

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

Luis Hernández San Juan*, Arnoldo Oyervides García, Alfredo de la Rosa Loera y Humberto de León Castillo

Departamento de Fitomejoramiento, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista. 25315. Saltillo, Coah., México. Tel. 844 567 24 81. E-mail: luishdez1381@yahoo.com.mx (* Autor responsable).

Abstract

In order to assay the technical breeding potential of a population, there exist diverse mating designs that allow estimating the effects and genetic variances. The objectives of this work were: a) to consider the proportion of additive genetic variance and dominance, and the heritability of a yellow maize population; and b) to suggest a procedure for effective genetic melioration, that allows to improve the present characteristics of quantitative inheritance in such population. 300 families of full siblings (FHC), developed under North Carolina design I were evaluated in Úrsulo Galván, Ver., México, under an experimental design of incomplete blocks with an alpha lattice adjustment (0.1), with two replications. The effects and genetic variances were estimated by the VARCOMP procedure (Method=type1) and IML of the SAS program. The results indicate that the population showed a genetic structure with few differences among and within variables. The greater proportion of the genetic variance was due to the additive effects, in ear height = 44,68, and yield = 0.13. Variance was equal to zero for all the variables. Yield for h^2 was 17%. The biplot showed that genotypes expressed differences for plant height and ear, by the magnitude of their vectors, whereas genotypes were statistically equal in yield. Parents deriving from a population of a wide genetic variability can be selected and crossbred in the form of dented x crystalline, which allows to find a good heterotic behavior, and to choose a better scheme of inter-population melioration.

Key words: *Zea mays* L., North Carolina design I, genetic parameters, heritability.

Resumen

Para estudiar el potencial genotécnico de una población existen diversos diseños de apareamiento, que permiten estimar los efectos y varianzas genéticas. Los objetivos del presente trabajo fueron: a) Estimar la proporción de varianza genética aditiva y de dominancia y la heredabilidad de una población de maíz amarillo; y b) Sugerir un procedimiento de mejoramiento genético efectivo, que permita mejorar las características de herencia cuantitativa presentes en la población. Se utilizaron 300 familias de hermanos completos (FHC), desarrollados bajo el diseño I de Carolina del Norte y evaluados en Úrsulo Galván, Ver., México, utilizando un diseño experimental de bloques incompletos con arreglo alfa latice (0.1), con dos repeticiones. Los efectos y varianzas genéticas se estimaron con el procedimiento VARCOMP (Method=type1) e IML del programa SAS. Los resultados indicaron que la población mostró una estructura genética con pocas diferencias entre y dentro de variables. La mayor proporción de la varianza genética se atribuyó a los efectos aditivos, en altura de mazorca $\sigma_A^2 = 44.68$, y rendimiento $\sigma_A^2 = 0.13$. La σ_D^2 para todas las variables fue igual a cero. La h^2 para rendimiento fue 17 %. En el biplot se observó que los genotipos se expresaron diferente para altura de planta y mazorca, por la magnitud de sus vectores, mientras que en rendimiento los genotipos fueron estadísticamente iguales. Los progenitores derivados de una población de amplia variabilidad genética pueden ser seleccionados y cruzarse en forma de dentados por cristalinos, lo cual permite encontrar un buen comportamiento heterótico, y elegir un mejor esquema de mejoramiento inter-poblacional.

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

Introducción

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

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

La heredabilidad de un carácter métrico es una de sus propiedades más importantes, y se define como el cociente de la varianza genética aditiva sobre la varianza fenotípica (Falconer, 1990), que determina la ganancia genética de selección y una estrategia de mejoramiento (Falconer y Mackay, 1996). El grado de precisión del estimador de H^2 o h^2 dependerá a su vez del grado de precisión con que se estime σ_G^2 o σ_A^2 y del valor de σ_p^2 . Y su importancia reviste en el mejoramiento genético por selección (Molina, 1992). La heredabilidad (h^2) difiere según la característica en estudio, Hallauer y Maranda (1981), encontraron que el porcentaje de heredabilidad para rendimiento de grano

y longitud de grano es menor a 30 %, mientras que para, altura de planta fue $>50<70$ % y $>30<50$ % en prolificidad. La magnitud de las estimaciones de heredabilidad, es afectada por el ambiente, población de referencia, muestra de genotipos evaluados, método de cálculo y tipo de progenies.

