

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA

“ANTONIO NARRO”

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA



**Selección Familiar en Poblaciones de Maíz Obtenidas por la
Combinación de Germoplasma Criollo y Mejorado**

Por:

DAVID ANTONIO TAPIA VIERA

T E S I S

Presentada como Requisito Parcial para Obtener el Título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Buenavista Saltillo, Coahuila, México.

Marzo de 2009

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA

“ANTONIO NARRO”

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

TESIS

**SELECCIÓN FAMILIAR EN POBLACIONES DE MAÍZ OBTENIDAS POR LA
COMBINACIÓN DE GERMOPLASMA CRIOLLO Y MEJORADO**

Por:

DAVID ANTONIO TAPIA VIERA

**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



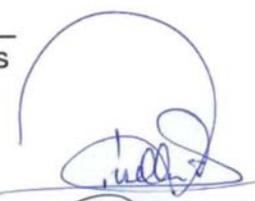
Dra. Norma Angélica Buiz Torres

Sinodal



Dr. Juan M. Martínez Reyna

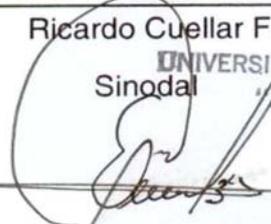
Sinodal



Ricardo Cuellar Flores

Sinodal

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA
“ANTONIO NARRO”



Dr. Mario E. Vázquez Badillo

Coordinador de la División de Agronomía

División de Agronomía
Coordinación.

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México Marzo 2009

DEDICATORIAS

A mi Padre el señor Oseas Tapia Ziranda (Don Oseas), a mi Madre la señora Juana Viera Rubio (Doña Juanita) por haberme dado la oportunidad de formarme como profesionalista por creer en mi y darme su apoyo incondicional por sus consejos y por enseñarme que todo es posible cuando uno se lo propone y se esta convencido de que ello.

Quiero que sepan que esto que he logrado ha sido gracias a ustedes dos porque a pesar de todo nunca me dejaron solo y siempre estuvieron a mi lado, los quiero mucho y toda mi vida voy a recordar lo que han hecho por mí.

A mis hermanos:

Elizabeth Tapia Viera (Ely) y mi carnal Daniel Olaf Tapia Viera porque son parte importante de mi vida y que sin su apoyo jamás lo hubiera logrado, gracias a ambos por su comprensión y consejos, gracias también por los buenos momentos que hemos pasado y porque en los malos nunca nos hemos dado la espalda, espero que el apoyo que nos hemos brindado como hermanos jamás se termine.

A mis sobrinos, Ricardo (El Gordo) y Melani Joana por los momentos tan gratos que he pasado a su lado.

AGRADECIMIENTOS

Primeramente gracias a Dios por haberme dado la vida y las fuerzas necesarias para llegar hasta donde hoy e llegado.

A mi “Alama Mater” Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, por haberme preparado en el ámbito profesional, y darme la oportunidad de crecer como persona.

De manera muy especial al Dr. Froylán Rincón Sánchez por haberme brindado su amistad, conocimientos y tiempo para la realización de este trabajo que sin su apoyo no hubiera sido posible.

A todo el comité de asesores la Dra. Norma A. Ruiz Torres, al Dr. Juan Manuel Martínez Reyna, y al M.C. Ricardo Cuellar Flores por sus valiosas sugerencias en la revisión del presente trabajo.

A mi novia Heidy gracias por haber llegado a mi vida bonita y por permitirme entrar a la tuya te amo mucho gracias por hacerme tan feliz.

A mi tía Cesio Tapia Ziranda y mis primas Ariadna (La Licenciada) y Karen (La gorda), gracias a las tres por todo el cariño y confianza que han demostrado tenerme las quiero mucho.

A mi cuñado Eugenio quien se robo a mi hermana y que gracias a el tengo dos grandiosos sobrinos gracias cuñao.

A mis compas de generación en especial a Juan Raúl (El Culichi), Jorge Luis (El Güero), mi paisita Marco Antonio, Los Perros: José Juan, Martin y Héctor (Heter), el Ing. Moncho (Juan Ramón), a Roberto Carlos, Daniel Gil (Leo Dan), Ángel Yamir (El

Cuate), Marcelino Avendaño) gracias a todos ellos por haberme brindado su amistad y confianza.

