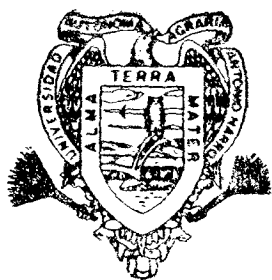


ESTIMACION DE COMPONENTES DE VARIANZA  
GENETICAS A PARTIR DE LINEAS S<sub>1</sub> Y FAMILIAS  
DE MEDIOS HERMANOS EN GIRASOL  
(*Helianthus annuus* L.)

JOSE ARTURO ARELLANO DORADO

TESIS

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



Universidad Autónoma Agraria  
Antonio Narro

PROGRAMA DE GRADUADOS  
Buenavista, Saltillo, Coah.  
AGOSTO DE 1991

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

**MAESTRO EN CIENCIAS  
EN FITOMEJORAMIENTO**

Comite Particular

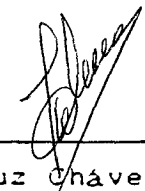
Asesor principal:

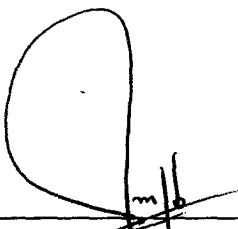
  
Dr. Eleuterio López Pérez

Asesor:

Biol. MC. Manuel Humberto Reyes Val

Asesor:

  
Ing. MC. José Luz Chávez Araujo

  
Dr. José Manuel Fernández Brondo  
Subdirector de Asuntos de Postgrado



BIBLIOT  
EGIDIO G. REY  
BANCO DE  
U.A.A.A.

Buenavista, Saltillo, Coahuila. Agosto de 1991

## AGRADECIMIENTOS

Mi más sincero agradecimiento al Dr. Eleuterio López Pérez por su confianza depositada para la ejecución del presente trabajo de investigación.

Al Biól. MC. Manuel Humberto Reyes por su invaluable asesoría, gran profesionalismo y destacada participación en la conclusión de esta investigación.

Al Ing. MC. José Luz Chávez Araujo por su colaboración, orientaciones y sugerencias para la realización del mismo.

Al Ing. MC. Antonio Díaz por sus desinteresados consejos estadísticos y orientación para la búsqueda de bibliografía.

A la TLQ. Teresa Elena Pinela de M. por su ayuda en el laboratorio para la medición del contenido de aceite.

A los trabajadores de oleaginosas Toño y Miguel, por su participación en el trabajo de campo.

## DEDICATORIA

A mi esposa Velia;

*Cón todo mi amor, porque  
ha sabido alentarme y  
fortalecerme en todo mo-  
mento y es el pilar de  
nuestra familia.*

A ese trío de "Pillos"  
que en sus ansias de vivir,  
me han dado grandes leccio-  
nes de amor y sobrevivien-  
cia...mis hijos:

Pablo Arturo  
Fabián Humberto  
y Rosa Isela.

A mi madre:

Juanita Dorado de Arellano  
*por su ejemplo inimita-  
ble de lucha y amor por  
la vida.*

A mi suegro y compadre:  
Jorge Zambrano Alba,  
*por toda su ayuda y apoyo  
que me ha brindado.*

A mis hermanos:

Tere  
Toño  
Martha  
Mayela  
Raquel y  
Jorge  
*porque nos sigamos superando  
siempre.*

A mis amigos y compañeros de postgrado.

A las familias Chávez Rodríguez, Macías Martínez,  
Almonte Bryan y Perales Vega, por la bella convivencia que  
disfrutamos.

## COMPENDIO

Estimación de Componentes de Varianza Genética a Partir de  
Líneas  $S_1$  y Familias de Medios Hermanos en Girasol  
(*Helianthus annuus* L.)

POR

JOSE ARTURO ARELLANO DORADO

MAESTRIA EN FITOMEJORAMIENTO

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA. Agosto 1991

Dr. Eleuterio López Pérez -Asesor-

Palabras clave: Girasol. componentes de varianza genética. líneas  $S_1$  y familias de medios hermanos.

En la presente investigación se propone una metodología (alterna a los diseños genéticos) para estimar los componentes de varianza genética a partir de líneas  $S_1$  y familias de medios hermanos en una población alógena (girasol). Para ello se realizaron dos experimentos: en el experimento I se evaluaron 156 familias  $S_1$  para seis características, y en el experimento II se evaluaron 180

familias de medios hermanos. Las líneas y las familias se formaron a partir de la misma población.

Se estimaron los componentes de varianza genética de la población en cuestión y se encontró que las características días a 50 por ciento de floración, peso de 100 aquenios y altura de planta están controladas en su mayoría por efectos aditivos y la varianza de dominancia tiene poca ingerencia en el control de tales características.

Para diámetro de capítulo y rendimiento ajustado, se observó que las varianzas de dominancia son mucho más importantes que sus respectivas varianzas aditivas.

En cuanto a contenido de aceite se apreció que existe una pequeña desviación de dominancia, respecto al valor alcanzado por la varianza aditiva y puede interpretarse en términos generales que la acción génica aditiva reviste mayor importancia que la de dominancia para el control de este carácter.

Los anteriores resultados coinciden con los reportados por Putt (1966); Fick (1978) y Miller et al. (1980) quienes realizaron diseños dialélicos en girasol.

Es importante aclarar que los estimadores obtenidos están basados en una sola localidad, por lo que deben tomarse con las reservas que el caso amerite.



**ABSTRACT**

Estimation of Genetic Variance In  $S_1$  Lines and Families of Half Breed Plants of Sunflower (*Helianthus annuus* L.)

BY

ARTURO ARELLANO DORADO

MASTER OF SCIENCE  
IN  
PLANT BREEDING

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO  
BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA. August, 1991

Dr. Eleuterio López Pérez -Advisor-

Key Words: Sunfler, genetic variance components  $S_1$  lines and families of half-breed plants.

In this research a methodology -alternate to genetic designs- is proposed to estimate the genetic variance components starting from  $S_1$  lines and families of half-breed plants in an alogamic population of sunflower. In order to accomplish the aforesaid two experiments were established;

in Experiment I 156 lines  $S_1$  were evaluated for six characteristics, and in Experiment II 180 families of half breed plants were evaluated. Lines and families were obtained from the same population.

After estimation of genetic variance components of that population it was found that characteristics: days to 50 per cent of flowering, weight of 100 achenia and plant height are controlled, in a high degree, by additive effects and that variance of dominance has little importance in the control of such characteristics.

For flower head diameter and adjusted yield it was observed that dominance variances are much more important than its respective additive variances.

As far as oil contents is concerned, it was found that there exists a small deviation of dominance for the value obtained for the additive variance and it could be assumed, in general, that genic additive action has a greater importance than dominance itself for controlling this character

Results in both experiments agree with those reported by Putt (1966), Fick (1978) and Miller *et al.* (1980) who worked with diallelic designs in sunflower.

It is necessary to state that results were obtained on the basis of one and only locality so it is advisable to be cautious before they are accepted.

## INDICE DE CONTENIDO

	Pagin
INDICE DE CUADROS.....	xiii
INTRODUCCION.....	1
REVISION DE LITERATURA.....	3
MATERIALES Y METODOS.....	16
Material Biológico.....	16
Procedimiento Experimental.....	17
Análisis Estadístico.....	21
RESULTADOS Y DISCUSION.....	29
CONCLUSIONES.....	45
RESUMEN.....	46
LITERATURA CITADA.....	50
APENDICE.....	53

## INDICE DE CUADROS

Cuadro No.		Página
3.1.	Componentes del análisis de varianza....	23
3.2.	Componentes del análisis de varianza....	23
4.1.	Cuadrados medios para seis característi- cas de girasol en el experimento I (lí- neas $S_1$ ).....	30
4.2.	Las mejores 15 familias seleccionadas en base a rendimiento del experimento I (líneas $S_1$ ) y el experimento II (familias de medios hermanos).....	32
4.3.	Parámetros genéticos para seis características de girasol en el experi- mento I (líneas $S_1$ ).....	33
4.4.	Cuadrados medios para seis característi- cas de girasol en el experimento II (familias de medios hermanos).....	35

Cuadro No.		Página
4.5.	Parametros genéticos y error estandar para seis características de girasol en el experimento II (familias de medios hermanos).....	38
4.6.	Estimación de componentes de varianza genética a partir de líneas $S_1$ y familias de medios hermanos.....	39
A.1.	Datos promedio de las seis características agronómicas para 156 familias de medios hermanos.....	56
A.2.	Datos promedio de las seis características agronómicas medidas para 180 familias de medios hermanos.....	60

## INTRODUCCION

La estimación de componentes de varianza genética en una población proporciona al mejorador de plantas, información de naturaleza genética que representa una herramienta estadística muy eficaz para decidir hacia donde ha de conducir sus poblaciones.

Los principales métodos utilizados son los diseños I, II y III propuestos por Comstock y Robinson (1948) y las cruzas dialélicas analizadas con técnicas genético-estadísticas desarrolladas por Sprague y Tatum (1942). Todos estos diseños de apareamiento coinciden con mayor o menor precisión en particionar la varianza genética en sus diferentes componentes.

Se ha observado sin embargo, que no siempre es posible recurrir a los diseños genéticos ya que su uso muchas veces está limitado por falta de recursos; económicos, humanos, de infraestructura, e incluso de tiempo, o bien sencillamente por características intrínsecas a la naturaleza de la especie de interés, por ejemplo: en girasol (*Helianthus annuus* L.) sus estructuras florales, determinan múltiples dificultades en el proceso de emascula-

ción, que debe realizarse con sumo cuidado en la extracción de anteras y sin lesionar el estilo del gineceo.

Además presenta el fenómeno de protandria que lleva implícita una desarmonía entre los tiempos de maduración del polen y la receptividad de los estigmas, lo cual provoca un alto grado de dificultad para su empleo en cualquier diseño de apareamientos.

Vistas estas consideraciones, la presente investigación se da a la tarea de proponer un método (alternante a los diseños genéticos ya existentes) que sea de relativa sencillez en su concepción, que optimice el factor tiempo y sobre todo que sea capaz de proporcionar al mejorador la información de naturaleza genético-estadística que requiera. Así pues, la presente investigación se propone a cumplir con los siguientes objetivos:

1. Proponer una metodología alterna a los diseños genéticos para estimar los componentes de varianza en una población alógama.
2. Utilizar dicha metodología para estimar los componentes de varianza de la población de girasol (*Helianthus annuus* L.) "Tamaulipas Selección para Alto Rendimiento" Ciclo 3 del Programa de Oleaginosas de la Universidad Autónoma Agraria "Antonio Narro" (UAAAN).



## REVISION DE LITERATURA

Dentro del marco de oleaginosas producidas en México el girasol es la especie que se considera con mayor probabilidades de expansión a corto plazo, por su gran rango de adaptación y su factibilidad a la mecanización y cultivo.

