

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA
“ANTONIO NARRO”
DIVISIÓN DE AGRONOMÍA



**POTENCIAL DE RENDIMIENTO DE POBLACIONES DE MAÍZ
FORMADAS POR LA COMBINACIÓN DE GERMOPLASMA
CRIOLLO Y MEJORADO**

Por:

JUAN RAÚL MORA DUARTE

TESIS

Presentada como Requisito Parcial para

Obtener el Título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.

DICIEMBRE DE 2008

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA
"ANTONIO NARRO"
DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

TESIS

POTENCIAL DE RENDIMIENTO DE POBLACIONES DE MAÍZ
FORMADAS POR LA COMBINACIÓN DE GERMÓPLASMA
CRIOLLO Y MEJORADO

Por:

JUAN RAÚL MORA DUARTE

Que somete a la consideración del H. Jurado examinador como
requisito para obtener el título de

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Aprobado por:

Dr. Froylán Rincón Sánchez
Asesor principal

Dra. Norma Angélica Ruiz Torres
Sinodal

Dr. Juan M. Martínez Reyna
Sinodal

M.C. Ricardo Cuellar Flores
Sinodal

Dr. Mario E. Vázquez Badillo
Coordinador de la División de Agronomía
Buonavista, Saltillo, Coahuila, México
Diciembre, 2008

División de Agronomía
Coordinación.

DEDICATORIA

A MI FAMILIA

AMIGOS Y

*A TODO AQUEL QUE HAGA BUEN
USO DE ESTE DOCUMENTO*

AGRADECIMIENTOS

Antes que todo quiero agradecerle a Dios por prestarme la vida y permitirme llegar a esta etapa la cual se cierra para dar paso a otra nueva.

A mi “Alma Mater” la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro por forjarme y darme la oportunidad de realizar una vida profesional.

De manera muy especial al Dr. Froylán Rincón Sánchez quien hizo posible que éste trabajo saliera adelante, y por el tiempo que se permitió para compartir sus conocimientos.

A la Dra. Norma Angélica Ruiz Torres por su valiosa contribución en la realización de este trabajo.

A Dr. Juan Manuel Martínez Reyna por su acertada y rápida revisión de este trabajo.

Al M.C. Ricardo Cuellar Flores por su rápida y valiosa revisión.

Al Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (SINAREFI), por el apoyo al trabajo de investigación a través del proyecto MZ-07-2007.

A mis padres Sra. Laura Duarte Cabello y Sr. Juan Mora Valle que son los pilares fundamentales en mi vida y porque son mis principales maestros en la materia mas difícil “La Vida”, porque sin su amor y confianza este logro no sería nada.

A mis hermanos: Andrés, José, Eduardo (Compadres), Arnulfo (Cuco), Alfredo (Tito) y Carlos, por los momentos felices que hemos compartido, y por su apoyo incondicional y económico que me mostraron durante mi estancia en la universidad para poder terminar ésta etapa de mi vida, aunque nunca se los he dicho ni demostrado pero los quiero mucho carnales.

A mis hermanas: Rosario (Chayo) por que has demostrado ser una segunda madre para mí, y a ti Carmen Guadalupe (Lupe) por el apoyo económico que me diste cuando estuviste ausente, las quiero mucho hermanas.

A mis sobrinos por los momentos felices que hemos compartido, por las travesuras que hacemos cuando estamos juntos, y porque son los que me alegran la vida cuando estoy con ellos, los quiero mucho.

Al Ing. Francisco Ortega, mi carnal postizo, por que gracias a ti fue como conocí esta universidad, y por los consejos que me has dado para poder salir adelante.

A mis compañeros de la generación en especial a David, Jorge (Güero), Ramón, Ángel Yamir (Cuate), Marco, José Juan, Héctor y Martín por los momentos que compartimos juntos, y a todos los demás que aprecio de igual manera.

A mis compas del estado de Nayarit, Jorge (Chori), Ernesto (Zurdo), Gustavo (Oso) y Juan Antonio estos dos últimos por ser como unos hermanos y por el apoyo que me mostraron durante mi estancia en la universidad.

A todas aquellas personas que escapan de mi mente y que han sido parte importante en mi vida.

ÍNDICE DE CONTENIDO

DEDICATORIA.....	i
AGRADECIMIENTOS.....	ii
ÍNDICE DE CONTENIDO.....	iv
ÍNDICE DE CUADROS.....	v
I. INTRODUCCIÓN.....	1
Objetivos.....	2
Hipótesis.....	2
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	3
Importancia del maíz.....	3
Selección recurrente de hermanos completos.....	3
Componentes de varianza.....	7
Heredabilidad.....	10
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	13
Material genético.....	13
Formación de poblaciones.....	13
Descripción de los ambientes de evaluación.....	15
Datos agronómicos registrados.....	16
Diseño experimental y análisis.....	17
Estimación de parámetros genéticos.....	18
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	19
V. CONCLUSIONES.....	26
VI. RESUMEN.....	27
VII. LITERATURA CITADA.....	29

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro		Pagina
1	Formación de poblaciones a través de la combinación de germoplasma criollo con probadores por grupos de altitud.	14
2	Número de FHC que representan a las nueve poblaciones por grupos de altitud.	15
3	Cuadrados medios del análisis de varianza de las cuatro variables de respuesta de las nueve poblaciones en estudio, evaluación 2007.	19
4	Comparación de medias de las tres localidades de evaluación para las nueve poblaciones en estudio.	21
5	Comparación de medias para las variables en estudio de las nueve poblaciones evaluadas en el 2007.	22
6	Componentes de varianza genética y coeficientes de determinación genética (H) para las poblaciones en estudio.	24

Introducción

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los cultivos que tienen mayor importancia en México, ya que este cereal es uno de los granos que constituyen la dieta alimenticia del pueblo mexicano. Actualmente existe un problema fuerte de autosuficiencia alimentaria, por lo que se debe hacer cada vez más esfuerzos para lograr mayores rendimientos en las cosechas de este cereal. Una de las formas de lograr la autosuficiencia, es aumentar el nivel de educación en las comunidades rurales, para que los productores puedan explotar al máximo los terrenos y obtener un mayor rendimiento por superficie sembrada.