De una manera muy especial a todos mis compas del paraíso 6 el Jorge (el Chori), Ernesto Samuel (El Gato), Gustavo (El Oso), que de verdad demostraron ser mis compas durante toda mi estancia en la UAAAN, gracias por todos los buenos momentos, los cuales fueron muchos y muy buenos.

Y a todas aquellas personas que me brindaron su amistad y que se escaparon de mi mente, muchas gracias a todos.

ÍNDICE DE CONTENIDO

DEDICATORIAS.....	i
AGRADECIMIENTOS.....	ii
ÍNDICE DE CONTENIDO.....	iv
ÍNDICE DE CUADROS.....	v
RESUMEN.....	vi
I. INTRODUCCIÓN.....	1
Objetivos.....	3
Hipótesis.....	3
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	4
Selección.....	4
Selección recurrente o cíclica.....	4
Selección familiar.....	6
Familias de hermanos completos (FHC).....	7
Selección recurrente de hermanos completos (SRFHC).....	7
Probadores.....	10
Índice de selección.....	12
Aspectos teóricos del índice de selección.....	13
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	15
Material genético.....	15
Formación de familias de hermanos completos.....	17
Descripción de las localidades de evaluación.....	18
Variables evaluadas.....	20
Diseño experimental.....	21
Selección familiar (índices de selección).....	22
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	23
V. CONCLUSIONES.....	34
VI. LITERATURA CITADA.....	35
APÉNDICE.....	39

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 1. Clasificación de 15 colectas de maíz y combinación con tres probadores para constituir nueve poblaciones nuevas.....	16
Cuadro 2. Numero de familias de hermanos completos que representan a las nueve poblaciones constituidas.....	18
Cuadro 3. Metas e intensidades utilizadas en la selección.....	22
Cuadro 4. Cuadrados medios del análisis de varianza para las variables en estudio evaluadas en el 2007.....	23
Cuadro 5. Comparación de medias entre las localidades para las variables en estudio evaluadas en 2007.....	25
Cuadro 6. Comparación de medias para las variables en estudio correspondiente a las nueve poblaciones evaluadas en el 2007.....	27
Cuadro 7. Índices de selección para seis variables en estudio en la población B6222 evaluadas en tres localidades en el 2007.....	30

RESUMEN

El presente estudio se realizó a partir de la formación de nueve poblaciones de maíz obtenidas por la combinación de germoplasma criollo por mejorado. Un grupo de poblaciones criollas adaptadas al Sureste de Coahuila fueron originalmente cruzadas con tres probadores de amplia base genética, las cuales, después de la evaluación y selección fueron recombinadas para obtener las poblaciones en estudio. Cada población fue representada por Familias de Hermanos Completos (FHC) obtenidas usando surcos apareados. Las poblaciones fueron agrupadas de acuerdo a el origen de procedencia de las poblaciones de maíz originales en tres altitudes, lográndose formar tres grupos diferentes: El grupo 1 (Baja) con altitudes entre los 987 y 1300 msnm, Grupo 2 (Intermedia) entre 1301 y 2000 msnm y Grupo 3 (Alta) entre 2001 y 2568 msnm. Los objetivos del trabajo fueron determinar el potencial de rendimiento de las nueve poblaciones, evaluar y seleccionar las mejores familias de hermanos completos dentro de cada población. La evaluación de las familias de las nueve poblaciones se realizó en tres localidades en 2007: El Mezquite, Galeana N. L., San Juan de la Vaquería, Saltillo, Coah., y General Cepeda, Coahuila. Los experimentos fueron establecidos bajo un diseño de bloques incompletos con arreglo α -látice, con una repetición por localidad. Se determinó el rendimiento de grano ($t\ ha^{-1}$), días a floración masculina, prolificidad y altura de planta, Los resultados mostraron que las localidades fueron diferentes ($P \leq 0.01$) en rendimiento de grano ($t\ ha^{-1}$), y días a floración masculina, en tanto que en la prolificidad se observaron diferencias significativas al 0.05 de