Cuando se ha obtenido una estima se desea poder indicar su precisión, y es el error estándar una herramienta aceptada científicamente. La precisión de una estima depende de su varianza del muestreo; mientras más pequeña sea ésta, se obtendrá una precisión más alta y el error estándar es la raíz cuadrada de la varianza del muestreo. La precisión de un estima de heredabilidad, es indicado por su error estándar (Falconer, 1990). Otros factores que afectan la calidad de los estimadores son el número de repeticiones utilizadas en el experimento de evaluación y el nivel de endogamia de los progenitores de las familias evaluadas (Márquez y Sahagún, 1994). Sahagún (1997), encontró que el nivel de endogamia de los progenitores guarda una relación directa con la precisión de los estimadores de los componentes de varianza genéticos en los Diseños I y II de Carolina del Norte. En el caso del Diseño I se encontró que al utilizar dos repeticiones y progenitores con un coeficiente de endogamia igual a 0.5, se obtienen estimadores de la varianza de dominancia más precisos que los obtenidos con cinco repeticiones y progenitores no endogámicos.

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

mayor potencial de rendimiento para la región de El Bajío, son maíz enano en combinación con maíz tropical y maíz enano con maíz de alta calidad de proteína.

El concepto de biplot fue originalmente propuesto por Gabriel (1971), el objetivo principal de esta figura es resumir en una grafica, los patrones de respuesta que existen en datos originales (Gabriel, 1978), originado a partir de los dos primeros componentes principales, que permite una exploración rápida y fácil de una matriz de datos, ordenados en un cuadro de doble entrada. La gráfica biplots ha sido utilizada por mejoradores de plantas, para explicar el comportamiento de materiales evaluados en un mega ambiente, y conocer la interacción genotipo ambiente, e identificar materiales con mejor comportamiento entre y dentro de sitios de evaluación, de la misma forma ha permitido conocer la relación genética entre materiales, para la integración de grupos germoplásmicos (Yan *et al.*, 2000; Yan *et al.*, 2001 y Yan *et al.*, 2002; y De León *et al.*, 2005). Bargueño *et al.* (2003), mencionan que la grafica biplot GE y GGE, sirven para analizar características multi-regionales y estudiar la interacción genotipo ambiente (GEI), a través de modelos bi-lineales como AMMI o SREG. Que permiten describir la interacción genotipo ambiente e identificar mega-ambientes y materiales con el mejor comportamiento.

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

Materiales y Métodos

Material genético

Los componentes de varianza genética se estimaron de 300 familias de hermanos completos de maíz amarillo tropical. Obtenidas del apareamiento de 50 progenitores masculinos de grano cristalino, cada uno apareado con seis hembras de grano dentado, de acuerdo al Diseño I de Carolina del Norte (Comstock y Robinson, 1948). Donde el nivel de endogamia de ambos progenitores fue de 0.5.

El ensayo se realizó de diciembre a mayo de 2006, bajo un diseño de bloques incompletos con arreglo alfa latice (0.1), en la localidad de Úrsulo Galván, Ver., México, con dos repeticiones, siendo la unidad experimental de dos surcos de 5 m con 25 plantas por parcela aproximadamente, cada repetición constó de 10 bloques, los que a su vez, estaban formados por 30 parcelas de familia de hermanos completos cada una. El modelo lineal empleado para el diseño de bloques incompletos fue el siguiente:

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

Donde: Y_{ijk} = valor observado en un tratamiento, μ = efecto de la media general, α_i = efecto de la i-ésima repetición, $B_{j(i)}$ = efecto del j-ésimo bloque dentro de la i-ésima repetición, γ_k = efecto de la k-ésima familia de hermanos completos y ε_{ijk} = error experimental.