La variación genética del maíz esta directamente asociada a los nichos ecológicos donde prevalecen condiciones ambientales específicas. En los sistemas agrícolas tradicionales, particularmente bajo condiciones de temporal, el principal insumo genético lo constituyen las poblaciones adaptadas criollas o poblaciones de amplia base genética.

Los cruzamientos intervarietales entre materiales mejorados y poblaciones criollas puede ser una estrategia útil para mejorar el potencial de rendimiento de las poblaciones adaptadas. Las combinaciones genéticas entre materiales mejorados y poblaciones criollas en proporción del 50 %, han demostrado ser una estrategia para incrementar el rendimiento de una variedad criolla, complementando la adaptabilidad y tolerancia al estrés,

características intrínsecas de los materiales genéticos adaptados a condiciones de temporal deficiente (Rincón y Ruiz, 2004).

Objetivos

- 1) Evaluar poblaciones de amplia base genética en tres localidades contrastantes.

- 2) Determinar el potencial genético de nueve poblaciones base de maíz.

Hipótesis

Al menos una población base en estudio contribuye a la expresión diferencial de las características agronómicas, y por lo tanto en sus componentes genéticos.

Revisión de Literatura

Importancia del maíz

El maíz es el cultivo agrícola más importante de México, desde el punto de vista alimentario, industrial, político y social. Se producen dos ciclos por año: primavera-verano y otoño-invierno, en diferentes condiciones climáticas y de humedad (temporal y riego). En México, la superficie sembrada promedio anual en el periodo 1996-2006 fue de 8.4 millones de ha, de las cuales el 88 % fue en primavera-verano y el 12 % en otoño-invierno. El 85 % de la superficie sembrada, se cultiva en condiciones de temporal mientras que el 14.5 % se cultiva en condiciones de riego. En el estado de Coahuila se siembran 31 419.50 ha, de riego y temporal (SAGARPA-SIAP, 2007), y en más del 80 % de la superficie, se siembra con semilla criolla.

Selección recurrente de hermanos completos

La formación de hermanos completos es efectuada por cruza en las cuales las progenies tienen los dos mismos padres, por el contrario, la selección de progenies de medios hermanos tiene solamente un padre en común.

El método de selección recurrente de hermanos completos se realizó mediante la siguiente metodología (Márquez, 1985):

1ª Generación.- De una población de amplia base genética, se seleccionan 400 plantas agronómicamente sobresalientes para formar 200 cruza en forma directa y recíproca entre pares de plantas. Al cosechar se juntan las dos mazorcas de cada cruza (directa y recíproca) y se mezcla la semilla, la cual se usará en las evaluaciones.

2ª Generación.- Se evalúan las 200 FHC en ensayos de rendimiento y características agronómicas deseables a través de varios ambientes. De éstas se seleccionan el 10 por ciento de las mejores familias, se recurre al remanente de éstas y se hace un compuesto balanceado (CB) de 60 semillas por familia, las cuales se recombinarán en la siguiente generación.

3ª Generación.- Se siembra el CB para recombinar las familias seleccionadas y formar la población ciclo uno (C_1), para iniciar el segundo ciclo de selección.

De León (1987), describe la metodología de Selección Recurrente de Hermanos Completos con Pedigrí en la población Lucio Blanco Mejorado (LBM), como sigue:

Primera generación. En la población base LBM se forman 220 Familias de Hermanos Completos (FHC), para su evaluación a cada una de ellas se les asigna un pedigrí.

Segunda generación. Se evalúan las 220 FHC, en un mínimo de dos localidades con dos repeticiones por localidad y se deja un remanente de semilla de cada FHC.

Tercera generación. Evaluadas las familias se aplica un 25 por ciento de presión de selección. Hecha la selección se recurre al pedigrí de las 55 FHC seleccionadas para programarse la formación de nuevas familias de hermanos completos y recombinación al mismo tiempo, usando un cuadro de doble entrada.

De León (1987) trabajó con selección recurrente de hermanos completos con pedigrí en maíz y reportó que el método, permite derivar líneas a partir de familias no endogámicas con buena Aptitud Combinatoria, el derivar líneas de esta forma es más eficiente que derivarlas en la población donde se encuentran estas familias ya recombinadas.

García (1992) evaluó 239 familias de hermanos completos en la comunidad de Úrsulo Galván, Veracruz. A la cual se le aplicó un 25 por ciento de presión de selección, para identificar las mejores familias. En este sistema se hizo una predicción al esquema y se obtuvo una ganancia de 0.28 t ha^{-1} en la selección. También fue utilizado para estimar otros parámetros, los cuales disminuyeron en un 2.56 por ciento de acame de raíz y 4.38 por ciento de mazorcas podridas. Este trabajo fue desarrollado por medio de un dialélico parcial, el cual permite estimar Aptitud General y evita el cruzamiento entre plantas emparentadas.