probabilidad. Las poblaciones y familias dentro de poblaciones fueron estadísticamente diferentes ($P \leq 0.01$) para las cuatro variables en estudio, excepto en poblaciones para prolificidad. Se logró identificar dos poblaciones con un buen potencial de rendimiento: PA6221 y PA6222 con un rendimiento de grano de 8.065 y 7.953 t ha⁻¹ respectivamente y con 94 y 93 días a floración, respectivamente siendo estas las más tardías. La selección de familias de hermanos completos se llevó a cabo aplicando índices de selección con medias a través de localidades donde se incluyen las variables: altura de planta, floración masculina, prolificidad, plantas con mala cobertura y rendimiento de grano. Los criterios de selección fueron conservar la media de la población en altura de planta y floración masculina, reducir las plantas con mala cobertura e incrementar el índice de prolificidad y rendimiento de grano. Dentro de cada población se analizó la media de la población, la media de la fracción seleccionada y el diferencial de selección para verificar la aplicación de la selección familiar en las variables en estudio. Con base en los criterios de selección se logró seleccionar a las mejores 10 familias de hermanos completos, dentro de cada población, las que serán utilizadas en la recombinación genética y con esto, formar el siguiente ciclo de selección.

Palabras clave: Maíz (Zea mays L.), Combinación de germoplasma criollo por mejorado, Probadores, Selección familiar de Hermanos Completos, Índices de Selección, Recombinación genética.

I. INTRODUCCIÓN

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los granos alimenticios más antiguos que se conocen. Perteneció a la familia Poaceae (Gramineae) y es la única especie cultivada del género *Zea*, es uno de los tres cultivos más importantes del mundo, y México es su país de origen, representando uno de los productos base en la dieta del mexicano.

El maíz fue de gran importancia entre los pueblos de Mesoamérica. Constituyó su base alimenticia por ser uno de sus alimentos de mayor valor y por ser preparado en multitud de formas como los atoles, tamales, pozoles y tortillas que siguen siendo hasta nuestros días, elementos indispensables en la alimentación del pueblo mexicano.

Hoy día, el maíz es el segundo cultivo del mundo por su producción, después del trigo, mientras que el arroz ocupa el tercer lugar. Es el primer cereal en rendimiento de grano por hectárea y es el segundo, después del trigo, en producción total. El maíz es de gran importancia económica a nivel mundial ya sea como alimento humano, como alimento para el ganado o como fuente de

un gran número de productos industriales. La diversidad de los ambientes bajo los cuales es cultivado el maíz es mucho mayor que la de cualquier otro cultivo.

El maíz es el cultivo más importante de México, desde el punto de vista alimentario, político y social. Este grano se produce en dos ciclos productivos: primavera-verano y otoño-invierno, bajo las más diversas condiciones agroclimáticas, de humedad, temporal y riego.

La superficie sembrada promedio anual durante el periodo (1996-2006) fue equivalente a 8.4 millones de hectáreas, de las cuales el 85.5 % del total se cultiva bajo condiciones de temporal, proporción que representa 7.2 millones de hectáreas promedio anual; mientras que 1 millón 217 mil hectáreas se siembran bajo condiciones de riego, que representa el 14.5 % del total (SAGARPA-SIAP 2007).

En el estado de Coahuila se siembran 31 419 ha, con un rendimiento de grano promedio de 0.88 t ha^{-1} de riego y temporal (SAGARPA-SIAP, 2007).

Objetivos

1) Determinar el potencial de rendimiento de nueve poblaciones obtenidas por la combinación de germoplasma criollo por mejorado.

2) Evaluar y seleccionar familias de hermanos completos dentro de nueve poblaciones.

Hipótesis

Las poblaciones cuentan con atributos distintivos, que con selección ayudarán a mejorar poblaciones criollas adaptadas.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

Selección

Proceso natural o artificial mediante el cual se separan plantas individuales o grupos dentro de poblaciones. Es la velocidad de reproducción donde los mejores individuos se propagan más rápidamente. La selección sólo actúa sobre diferencias heredables y no crea variabilidad, sino que actúa solamente sobre la que ya existe (Chávez, 1987).

La selección artificial es un proceso que puede vislumbrarse y puede ser en realidad causa inmediata de cambios en la constitución genética de las poblaciones. Los fines de ésta con respecto a un carácter medible son; a) modificar su media; b) reducir su variabilidad; c) extender su manifestación en una dirección (Lerner, 1964).