Según los datos más recientes de la Secretaria de Agricultura y Recursos Hidraulicos (SARH) (1989) indican que durante este año en el ciclo primavera-verano se sembraron 4912 hectáreas de girasol. las cuales tuvieron una producción media de 0.83 ton/ha. haciendo una producción total anual de 4076 toneladas.

El conocimiento de los recursos genéticos es importante en los programas de mejoramiento genético, debido a que permite impulsar la producción de variedades de mayor rendimiento, resistentes a plagas y enfermedades comunes en México, y que actualmente son factores limitantes en la producción (Gallegos, 1978).

Falconer (1977) indica que la heredabilidad no es propiedad del carácter únicamente, sino que también lo es de la población y de los aspectos ambientales a que están

medidos los individuos. Por esta razón, la heredabilidad usada en las formulas relacionadas con los métodos de injeramiento.

Fick (1978) asegura que la mayoría de los métodos de injeramiento utilizados en maíz y en otros cultivos de hibridación cruzada, son aplicables al girasol, con ciertas modificaciones, debido a su proceso de floración y características morfológicas.

Robles (1986) hace mención de que el girasol es una especie que presenta protandria bien definida; por lo tanto, como el término protandria lo implica, primero maduran los anillos de polen y se dispersan por dehiscencia de las anteras, después son receptivos los estigmas, lo cual impide la autopolinización. En conclusión el girasol es de comportamiento típicamente alógamo por efecto de protandria y de autoincompatibilidad. Sin embargo, es posible la autopolinización si se cubre el capítulo con una bolsa de papel o tela, que impida la entrada de polen extraño, debido a que la inflorescencia principia a producir polen en las brácteas de la región exterior y posteriormente siguen madurando hacia el centro, transcurren de cinco a 10 días, durante cuyo lapso el polen de unas se dispersa y cae en otras brácteas de la misma inflorescencia cubierta con la bolsa.

Hallauer y Miranda (1981) mencionan que la efectividad de la selección recurrente depende básicamente de la variabilidad genética, de las frecuencias génicas de la población original y de la heredabilidad de las características bajo selección.

Burton *et al.* (1971) y Smith (1979) coinciden en concluir que la selección recurrente fue desarrollada como un método para incrementar la frecuencia de genes favorables en las poblaciones, manteniendo una gran parte de la variabilidad genética que es indispensable para el mejoramiento poblacional.

Chávez y López (1987) hacen ver que la selección recurrente entre familias de medios hermanos se basa en la selección de plantas que tienen un padre en común, incluye pruebas de progenie y algunas variantes, las cuales dependen del tipo de probador usado para producir las progenies; por lo tanto, las diferencias entre los métodos de selección de FMH, están en relación al tipo de probador usado, al método de probar las progenies, y en la semilla usada para recombinar.

Céspedes (1982) concluye que el método de selección recurrente entre líneas  $S_1$  es un recurso muy efectivo y puede ser utilizado para mejorar los caracteres de contenido de aceite y rendimiento en girasol, y que en general la

respuesta a la selección (ganancia genética), es favorable para las dos variables estudiadas.

Sprague (1966) menciona que en programas de selección recurrente en maíz se utilizaron sucesivamente pruebas de familias de medios hermanos para estimar las varianzas aditivas.

Aguirre (1983) evaluó el ciclo cero en la población de girasol (*Helianthus annuus* L.) denominada TSAR Co y reportó las siguientes medias: altura de planta 1.40 m, días a flor 144 días, diámetro de capítulo 14.25 cm, contenido de aceite 36.33 por ciento y 1200.8 kg/ha en rendimiento.

Reyes (1985) realiza índices de selección con la población C<sub>1</sub> y menciona las siguientes medias obtenidas: 1.84 m para altura de plantas, 71.68 días a 50 por ciento de floración, 7.35 gr en peso de 100 aquenios, 17.73 cm para diámetro de capítulo y 2246.03 kg/ha para rendimiento.

Machado (1988) y Aguilera (1989) obtienen las siguientes medias en sus trabajos de investigación con la población TSAR C<sub>2</sub>; 1.15 m en altura de planta, 85.14 días a 50 por ciento de floración, 4.84 g en peso de 100 aquenios, 4.93 cm de diámetro de capítulo, 34.66 por ciento de contenido de aceite y un rendimiento promedio de 1117.37 kg/ha.

Putt (1966) realizó un estudio para estimar la ACG y ACE en girasol para ocho características agronómicas en un dialélico con 10 líneas endogámicas reportando lo siguiente: en el caso de rendimiento la ACE fue más importante que la ACG sugiriendo con esto, que para rendimiento la varianza genética no aditiva fue más importante que la aditiva.

Para el contenido de aceite fue mayor la ACG que la ACE, indicando para este caso que la varianza aditiva es más importante para el contenido de aceite. En lo que respecta al peso de 1000 aquenios; la ACG fue mayor que la AGE sugiriendo la importancia de los "genes aditivos" para el control de este carácter.

Fick (1975) en un estudio de la heredabilidad del contenido de aceite en girasol, reporta también que los efectos genéticos aditivos controlan el contenido de aceite.

Miller *et al.* (1980) comprobaron las investigaciones llevadas a cabo por Putt (1966) y Fick (1975) donde mencionan que el contenido de aceite está controlado por acción génica aditiva. Asimismo encontraron que la acción génica aditiva es importante para la mayoría de los caracteres agronómicos tales como; rendimiento, altura de planta, peso de 1000 aquenios, y días a floración. No sin antes sugerir que al

parecer la varianza de dominancia sólo es importante para rendimiento y diámetro de capítulo.

Fick (1978) indica que el diámetro de capítulo está ampliamente influenciado por efectos del medio ambiente, por lo que la porción de la variación total que se atribuye a efectos genéticos a menudo es baja.

Gardner (1963) cita que Fisher fue el primero en demostrar que los componentes de varianza pueden ser particionados en tres partes: (1) porción aditiva asociada con el efecto promedio de los genes; (2) porción de dominancia debida a una interacción intra-alélica; y (3) una varianza epistática que resulta de interacciones interalélica de genes de dos o más loci, la cual es divisible en aditiva x aditiva, aditiva x dominante, y dominante x dominante para el caso de dos loci.

Hallauer y Miranda (1981) indican que la varianza genética entre FMH para poblaciones en equilibrio Hardy-Weinberg pueden ser interpretadas:

$$\sigma^2_{gFMH} = 1/4\sigma^2_A$$

Teóricamente el total de la varianza genética (entre y dentro de FMH) equivale al total de la varianza genética de la población en referencia. Esto es;  $\sigma^2_g = \sigma^2_A + \sigma^2_D$ , y de la varianza total  $(1/4)\sigma^2_A$  se expresa entre FMH y el

remanente  $(3/4)\sigma^2A + \sigma^2D$  está presente dentro de las FMH de la población.

Esto se demuestra a través de la covarianza entre familias de medios hermanos (WHS): Sea  $A_p$  el valor reproductivo del progenitor común y el GHS, el valor genotípico de la familia de medios hermanos.

$$GHS = 1/2 A_p$$

$$WHS = \text{Var} (GHS)$$

$$= \text{Var} (1/2 A_p)$$

$$= 1/4 A_p = 1/4 \sigma^2A$$

Los mismos autores citan que las líneas  $S_1$  en familias endocriadas, pueden ser interpretadas en término de sus varianzas en las siguientes situaciones:

a) No dominancia  $\sigma^2_g S_1 = \sigma^2A,$

b) Cuando las frecuencias génicas son iguales a .5 para todos los loci:  $\sigma^2_g S_1 = \sigma^2A + 1/4 \sigma^2D.$

Lo anterior se demuestra de la siguiente manera: partiendo de una población en equilibrio  $p = q = .5.$

Las fracciones génicas serían:

$$1/4 \text{ AA} \quad + \quad 1/2 \text{ Aa} \quad + \quad 1/4 \text{ aa}$$

líneas  $S_1 \longrightarrow \otimes$

$\otimes$

$\otimes$

$$1/4 \text{ AA} + 1/2[1/4\text{AA} + 1/2\text{Aa} + 1/4\text{aa}] + 1/4\text{aa}$$

Transpolando estos valores a la escala de Fisher:

$$\text{AA} = a \quad \text{Aa} = d \quad \text{aa} = -a$$

$$= 1/4a + 1/2[1/4a + 1/2d + 1/4(-a)] + 1/4(-a)$$

$$= 1/4a + 1/2[1/2d] + 1/4(-a)$$

$$= 1/4d = \mu \text{ de las líneas } S_1$$

Para obtener la varianza sabemos que:

$$\sigma^2 = E(x)^2 - [(Ex)]^2 \quad \text{sustituyendo:}$$

$$\sigma^2 = 1/4a^2 + 1/2[1/4d^2] + 1/4a^2 - [1/4d]$$

$$= 1/2a^2 + 1/8d^2 - 1/16d^2$$

$$= 1/2a^2 + 1/16d^2$$

donde:

$$1/2a^2 = \sigma^2_A \text{ de las líneas } S_1$$

$$1/16d^2 = \sigma^2_D \text{ de las líneas } S_1$$

Según Fisher cita que:

$$\sigma^2_A = 2 \text{ pq } [a - (p - q)d]^2 \quad \text{sustituyendo los valores de}$$

p y q:

$$= 2 (.5)(.5)[a - (.5 - .5)d]^2$$



$$\begin{aligned}
 &= .5 [a]^2 \\
 &= 1/2a^2 = \text{toda la } \sigma^2 A \text{ de la población} \\
 \sigma^2 D &= 4p^2 q^2 d^2 \\
 &= 4 (.5)^2 (.5)^2 d^2 \\
 &= .25d^2 \\
 &= 1/4d^2 = \text{toda la } \sigma^2 D \text{ de la población}
 \end{aligned}$$

$$\text{Así la } \sigma^2 g \text{ líneas } S_1 = \sigma^2 A + 1/4\sigma^2 D$$

Los diseños genéticos han sido utilizados para obtener información de naturaleza genética. Cuatro de los sistemas de apareamiento más ampliamente usados serán mencionados. Los diseños I, II, III, propuestos por Comstock y Robinson (1948) y las cruza dialélicas analizadas con técnicas genético-estadísticas por Sprague y Tatum (1942) han sido muy útiles para obtener información de las clases y cantidades de variación genética en poblaciones específicas.

El diseño I involucra apareamientos de machos escogidos aleatoriamente con hembras seleccionadas para producir progenies de medios hermanos y hermanos completos.

El diseño II es excelente para plantas multifloreas ya que involucra un conjunto de progenitores escogidos aleatoriamente dividido en dos grupos.

Las progenies son producidas por apareamiento de todos los miembros de un grupo (machos) con todos los miembros de otro grupo (hembras).

El diseño III involucra apareamiento de plantas  $F_2$  aleatoriamente escogidas o plantas de generaciones más avanzadas retrocruzadas a ambas líneas endogámicas progenitores, produciendo pares de progenies retrocruzadas.

Las cruzas dialélicas involucran todos los posibles apareamientos entre un grupo de progenitores escogidos al azar, en el caso de efectos aleatorios.