Mendoza (1996) trabajó con una población denominada Pool - 24, formada por el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT). Del material base se formaron las cruza biparentales para obtener familias de Hermanos Completos asignándoles un pedigrí. A ésta se le aplicó una presión de selección de 10 a 15 por ciento, para seleccionar sólo los mejores individuos para ser recombinadas en la siguiente generación. Después de ser recombinados y dar fin al cuarto ciclo de selección, se obtuvo una ganancia genética en la mayoría de las variedades. En rendimiento se incrementó notablemente por ciclo de selección (4.79 por ciento) y la prolificidad aumentó en 10.02 por ciento, otras variables de importancia agronómicas como el acame de tallo se redujo uno por ciento y el *Fusarium* disminuyó en 0.20 por ciento. Con esto queda demostrado que el método de selección de familias de Hermanos Completos con pedigrí, ha sido eficiente ya que la respuesta reflejada hasta este ciclo se considera buena.

Coutiño *et al.* (2008), hicieron tres ciclos de selección recurrente de familias de hermanos completos en tres variedades de maíz (*Zea mays* L.) que se cultivan comercialmente en Chiapas: 'V-424' (de ciclo precoz), 'V-534' (de ciclo intermedio) y 'V-526' (de ciclo tardío), para incrementar el rendimiento de grano, pero manteniendo el fenotipo y madurez de cada población. Las localidades de evaluación fueron Ocozocoautla y Villaflores, donde se evaluaron 14 variedades experimentales formadas de los ciclos uno, dos y tres de cada población, más su población original, donde se encontraron diferencias significativas para las tres poblaciones en

rendimiento de grano, superando a las variedades originales sin cambiar su fenotipo y madurez.

Componentes de varianza

La varianza proporciona un valor de dispersión de la variable alrededor de su media. Se calcula como la diferencia de desviaciones de las observaciones con respecto a la media al cuadrado. La varianza fenotípica se descompone en varianza genotípica y ambiental. La varianza genotípica se descompone en varianza aditiva, de dominancia y epistática (Ramírez y Egaña, 2003).

Hartl y Jones (2001) mencionan que el valor fenotípico para un individuo específico es el resultado de factores genéticos, factores ambientales y la interacción entre ambos tipos de factores. La suma de estos factores contribuye a la varianza de la población de individuos que están segregando para un carácter cuantitativo. Es así que la varianza total la subdividieron de la siguiente forma:

$$V_P = V_G + V_E + V_{GE}$$

Donde:

V_P : Variación fenotípica total para la población que está segregando; V_G : Variación Genética que contribuye a la varianza fenotípica total; V_E : Contribución ambiental a la variación fenotípica total y V_{GE} : Variación asociada a las interacciones de los factores genéticos y ambientales.

Falconer (1980) menciona que la varianza aditiva es un componente importante puesto que es la causa principal del parecido entre parientes, y por lo tanto, la principal determinante de las propiedades genéticas observables de la población y de la respuesta de ésta en la selección.

La varianza ambiental comprende por definición todo lo que no es varianza genética. Los factores nutricionales y climáticos son las causas más comunes de variación ambiental y dependiendo de la magnitud en la varianza fenotípica puede reducir la precisión de los estudios genéticos. En este caso es necesario controlarla y reducirla al máximo. La variación ambiental debida a causas desconocidas se denomina variación intangible (Falconer, 1980).

Márquez (1985) menciona que en la selección se aprovechan los efectos aditivos tanto intra-locus como inter-loci para mejorar las poblaciones. Señala así mismo, que el procedimiento general consiste en: 1) selección de los mejores individuos de la población; 2) utilización de los individuos seleccionados como progenitores de la siguiente generación; 3) iniciación de un ciclo de selección en la población proveniente del apareamiento de los individuos seleccionados; y 4) realización de varios ciclos adicionales hasta la reducción de la varianza aditiva.

Musito (2004) reporta que al estimar los efectos asociados con la aptitud combinatoria general, aptitud combinatoria específica y los componentes de varianza asociados con la heredabilidad de las características agronómicas (rendimiento, días a floración masculina, días a floración femenina, altura de planta, altura de mazorca y prolificidad), fue de gran importancia la varianza aditiva excepto para la variable rendimiento que tiene mayor varianza de dominancia.

Samano (1999) trabajó con una población enana para estimar los componentes de la varianza genética para hacer una caracterización, donde obtiene que la varianza aditiva fue mayor que la varianza de dominancia en las variables: Rendimiento, Floración masculina y Floración femenina, por lo que reporta que se debe de someter a un programa de selección recurrente, para explotar la variabilidad genética del tipo aditiva, en donde puede haber mayor ganancia genética.

Morales (2001) trabajó con una población de maíz enano, para determinar los componentes de varianza genética para realizar una caracterización de ésta, donde obtiene que la varianza de dominancia fue importante para altura de planta, altura de mazorca y rendimiento; y la varianza aditiva fue importante para días a floración masculina y femenina.