Selección recurrente o cíclica

Es aquella en que de manera sistémica se escogen las plantas deseables de una población seguida por la recombinación de las mismas para formar una nueva población, y tiene por objeto incrementar la frecuencia de genes deseables en las poblaciones variables al seleccionar y recombinar generación tras generación las plantas que llevan estos genes. La efectividad

de esta selección depende de la variabilidad genética, frecuencias génicas de la población y la heredabilidad de las características bajo selección (Chávez, 1995).

El mejoramiento de poblaciones de maíz mediante selección recurrente ha sido efectivo para incrementar la frecuencia de alelos favorables de importancia económica. Estas poblaciones mejoradas se han utilizado comercialmente como variedades de polinización libre y en híbridos intervarietales, así como fuente de líneas endocriadas (Lonnquist, 1949; Eberhart *et al.*, 1967; Hallauer, 1990).

Ramírez *et al.* (2000) reportan que al utilizar selección recurrente lograron una reducción en la altura de planta y mazorca de 7.48 cm y 5.83 cm, respectivamente, así como también se logró disminuir el porcentaje de mazorcas podridas en un 0.97 % y acame de raíz en un 1.7 % por ciclo.

La efectividad de la selección recurrente es reconocida porque incrementa la frecuencia de genes favorables de una o más características agronómicas bajo selección y mantiene la variabilidad genética para continuar la selección, eso implica un proceso cíclico de muestreo, evaluación y recombinación (Hallauer y Miranda, 1988).

Mendoza *et al.* (2000) reportan un incremento en la prolificidad de 4.92 % por ciclo y un aumento en el rendimiento de 3.09 % por ciclo de selección recurrente en una población de maíz para el trópico húmedo denominada "POOL-24". Los resultados obtenidos con el método de selección recurrente fueron eficientes, para la acumulación de genes deseables.

Selección familiar

La selección familiar en plantas alógamas es aproximadamente comparable al método de selección individual en plantas autógamas. Ambos pueden describirse como métodos en los que se conserva un registro fiel del árbol genealógico lo que se conoce frecuentemente como método de pedigrí. La selección de las plantas alógamas puede repetirse durante varias generaciones, pero el aislamiento más o menos fuerte de los grupos familiares conduce a una endogamia estrecha y eventualmente a un alto grado de homocigosis (Brauer, 1987).

El principio de la selección familiar descansa sobre la posibilidad de apreciar el valor genético de una miembro de una familia, escogido al azar por el promedio fenotípico de todos sus miembros (Lerner, 1964).

Los métodos de selección familiar, al tomarse como unidad de selección a la familia, los valores fenotípicos son los promedios de sus valores individuales, por lo tanto, los efectos ambientales tienden a anularse y los valores fenotípicos se acercan a los valores genéticos si las pruebas de las familias se llevan a cabo en un número adecuado de años (Robles, 1986).

Familias de hermanos completos (FHC)

Es la progenie del apareamiento entre dos individuos o cruce planta a planta (PaP). La familia se puede derivar de la semilla de un cruzamiento directo o bien, de éste y del cruzamiento recíproco. La FHC se puede obtener de dos formas, en una los cruzamientos se hacen entre pares de plantas no comprometidas con ninguna otra, o cruce (PaP), o bien cruce en cadena (CeC) en la cual la primera planta del surco poliniza a la segunda planta y ésta a su vez a una tercera etc., hasta que la última poliniza a la primera (Márquez, 1992).

Selección recurrente entre familias de hermanos completos (SRFHC)

Mather (1949) citado por Chávez (1995), menciona que la selección recurrente entre familias de hermanos completos (FHC) es uno de los métodos de mayor eficacia para el mejoramiento de una población. Sin embargo, no ha

sido tan ampliamente usado como otros métodos de selección recurrente intrapoblacional.

Hallauer y Miranda (1988) señalan que la selección recurrente de hermanos completos tiende a incrementar los alelos favorables y es muy eficiente para mejorar caracteres cuantitativos entre los que se incluye el rendimiento.

Ibarra (1983) menciona que la selección familiar de hermanos completos (SFHC), requiere solamente dos generaciones por ciclo cuando se hacen cruza planta a planta (PaP) de diferentes familias seleccionadas porque la formación y recombinación son hechas simultáneamente por ejemplo en la estación uno se realiza la recombinación y formación de familias y en la estación dos los ensayos de rendimiento.