Comstock y Robinson (1952) señalan que las asunciones para derivar las esperanzas de cuadrados medios y las interpretaciones para los diseños I, II, y III son las siguientes: 1) no efectos maternos; 2) no alelos múltiples; 3) no ligamiento; 4) no epístasis; 5) selección al azar de los progenitores; 6) comportamiento diploide regular en la meiosis; 7) distribución aleatoria de los genotipos sobre las variaciones ambientales; 8) frecuencias génicas iguales al 50 por ciento en todos los loci.

Bajo estas suposiciones, los componentes de varianza genética estimadas en los diseños genéticos tienen las siguientes interpretaciones:

<u>Diseño</u>	<u>Componentes de Varianza</u>	<u>Equivalente genético</u>
Diseño I, I+I	$\sigma^2_M$	$1/4 \sigma^2_A$
Diseño I	$\sigma^2_f$	$1/4 \sigma^2_A + 1/4 \sigma^2_D$
Diseño III	$\sigma^2_{ml}$	$\sigma^2_D$
Cruzas Dialélicas Diseño II	$\left. \begin{matrix} \sigma^2_g \text{ (ACG)} \\ \sigma^2_m \end{matrix} \right\}$	$\frac{(1+F)}{4} \sigma^2_A$
Cruzas Dialélicas Diseño II	$\left. \begin{matrix} \sigma^2_S \text{ (ACE)} \\ \sigma^2_{mf} \end{matrix} \right\}$	$\left[ \frac{1+F}{2} \right]^2 \sigma^2_D$

donde:

- $\sigma^2_M$  = varianza genética de los machos
- $\sigma^2_f$  = varianzas de hembras dentro de los machos
- $\sigma^2_{ml}$  = varianza de interacción de machos por líneas
- $\sigma^2_g$  = varianza de la habilidad combinatoria general
- $\sigma^2_s$  = varianza de la habilidad combinatoria específica
- $\sigma^2_{mf}$  = varianza de la interacción de los machos por hembras
- F = coeficiente de endogamia

Ruiz Díaz (1983) en su investigación reporta que los componentes de varianza por definición son positivos y que sin embargo comúnmente y en cualquiera de los diseños genéticos mencionados, se pueden obtener estimaciones negativas de los componentes de varianza.

Entre las causas que puedan originar estimaciones negativas se pueden citar: 1) que la suposición de independencia de las variables aleatorias no es correcta. Una clase de situación es aquella en que la suposición de muestreo de poblaciones infinitas no se cumple; 2) existe una cierta probabilidad usualmente pequeña, no cero, que la diferencia entre dos cuadrados medios sea negativa aunque la diferencia de los valores esperados es positivo; 3) la suposición de que las variables aleatorias estén idénticamente distribuidas y no correlacionadas es incorrecta.

Searle (1971) hace algunas sugerencias de lo que puede estar ocasionando los estimadores negativos y los ordena de la siguiente manera: 1) las estimaciones negativas pueden deberse al uso de un modelo inadecuado (estimaciones de varianzas epistáticas en los diseños genéticos); 2) muestreo inadecuado (usar una muestra pequeña); 3) técnica experimental inadecuada (competencia entre progenies).

Asimismo este autor considera algunas posibilidades de manejo para los estimadores negativos: 1) reportar al estimador negativo, pero considerarlo en la práctica como cero; 2) sustituir al estimador por cero. Esto lo hace un estimador sesgado; 3) ignorar el componente en el análisis del modelo y reestimar los demás; 4) considerar que un estimador es una inconsistencia del modelo, lo que conducirá

a' considerar algunos aspectos del modelo como normalidad e independencia.

Ruiz Díaz (1983) señala al final de su trabajo a manera de comentario que no existe ningún método mejor que otro para estimar los componentes de varianza y que cuando se quieran tener los estimadores más insesgados a la población, deben usarse al menos cuatro métodos diferentes para estimar los componentes de varianza.

## MATERIALES Y METODOS

### Material Biológico (Origen y Evolución)

La población utilizada para la presente investigación (TSAR C<sub>3</sub>), asienta su origen hacia el verano de 1980 cuando se lleva a cabo una recombinación de 14 genotipos seleccionados en base a su comportamiento agronómico. En el invierno del mismo año, se practicó una segunda recombinación con el fin de inducir una mayor variabilidad genética. De esta población base denominada "Tamaulipas selección para alto rendimiento ciclo cero" (TSAR C<sub>0</sub>) se obtuvieron 260 familias de medios hermanos, las que fueron evaluadas en 1982; de esta evaluación se seleccionaron 26 familias cuya recombinación se llevó a cabo en 1983, practicándose la selección dentro y se eligieron los 10 capítulos más sobresalientes dentro de cada una de las 26 familias de medios hermanos seleccionados en la evaluación obteniéndose nuevamente las 260 familias de medios hermanos que serían denominadas TSAR C<sub>1</sub>.

En 1984 se evaluaron las familias obtenidas en el ciclo anterior y en 1985 y 1986 se efectuaron dos recombinaciones sucesivas de los genotipos seleccionados. La

primera recombinación se evaluó en 1986 para determinar su potencialidad en rendimiento como variedad sintética. De la segunda fase de recombinación denominada TSAR C<sub>2</sub> se formaron 190 familias de medios hermanos que serían valoradas para rendimiento en 1987.

En el ciclo primavera-verano de 1988 se recombinan en Navidad, N.L. los materiales seleccionados en la anterior evaluación.

De la fase de recombinación practicada en esta etapa, se origina la población TSAR C<sub>3</sub> que sirve como base para la realización del presente trabajo, y se inicia con la formación de 180 familias de medios hermanos, así como de 156 líneas autofecundadas S<sub>1</sub> durante el invierno de 1988 en Iguala, Gro.

### **Procedimiento Experimental**

Es pertinente aclarar que en la presente investigación se desarrollan dos experimentos:

a) Experimento I. Evaluación de líneas S<sub>1</sub>.

b) Experimento II. Evaluación de familias de medios hermanos.

Los objetivos primordiales de los experimentos I y II fueron: continuar con el método de mejoramiento capítulo por surco modificado e iniciar un ciclo de mejoramiento a través de la evaluación de líneas  $S_1$  en la población TSAR Ca del Programa de Oleaginosas de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro.

### Experimento I

Se usó el diseño experimental de bloques incompletos al azar en dos localidades con dos repeticiones. Cada repetición se dividió en seis grupos de 26 entradas por grupo hasta completar 156 entradas por repetición.

Las líneas fueron aleatorizadas dentro de cada uno de los grupos y se sembró familia por parcela en surcos de 3 m de longitud.

La distancia entre plantas fue de 25 cm y de 70 cm entre surcos.

### Experimento II

El diseño experimental utilizado para las familias de medios hermanos fue igual al anterior, con la diferencia de que las localidades tuvieron tres repeticiones y las repeticiones se dividieron en seis grupos de 30 entradas



hasta completar 180 líneas autofecundadas.

Las parcelas median 4 m de longitud y se sembró a la misma distancia entre plantas y entre surcos que para el experimento i.

#### Localidades de Siembra

1. Campo Experimental del Colegio Superior de Agricultura del Estado de Guerrero, situado en Iguala, Gro. Cabe hacer mención que esta localidad se usó sólo para formar las familias de medios hermanos y las líneas autofecundadas, por lo que no fue localidad de evaluación.
2. Campo Experimental de la Facultad de Agricultura y Zootecnia de la Universidad Juárez del Estado de Durango, ubicada en el ejido de Venecia, Dgo., en la región lagunera, y
3. Campo Agrícola Experimental de la Universidad Autónoma Agraria "Antonio Narro", en Navidad, N.L., fueron las localidades de evaluación.

## Variables a Evaluar

### Días a 50 por ciento de Floración

Se consideró como el tiempo transcurrido a partir de la siembra hasta que el 50 por ciento de las plantas de cada parcela iniciaron su antesis.

### Altura de Planta

Se toma la distancia promedio a partir del involucro del capítulo hasta la superficie del suelo en 10 plantas de cada parcela.

### Diámetro de Capítulo

Es el promedio en cm de los capítulos cosechados por parcela, tomados para ello dos medidas cruzadas sobre el capítulo y obteniéndose un valor promedio para cada uno de ellos.

### Peso de 100 Aquenios

Se toma el peso en gramos de 100 aquenios tomadas al azar por cada parcela.

### Rendimiento de Semilla

El rendimiento de plantas cosechadas por parcela, se ajusta mediante la técnica de covarianza y se estima en kg/ha.

### Contenido de Aceite

Se utiliza una muestra homogeneizada de semilla por parcela y se emplea el método de refracción de la luz por el sistema electrónico del analizador de granos\*.

Es importante mencionar que durante la etapa de madurez fisiológica de los experimentos I y II en Venecia, Dgo. se vieron severamente afectados por ataques de pájaros, lo que en consecuencia nos orilló a eliminar completamente la localidad en su conjunto por falta de confiabilidad en la toma de datos.

## **Análisis Estadístico**

### Análisis de Varianza y Covarianza

El análisis de varianza para cada característica en ambos experimentos se realizó en función del siguiente modelo estadístico:

---

\* Neotec 31EL.

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + R_j + F_{ki} + (GR)_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

donde:

$i = 1, 2, \dots, g$  (grupos)

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

$k = 1, 2, \dots, f$  (familias/grupos)

$Y_{ijk}$  = efecto de la  $k$ -ésima familia anidada en el  $i$ -ésimo grupo de la  $j$ -ésima observación.

$\mu$  = media general

$G_i$  = efecto del  $i$ -ésimo grupo

$R_j$  = efecto de la  $j$ -ésima repetición

$F_{ki}$  = efecto de la  $k$ -ésima familia anidada en el  $i$ -ésimo grupo

$(GR)_{ij}$  = efecto de la interacción del  $i$ -ésimo grupo con la  $j$ -ésima repetición

$\varepsilon_{ijk}$  = efecto del error experimental

Los componentes del análisis de varianza que corresponden al modelo estadístico propuesto se registran en el Cuadro 3.1 en el cual las familias son consideradas como efectos aleatorios.

Asimismo se obtuvo también un análisis de covarianza para la combinación de dos caracteres, las fuentes de variación y esperanzas de productos cruzados medios se presentan en el Cuadro 3.2.

Cuadro 3.1. Componentes del análisis de varianzá.

Fuente de Variación	Grados de libertad	Cuadrados medios	E.C.M.
Repeticiones	$(r-1)$		
Grupos	$(g-1)$		
Repeticiones x grupo	$(r-1)(g-1)$		
Familias/grupo	$(f-1)g$	$M_2$	$\sigma_e^2 + r\sigma_f^2 / g$
Error	$(r-1)(r-1)g$	$M_1$	$\sigma_e^2$
Total	$rgf-1$		

Cuadro 3.2. Componentes del análisis de covarianza.