Análisis estadísticos

Se realizaron análisis genéticos estadísticos a las variables: altura de planta, altura de mazorca, prolificidad y rendimiento. Los valores de varianza aditiva (σ_A^2), varianza de dominancia (σ_D^2), heredabilidad en sentido estricto (h^2) y errores estándar, se estimaron utilizando el paquete estadístico SAS Ver. 8, con los procedimientos, GLM, VARCOMP (Method=type1), e IML. Las instrucciones proporcionadas al programa fueron siguiendo las fórmulas de Hallauer y Miranda (1981). El modelo lineal del análisis genético fue el siguiente:

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

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

Procedimiento estadístico para obtener la figura biplot

El biplot GGE fue diseñado para analizar ensayos multiregionales, de la misma forma se a utilizó para estudiar le relación que guardan los genotipos y características (Yan y Rajcan, 2002), donde el biplot es construido por los dos primeros componentes principales. El modelo empleado en el biplot GT fue:

$$Y_{ij} - \bar{Y}_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{j1} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

Y_{ij} = es el valor promedio del i -ésimo genotipo en la j -ésima variable; \bar{Y}_j = es el valor promedio para todos los genotipos en la j -ésima variable; λ_1 y λ_2 = son los valores singulares para el CP1 y CP", respectivamente; ξ_{i1} e ξ_{i2} = vectores característicos de el CP1 y CP" respectivamente, para el i -ésimo genotipo; η_{j1} y η_{j2} = son los vectores característicos para el CP1 y CP respectivamente, en la j -ésima variable; ϵ_{ij} = error del modelo asociado en el genotipo i en la variable j .

Resultados y Discusión

La interpretación y discusión de los resultados que se muestran en Cuadro1, se realizó considerándolos como un modelo de efectos fijos en este caso, ya que es de importancia para el programa de mejoramiento.

En el Cuadro1 la fuente de variación de repeticiones, las variables que mostraron diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$) fueron; altura de planta y prolificidad, lo cual permite indicar que estas variables

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

En la fuente de variación de machos dentro de grupos, se encontró diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$), en altura de planta, altura de mazorca, indicando que la agrupación de machos dentro de grupos, sólo en algunas características presentaron diferencias más significativas. En la fuente de variación para hembras dentro de machos, no hubo diferencias significativas en ninguna de las variables evaluadas.

Los valores de los componentes de varianza genética aditiva y de dominancia fueron diferentes para cada variable. Siendo la varianza aditiva mayor a los valores de

Cuadro 1. Cuadrados medios y parámetros genéticos a través del Diseño I de Carolina del Norte, 2006.

FV	GL	Altura de planta	Altura de mazorca	Prolificidad	Rendimiento
Rep	1	1683.37 **	504.16	0.252 **	0.18
Gpos	9	592.96 **	242.24	0.056 **	1.47
Gpos*Rep	9	135.78	241.11	0.029 **	4.95 **
M(G)	40	333.91 **	284.56 **	0.013	1.04
H/M/G	250	204.97	150.52	0.012	0.64
Error	290	195.88	154.17	0.013	0.86
C.V		8.17	14.51	12.082	12.11
σ_A^2		42.97	44.69	0.003	0.13
$EE\sigma_A^2$		25.04	21.18	0.001	0.08
σ_D^2		-24.77	-52.10	-0.002	-0.57
$EE\sigma_D^2$		54.88	42.65	0.003	0.20
h^2		0.20	0.27	0.027	0.17
EEh^2		0.12	0.13	0.080	0.10

*, ** Significativos a los niveles de probabilidad $P \leq 0.05$ y $P \leq 0.01$, respectivamente; G.l = Grados de libertad; Rep = Repeticiones; M = machos; H (M) = hembras dentro de machos; y C.V = coeficiente de variación. σ_M^2 = varianza de machos; $\sigma_{H/M}^2$ = varianza de hembras dentro de machos; σ_A^2 = varianza aditiva; $EE\sigma_A^2$ = error estándar de la varianza aditiva; = varianza de dominancia; = error estándar de la varianza de dominancia y = heredabilidad en sentido estricto;= error estándar de la heredabilidad en sentido estricto.

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

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

El error estándar se utiliza como un criterio para medir la precisión de los estimadores, de modo que un estimador será mas preciso en la medida que su varianza sea mas pequeña (Márquez y Sahagún, 1994). Respecto a la varianza aditiva se puede observar que los errores estándar generalmente fueron mas pequeños respecto a la varianza de dominación corroborando las conclusiones de Márquez y Sahagún (1994), en donde el Diseño I de Carolina del Norte estima con mayor precisión la varianza aditiva.