Vidrio (2001), evaluó dos poblaciones de maíz formadas con diferente proporción de germoplasma, para estimar los componentes genéticos, la primera población (A) se constituyó con una proporción de 50:50, en tanto que la segunda (B), fue de 25:75 de germoplasma criollo y mejorado respectivamente. Los resultados de los componentes genéticos aditivos y de dominancia obtenidos en las dos poblaciones fueron diferentes debido a la contribución relativa de germoplasma por efecto de la retrocruza hacia el material mejorado, por lo que dados los valores obtenidos sugiere que la población A (50:50) pueda ser utilizada en un programa de mejoramiento poblacional, en tanto que la población B (25:75) puede ser usada como fuente de variación genética en un programa de mejoramiento genético.

Heredabilidad

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).

Silva y Monteverde (1998), indican que la estimación de la magnitud de los componentes aditivo, dominante y epistático de la varianza genética, constituye una valiosa información para los trabajos de selección.

La heredabilidad puede expresarse en dos formas: La heredabilidad en sentido amplio (H^2), que se define como la relación entre la varianza

genotípica (σ_G^2) y la varianza fenotípica (σ_P^2) la cual representa la parte porcentual de la varianza fenotípica u observable atribuible a los efectos totales de los genes de una población y se expresa como $H^2 = \sigma_G^2 / \sigma_P^2$). La heredabilidad en sentido estricto, es la relación entre la varianza genética aditiva (σ_A^2) y la (σ_P^2), la cual representa la parte porcentual de la varianza fenotípica atribuible a los efectos aditivos de los genes en la población y se expresa como $h^2 = \sigma_A^2 / \sigma_P^2$. La h^2 estima la fracción de la variabilidad fenotípica que es transmisible a la descendencia (Molina, 1992).

La heredabilidad en uno u otro sentido puede estimarse a partir de información ocasional de aquella obtenida expresamente para dicho fin. 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 σ_A^2 y σ_P^2 al considerarse parámetros poblacionales, están estrechamente relacionados a la h^2 y que estos pueden variar entre y dentro de poblaciones, para un mismo carácter. Cuando el comportamiento o la frecuencia génica de los individuos de una población es igual su σ_G^2 y h^2 serán cero, caso contrario, una población con frecuencia génica de 0.5 y acción génica aditiva, tendrá σ_A^2 y h^2 máxima (Molina, 1992).

La heredabilidad (h^2) difiere según la característica en estudio, Hallauer y Miranda (1981), en los trabajos revisados encuentran 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.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético

El material genético utilizado en el presente estudio fue seleccionado de la evaluación de las cruzas de 33 poblaciones de maíz, con tres probadores. Las poblaciones fueron recolectadas en 2002 en la región sureste de Coahuila (Saltillo, Parras de la Fuente, Ramos Arizpe, Arteaga y General Cepeda). Las poblaciones fueron agrupados con base en la altitud de los sitios de origen, constituyéndose tres grupos: El Grupo 1 con altitudes entre 987 y 1300, Grupo 2 entre 1301 y 2000, y Grupo 3 entre 2001 y 2568 msnm.

Formación de las poblaciones

Las poblaciones fueron sometidas a cruzamientos con tres probadores de amplia base genética para determinar su potencial genético y rendimiento de grano (Rincón y Ruiz, 2007). Los materiales usados como probadores fueron identificados con base en su diversidad genética y periodo de maduración: una población tropical (TROP) y dos sintéticos intermedios de diferente grupo heterótico (6221 y 6222).

Las familias seleccionadas con base en la Aptitud Combinatoria General fueron establecidas en un lote de recombinación dentro de cada

probador para constituir la población C₀. Al mismo tiempo de realizar la recombinación se derivaron familias de hermanos completos (FHC) bajo el esquema de surcos apareados con la finalidad de obtener FHC que representarán a todas las combinaciones posibles. Lo anterior dio origen a nueve poblaciones obtenidas a partir de cinco poblaciones de maíz seleccionadas en cada uno de los niveles de altitud (B= 987 – 1300; I= 1301 – 2000; A= 2001 – 2568 msnm) y la combinación con los tres probadores (6221, 6222 y Trop.) como se indica en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Formación de poblaciones a través de la combinación de germoplasma criollo con probadores por grupos de altitud.

Altitud	Colecta	Probadores		
		Trop	6221	6222
BAJA	C-016	1	1	1
BAJA	C-017	1	1	1
BAJA	C-018	1	1	1
BAJA	C-020	1	1	1
BAJA	C-021	1	0	1
INTERMEDIA	C-001	1	0	1
INTERMEDIA	C-003	1	1	1
INTERMEDIA	C-005	1	1	1
INTERMEDIA	C-028	1	1	1
INTERMEDIA	C-029	1	1	1
ALTA	C-022	1	1	1
ALTA	C-023	1	0	1
ALTA	C-026	1	1	1
ALTA	C-030	1	1	1
ALTA	C-037	1	1	1

Los unos (presencia) y ceros (ausencia) indican la combinación de las poblaciones con los probadores.

Como resultado de la combinación genética se obtuvieron las mejores familias de hermanos completos (FHC) que representaron a las nueve poblaciones como se indica en el Cuadro 2.

Cuadro 2. Número de FHC que representan a las nueve poblaciones por grupos de altitud.

Altitud	Probadores		
	TROP	6221	6222
Baja	61	41	64
Intermedia	58	34	54
Alta	52	46	48
Total	171	121	166

Descripción de los ambientes de evaluación

En el 2007 las FHC de cada población fueron evaluadas en tres localidades: General Cepeda, Coah., El Mezquite, N.L. y Saltillo, Coahuila.