Independientemente de la metodología utilizada en la selección, la constitución genética de una población tiende a cambiar y reducir la frecuencia de alelos desfavorables en las poblaciones (Sprague y Eberhart, 1977).

Cualquiera que sea el método de selección que se desee aplicar tiene forzosamente que partir de una población variable. Si la variación no existe ya

en la población original o se considera insuficiente habrá que introducirla (Brauer, 1987).

Maya y Ramírez (2002) trabajaron con dos poblaciones tropicales exóticas de maíz bajo el esquema de selección recurrente de líneas S_2 , y una subtropical adaptada con el método de familias de hermanos completos (FHC). Estos autores lograron un incremento en el rendimiento de grano de 8.3 % por ciclo, bajo el método de selección recurrente de líneas S_2 para la población tropical exótica. Mientras que para la subtropical adaptada, el método de selección de familias de hermanos completos (FHC) fue efectivo para incrementar el rendimiento de grano en un 9.3 % por ciclo.

Lonquist y Williams (1967) evaluaron 102 familias de hermanos completos (FHC), obtenidos entre dos poblaciones de maíz que habían sido sometidas a varios ciclos de selección recurrente por habilidad combinatoria general. Las familias mostraron 31 % de heterosis en promedio, y tuvieron 6 % más de rendimiento que tres híbridos que fueron utilizados como testigos con los cuales ellos evaluaron las familias.

García (1999) trabajó con selección recurrente de familias de hermanos completos con pedigrí en una población de maíz con amplia base genética

denominada "POOL-24" con el objetivo de mejorarla, y avanzar un ciclo más de selección, aplicando una 25 % de presión de selección logrando identificar 66 familias sobresalientes por su rendimiento y otras características agronómicas.

Bejarano *et al.* (1992) evaluaron 100 familias de hermanos completos (FHC) de una variedad de maíz dulce "Riqueza", encontraron una correlación positiva de rendimiento de grano con las demás variables evaluada durante el experimento, y una variabilidad entre familias por lo que proponen seguir con el método de selección recurrente de hermanos completos para obtener un buen avance genético por ciclo de selección.

Hallauer y Miranda (1988) mencionan que para cubrir un ciclo de selección recurrente de hermanos completos (SRHC), al menos se requiere de tres generaciones. Posteriormente, Compton y Lonquist (1982) realizaron una modificación en la cual por ciclo de selección se requieren dos generaciones. Años después, Gómez *et al.* (1986) desarrollaron el método de selección recurrente de hermanos completos con pedigrí, que permite evaluar los genotipos con base en su aptitud combinatoria general (ACG).

Probadores

Es cualquier material genético que permite medir la aptitud combinatoria (AC) de un grupo de líneas con el cual se cruza (Chávez, 1995).

La aptitud combinatoria (AC), se refiere a las combinaciones híbridas, al comportamiento promedio de una línea al cruzarla con otras, o bien al comportamiento de una o varias líneas al cruzarlas con una variedad de amplia base genética.

Aptitud combinatoria general (ACG), es el efecto promedio que una línea causa a sus cruzas, medido como desviación de la media general, es decir, lo que una línea hereda a sus progenies en promedio de muchas cruzas.

Cuando en la crusa se usa un probador de amplia base genética como son poblaciones heterocigóticas, sintéticos, cruzas dobles etc., a la crusa resultante se le conoce como mestizo (Top-Cross) (Chávez, 1995).

Montenegro *et al.* (2002) evaluaron el comportamiento de 57 accesiones de maíz a través de cruzas de prueba usando dos poblaciones y dos líneas como probadores, con el propósito de identificar su potencial genético. Se identificaron cuatro materiales criollos que presentan buena aptitud combinatoria general (TAM131, CUBA137, JAL285 y SIN70).

Rincón y Ruiz. (2004) trabajaron bajo un esquema de mejoramiento participativo, para determinar el potencial genético de variedades criollas de

maíz. El estudio se realizó en dos partes: la primera consistió en evaluar el comportamiento de 10 poblaciones criollas cruzadas con tres variedades (PROB); la segunda consistió en la evaluación de 182 familias de hermanos completos, obtenidas de la recombinación de las cruza planta a planta (PaP) de la primera parte de esta investigación, usando como criterio su comportamiento agronómico e índices de selección. Los resultados obtenidos demuestran que la combinación de germoplasma mejorado puede ser una buena estrategia para el mejoramiento de variedades criollas.