Fuente de Variación	Grados de libertad	Productos cruzados medios	Esperanzas de los P.C.M.
Repeticiones	$(r-1)$		
Grupos	$(g-1)$		
Repeticiones x grupo	$(r-1)(g-1)$		
Familias/grupo	$(f-1)g$	$M_2 \times M_2 r$	$\hat{\sigma}_e^2 xy + r\hat{\sigma}_f^2 / Gxy$
Error	$(f-1)(r-1)g$	$M_1 \times M_1 r$	$\hat{\sigma}_e^2 xy$
Total	$rgf-1$		

Todos los análisis estadísticos fueron corridos con el paquete estadístico NCSS-191 (1986).

### Parámetros Genéticos

Las varianzas fenotípicas para cada uno de los caracteres en base a la media de una entrada, se estimaron con la siguiente fórmula:

$$\hat{\sigma}^2_f = \frac{M_2}{r}$$

Las varianzas genéticas entre familias se obtuvieron a partir de la siguiente expresión:

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

La heredabilidad en sentido amplio entre familias de medios hermanos y en líneas autofecundadas se calculó de la siguiente manera:

$$\hat{h}^2 = \frac{\hat{\sigma}^2_g}{\hat{\sigma}^2_f}$$

Los errores estándar de los estimadores de los parámetros genéticos fueron calculados en base a las fórmulas que reportan Hallauer y Miranda (1981):

$$EE(\hat{\sigma}^2_f) = \left[ \frac{2}{r^2} \right] \left[ \frac{M_2^2}{(f-1)g+2} \right]$$

$$EE(\hat{\sigma}_g^2) = \left( \frac{2}{r^2} \right) \left[ \frac{M_2^2}{(f-1)g+2} + \frac{M_1^2}{(f-1)(r-1)g+2} \right]$$

$$EE(\hat{\sigma}_e^2) = \frac{2M_1^2}{(f-1)(r-1)g+2}$$

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

**Metodología para Estimar los Componentes de Varianza Genética a Partir de Líneas  $S_1$  y Familias de Medios Hermano en una Población Alógama**

- a) De una población alógama se formaron 156 líneas  $S_1$  y 180 familias de medios hermanos.
- b) Se evaluaron en forma separada: las líneas  $S_1$  (experimento I) y las familias de medios hermanos (experimento II) fueron evaluadas en una localidad con 2 y 3 repeticiones por localidad respectivamente.
- c) Las características evaluadas fueron; días a 5 por ciento de floración, altura de planta, diámetro de capítulo, peso de 100 aquenios, contenido de aceite y rendimiento ajustado.

d) Se evaluó bajo el diseño estadístico de bloques incompletos al azar.

e) Una vez con los datos de la evaluación se procedió a procesarlos en su análisis de varianzas correspondiente.

f) Se estimaron las esperanzas de cuadrados medios en las fuentes de variación de interés para obtener los siguientes parámetros genéticos: varianzas fenotípica, heredabilidad en sentido amplio, varianzas genética y la varianzas del error, así como sus respectivos errores estándar.

g) Para estimar los componentes de varianzas genéticas se partió de los siguientes principios:

- La  $\sigma^2_g$  de FMH =  $1/4 \sigma^2_A$  de la población
- La  $\sigma^2_g$  de líneas  $S_1 = \sigma^2_A + 1/4 \sigma^2_D$  de la población (Hallauer y Miranda, 1981)

Así pues:

- La  $\sigma^2_A$  de la población =  $4 \sigma^2_g$  FMH
- La  $\sigma^2_D$  de la población =  $4 [\sigma^2_g$  de líneas  $S_1 - 4 \sigma^2_g$  de FMH]  
 $= 4 [\sigma^2_A + 1/4 \sigma^2_D - 4 (1/4 \sigma^2_A)]$



$$\begin{aligned}
 &= 4 [\sigma^2_A + 1/4 \sigma^2_D - \sigma^2_A] \\
 &= 4 [1/4 \sigma^2_D] \\
 &= \sigma^2_D
 \end{aligned}$$

En otras palabras la  $\sigma^2_D$  se obtuvo restando el valor de  $4 \sigma^2_g$  FMH del valor de la  $\sigma^2_g$  de líneas  $S_1$ . lo que resultó era igual a  $1/4 \sigma^2_D$  de la población. y al multiplicarla por cuatro se logró el valor total de la  $\sigma^2_D$  de la población en cuestión.

h) Para que así ocurra, se hacen las mismas suposiciones que se asumen para los diseños genéticos. Gardner (1963) y son los siguientes:

- Selección al azar de los apareamientos individuales para producción de progenies experimentales.
- Distribución aleatoria de los genotipos sobre las variaciones ambientales.
- No efectos maternos.
- Comportamiento diploide regular en la meiosis.
- No alelos múltiples

- No correlaciones de genotipos en loci separados.
  - No epístasis.
  - Igualdad de frecuencias génicas en todos los loci ( $p=q$ ).
- i) Al estimar los componentes de varianza, se obtuvieron estimadores negativos.
- j) Con los estimadores negativos se asumieron los criterios de Searle (1971) que indican que los estimadores de varianza son positivos por definición y se consideraron como cero.
- k) Todos los estimadores que fueron negativos, eran de la  $\sigma^2_D$ , por lo que, al considerarlos como cero, se interpretó que la varianza de dominancia tiene mínima injerencia o importancia para el control del carácter en cuestión.

## RESULTADOS Y DISCUSION

En el Cuadro 4.1 se muestran los cuadrados medios obtenidos para todas las fuentes de variación en las seis características estudiadas en el experimento I de líneas  $S_1$ . Se encontraron diferencias estadísticas altamente significativas entre líneas dentro de grupo para los caracteres: días a 50 por ciento de floración, altura de planta, diámetro de capítulo, así como para contenido de aceite y rendimiento. De tales resultados se infiere que existe variabilidad genética en la población, con prometedoras posibilidades de ser explotadas con fines de mejoramiento poblacional.

En cuanto al peso de 100 aquenios los resultados obtenidos del análisis, no indican significancia. Se supone que el hecho de no haber encontrado significancia obedece a error, posiblemente de muestreo, debido a que durante esta etapa no fue posible contar con el homogeneizador de semillas.

En lo que se refiere a los coeficientes de variación, estos nos informan de la confianza que se puede tener en los datos por un buen manejo en las unidades

experimentales. Un alto valor del porcentaje sugiere escasa confianza en los datos; un valor bajo indica un buen manejo en las unidades experimentales. (Reyes, 1987).

En el Cuadro 4.1, con excepción para peso de 100 aquenios, los coeficientes de variación nunca exceden del 25 por ciento. Esto indica que existió un buen manejo de las unidades experimentales, excepto para peso de 100 aquenios, ya que la estimación del 56.55 por ciento, reafirma nuestra suposición atribuible a un error de muestreo, por tanto es necesario tener cautela con los resultados experimentales obtenidos para tal carácter.

Cuadro 4.1. Cuadrados medios para seis características de girasol en el experimento I (Líneas  $S_1$ ).

Fuente de variación	Días a 50% floración	Peso de 100 aquenios (g)	Altura de planta (m)	Diámetro de capítulo (cm)	Contenido de aceite (%)	Rendimiento ajustado (kg/ha)
Repeticiones	24.26	18.56	.7800	32.466	7.886	2654657
Grupos	14.88	5.03	.1268	9.303	27.573	377888.
Rep x grupos	7.44	8.26	.1603	8.782	75.478	477300.
Líneas/grupos	17.87**	9.01ns	.0428**	5.610**	17.017**	298811.
Error experimental	4.21	8.94	.0105	2.144	4.364	92599.
C.V. (%)	2.57	56.55	8.31	10.77	5.87	22.

ns No significancia estadística

\*\* Significancia al .01 de probabilidad

Las medias generales de los caracteres estudiados para cada línea  $S_1$ , se localizan en el Cuadro A.1 ubicado en el Apéndice. Las medias obtenidas fueron: 79.73 en días a 50 por ciento de floración; 5.29 g en peso de 100 achenios; 1.23 m para altura de planta; 13.60 cm en diámetro de capítulo; 35.59 por ciento en contenido de aceite y un rendimiento ajustado por covarianza y expresado en kg/ha de 1340.63 kg.

Los valores anteriores excepto diámetro de capítulo resultan ser superiores que los encontrados por Machado (1989) y Aguilera (1989), quienes trabajaron con familias de medios hermanos en el ciclo anterior de donde se formó la población que dio origen al material (FMH y líneas  $S_1$ ) de la presente investigación.

En el Cuadro 4.2 se enumeran las mejores 15 líneas  $S_1$  seleccionadas con base en su rendimiento, y son las cuales corresponden a una presión de selección del 10 por ciento, recomendada para este método de selección recurrente, que además serán recombinadas para formar la siguiente población.

Las estimaciones de parámetros genéticos y errores estándar para líneas  $S_1$ , se concentran en el Cuadro 4.3, donde se puede observar que el estimador de varianza genética para peso de 100 achenios, fue superado

considerablemente por el estimador de su error estándar. Lo anterior confirma la creencia de que existió algún error de muestreo para tal carácter.

Cuadro 4.2. Las mejores 15 familias seleccionadas en base a rendimiento del experimento I (Líneas S<sub>1</sub>) y el experimento II (Familias de Medios Hermanos).

Experimento I Líneas S <sub>1</sub>		Experimento II (FMH)	
No. de línea	Rto. kg/ha	No. de familia	Rto. kg/ha
33	2329.209	16	2388.83
126	2282.917	8	2281.761
85	2254.153	111	2224.582
25	2236.821	59	2174.545
156	2174.251	17	2135.185
34	2153.488	98	2127.035
92	2131.867	44	2092.439
35	2100.442	141	2078.043
153	2088.817	11	2072.311
95	2087.679	82	2053.079
83	2057.392	89	2044.709
69	2000.634	54	2028.006
155	1992.441	132	2011.376
15	1990.918	147	2005.608
114	1975.774	134	2004.344
$\bar{X}$ de seleccionados =		$\bar{X}$ de seleccionados =	
2123.787		2112.124	

Cuadro 4.3. Parámetros genéticos para seis características de girasol en el experimento I (Líneas S<sub>1</sub>).

Parámetros	Días a 50% floración	Peso de 100 aquenios (g)	Altura de planta (m)	Díametro de capítulo (cm)	Contenido de aceite (%)	Rendimiento ajustado (kg/ha)
$r^2_e$	4.21	8.49	.0105113	2.144317	4.364	92599.286
EE( $\hat{\sigma}^2_e$ )	4.2018	1.052	.0000016	.0605	.2506	8376.49
$r^2_f$	8.935	4.505	.0214199	2.804932	8.5086	149405.92
EE( $\hat{\sigma}^2_f$ )	1.0505	.2670	.0000006	.1035	.9526	21396.07
$r^2_g$	6.38	.2600	.0151642	1.7327735	6.326	103106.28
EE( $\hat{\sigma}^2_g$ )	1.1088	.530	.0000127	.1186	1.015	57324.73
$r^2_h$	.7844	.0577	.7546	.6178	.7435	.69010
EE( $\hat{h}^2$ )	.1241	.1176	.0005929	.0425	11.93	.271

Asimismo en la estimación de la variancia del error para días a 50 por ciento de floración su error estándar alcanza casi la misma proporción; esto de alguna manera no causó sorpresa, ya que esta variable no tuvo una distribución normal, como lo comprobamos al realizar un histograma con los datos de este carácter. Seguramente lo que ocasionó esta distribución no normal, se explica por errores en la toma de datos; por tanto no debe considerarse confiable tal estimación.

