente) en la localidad de Úrsulo, Galván, Ver.

F. V.	G.L.	FM días	G.L.	AP cm	AM cm	G.L.	REND (ton ha ⁻¹)	PRO índice
Repeticiones (Rep)	1	4.09 ns	1	1400.57 ns	1793.54 ns	1	7.53 ns	0.03 **
Bloques (Blk)/Rep	10	3.72 ns	10	334.00 ns	348.98 ns	10	1.05 ns	0.00 ns
Machos (M)	29	4.18 ns	29	792.10 *	600.60 *	29	1.95 **	0.01 ns
Hembras (H)/M	84	2.85 ns	86	414.32 **	376.90 **	86	1.01 *	0.00 ns
Error	93	2.27	102	205.98	208.62	103	0.65	0.00
C.V. (%)		2.71		5.90	10.03		16.80	8.77

* y ** = Significativo al 0.05 y 0.01 de probabilidad respectivamente; ns = no significativo; C.V.(%)= Coeficiente de Variación. G.L.= Grados de libertad; FM= Floración masculina; AP= Altura de planta; AM=Altura de mazorca; REND= Rendimiento; PRO= Prolificidad.

Cuadro A.2. Cuadrados medios del análisis de varianza de la población A (50:50 de germoplasma criollo y mejorado respectivamente) en la localidad de Tepalcingo, Mor.

F. V.	G.L.	FM días	G.L.	AP cm	AM cm	G.L.	REND (ton ha ⁻¹)	PRO índice
Repeticiones (Rep)	1	2.32 ns		1398.96 ns	2552.89 ns	1	2.75 ns	0.00 ns
Bloques (Blk)/Rep	10	1.69 ns		933.36 **	750.12 **	10	3.43 ns	0.05 ns
Machos (M)	29	7.83 **		500.05 *	441.92 ns	29	6.08 ns	0.10 ns
Hembras (H)/M	86	2.93 **		314.20 ns	283.70 ns	86	4.07 **	0.07 *
Error	101	1.31		256.28	277.89	103	2.06	0.05
C.V. (%)		1.77		7.13	12.68		26.67	25.75

* y ** = Significativo al 0.05 y 0.01 de probabilidad respectivamente; ns = no significativo; C.V.(%)= Coeficiente de Variación. G.L.= Grados de libertad; FM= Floración masculina; AP= Altura de planta; AM=Altura de mazorca; REND= Rendimiento; PRO= Prolificidad.

Cuadro A.3. Cuadrados medios del análisis de varianza de la población B (25:75 de germoplasma criollo y mejorado respectivamente) en la localidad de Úrsulo, Galván, Ver.

F. V.	G.L.	FM días	G.L.	AP cm	AM cm	G.L.	REND (ton ha ⁻¹)	PRO índice
Repeticiones (Rep)	1	11.78 ns	1	1121.23 ns	553.19 ns	1	24.72 *	0.05 ns
Bloques (Blk)/Rep	10	6.34 **	10	873.35 **	554.88 **	10	1.40 ns	0.02 ns
Machos (M)	29	1.77 ns	29	450.96 *	184.07 ns	29	0.98 ns	0.02 ns
Hembras (H)/M	84	1.86 ns	89	263.60 *	230.20 *	89	1.39 **	0.01 ns
Error	101	1.81	106	165.01	162.38	106	0.76	0.01
C.V. (%)		2.46		5.69	10.09		16.55	11.33

* y ** = Significativo al 0.05 y 0.01 de probabilidad respectivamente; ns = no significativo; C.V.(%)= Coeficiente de Variación. G.L.= Grados de libertad; FM= Floración masculina; AP= Altura de planta; AM=Altura de mazorca; REND= Rendimiento; PRO= Prolificidad.

Cuadro A.4. Cuadrados medios del análisis de varianza de la población B (25:75 de germoplasma criollo y mejorado respectivamente) en la localidad de Tepalcingo, Mor.

F. V.	G.L.	FM días	G.L.	AP cm	AM cm	G.L.	REND (ton ha ⁻¹)	PRO índice
Repeticiones (Rep)	1	2.74 ns	1	277.31 ns	510.80 ns	1	11.49 ns	0.42 ns
Bloques (Blk)/Rep	10	0.81 ns	10	349.44 *	295.54 ns	10	3.20 ns	0.09 *
Machos (M)	29	7.11 **	29	321.35 ns	526.31 **	29	6.10 **	0.11 ns
Hembras (H)/M	85	2.28 **	85	217.18 ns	217.86 ns	85	3.02 *	0.09 **
Error	100	1.05	100	173.52	177.24	99	2.04	0.05
C.V. (%)		1.59		6.17	11.29		24.56	22.10

* y ** = Significativo al 0.05 y 0.01 de probabilidad respectivamente; ns = no significativo; C.V.(%)= Coeficiente de Variación. G.L.= Grados de libertad; FM= Floración masculina; AP= Altura de planta; AM=Altura de mazorca; REND= Rendimiento; PRO= Prolificidad.