La representación grafica biplot clasificó a los efectos principales de una manera sencilla de interpretar, permitiendo realizar una mejor observación de la relación de los genotipos y las variables evaluadas. Este tipo de graficas se ha utilizado eficientemente para interpretar la interacción genotipo-ambiente, he identificar materiales para futuros esquemas de mejoramiento, con características convenientes al investigador. En la grafica biplot GT, un vector es señalado con una línea, desde el punto de origen, señalando la característica de mayor impacto de acuerdo a la magnitud de la línea, esto permite una mejor visualización de las relaciones entre y dentro las variables en estudio.

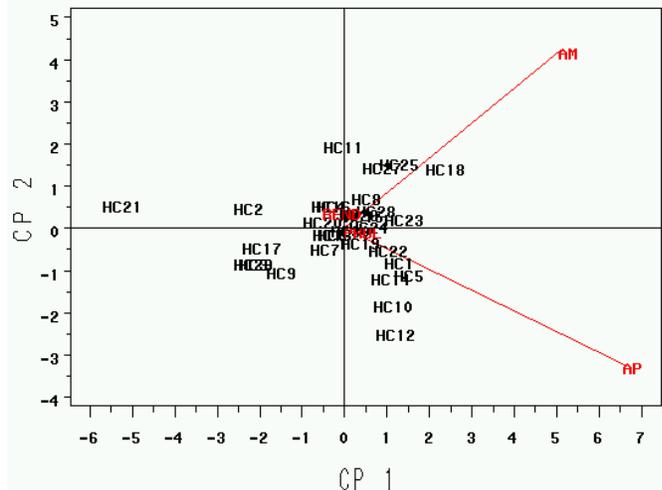


Figura 1. Gráfica Biplots Genotipo-Característica (GT), de 30 familias de hermanos completos. CP1 y CP2 componente principal uno y dos respectivamente. AP = altura de planta, AM = altura de mazorca, MZC = mazorcas cosechadas, PROL = prolificidad y REND = rendimiento. HC = hermanos completos.

En la Figura 1 la mayor variación explicada por el biplot está dada por altura de planta y altura de mazorca, expresada por la magnitud relativa de sus vectores. La interrelación entre estas características es más relevante en el mejoramiento. Una relación cercana a cero es la que existe entre rendimiento y prolificidad. La Figura 1 muestra que el biplot GT, puede ser usado para identificar genotipos sobre varias características e identificar aquellos que particularmente puedan ser progenitores, en un esquema de mejoramiento. Este procedimiento fue igualmente eficiente como lo aplica Yan *et al.* (2002). Los genotipos que se encuentran más cercanos al vector de las características expresan un valor mas alto, como puede observarse en el rendimiento no es el que más contribuye, ya que los valores de rendimiento presentaron diferencias muy bajas.

Con el objetivo de identificar progenitores que puedan servir en un esquema de mejoramiento, se graficaron 25 familias de medios hermanos seleccionados a través de su buen rendimiento. Esto permitió ubicar gráficamente la relación que guardan los genotipos contra el rendimiento, altura de planta, altura de mazorca, y prolificidad.

La grafica biplot (Figura 2) muestra que las familias de medios hermanos expresan mayor diferencia para las variables altura de planta, y altura de mazorca, visualizada por la magnitud de sus vectores. Para cada variable se ubican los genotipos con valores más altos, y de mayor peso para cada característica. Lo cual permite seleccionar los genotipos.

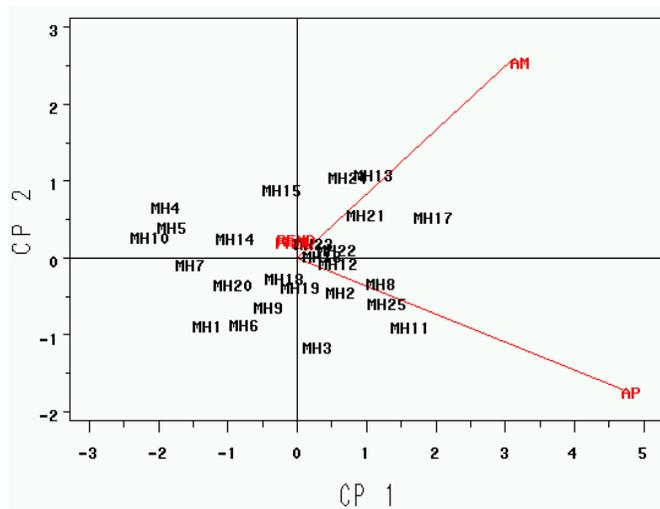


Figura 2. Gráfica biplots genotipo-característica (GT), de 25 familias de medios hermanos. CP1 y CP2 componente principal uno y dos respectivamente. AP = altura de planta, AM = altura de mazorca, PROL = prolificidad y REND = rendimiento. MH = medios hermanos.