La localidad de General Cepeda, Coahuila, que se encuentra ubicada a 1350 msnm, 25° 26' Longitud Norte y 101° 27' Latitud Oeste. La parcela experimental fue de un surco de 0.80 metros de ancho por 4 metros de largo, depositando dos semillas por golpe a una distancia de 0.2 metros entre planta (21 plantas por parcela experimental), lográndose obtener una población 59,000 plantas por ha. La siembra se realizó el 16 de Junio de 2007.

En la localidad de El Mezquite, Galeana, Nuevo León, ubicada a 1890 msnm, 25° 18' 06'' Latitud Norte y 101° 16' 69'' Latitud Oeste, la parcela experimental fue de un surco de 0.92 metros de ancho por 4 metros de

largo, depositando dos semillas por golpe a una distancia de 0.20 metros entre plantas (21 plantas por parcela experimental), y se logró una población de 55,555 plantas por ha. La siembra se realizó el 5 de Mayo de 2007.

En la localidad de San Juan de la Vaquería, Saltillo, Coahuila, ubicada a 1825 msnm, 25° 17' Latitud Norte y 101° 12.62' Latitud Oeste, la parcela experimental fue de un surco de 0.80 metros de ancho por 4 metros de largo, depositando dos semillas por golpe a una distancia de 0.20 metros entre plantas (21 plantas por parcela experimental), con una población establecida de 63,000 plantas por ha. La siembra se realizó el 26 de Mayo de 2007. El riego fue realizado por el método de cintilla.

Datos agronómicos registrados

Floración masculina y femenina (FM y FF): Número en días transcurridos desde la siembra hasta la fecha cuando el cincuenta por ciento de las plantas presentaron anteras dehiscentes (floración masculina) y estigmas receptivos (floración femenina).

Altura de planta (AP): Es la distancia en metros desde la base de planta hasta el inicio de la ramificación de la espiga.

Altura de mazorca (AM): Es la distancia en metros desde la base de la planta hasta el nudo de la mazorca principal.

Acame de raíz (AR): Es el porcentaje de plantas acamadas por parcela, considerando aquellas que presentan una inclinación mayor de 30° con respecto a la vertical.

Acame de tallo (AT): Es el número de plantas expresado en porciento, que presentaron el tallo quebrado por debajo de la mazorca principal.

Mala cobertura (MC): Es el porcentaje en plantas cuya mazorca no se encontró cubierta totalmente por el totemoxtle (brácteas) en relación con el total de plantas establecidas en cada parcela.

Diseño experimental y análisis

Las Familias de Hermanos Completos (FHC) de las nueve poblaciones fueron evaluadas bajo un diseño de bloques incompletos con arreglo α -Lattice, con una repetición por localidad. Por cada nivel de altitud se realizó un bloque donde se incluyó a los tres probadores, correspondiente a las familias de cada probador. Se usó el siguiente modelo lineal:

$$y_{ijklm} = \mu + I_i + g_{j(i)} + b_{k(ij)} + p_l + f_{m(l)} + e_{ijklm}$$

Donde:

Y_{ijkl} = Observación de la μ -ésima familia dentro de la l -ésima población; l_j = Efecto de la j -ésima localidad; $g_{j(l)}$ = Efecto del j -ésimo experimento dentro de la i -ésima localidad; $b_{k(lj)}$ = Efecto del k -ésimo bloque incompleto dentro de la i -ésima localidad por el j -ésimo experimento; p_l = Efecto de la l -ésima población; $f_{m(l)}$ = Efecto de la m -ésima familia dentro de la l -ésima población y e_{ijkl} = Error experimental.

El análisis de datos se realizó obteniendo un análisis de varianza de acuerdo al modelo lineal establecido. Los análisis fueron obtenidos con el procedimiento GLM de SAS (SAS, 2004). La comparación de medias de localidades y poblaciones se realizó con la prueba de comparación múltiple de medias de Tukey $\alpha=0.05$

Estimación de Parámetros Genéticos

La estimación de los componentes de varianza genética (σ_G^2) y varianza ambiental (σ_e^2) fueron obtenidos con el procedimiento PROC MIXED de SAS (SAS, 2004). Los estimadores de la varianza genética y error fueron utilizados para calcular la varianza fenotípica (σ_p^2). Así como la heredabilidad (H^2) en sentido amplio para cada una de las poblaciones en estudio.

La heredabilidad (H^2) en sentido amplio, se obtuvo de la razón entre la varianza genética (σ_G^2) y varianza fenotípica (σ_p^2).

Resultados y Discusión

De los caracteres agronómicos obtenidos en campo, en la presente sección se analizan sólo los datos correspondientes a la floración masculina (FM), altura de planta (APTA), el número de mazorca por planta (PRO) y el rendimiento de grano (REND).

Los resultados del análisis de varianza (Cuadro 3) indican que las localidades se mostraron diferentes en el rendimiento de grano y floración masculina ($P \leq 0.01$) mientras que para la prolificidad, las diferencias fueron al 0.05. Lo anterior puede explicarse ya que el tipo de suelo, fertilidad y las condiciones climáticas de cada localidad son diferentes.

Cuadro 3. Cuadrados medios del análisis de varianza de las cuatro variables de respuesta de las nueve poblaciones en estudio, evaluación 2007.