Cuadro A.5. Componentes de varianza estimados a partir del análisis de varianza por localidad, en Úrsulo, Galván, Ver. en la población A (50:50 de germoplasma criollo y mejorado respectivamente).

Estimadores	FM días	AP cm	AM cm	REND (ton ha ⁻¹)	PRO índice
V _M	0.17	60.66	36.96	0.14	0
V _{H/M}	0.39	121.63	86.57	0.18	0.00
V _A	0.69	242.66	147.85	0.54	0
V _D	0.88	243.85	198.43	0.20	0.00
V _G	1.56	486.50	346.28	0.74	0.00
V _E	2.27	205.98	208.62	0.65	0.00
V _F	3.83	692.48	554.90	1.38	0.01
h ²	0.18	0.36	0.27	0.39	0

V_M, V_{H/M}, los componentes de varianza debidos a Machos, Hembras dentro de Machos; V_A, V_D, V_G y CME, Los estimadores de Varianza aditiva, de dominancia, genotípica y Cuadrado Medio del Error; h² la Heredabilidad .

Cuadro A.6. Componentes de varianza estimados a partir del análisis de varianza por localidad en Tepalcingo, Mor. en la población A (50:50 de germoplasma criollo y mejorado respectivamente).

Estimadores	FM días	AP cm	AM cm	REND (ton ha ⁻¹)	PRO índice
V _M	0.65	21.57	20.05	0.27	0.04
V _{H/M}	0.95	34.46	0	1.07	0.01
V _A	2.6	86.26	80.2	1.09	0.02
V _D	1.21	51.56	-80.2 [†]	3.19	0.04
V _G	3.81	137.82	0	4.28	0.05
V _E	1.31	256.28	277.89	2.06	0.05
V _F	5.12	394.10	277.89	6.33	0.1
h ²	0.51	0.22	0.29	0.17	0.16

V_M, V_{H/M}, los componentes de varianza debidos a Machos, Hembras dentro de Machos; V_A, V_D, V_G y CME, Los estimadores de Varianza aditiva, de dominancia, genotípica y Cuadrado Medio del Error; h², la Heredabilidad. [†] Valores negativos fueron considerados igual a cero.

Cuadro A.7. Componentes de varianza estimados a partir del análisis de varianza por localidad en Úrsulo, Galván, Ver. en la población A (25:75 de germoplasma criollo y mejorado respectivamente).

Estimadores	FM días	AP cm	AM cm	REND (ton ha ⁻¹)	PRO índice
V _M	0	24.50	0	0	0
V _{H/M}	0.09	55.60	33.17	0.29	0
V _A	0	97.98	0	0	0
V _D	0.37	124.41	132.70	1.14	0
V _G	0.37	222.40	132.70	1.14	0
V _E	1.81	165.01	162.38	0.76	0.01
V _F	2.18	387.41	295.08	1.90	0.01
h ²	0	0.25	0	0	0

V_M, V_{H/M}, los componentes de varianza debidos a Machos, Hembras dentro de Machos; V_A, V_D, V_G y CME, Los estimadores de Varianza aditiva, de dominancia, genotípica y Cuadrado Medio del Error; h², la Heredabilidad.

Cuadro A.8. Componentes de varianza estimados a partir del análisis de varianza por localidad en Tepalcingo, Mor. en la población A (25:75 de germoplasma criollo y mejorado respectivamente).

Estimadores	FM días	AP cm	AM cm	REND (ton ha ⁻¹)	PRO índice
V _M	0.79	14.35	42.35	0.44	0.00
V _{H/M}	0.71	31.92	25.86	0.54	0.02
V _A	3.16	57.38	169.38	1.74	0.00
V _D	-0.32 [†]	70.30	-65.94	0.43	0.08
V _G	2.85	127.68	103.44	2.17	0.09
V _E	1.05	173.52	177.24	2.04	0.05
V _F	3.90	301.20	280.68	4.21	0.13
h ²	0.81	0.19	0.60	0.41	0.06

V_M, V_{H/M}, los componentes de varianza debidos a Machos, Hembras dentro de Machos; V_A, V_D, V_G y CME, los estimadores de Varianza aditiva, de dominancia, genotípica y Cuadrado Medio del Error; h², la Heredabilidad. [†] Valores negativos fueron considerados igual a cero.