Por otra parte, los valores de heredabilidad para todos los caracteres en general son superiores a los reportados por Aguirre (1983); Reyes (1985) y Machado (1988)

que trabajaron en ciclos anteriores con la misma población. Estos resultados son esperados, ya que como menciona Guzmán (1984) las estimaciones de heredabilidad a través de la varianza genética de líneas  $S_1$ , siempre estarán "infladas" por efecto de la desviación de dominancia que estima este método.

En general se puede decir con base a todos los resultados obtenidos, que la población TSAR  $C_3$  mantiene una amplia variabilidad para todos sus caracteres, y que el método de formación de líneas  $S_1$ , ofrece resultados significativos para la mayoría de las características bajo estudio.

El Cuadro 4.4 presenta los cuadrados medios para el experimento II de familias de medios hermanos, de donde se desprende que existen diferencias estadísticas altamente significativas, con un 99 por ciento de confiabilidad en todas las características para la localidad de Navidad, N.L. Tales resultados indican que existe una amplia variabilidad genética en la población, la cual debe seguir siendo explotada a través de la selección recurrente. Asimismo, se muestra que los coeficientes de variación son menores al 10 por ciento en días a 50 por ciento de floración, peso de 100 aquenios, altura de planta, diámetro de capítulo y contenido de aceite, lo cual sugiere un buen manejo en las unidades experimentales, por lo que los resultados obtenidos son



Cuadro 4.4. Cuadrados medios para seis características de girasol en el experimento II (Familia de Medios Hermanos).

Fuente de variación	Días a 50% floración	Peso de 100 aquenios (g)	Altura de planta (m)	Díametro de capítulo (cm)	Contenido de aceite (%)	Rendimiento ajustado (kg/ha)
Repeticiones	33.2077	10.4556	.71980	11.8327	268.498	3172500
Grupos	35.3834	1.0037	.1597	10.2410	31.5593	458987.2
Rep. x grupo	1.8911	.66786	.37892	17.1197	17.5714	952530.8
Familias/ grupo	23.8399**	.64192**	.05578**	2.7049**	9.5427**	188057.13**
Error	7.4794	.24928	.02028	1.8314	5.1012	141064.18
CV (%)	3.36	10.33	9.29	9.41	7.21	22.23

\*\* Significancia al .01 de probabilidad.

confiables. Por su parte el rendimiento ajustado por covarianza, a pesar de tomar un coeficiente de variación de 22.23 por ciento, también debe considerarse confiable, pues el rango de confianza para este carácter es hasta de 25 por ciento.

Los errores experimentales del experimento I (Cuadro 4.1) y II (Cuadro 4.4) no mostraron significancia al someterlos a la prueba de homogeneidad de varianza entre dos poblaciones. No obstante, sería recomendable para investigaciones posteriores, que se trabajara con el mismo número de líneas  $S_1$  y familias de medios hermanos. Así como el mismo tamaño de la parcela experimental.

Las medias totales para cada variable del experimento II se anotan en el Cuadro A.2 del Apéndice, de donde cabe destacar que los valores de diámetro de capítulo y rendimiento, son mayores a los reportados por Machado (1988) y Aguilera (1989) inclusive mayores a los tomados por las líneas  $S_1$ . Esto concuerda con lo reportado por Putt (1966); Fick (1975) y Miller et al. (1980) quienes comprobaron que una importante proporción de efectos genéticos aditivos controlan el contenido de aceite.

En el Cuadro 4.2 se enlistan a las mejores 15 familias de medios hermanos seleccionados con base en su rendimiento. Asimismo puede observarse que la media de las familias seleccionadas, es ligeramente menor a la media de

las líneas  $S_1$  seleccionadas. Lo anterior pudiera considerarse "sorprendente" si observamos que entre las medias generales para rendimiento, existe una diferencia de 350 kg/ha a favor de FMH. Sin embargo, es explicable, dado que al autofecundar las líneas lo que se provoca es una manifestación muy amplia de genotipos (segregación) tanto favorables como desfavorables. Prueba de ello es el rango para rendimiento, que fluctúa de 540.5 a 2329.2 kg/ha en líneas  $S_1$ , comparado con el rango de FMH, que varía de 1007.8 a 2388.8 kg/ha.

En lo que respecta a las estimaciones de parámetros genéticos del experimento II, están reportados en el Cuadro 4.5 que se distingue porque todos los estimadores de varianza son superiores a sus errores estándar, esto hace suponer que todos los estimadores de varianza puedan ser interpretados con la confianza estadística que el error estándar proporciona.

Es importante señalar que la varianza genética de líneas  $S_1$  (Cuadro 4.1) en general son mayores que la estimada por familia de medios hermanos (Cuadro 4.4). Esto lo explican Hallauer y Miranda (1981) cuando comprueban que al estimar la varianza genética entre FMH, en realidad lo que se estima es solamente  $1/4 \sigma^2_A$  total de la población. Por otra parte al estimar la  $\sigma^2_g$  de líneas  $S_1$ , lo que verdaderamente estimamos es la  $\sigma^2_A + 1/4 \sigma^2_D$ . Con lo anterior, resulta lógico pensar que la  $\sigma^2_g$  de líneas  $S_1$  siempre será

superior a la  $\sigma^2_g$  de FMH.

Del mismo modo se explica también porque las heredabilidades estimadas a través de líneas  $S_1$  (Cuadro 4.3) en general son mayores a las estimadas en FMH (Cuadro 4.5). Tales resultados son obvios, pues las líneas  $S_1$  tienden a inflar los valores de la heredabilidad por efecto de la parte de dominancia que estiman, lo cual comprueba que las heredabilidades estimadas a través de líneas  $S_1$  son poco confiables.

Cuadro 4.5. Parametros genéticos y errores estándar para seis características de girasol en el experimento II (Familias de Medios Hermanos).

Parámetros	Días a 50% floración	Peso de 100 aquenios (g)	Altura de planta (m)	Diámetro de capítulo (cm)	Contenido de aceite (%)	Rendimiento ajustado (kg/ha)
$\sigma^2_e$	7.48	.2493	.0203	1.8314	5.101	141064.18
EE( $\hat{\sigma}^2_e$ )	.3197	.0004	.0000	.0192	.1487	63394.86
$\sigma^2_f$	8.02	.2140	.0186	.9016	3.181	62685.71
EE( $\hat{\sigma}^2_f$ )	.7301	.0005	.0000	.0092	.1150	28434.16
$\sigma^2_g$	5.52	.1309	.0118	.2912	1.481	15664.32
EE( $\hat{\sigma}^2_g$ )	.3197	.0006	.0000	.0114	.1315	6846.38
$h^2$	.6889	.6117	.6363	.3229	.4654	.2499
EE( $\hat{h}^2$ )	.0955	.0026	.0002	.0126	.0413	.096

La estimación de los componentes de varianza genética, se concentran en el Cuadro 4.5 donde se observa que la estimación de varianza aditiva de la población

aparentemente puede ser confiable ya que se estimó a partir exclusivamente de la variancia genética de las FMH, tal y como lo menciona Hallauer y Miranda (1981):  
 $\sigma^2_{gFMH} = 1/4 \sigma^2_A$ ,  $\sigma^2_A = 4 \sigma^2_{gFMH}$ .

Cuadro 4.6. Estimación de componentes de variancia genética a partir de líneas S<sub>i</sub> y familias de medios hermanos.

Caracter	$\sigma^2_g$ entre FMH	$\sigma^2_g$ entre Líneas S	$\sigma^2_A$ de la población	$\sigma^2_D$ de la población
Días a 50% de floración	5.522	6.38	22.088	-62.832=0.0*
Peso de 100 aqueños	.1309	.260	.5236	- 1.054=0.0*
Altura de altura	.0119	.0162	.0476	- 0.126=0.0*
Diametro de capitulo	.2912	1.733	1.1648	2.27
Contenido de aceite	1.481	6.326	5.924	1.608
Rendimiento ajustado	15664.3	103106.28	62657.2	161796.32

\*Tomando el criterio de Searle (1971) los estimadores que resulten negativos, se reportan como tal y se toman como cero en la práctica.

Ruiz Díaz (1983) comprueba lo anterior y lo explica diciendo que existe una cierta probabilidad, usualmente pequeña, que la diferencia entre dos cuadrados medios sea negativa, aunque la diferencia de los valores esperados es positiva. Es decir, que si las estimaciones de variancia se realizaran a través de un método más potente

estadísticamente, las varianzas negativas estimadas tenderían a cero.

Si se consideran las varianzas negativas como lo proponen Searle (1971) y Ruiz Díaz (1983) (igual a cero), tendríamos para peso de 100 aquenios, altura de planta y días a 50 por ciento de floración una varianza de dominancia igual a cero (Cuadro 4.6).

Esta posición no parece ser descabellada, ya que coincide con los resultados obtenidos por Putt (1966) y Miller et al. (1980) que utilizaron los diseños dialélicos para estimar ACG y ACE en girasol y encontraron que los tres caracteres antes mencionados están controlados por un tipo de acción génica aditiva.

No obstante lo anterior, se sospecha que las estimaciones negativas para las características: días a 50 por ciento de floración, peso de 100 aquenios y altura de planta, fueron ocasionadas por un muestreo inadecuado, es decir que la suposición de muestreo de poblaciones infinitas no se cumple, además que es difícil suponer que exista una independencia total entre las variables.

Cabe destacar otros datos interesantes del Cuadro 4.6 como son las estimaciones de las varianzas de dominancia para diámetro de capítulo y rendimiento ajustado, donde se

ve claramente que las varianzas de dominancia son mucho más importantes que sus respectivas varianzas aditivas. Estos hechos coinciden con lo reportado por Putt (1966); Fick (1978) y Miller et al. (1980) acerca de los caracteres estudiados en girasol, donde comprobaron que la varianza de dominancia sólo es importante para rendimiento y diámetro de capítulo.

En cuanto al contenido de aceite, se aprecia que existe una pequeña desviación de dominancia con respecto al valor alcanzado por la varianza aditiva, y puede interpretarse en términos generales que la acción génica aditiva reviste de mayor importancia que la de dominancia para el control de este carácter.

Es pertinente aclarar que todas las estimaciones basadas en experimentos conducidos en un solo ambiente están infladas. Esto es porque el componente de varianza aditiva proviene no sólo como resultado de los efectos genéticos aditivos, sino también como resultado de la interacción de los efectos genéticos aditivos con el ambiente particular en el cual se condujo el experimento. La proporción del sesgo puede ser considerable. Las estimaciones basadas en experimentos conducidos en dos o más ambientes son mucho más reales, aunque pueden estar ligeramente sesgados debido a que son estimados en una sola localidad (2 años) o en sólo un año (dos localidades).