Conclusiones

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

Agradecimientos

A la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro por haber financiado parcialmente la realización de este trabajo, el cual forma parte del Proyecto de Investigación de Maíz para Trópico Húmedo.

Literatura Citada

Comstock, R. E., and H. F. Robinson. 1948. The components of genetic variance in a population of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics* 4: 254-266.

Comstock, R. E. and H. F. Robinson. 1952. Estimation of the average dominance of genes. pp. 494-516. *In: J. W. Gowen (Ed.), Heterosis*. College Press, Ames. Iowa State, USA.

De León-Castillo, H., F. Rincón-Sánchez, M., H. Reyes-

Valdés, D. Samano-Garduño, G. Martínez-Zambrano, R. Cavazos-Cadena y J. D. Figueroa-Cárdenas. 2005. Potencial de rendimiento y estabilidad de combinaciones germoplásmicas formadas entre grupos de maíz. *Rev. Fitotec. Méx.* 28(2): 135-143.

Falconer, D. S. 1990. *Introduction to Quantitative Genetics*. 3rd ed. Longman, USA. 438 p.

Gabriel, K., R. 1971. The biplot-graphical display of matrices with applications to principal components analysis. *Biometrika* 58:453-467.

Gouesnard, B., and A. Gallais. 1992. Genetic variance component estimation in a nested mating design with positive assortative mating, and application to maize. *Crop Sci.* 32: 1127-1131.

Hallauer, A. R. and J. B. Miranda, Fo. 1981. *Quantitative genetics in maize breeding*. First ed. Univ. Press, Ames. Iowa State, USA. 468 p.

Lamkey, K. R. and J. W. Edwards. 1999. The quantitative genetics of heterosis. pp. 31-48. *In: J.G. Coors and S. Pandey (ed.) The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops*, CIMMYT, Mexico City, Mexico, 17-22 Aug. 1997. ASA, CSSA, and SSSA, Madison.

Márquez-Sánchez, F., and A. R. Hallauer. 1970. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I. Grain yield. *Crop Sci.* 10: 357-361.

Márquez, S., F. 1992. *Genotecnia Vegetal. Tomo I. Métodos, Teoría, Resultados*. AGT, Ed. México. 357 p.

Márquez, S. F., y J. Sahagún-Castellanos. 2000. Estimación de varianzas genéticas en maíz con familias independientes de hermanos completos. *Agrociencia* 34: 437-444.

Melchinger, A. E, R. K. Gumber. 1998. Overview of heterosis and heterotic groups in agronomic crops. pp: 29-44. *In: Concepts and Breeding of Heterosis in Crop plants*. K. R. Lamkey, J. E. Staub (eds). Madison, Wisconsin. USA.

Molina, G. J. D. 1992. *Introducción a la Genética de poblaciones y cuantitativa (algunas implicaciones en genotecnia)*. 1^{er} ed. AGT, Editor. México, D. F. 349 p.

Paliwal, R. L., G. Granados, H. R. Lafitte, A. D. Violic., J. P. Marathe. 2001. *Mejoramiento del maíz híbrido*. *In: El maíz en los trópicos: Mejoramiento y producción*. 1er. Ed. Roma, Italia.

Sahagún, C., J. 1997. Precisión de estimadores de componentes de varianza del Diseño I de Carolina del Norte con progenitores endogámicos. *Rev. Fitotec. Mex.* 20(1):1-12.

Searle, S. R. 1971. Topics in variance component estimation. *Biometrics*. 27:1-74.

Wu, J., J. N. Jenkins, J. C. McCarty, and D. Wu. 2006. Variance component estimation using the additive, dominance, and additive x additive model when genotypes vary across environments. *Crop Sci.* 46:174-179.