FV	GL	Rend (t ha ⁻¹)	FM (d)	Pro	gl	APta (m)
Localidades (Loc)	2	382.20 **	79276.12 **	2.26 *	1	32.48
Experimentos (Exp)/Loc	3	8.79 *	74.62 **	0.11	1	0.98 **
Bloques/(Loc x Exp)	59	2.81	9.07 **	0.05 *	30	0.05 *
Poblaciones	6	41.03 **	315.88 **	0.05	6	0.17 **
Familias / Pob	449	8.52 **	23.93 **	0.06 **	433	0.06 **
Error	694	2.68	5.97	0.04	279	0.03
C. V. (%)		24.48	2.77	16.95		8.34

*, ** Diferencias significativas al 0.05 y 0.01 de probabilidad, CV= Coeficiente de variación; gl= Grados de libertad; FM= Floración masculina; APta= Altura de Planta; Pro= Prolificidad; Rend= Rendimiento de grano.

En altura de planta no se presentaron diferencias, lo cual se atribuye a que en esta variable no se pudo tomar en una localidad (El Mezquite, N. L.)

a causa de una tormenta; el comportamiento de este carácter en General Cepeda y Saltillo Coah. fue similar. Las diferencias encontradas en experimentos y bloques dentro de experimentos por localidad demuestran que existe variación ambiental que es importante separar para obtener una mejor estimación en las comparaciones entre poblaciones y familias dentro de poblaciones.

Las poblaciones y familias dentro de poblaciones son estadísticamente diferentes ($P \leq 0.01$) para las cuatro variables en estudio, excepto en prolificidad para poblaciones. Lo que demuestra que las nueve poblaciones evaluadas son diferentes, esto debido al origen de las poblaciones y a la combinación con los tres probadores de amplia base genética utilizados en éste trabajo (6221, 6222, TROP). Por otro lado el número de familias de Hermanos Completos (FHC) que constituyen las poblaciones son estadísticamente diferentes ($P \leq 0.01$) y representa un componente de variación importante por lo que se puede decir que es posible realizar una selección exitosa y de esta forma seguir el siguiente ciclo de selección para seguir mejorando las poblaciones.

En la comparación de medias (Cuadro 4), las localidades El Mezquite, N. L. y Saltillo, Coah. mostraron un rendimiento similar, a diferencia de General Cepeda, Coah., siendo superiores las dos primeras localidades con un rendimiento de 7.517 y 6.871 ($t\ ha^{-1}$) respectivamente.

Cuadro 4. Comparación de medias de las tres localidades de evaluación para las nueve poblaciones en estudio.

Localidades	Rend (t ha ⁻¹)	FM (d)	Pro	Apta (m)
El Mezquite N. L.	7.517 a	101.834 a	1.094 b	
Saltillo, Coah.	6.871 a	85.702 b	1.055 b	2.363 a
General Cepeda, Coah.	5.219 b	72.080 c	1.197 a	1.870 a
Media	6.693	88.279	1.106	2.161
Tukey $\alpha= 0.05$	0.827	2.517	0.092	0.931

Medias con la misma letra son estadísticamente iguales.

En floración masculina, se encontró un gradiente de mayor a menor, siendo El Mezquite, N. L., la localidad más tardía en promedio, seguida de Saltillo, Coah., y General Cepeda, Coah, con una amplitud de de 102 a 72 días. Este patrón está asociado con las condiciones climáticas y la altitud.

En altura de planta, la localidad de El Mezquite, N. L. no participa ya que en ésta localidad los materiales se encontraban acamados a causa de una tormenta posterior a la floración. En las localidades de Saltillo y General Cepeda, Coah., se encontró que la expresión de este carácter es similar estadísticamente (Cuadro 3 y 4).

El índice de prolificidad fue superior en la localidad de de General Cepeda, Coah., siendo diferente estadísticamente a las localidades de El Mezquite, N. L. y Saltillo, Coah.

La comparación de medias de las poblaciones (Cuadro 5), muestra que para el rendimiento de grano, las poblaciones que son superiores e iguales estadísticamente son la PA6221 y PA6222, correspondientes a las poblaciones que fueron constituidas a partir de la combinación de los probadores 6221 y 6222 con materiales adaptados a altitudes altas.

Cuadro 4. Comparación de medias para las variables en estudio de las nueve poblaciones evaluadas en el 2007.

Poblaciones	REND (t ha⁻¹)	FM (d)	Apta (m)	Pro
PA6221	8.065 a	95 a	2.43 a	1.101 a
PA6222	7.953 ab	94 a	2.50 a	1.150 a
PB6222	7.110 cb	88 cd	2.11 bc	1.134 a
PATROP	6.994 cd	91 b	2.43 a	1.099 a
PITROP	6.678 cde	84 e	2.10 bc	1.104 a
PI6221	6.544 cde	88 c	2.16 b	1.094 a
PBTROP	6.168 ed	87 d	2.08 bc	1.081 a
PI6222	5.864 e	87 cd	2.10 bc	1.097 a
PB6221	5.835 e	88 c	2.03 c	1.098 a
Media	6.693	88	2.16	1.106
Tukey $\alpha= 0.05$	0.880	1.423	0.12	0.082

Medias con la misma letra son estadísticamente iguales.

El siguiente grupo en rendimiento lo forman las poblaciones PB6222 y PATROP que son iguales y estadísticamente diferentes a las dos poblaciones antes mencionadas.