223

Con base a lo anterior, se sugiere que para posteriores investigaciones de esta índole se utilicen dos o más localidades, a fin de lograr los estimadores más insesgados, que nos eviten calcular valores inflados.

En vista de lo anterior, todos los parámetros genéticos obtenidos deben tomarse con reserva ya que los experimentos I y II se evaluaron en una sola localidad.

Sin embargo, la metodología propuesta para estimar los componentes de variancia genética debe ser sujeta a mayores investigaciones que lleven a comprobar su confiabilidad, y a reserva de lo que pueda resultar en investigaciones posteriores se discuten ampliamente las bondades que ofrece esta propuesta metodológica comparada con el uso de los diseños genéticos.

Como puede observarse la metodología propuesta es muy sencilla en su concepción, y presenta grandes ventajas respecto a los diseños genéticos, entre los que podemos mencionar los siguientes:

1. La metodología propuesta aprovecha la información de las evaluaciones de líneas  $S_1$  y FMH, que bien pueden formar parte de un programa formal de mejoramiento genético en alógamias, es decir, que la etapa experimental se aprovecha al máximo, ya que forma parte de los ciclos de selección recurrente y la información obtenida



sirva para dos propósitos: avanzar un ciclo de selección y estimar los componentes de varianza genética. Esto a diferencia de los diseños genéticos que son programas de cruzas específicas, donde la información obtenida sólo es útil para estimar los componentes de varianza genética.

2. Con la metodología propuesta, se simplifica la estimación de los componentes de varianza en cualquier especie alógama, sin importar lo complicado que sea su estructura floral, ya que existen especies como el girasol que presentan el fenómeno de protandria y autoincompatibilidad que provoca que el proceso de emasculación sea muy complicado y por lo tanto se limita su empleo en programas de cruzas o dialélicos.
3. El uso de los diseños genéticos está con frecuencia limitado para el fitomejorador por la falta de recursos económicos, de tiempo, humanos, de infraestructura o bien por características intrínsecas a la naturaleza de la especie de interés.
4. Sin duda, en este momento los diseños genéticos son más confiables que esta propuesta

metodológica. Sin embargo creemos que en investigaciones subsecuentes será posible aportar argumentos de mayor peso que hagan confiable la metodología que hoy proponemos.

Para finalizar se cita un comentario de Ruiz Díaz (1985) que realizó una investigación en que discute siete métodos para estimar componentes de varianza, en donde afirma que "no existe ningún método mejor que otro para estimar componentes de varianza". Sugiere que para lograr obtener los mejores estimadores es necesario hacerlo a través de al menos cuatro métodos diferentes.

## CONCLUSIONES

1. La metodología propuesta para estimar componentes de varianza genética, no pretende desplazar a los diseños genéticos, pero tiene fundamentos teóricos bien definidos y puede llegar a ser confiable si se realizan estudios posteriores en los que se revisen matemáticamente las propiedades de los estimadores.
2. Las estimaciones de los componentes de varianza genética de la población "Tamaulipas Selección para Alto Rendimiento" Ciclo tres se vieron inflados debido a que sólo se evaluó en una localidad. Por lo tanto, todos los estimadores obtenidos en la presente investigación deben tomarse con las reservas que el caso amerita.

## RESUMEN

La presente investigación se desarrolló con el objeto de proponer una metodología para estimar los componentes de varianza genética a partir de líneas  $S_1$  y familias de medios hermanos en una población de amplia base genética de girasol.

El material biológico utilizado estuvo constituido por 156 líneas  $S_1$  y 180 familias de medios hermanos obtenidos a partir de la población de girasol denominada "Tamaulipas Selección para Alto Rendimiento" Ciclo tres.

En la etapa experimental se evaluaron dos experimentos: en el experimento I, 156 líneas  $S_1$  fueron divididas en seis grupos con dos repeticiones por grupo por localidad. En el experimento II, 180 familias de medios hermanos se dividieron en seis grupos con tres repeticiones por localidad. Ambos experimentos se evaluaron bajo el diseño experimental de bloques incompletos al azar.

Las características estudiadas fueron: días a 50 por ciento de floración, altura de planta, diámetro de capítulo, peso de 100 aquenios, contenido de aceite y rendimiento

ajustado.

Con el uso de esperanzas de cuadrados medios se determinaron las varianzas genéticas y fenotípicas, así como la heredabilidad en base a la media de una entrada para cada carácter.

Asimismo se determinaron los componentes de varianza genética de la población en cuestión, y se estimaron de la siguiente manera:

La varianza aditiva de la población se obtuvo multiplicando por cuatro la varianza genética de las familias de medios hermanos.

Para calcular la varianza de dominancia se restó la varianza aditiva de la varianza genética de líneas  $S_1$ , el resto ( $1/4 \sigma^2_D$ ) se multiplicó por cuatro y se obtuvo la varianza de dominancia total de la población. A fin de que lo anterior se cumpliera, se asumieron las mismas suposiciones hechas para los diseños genéticos citados por Gardner (1963).

Se encontraron estimadores negativos para la varianza de dominancia, estos se manejaron como lo propone Searle (1971) que señala que los estimadores de varianza son positivos por definición.

Los resultados obtenidos indican que las características días a 50 por ciento de floración, peso de 100 aquenios y altura de planta, están ampliamente controladas ampliamente por efectos de aditividad.

Para diámetro de capítulo y rendimiento ajustado, se halló que la varianza de dominancia es mucho más importante que su respectivas varianzas ambientales.

En cuanto al contenido de aceite, se aprecia que existe una pequeña desviación de dominancia respecto al valor alcanzado por la varianza aditiva, y se interpreta en términos generales: que la acción génica aditiva reviste de mayor importancia que la de dominancia para el control de este carácter.

Los anteriores resultados coinciden con los reportados por Putt (1966); Fick (1978) y Miller *et al.* (1980) quienes usaron diseños genéticos para estimar los componentes de varianza genética en girasol.

Por otra parte se aclara que los estimadores obtenidos están basados en estimaciones para una sola localidad, por lo que deben tomarse con las reservas que el caso amerite.

Se discuten las ventajas que presenta la metodología propuesta respecto al uso de los diseños genéticos.

## LITERATURA CITADA

- Aguilera F., R. 1989. Comparación de dos índices de selección para rendimiento de semilla y porcentaje de aceite en girasol (*Helianthus annuus* L.). Tesis de Licenciatura. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Saltillo, Coah.
- Aguirre B., M.J. 1983. Evaluación de 240 familias de medios hermanos en girasol (*Helianthus annuus* L.) para diferentes características agronómicas. II Estudio de parámetros genéticos y Correlaciones. Tesis de Maestría en Ciencias. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Saltillo, Coah.
- Burton. J.W., L. H. Penny, A.R. Hallauer, and S.A. Everhart. 1971. Evaluation of synthetic populations developed from a maize variety (BSK) By two methods or recurrent selection. *Crop Sci.* 11: 361-365.
- Céspedes T., E. 1982. Selección recurrente de líneas S<sub>1</sub> para rendimiento y contenido de aceite en girasol (*Helianthus annuus* L.). Tesis de Maestría en Ciencias. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Saltillo, Coahuila.
- Comstock, R.E. and Robinson, H.F. 1948. The components of genetic variance in population of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics.* 4:254-266.
- \_\_\_\_\_. 1952. Genetic parameters, their estimation and significance. *Proc. Sixth Int. Grasslands Congress* 1:284-291.
- Chávez A., J.L. y E. López P., . 1987. Apuntes de mejoramiento de plantas II. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Saltillo, Coah.



- Falconer, D.S. 1977. Introducción a la genética cuantitativa. Trad. Fidel Marquez Sánchez. 10a. Impresión. Ed. Trillas. Mexico.
- Fick, G.N. 1975. Heritability of oil conten in sunflower. *Crop. Sci.* 15:77-78.
- \_\_\_\_\_. 1978. Breeding and genetics in sunflower Science and Technlogy. *Agronomy* 19. The American Society of Agronomy.
- Gallegos B., C.C. 1978. Recursos genéticos disponibles a Mexico. *Soc. Mexicana de Fitogenética, A.C.* Ed. Tarcicio Cervantes Santana. p. 89-92. Chapingo. Mexico.
- Gardner, C.D. 1963. Estimates of genetic parameter in cross-fertilizing plant and their implications in plant breeding. *Dep. of Agronomy. Nebraska Agricultural Station, Lincoln, Nebraska.*
- Guzmán M., E.E. 1984. Selección recurrente a través de líneas  $S_1$  en girasol (*Helianthus annuus* L.). Tesis de Maestría en Ciencias. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Saltillo. Coah.
- Hallauer, A.R. and J.B. Miranda. 1981. Quantitative Genetics in maize Breeding. Iowa State University Press. Cap. II, III y VII.
- Machado C., L.M. 1988. Evaluación de familias de medios hermanos en girasol (*Helianthus annuus* L.). Tesis Licenciatura. Universidad Autónoma Agraria Antonio. Saltillo. Coah.
- Miller, J.F., J.J. Hammond and W.W. Roath. 1980. Comparasion of inbreed vs single-cross testers and estimation of genetic effects in sunflowers. *Crop. Sci.* 20:703-706.
- Number Cruncher Statistical System (NCSS-191). 1986. Dr. Hintze J.L. Kaysville. Utah.

- Putt, E.D. 1966. Heterosis, combining ability and predicted synthetics from a diallel cross in sunflower. Can J. Plant. Sci. 46:59-67.
- Reyes C., P. 1987. Diseño de experimentos aplicados. Quinta Edición. Editorial Trillas, México. pp. 102-105.
- Reyes V., M.H. 1985. Indices de selección para rendimiento en girasol (*Helianthus annuus* L.). Tesis de Maestría en Ciencias. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Saltillo, Coah.
- Robles S., R. 1986. Genética Elemental y Fitomejoramiento práctico. Primera edición. Editorial Limusa. México. pp 180-190.
- Ruiz Diaz V., H.S. (1983). Discusión sobre algunos métodos de estimación de componentes de varianza. Tesis de Maestría del Colegio de Postgraduados de Chapingo, México.
- Searle, S.R. 1971. Topics in variance components estimations. Biometrics; 27, pp 1-76.
- Secretaría de Agricultura y Recursos Hidráulicos (SARH). 1989. Dirección General de Estadística. México, D.F.
- Smith, O.S. 1979. A model for evaluating progress from recurrent selection. Crop Sci. 19:223-225.
- Sprague, G.F. and Tatum, L.A., - 1942. General vs specific combining ability in single crosses of corn. Jour. Amer. Soc. Agron. 34:923-932.

APENDICE

Cuadro A.1. Datos promedio de seis características agrónomicas medidas para 156 líneas S<sub>1</sub>.