Índice de selección

Un índice de selección es la metodología utilizada para hacer selección de manera simultánea por varias características, la cual toma en consideración además de los aspectos genéticos, la importancia económica de las características involucradas (Yañez, 2005).

Barreto *et al.* (1991) desarrollaron un algoritmo computacional (Software) para aplicar índices de selección, útil en la evaluación agronómica y mejoramiento genético. El objetivo principal de este software es ilustrar la utilidad de algoritmos matemáticos y las computadoras como complemento a los métodos tradicionales utilizados por los investigadores en la selección de genotipos (líneas, familias, sintéticos, variedades, etc.), cuando ésta se basa en múltiples características evaluadas simultáneamente.

Aspectos teóricos del índice de selección

El programa índice de selección (Barreto *et al.*, 1991), utiliza dos parámetros básicos que son la meta y la intensidad de selección que se desea aplicar en el germoplasma evaluado.

La meta de selección es la desviación estándar del promedio, la cual se debe considerar de acuerdo a lo que el usuario desea lograr con la selección. El programa acepta valores desde -3.0 hasta 3.0 (con un decimal de precisión). Valores positivos intentan seleccionar aquellos genotipos que se encuentran por arriba del promedio poblacional (en unidades de desviación estándar), valores negativos intentan seleccionar genotipos que se encuentran por abajo del promedio y valores de cero seleccionan genotipos iguales al promedio.

La intensidad de selección refleja la importancia relativa de las diferentes variables a utilizarse en el índice de selección. Esto puede ser diferente para cada variable, según el criterio del fitomejorador. El programa acepta valores que van desde 0 a 10. Mientras mas grande sea el valor de la intensidad, mayor peso tiene la variable en cuestión. En caso de que la variable tenga valor de cero, el programa no le da importancia a la variable para calcular el índice de selección. Cabe mencionar que este programa, en ningún momento es un sustituto al criterio y la experiencia del fitomejorador, solamente facilita el proceso de selección cuando se involucran muchas características en el estudio

y el número máximo de variables a considerar en el índice es otro limitante para la estimación de índice de selección.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético

El material genético utilizado en este trabajo proviene de la selección entre 198 cruzas obtenidas a partir de 33 poblaciones de maíz del sureste de Coahuila, México, con seis probadores de amplia base genética, con el objetivo de determinar el potencial genético y rendimiento de grano de las poblaciones (Rincón y Ruiz, 2007).

A partir de la evaluación, se identificaron las combinaciones entre cinco poblaciones con tres probadores. Las poblaciones fueron agrupadas de acuerdo a el origen de procedencia en tres altitudes: bajas de los 987 a 1300 msnm (C-016, C-017, C-018, C-020, C-021); intermedias de los 1301 a 2000 msnm (C-001, C-003, C-005, C-028, C-029), y altas, arriba de los 2000 msnm (C-022, C-023, C-026, C-030, C-037) (Cuadro 1).

Los tres probadores utilizados corresponden una población tropical (TROP), y dos sintéticos intermedios de diferente grupo heterótico procedentes

del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) el 6221 y 6222.

Cuadro 1. Clasificación de 15 colectas de maíz y su combinación con tres probadores para constituir nueve poblaciones nuevas.

Altitud	Colecta	TROP	6221	6222
BAJA	C-016	1†	0	1
BAJA	C-017	1	1	1
BAJA	C-018	1	1	1
BAJA	C-020	1	1	1
BAJA	C-021	1	1	1
INTERMEDIA	C-001	1	1	1
INTERMEDIA	C-003	1	0	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	1	1
ALTA	C-026	1	1	1
ALTA	C-030	1	1	1
ALTA	C-037	1	0	1

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

Las combinaciones mencionadas fueron utilizadas para la recombinación génica y constitución de las nueve poblaciones en Tepalcingo Mor., en el ciclo agrícola 2006-2007. Se usaron surcos apareados para obtener las cruzas posibles lo cual dio como resultado a las mejores familias de acuerdo a la combinación con los tres diferentes probadores (Cuadro 1).