Las poblaciones PB6222 y PATROP tuvieron un comportamiento superior a las poblaciones obtenidas con los materiales adaptados a altitudes baja e intermedia, en tanto que las poblaciones PI6222 y PB6221 fueron los de menor rendimiento promedio con 5.864 y 5.835 t ha⁻¹, respectivamente (Cuadro 4).

Para el caso de la floración masculina, la distribución de los grupos es más amplia y cambia el orden con respecto a rendimiento para la mayoría de las poblaciones, con excepción de las poblaciones PA6221 y PA6222 que demuestran ser las más tardías de las nueve poblaciones evaluadas y éstas son las de mayor rendimiento de grano. Sin embargo, la diferencia promedio

entre las floraciones de estas poblaciones y la media general es de siete días, lo cual está en el margen para realizar selección.

Las poblaciones de origen alto son más rendidoras, más tardías en comparación con el resto de las poblaciones, las más precoces y de menor rendimiento fueron las poblaciones PB6221 y PI6221. La población PITROP se encuentra en promedio de rendimiento y es la más precoz de las poblaciones en estudio.

Para el caso de altura de planta, nuevamente las poblaciones más rendidoras son la PA6221 y PA6222, estos resultados son esperados ya que también existe una asociación entre la altura de planta y el rendimiento de la misma. Las plantas de menor altura son las que muestran tener un rendimiento menor y también son más precoces como es el caso de la población PB6221.

En el caso de prolificidad no se encontró diferencias significativas para ninguna de las poblaciones (Cuadro 3). Lo cual se corrobora en el Cuadro 5, ya que todas se comportan de la misma manera.

En general los resultados arrojados por el Cuadro 5, indican que existe suficiente variabilidad entre las poblaciones para realizar selección y así avanzar otro ciclo de selección de una manera exitosa.

Los componentes de variación genética resaltan la importancia del valor genético de las poblaciones para el carácter en estudio. En la floración masculina, las poblaciones con origen de materiales de altura en combinación con todos los probadores (PA6221, PA6222 y PATROP)

mostraron los índices mayores en la varianza genética (Cuadro 6), y en los coeficientes de determinación genética (heredabilidad en sentido amplio).

Cuadro 6. Componentes de varianza genética y coeficientes de determinación genética (H) para las poblaciones en estudio.

Poblaciones	Floración masculina			Rendimiento de grano		
	σ_G^2	σ_E^2	H	σ_G^2	σ_E^2	H
PB6221	7.119	10.513	0.404	0.599	1.872	0.242
PI6221	5.178	6.182	0.456	0.476	2.700	0.150
PA6221	9.528	4.213	0.693	0.851	2.342	0.267
PB6222	5.040	4.107	0.551	0.509	2.061	0.198
PI6222	8.417	6.963	0.547	1.139	2.228	0.338
PA6222	9.285	3.924	0.703	1.630	2.577	0.387
PBTROP	5.028	6.047	0.454	0.154	2.242	0.064
PITROP	4.244	4.327	0.495	1.168	1.999	0.369
PATROP	15.348	6.434	0.705	1.183	2.994	0.283

En el rendimiento de grano, el probador 6221 obtuvo un componente genético superior en las poblaciones de origen bajo y alto (PB6221 y PA6221). Por otro lado, el probador 6222, la respuesta superior fue con las poblaciones que provienen de altitudes intermedias a altas (PI6222 y PA6222).

La respuesta entre estos dos probadores (6221 y 6222) en combinación con poblaciones es diferente ya que ambos probadores representan a grupos heteróticos diferentes. En la población TROP utilizado como probador con las poblaciones de origen Intermedio y Alto (PITROP, PATROP) obtuvo los valores superiores en los componentes de variación

genética y consecuentemente los valores superiores en el coeficiente de determinación genética.

Conclusiones

La expresión fenotípica de las nueve poblaciones en estudio se manifestó diferente en todas las variables en evaluación. Esto se debe a que cada población tiene diferente origen y a la cruce con cada probador.

Las poblaciones PA6221 y PA6222 presentaron los mejores rendimientos de grano, pero también fueron las más tardías con siete días arriba de la media entre poblaciones.

Las poblaciones formadas a partir de poblaciones de origen intermedio y de altura cruzadas con los probadores 6222 y TROP obtuvieron los valores más altos de la variación genética.

Las poblaciones PI6222 y PITROP con los valores más altos en el coeficiente de determinación genética (heredabilidad en sentido amplio) y más precoces pueden usarse para selección por precocidad.

Resumen

En el presente estudio se trabajó con nueve poblaciones de maíz derivadas de colectas de maíz del sureste de Coahuila, México, combinadas con germoplasma de tres probadores de amplia base genética. Las poblaciones se obtuvieron bajo el esquema de Familias de Hermanos Completos (FHC), usando surcos apareados, donde las poblaciones de maíz fueron agrupadas con base en la altitud de los sitios de origen, formándose tres grupos: El grupo 1 con altitudes entre 987 y 1300, Grupo 2 entre 1301 y 2000 y Grupo 3 entre 2001 y 2568 msnm. Los objetivos del trabajo fueron evaluar las poblaciones y determinar el potencial genético para procesos de selección. Las poblaciones fueron evaluadas en tres localidades en 2007: El Mezquite, N. L., Saltillo y General Cepeda, Coahuila. Las FHC de las nueve poblaciones fueron evaluadas bajo un diseño de bloques incompletos con arreglo α -Latice, con una repetición por localidad. Se analizó los días a floración, altura de planta, el número de mazorcas por planta y el rendimiento de grano. En los resultados se encontraron diferencias ($P \leq 0.01$) entre poblaciones para el rendimiento de grano y floración masculina; las familias dentro de poblaciones fueron estadísticamente diferentes ($P \leq 0.01$) para las cuatro variables en estudio, excepto para prolificidad. Se detectó a las poblaciones PA6221 y PA6222 como las de más alto rendimiento de grano con 8.065 y 7.953 t ha⁻¹, respectivamente, pero también fueron las más tardías con 95 y 94 días a floración, respectivamente. Es importante mencionar a la población PITROP que se encuentra en el promedio de rendimiento y fue la más precoz de las poblaciones en estudio.