Líneas S <sub>1</sub>	Días a 50% floración	Peso de 100 semillas (g)	Altura de planta (m)	Diametro de capítulo (cm)	Contenido de aceite (%)	Rendimiento (kg/ha)
1	77	4.8	.98	11.655	36.85	821.87
2	77	6.15	1.45	14.18	33.15	1167.10
3	80	3.5	1.21	12.135	34.66	1017.77
4	86	4.35	1.305	12.06	35.82	753.57
5	81.5	4.1	1.0	9.805	41.70	834.72
6	81.5	4.75	1.25	12.925	32.08	935.77
7	83	3.35	1.18	12.31	34.67	948.91
8	81.5	5.3	1.25	13.96	33.97	935.10
9	78.5	5.65	1.07	10.2	38.37	709.96
10	87	4.0	.94	11.25	25.27	754.43
11	90.5	4.05	1.585	16.305	34.77	1530.72
12	83	6.15	1.075	12.965	37.47	1336.62
13	80	5.15	1.215	14.205	34.05	1462.82
14	77	4.65	1.1	12.51	35.00	1123.00
15	77	6.25	1.295	16.09	35.79	1990.91
16	77	5.0	1.08	12.875	37.52	1444.82
17	77	4.25	1.13	12.995	39.45	1354.34
18	78.5	5.7	1.17	14.155	37.57	1438.81
19	81.5	5.1	1.07	11.88	35.84	1146.81
20	80	5.1	1.22	14.3	38.10	1311.29
21	81.5	5.4	1.24	15.87	32.02	1650.26
22	83	4.0	1.36	11.765	38.15	977.10
23	77	6.35	1.225	14.16	36.07	1760.43
24	77	5.05	.925	11.875	40.74	1221.67
25	78.5	6.05	1.52	17.315	35.03	2236.82
26	77	4.65	1.09	12.395	36.93	1107.00
27	77	5.15	1.085	13.88	40.53	1626.44
28	80	4.4	1.245	11.645	37.72	1084.25
29	77	4.8	1.135	12.585	34.93	1004.54
30	85	3.9	1.26	13.08	35.95	968.91
31	85	29.45	1.23	12.475	32.95	1140.92
32	77	4.15	1.265	14.68	38.35	1759.10
33	80	5.05	1.546	15.975	35.97	2329.20
34	90	5.7	1.43	14.48	35.42	2153.48
35	80	5.4	1.42	15.75	35.20	2100.44
36	81.5	5.25	1.105	14.355	34.58	1322.34
37	77	5.45	.95	11.92	39.89	1134.24
38	77	4.85	.8	10.79	32.57	758.25
39	81.5	4.0	1.25	13.615	29.67	1391.39
40	85	4.5	1.29	14.5	33.43	1782.72
41	81.5	4.85	1.4	16.61	34.69	1675.58
42	80	5.2	1.0	13.665	35.20	1074.44
43	77	5.3	.995	11.8	39.82	855.67
44	83	5.25	1.315	14.0	33.17	1207.58
45	81.5	4.15	1.915	12.95	35.90	1309.96

Cuadro A.1.....continuación.

Líneas S <sub>1</sub>	Días a 50% flo- ración	Peso de 100 semillas (g)	Altura de planta (m)	Diametro de capitulo (cm)	Contenido de aceite (%)	Rendí- miento (kg/ha)
46	81.5	5.05	1.145	14.555	36.50	1266.25
47	81.5	4.85	1.128	13.19	36.05	1685.22
48	77	4.6	1.06	11.98	38.92	1039.20
49	81.5	4.65	1.18	11.895	36.73	1327.10
50	78.5	5.65	1.17	10.395	33.05	884.05
51	78.5	6.1	1.08	13.55	36.69	1567.58
52	77	4.85	.99	10.06	36.55	982.34
53	83.5	6.3	1.32	15.635	31.70	1297.20
54	83.5	5.8	1.335	12.4	34.52	558.91
55	83.5	5.25	1.39	15.64	32.87	1724.72
56	77	4.75	1.115	12.995	37.57	1154.15
57	80	5.15	1.335	15.0	32.17	1441.58
58	81.5	6.4	1.385	14.73	35.62	1458.05
59	83	4.0	1.45	14.08	37.70	957.39
60	77	6.65	1.085	13.05	34.32	1150.91
61	81.5	4.8	1.36	14.455	35.60	1707.39
62	77	4.35	1.46	12.995	37.97	1352.43
63	78.5	4.95	1.19	13.91	32.59	991.39
64	85	5.45	1.18	14.05	34.78	939.48
65	78.5	4.1	1.465	11.32	33.68	915.86
66	80	6.0	1.25	14.445	33.15	1631.86
67	77	5.0	1.255	13.40	35.60	1054.34
68	81.5	4.9	1.27	13.745	35.15	1446.25
69	78.5	5.45	1.48	14.545	31.30	2000.63
70	83.5	4.5	1.385	13.095	32.88	1262.62
71	85	3.6	1.34	13.45	30.25	1556.92
72	77	5.65	1.16	15.515	30.52	1621.15
73	77	5.7	1.23	12.61	36.70	1612.54
74	81.5	5.0	1.045	10.35	28.90	833.39
75	77	6.1	1.325	13.6	35.17	1883.77
76	78.5	4.4	1.305	13.075	42.52	1374.91
77	80	4.55	1.22	11.805	36.47	1070.15
78	77	7.3	1.1	14.86	37.19	1377.57
79	77	4.7	1.095	12.195	36.20	1016.05
80	79.5	5.15	1.29	14.175	36.47	1377.96
81	83	4.7	1.435	13.253	32.65	1099.58
82	77	5.15	1.065	12.255	36.65	999.39
83	77	6.3	1.325	15.64	32.88	2057.39
84	78.5	4.35	1.125	12.01	39.17	1142.24
85	77	6.6	1.33	17.01	39.64	2254.15
86	77	4.96	1.34	15.225	41.93	1845.29
87	78.5	4.65	1.335	14.18	35.67	1543.29
88	78.5	5.1	1.42	13.155	36.27	1419.29
89	80	4.9	1.415	13.955	38.57	1432.72
90	77	5.35	1.12	11.54	36.25	1070.15
91	83	3.8	1.36	12.815	36.21	1114.34
92	83.5	5.65	1.505	18.98	35.72	2131.86

Cuadro A.1.....continuación.

	Peso de 100 de semillas Altura de planta Diametro de capitulo (cm)	Contenido de aceite (%)	Rendimiento de aceite (kg/ha)
93	4.9	13.405	37.64
94	5.35	13.67	37.70
95	5.7	13.65	38.19
96	4.75	12.07	40.70
97	4.2	12.305	38.22
98	5.05	12.455	36.32
99	5.65	13.795	36.82
100	5.4	15.45	32.94
101	6.05	15.465	38.74
102	4.95	13.89	39.09
103	5.95	13.015	34.47
104	6.6	15.04	29.15
105	5.4	13.05	34.84
106	5.1	12.72	34.60
107	4.15	12.785	37.67
108	5.3	15.3	36.36
109	5.3	14.94	32.28
110	4.3	14.34	35.68
111	4.6	11.625	39.15
112	3.5	13.025	33.27
113	4.75	11.345	39.25
114	5.6	15.98	35.05
115	5.3	12.82	37.45
116	5.0	14.99	31.74
117	6.75	14.385	37.10
118	5.3	12.6	39.39
119	4.5	17.24	34.93
120	5.45	14.99	30.47
121	5.15	14.22	36.89
122	6.45	17.45	34.17
123	5.00	12.865	38.82
124	5.25	14.36	37.54
125	6.15	12.385	34.52
126	5.8	15.425	36.95
127	6.70	14.265	33.57
128	5.1	15.97	33.83
129	6.3	15.585	36.00
130	5.9	13.795	40.23
131	4.7	13.135	38.54
132	5.4	11.655	37.73
133	4.5	11.135	37.05
134	4	13.42	39.02
135	3.6	12.135	4.80
136	5.25	14.585	34.57
137	5.35	14.585	33.75
138	4.6	10.545	37.63
139	4.05	12.56	38.86

Cuadro A.1.....continuación.

Lineas S <sub>i</sub>	Dias a 50% flo- racion	Peso de 100 semillas (g)	Altura de planta (cm)	Diametro de capitulo (cm)	Contenido de aceite (%)	Rendi- miento (kg/ha)
140	80	6.5	1.3	13.37	37.47	1356.724
141	78.5	4.8	1.365	14.29	34.44	948.143
142	77	7.0	1.205	13.095	36.59	1313.678
143	77	5.1	1.27	13.95	35.04	1404.539
144	90	6.35	1.235	13.95	20.85	822.817
145	77	5.5	1.13	14.70	38.40	1428.321
146	90	6.15	1.26	11.78	37.50	1319.297
147	77	6.5	1.01	11.765	32.32	912.820
148	77	4.85	1.245	12.42	33.85	998.727
149	81.5	4.7	1.119	11.59	32.82	1060.439
150	81.5	4.2	1.145	11.605	32.54	869.963
151	81.5	5.95	1.39	17.33	32.92	1637.24
152	77	3.75	.88	9.75	37.60	540.534
153	81.5	6.1	1.54	17.655	35.62	2086.317
154	78.5	5.25	1.255	15.935	33.44	1594.63
155	77	6.3	1.3	14.63	34.28	1992.41
156	80	5.1	1.435	15.715	35.80	2174.751
$\bar{X}$	79.73402	5.287497	1.233462	13.60135	35.59	1340.627

Cuadro A.2. Datos promedio de las seis características agronómicas medidas para 180 familias de medios hermanos.

F M H	Días a 50% floración	Altura de planta (m)	Diametro de capitulo (cm)	Peso de 100 semillas (g)	Contenido de aceite (%)	Rendimiento (kg/ha)
1	87	1.753	14.677	4.5	28.86	1739.015
2	76	1.127	12.723	5.067	35.37	1254.27
3	83	1.423	15.61	4.9	33.19	1775.735
4	83	1.293	12.435	4.57	33.82	1252.257
5	82.33	1.57	14.357	5.47	33.91	1947.16
6	63	1.553	14.91	4.93	31.61	1799.655
7	80.66	1.24	11.733	4.57	31.50	1236.708
8	83.66	1.717	16.30	5.33	31.23	2281.761
9	88	1.83	15.733	4.63	29.50	1925.771
10	85	1.793	15.147	4.03	31.61	1833.523
11	84	1.61	16.303	4.53	31.18	2072.311
12	80.33	1.513	14.533	5.75	33.69	1984.105
13	82	1.403	14.197	5.80	32.31	1696.01
14	84.66	1.487	13.87	4.63	29.51	1646.195
15	84	1.57	13.873	5.17	29.78	1523.244
16	80.66	1.61	15.437	5.07	32.02	2388.93
17	86	1.647	16.343	5.60	33.05	2135.185
18	84	1.647	14.976	4.33	30.11	1862.603
19	78.66	1.49	14.19	4.90	33.18	1789.318
20	84.33	1.577	13.977	4.50	27.82	1450.698
21	76.66	1.303	14.73	5.93	33.56	1982.951
22	79.33	1.583	14.39	4.80	33.57	1811.448
23	82	1.633	14.187	4.50	31.23	1775.661
24	82.66	1.65	13.303	4.76	28.64	1524.581
25	84	1.67	13.643	4.73	31.63	1575.25
26	83.66	1.447	14.133	4.73	31.30	1712.788
27	84.66	1.59	15.773	4.03	31.20	1672.238
28	84	1.713	14.58	5.43	31.16	1691.248
29	80.66	1.633	14.847	4.50	33.08	1837.566
30	82	1.40	14.053	4.53	33.69	1881.725
31	87.33	1.647	14.73	4.60	30.20	1258.958
32	83	1.337	13.71	5.90	33.25	1687.935
33	87.33	1.697	15.327	4.43	28.91	1754.344
34	78.66	1.38	14.27	5.60	32.91	1835.296
35	79.66	1.39	14.747	4.67	33.77	1811.523
36	78	1.577	15.103	5.00	34.92	1442.435
37	82	1.613	16.343	5.00	32.93	1204.454
38	80.66	1.563	13.373	4.50	33.08	1479.27
39	83.33	1.41	12.887	5.20	28.95	1459.40
40	85.66	1.58	15.22	4.10	30.44	1886.56
41	87.33	1.583	14.67	4.07	32.09	1672.164
42	87	1.627	14.657	4.53	32.64	1791.58
43	86	1.70	16.677	4.50	31.82	1679.635
44	81	1.597	14.577	5.43	33.80	2092.435
45	84.66	1.647	15.373	4.53	29.77	1478.19
46	87.33	1.407	13.20	4.27	28.76	1235.52



Cuadro A.2.....continuación.