Formación de familias de hermanos completos (FHC)

Se utilizó un esquema de cruzamientos dialélicos para lograr todas las cruza posibles, entre las familias representativas de las combinaciones genéticas (Cuadro 1) para la formación de las poblaciones.

Antes de la aparición de los estigmas, se cubrió el jilote de cada planta involucrada en la cruza para evitar contaminación con polen de plantas indeseables y llevar en todo momento un buen control parental. Cuando los estigmas alcanzaron una longitud aceptable se procedió a la recolección del polen, esta actividad se realizó por la mañana antes de que las anteras comenzaran a liberar polen, subiéndolo una bolsa de papel estraza para la recolección del mismo, las cuales se marcaron con el símbolo de fraternal (#) y el tipo de cruza, en este caso (#PaP). Una vez recolectado el polen se procedió a realizar las cruza. A la cosecha se descartaron mazorcas podridas, enfermas, mal formadas, y de plantas con pobre apariencia fenotípica.

Se obtuvieron familias de hermanos completos (FHC) mediante cruza fraternales planta a planta (#PaP), lográndose obtener 458 FHC que representan a las nueve poblaciones (Cuadro 2).

Cuadro 2. Número de familias de hermanos completos que representan a las nueve poblaciones constituidas.

Clasificación	Probadores			Total
	TROP	6221	6222	
Baja	61	41	64	166
Intermedia	58	34	54	146
Alta	52	46	48	146
Total	171	121	166	458

De esta forma se obtuvieron nueve nuevas poblaciones, tres por cada grupo de clasificación, identificándolas por la combinación con probadores como sigue: PATROP, PA6221, PA6222, PITROP, PI6221, PI6222, PBTRAP, PB6221, PB6222.

Descripción de las localidades de evaluación

La evaluación de las familias se llevó a cabo en tres localidades, El Mezquite, Galeana N.L., San Juan de la Vaquería, Saltillo y General Cepeda, Coahuila en 2007.

Localidad: El Mezquite

La localidad el Mezquite se localiza en el estado de Nuevo León en el municipio de Galeana a una altitud de 1890 msnm, con coordenadas 25° 18.06'

latitud Norte y 101° 16.69' longitud Oeste. En esta localidad se realizó la siembra el 5 de Mayo de 2007; la distancia entre plantas fue de 0.20 m, la distancia entre surcos fue de 0.90 m con una densidad de población de 55,555 plantas ha⁻¹.

Localidad: San Juan de la Vaquería

La comunidad de San Juan de la Vaquería se localiza en el municipio de Saltillo, Coah., a una altitud de 1825 msnm, con coordenadas 25° 17' latitud Norte, y 101° 12.06' longitud Oeste. La siembra fue realizada el 26 de Mayo de 2007, a una distancia entre plantas de 0.20 m, y una distancia entre surcos de 0.80 m, logrando una densidad de población de 62,500 plantas ha⁻¹. Se sembró en seco y se aplicó el riego el 31 de Mayo.

Localidad: General Cepeda

La tercera localidad de evaluación esta ubicada en el municipio de General Cepeda, Coah. Se encuentra localizada a una altitud de 1350 msnm, con coordenadas 25° 26' latitud Norte, y 101° 27' longitud Oeste. La siembra fue el 16 de Junio de 2007, a una distancia entre plantas de 0.20 m y una distancia entre surcos de 0.80 m con una densidad de planta de 62,500 plantas ha⁻¹.

Variables Evaluadas

Floración masculina (FM). Se determinó considerando los días transcurridos desde la siembra hasta que el 50 % de las plantas de la unidad experimental comenzaron a liberar polen de las espigas o llegaron a la antesis.

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

Altura de planta (APTA). Es la distancia en centímetros desde la base de la planta hasta el inicio de la ramificación de la espiga.

Prolificidad (PRO). Se determinó como la relación entre el número de mazorcas a la cosecha y el número de plantas en la unidad experimental.

Humedad de grano (HUM). Es el contenido de agua del grano al momento de ser cosechado y se expresa en porcentaje. Se determinó en campo por medio de un aparato DICKEY JOHN[®], que proporciona el contenido de humedad de manera directa al momento de la cosecha.