En el caso de los componentes de variación genética, las poblaciones (PA6221, PA6222 y PATROP) para floración masculina, mostraron los índices mayores en la varianza genética y en la heredabilidad en sentido amplio (H^2). En rendimiento de grano las poblaciones PB6221, PA6221, PI6222 y PA6222 fueron las que obtuvieron un componente genético superior.

Las poblaciones PI6222 y PITROP con los valores más altos en el coeficiente de determinación genética (heredabilidad en sentido amplio) y más precoces pueden usarse para selección por precocidad.

Palabras clave: *Zea mays* L., Combinación de Germoplasma criollo y mejorado, Selección Familiar de HC, Componentes Genéticos, Heredabilidad.

LITERATURA CITADA

- Coutiño E. B., G. Sánchez, G. y V. A. Vidal, M. 2008. Selección entre y dentro de familias de hermanos completos de maíz en Chiapas México. Rev. Fitotec. Mex. 31: 115-123.
- De León C., H. 1987. Selección Recurrente en Familias de Hermanos Completos con Pedigrí en Maíz (*Zea mays* L.). Tesis Maestría en Ciencias. UAAAN. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. 60 p.
- Falconer, D.S. 1980. Introducción a la Genética Cuantitativa. 2ª Ed. Editorial Continental S.A. México D.F. 430 p.
- Falconer, D. S. 1990. Introduction to Quantitative Genetics. 4ta ed. Longman. USA. 438 p.
- García H., J. C. 1992. Selección Recurrente de Hermanos Completos con Pedigrí: Evaluación de cuarto ciclo (C₄) en la Población de Maíz Tropical Complejo – 24. Tesis de Licenciatura. UAAAN. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. 64 p.
- Hallauer, A. R. and J. B. Miranda, F. 1981. Quantitative genetics in maize breeding. First edition. Iowa State Univ. Press, Ames. 468 p.
- Hartl D. and E. Jones. 2001. Genética cuantitativa. Disponible en <http://uvigen.fcien.edu.uy/utem/gencuan/Gen%E9tica%20cuantitativa.pdf> (octubre del 2008).

Márquez S. F. 1985. Genotecnia Vegetal. Tomo I. Métodos, Teoría y Resultados. AGT Editor, S. A. 357 p.

Mendoza E., M. 1996. Respuesta Genética en cuatro ciclos de Selección Recurrente de Hermanos Completos con Pedigrí en la Población de Maíz Pool 24 (*Zea mays* L.). Tesis de Maestría en Ciencias. UAAAN. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.

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.

Morales P., I. 2001. Comparación de dos diseños genéticos en la estimación de los componentes de varianza en una población de maíz enano. Tesis de Licenciatura. UAAAN. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.

Musito R., G. 2004. Interpretación del potencial genético del grupo germoplásmico de maíz denominado Ideotipo evaluado en cinco ambientes de EL Bajío. Tesis de Licenciatura. UAAAN. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.

Ramírez, L. y Egaña B. 2003. Guía de conceptos de genética cuantitativa. Departamento de Producción Agraria. Universidad Pública de Navarra. Disponible en. <http://www.unavarra.es/genmic/genetica%20y%20mejora/genetica%20cuantitativa/GENETICA-CUANTITATIVA.htm> .

Rincón S., F. y N. A. Ruiz T. 2004. Comparación de estrategias de selección y manejo aplicadas a una población criolla de maíz. Rev. Fitotec. Mex. 27: 33 - 37.

Rincón S., F. y N. A. Ruiz T. 2007. Aptitud combinatoria y potencial de rendimiento de poblaciones criollas de maíz del Sureste de Coahuila, México. In:

Memoria 2da reunión Nacional para el Mejoramiento, Conservación y Uso de Maíces Criollos. SOMEFI. Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Uruapan, Mich. p:116-123.

SAGARPA-SIAP. 2007. Situación actual y Perspectivas del Maíz en México 1996-2012. Talleres Gráficos del Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera, México. 131 p.

Samano G., D. 1999. Caracterización de una Población Enana de Maíz (*Zea mays* L.) a partir de Híbridos Dobles. Tesis de Licenciatura. UAAAN. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.

SAS Institute Inc. 2004. SAS/STAT® 9.1 User's Guide. Cary, N.C. SAS Institute Inc. USA. 5121 p.

Silva R. J. y E. Monteverde-Penso. 1998. Estimación de componentes de varianza genética de una población indehisciente de ajonjolí tipo chino utilizando dos diseños de apareamiento. *Agronomía tropical*. Universidad Central de Venezuela. 48: 177-182.

Vidrio H., R. 2001. Estimación de componentes genéticos en dos poblaciones de maíz con diferentes dosis de germoplasma. Tesis de Maestría. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Saltillo, Coahuila, México. 59 p.