F M H	Días a 50% flo- ración	Altura de planta (m)	Diametro de capitulo (cm)	Peso de 100 semillas (g)	Contenido de aceite (%)	Rendi- miento (kg/ha)
47	83.33	1.573	14.377	4.80	31.18	1485.148
48	87.66	1.62	15.527	3.97	27.67	1652.036
49	86.66	1.357	13.04	4.20	31.87	1279.528
50	83	1.637	15.24	5.07	32.76	1966.175
51	84.33	1.46	15.363	5.17	32.58	1887.567
52	80	1.47	13.693	4.57	30.00	1007.768
53	86.33	1.48	15.92	5.30	30.38	1556.761
54	87.66	1.87	16.677	4.43	29.32	2028.006
55	82.33	1.477	12.517	4.63	33.19	1429.196
56	81.33	1.487	14.97	5.03	35.57	2135.407
57	84.33	1.483	14.407	4.87	32.09	1735.554
58	86	1.537	16.06	5.60	32.43	1974.913
59	83	1.583	13.917	4.87	32.42	2174.545
60	85.66	1.693	13.587	4.20	31.93	1383.995
61	81.33	1.333	13.383	4.93	30.72	1328.116
62	77.66	1.327	13.53	5.17	34.47	1898.391
63	81.66	1.45	14.527	4.80	30.28	1589.125
64	86.66	1.58	15.487	4.40	29.60	1797.311
65	83.33	1.44	14.66	5.17	30.12	1689.984
66	87.33	1.543	14.243	4.60	28.87	1442.439
67	82	1.373	13.327	5.37	31.19	1204.454
68	85	1.58	14.20	5.03	30.42	1479.27
69	83.66	1.587	14.617	4.53	33.10	1866.302
70	81.33	1.49	14.35	4.57	31.32	1730.534
71	86.33	1.517	13.513	4.27	27.19	1224.508
72	86.66	1.39	12.90	4.50	27.78	1169.857
73	82.33	1.347	13.813	4.93	28.24	1467.365
74	88	1.483	14.343	4.77	28.86	1431.798
75	80.66	1.367	13.187	5.43	34.13	1632.694
76	86.66	1.54	14.893	4.60	29.08	1685.48
77	81	1.577	13.723	5.20	33.43	1803.042
78	84.66	1.47	13.157	5.17	31.98	1336.597
79	81.13	1.537	13.70	5.47	34.48	1861.376
80	85.66	1.693	15.073	4.70	32.76	1786.366
81	80.33	1.58	14.636	4.63	33.37	1741.064
82	83.66	1.693	15.716	5.20	30.95	2053.079
83	87.66	1.687	15.923	4.87	29.46	1794.746
84	79.66	1.533	13.967	5.50	32.65	1831.614
85	81.66	1.867	13.106	5.00	29.54	1418.814
86	88.66	1.65	13.48	3.60	28.00	1184.069
87	85.66	1.657	14.86	4.83	29.64	1741.433
88	85	1.583	13.527	4.07	29.04	1474.655
89	85.66	1.62	15.477	4.90	30.80	2044.709
90	85.33	1.66	13.763	4.90	28.46	1532.768
91	83.33	1.527	14.023	5.33	28.00	1997.164
92	81.33	1.6	14.107	4.53	32.19	1805.424
93	82.66	1.667	14.017	5.27	34.06	1922.164

Cuadro A.2.....continuación.

F M H	Días a 50% flo- ración	Altura de planta (m)	Diametro de capitulo (cm)	Peso de 100 semillas (g)	Contenido de aceite (%)	Rendi- miento (kg/ha)
94	82.33	1.677	13.407	4.87	30.36	1997.05
95	84.66	1.52	13.99	4.47	34.26	1451.96
96	83	1.49	13.333	4.87	33.10	1562.56
97	81.66	1.57	13.303	4.80	30.51	1588.85
98	86	1.783	15.353	4.97	31.19	2127.03
99	80.33	1.573	14.073	4.87	34.06	1816.21
100	82.33	1.633	14.763	4.07	34.38	1667.36
101	86	1.72	14.333	5.10	31.04	1786.81
102	89.33	1.793	14.713	4.70	29.14	1723.50
103	87.33	1.623	14.38	4.37	31.05	1656.61
104	80	1.413	13.78	4.40	32.24	1566.62
105	79	1.413	13.67	4.63	32.68	1531.61
106	80.66	1.513	14.263	4.43	32.42	1531.57
107	89.66	1.487	14.267	4.53	28.65	1490.09
108	83.66	1.577	14.38	5.03	35.37	1447.01
109	86	1.597	13.917	4.70	30.80	1749.65
110	84.33	1.57	16.043	4.63	31.93	1949.54
111	81.33	1.65	15.19	5.00	32.86	2224.53
112	81	1.537	14.34	4.53	34.88	1686.45
113	78.66	1.397	13.167	4.63	33.87	1531.79
114	80.33	1.553	15.293	5.07	31.97	1899.87
115	82	1.63	14.53	4.37	32.35	1333.99
116	81	1.587	15.35	4.47	33.29	1961.45
117	77	1.507	14.81	5.40	33.40	1905.73
118	88.66	1.783	14.78	4.13	29.72	1747.16
119	82.66	1.423	13.99	4.30	30.02	1455.49
120	81.66	1.56	13.74	4.43	31.89	1550.69
121	80	1.47	14.923	4.70	32.55	1880.49
122	82	1.577	12.97	3.93	31.35	1310.18
123	83.33	1.333	13.713	4.80	33.84	1406.90
124	87	1.753	15.107	4.23	30.38	1813.79
125	86.66	1.753	15.413	4.77	32.48	1936.45
126	80	1.617	15.557	5.23	32.12	1982.87
127	82.33	1.65	14.147	4.67	31.48	1519.70
128	85.33	1.537	15.157	5.33	31.50	1774.76
129	85	1.473	14.90	4.90	29.13	1501.10
130	83.33	1.31	12.743	5.50	31.74	1511.56
131	81.33	1.52	14.697	4.33	32.16	1442.47
132	87.33	1.907	15.75	4.56	31.34	2011.37
133	87.33	1.843	15.457	4.03	30.78	1720.97
134	80.33	1.517	14.77	4.73	33.67	2004.34
135	86.33	1.629	16.14	5.00	31.56	1588.15
136	79	1.39	14.74	5.43	33.77	1772.20
137	81.66	1.48	15.96	5.03	31.50	1919.96
138	82.66	1.643	16.067	4.70	28.59	1976.96
139	79.33	1.417	12.997	4.50	33.78	1735.18
140	82.33	1.545	14.023	4.50	31.61	1669.89

Cuadro A.2.....continuación.

F M H	Días a 50% flg ración	Altura de planta (m)	Diámetro de capitulo (cm)	Peso de 100 semillas (g)	Contenido de aceite (%)	Rendi- miento (kg/ha)
141	87.66	1.83	15.94	5.30	29.38	2078.0
142	83.66	1.617	14.153	4.53	31.95	1727.0
143	85.66	1.547	15.697	5.57	28.90	1888.0
144	81	1.323	14.20	6.20	30.63	1842.7
145	87.66	1.53	14.33	4.90	31.46	1553.3
146	80	1.383	14.137	4.40	33.29	1628.0
147	78.66	1.337	15.09	5.33	34.34	2005.6
148	85.66	1.383	14.053	4.73	29.95	1691.5
149	82	1.543	14.84	4.30	32.72	1551.8
150	81.66	1.533	13.743	4.27	33.58	1774.4
151	82	1.303	12.237	4.87	33.94	1192.5
152	84	1.507	12.957	4.47	33.46	1420.9
153	82.33	1.427	13.933	5.60	33.99	1643.5
154	83	1.533	14.047	4.77	32.29	1524.5
155	80.66	1.463	14.30	4.83	33.16	1760.3
156	85.66	1.557	13.99	4.93	31.94	1655.4
157	81	1.103	12.06	5.73	32.06	1341.2
158	81.33	1.303	13.827	4.63	32.12	1144.7
159	84.33	1.497	13.497	4.63	33.09	1518.8
160	76.66	1.377	13.80	5.83	33.91	1376.8
161	81	1.513	13.843	5.00	32.95	1598.1
162	80.66	1.406	15.147	4.97	32.88	1975.6
163	82.66	1.617	14.073	4.80	31.08	1820.9
164	80.33	1.317	12.637	4.23	32.42	1295.9
165	81.66	1.297	11.767	5.00	32.09	1181.6
166	81.33	1.487	15.10	5.77	31.96	1966.2
167	81	1.49	14.827	5.20	31.72	1976.8
168	83.33	1.517	14.287	4.40	33.35	1429.2
169	83.66	1.533	14.933	5.00	31.81	1829.2
170	79	1.387	12.75	5.53	32.32	1663.7
171	82	1.503	15.313	5.53	34.40	1743.6
172	81	1.437	13.413	6.00	34.19	1504.1
173	82.66	1.43	13.19	5.33	32.50	1623.3
174	87	1.56	13.593	4.80	30.55	1556.9
175	86	1.533	13.86	4.60	30.93	1472.2
176	80	1.62	14.873	4.70	32.27	1936.4
177	82.66	1.477	13.863	4.87	31.48	1354.3
178	85	1.327	14.043	4.37	31.51	1524.5
179	85	1.827	15.673	5.40	31.16	1926.9
180	83.66	1.423	13.223	4.37	30.71	1460.3
$\bar{X}$	83.20	1.534	14.38	4.83	31.74	1689.4