Rendimiento de grano (REND). El rendimiento de grano expresado en $t\ ha^{-1}$, fue calculado al 15 % de humedad y considerando el porcentaje de desgrane de 85 %, se calculó bajo la siguiente ecuación.

$$REND = PC * \left(\frac{100 - \%HC}{100 - \%HD} \right) * D * \frac{10000\ m^2}{APU\ m^2}$$

Donde:

REND = Rendimiento de grano en t ha⁻¹; PC = Peso de campo; %HD = Contenido de humedad de grano a la cosecha; %HC = Contenido de humedad deseada (15%); D = Coeficiente de desgrane; APU = Área de parcela útil.

Diseño experimental y análisis

Los experimentos fueron establecidos en un diseño de bloques incompletos con arreglo α -látice con una repetición por localidad. En cada localidad, las familias procedentes de cada población fueron agrupadas en Experimentos (Bloque) por altitud y combinación de colecta por los tres probadores.

El análisis de los datos fue realizado de acuerdo al establecimiento de los experimentos en campo, para lo cual se utilizó el siguiente modelo lineal.

$$Y_{ijklm} = \mu + l_i + g_{j(i)} + b_{k(ij)} + p_l + f_{m(i)} + \varepsilon_{ijklm}$$

Donde:

Y_{ijklm} = Observación de la μ -ésima familia dentro de la l -ésima población; μ = Efecto de la media general; l_i = Efecto de la i -ésima localidad; $g_{j(i)}$ = Efecto del j -ésimo experimento dentro de la i -ésima localidad; $b_{k(ij)}$ = 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 de HC dentro de la l-ésima población; \mathcal{E}_{ijklm} = 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 ($\alpha=0.05$).

Selección familiar (Índices de selección)

La selección de las familias de hermanos completos (FHC) se llevó a cabo con el software índices de selección (Barreto *et al.*, 1991), haciendo selección a favor del rendimiento de grano y prolificidad, en contra de la mala cobertura, tratando de mantener la media de la población para floración masculina y altura de planta aplicando las metas e intensidades indicadas en el Cuadro 3.

Cuadro 3. Metas e intensidades utilizadas en la selección.

Variable	Meta	Intensidad
Floración masculina	0	6
Altura de planta	0	6
Mala cobertura	-2	7
Prolificidad	1	6
Rendimiento	3	8

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados del análisis de varianza (Cuadro 4) indican que las localidades mostraron diferencias en rendimiento de grano y días a floración masculina ($P \leq 0.01$), mientras que para la variable prolificidad se observaron diferencias significativas (0.05). Lo anterior puede explicarse considerando que el tipo de suelo, fertilidad y las condiciones climáticas de cada localidad de evaluación son diferentes.

En altura de planta no se encontraron diferencias significativas, lo cual se atribuye a que esta variable no se pudo tomar en una localidad a causa de una tormenta lo cual influyó en la determinación de este carácter, por lo que se decidió no incluirla en el estudio.

Cuadro 4. Cuadrados medios del análisis de varianza para las variables en estudio evaluadas en el 2007.

F.V.	GL	REND	FM	PRO	APTA
		(t ha ⁻¹)	(días)		GL (cm)
Localidades (Loc)	2	382.2 **	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 *
Población (Pob)	6	41.03 **	315.88 **	0.05	6 0.17 **
Familias/Pob	449	8.52 **	23.93 **	0.06 **	433 0.06 **
Error	695	2.68	5.97	0.04	279 0.03
C V %		24.48	2.77	16.95	8.34

** , * = significativo al 0.01 y 0.05 de probabilidad, respectivamente; F.V = Fuente de variación, GL = Grados de libertad, REND = Rendimiento, FM = Floración masculina, PRO = Prolificidad, APTA = Altura de planta, CV % = Coeficiente de variación.

Las diferencias encontradas en experimentos dentro de localidades y bloques dentro de experimentos por localidades, demuestran que existe variación ambiental que es importante separar y que contribuye en una mejor estimación de las fuentes de variación en el modelo y consecuentemente, 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 poblaciones para prolificidad, lo que demuestra que las nueve poblaciones evaluadas son diferentes debido a su origen (Cuadro 1) y a la combinación con los tres probadores de amplia base genética utilizados en este trabajo (6221, 6222, TROP) (Cuadro 2).

Las familias de hermanos completos (FHC) que constituyeron las poblaciones representaron una amplia varianza genética ($P \leq 0.01$), lo que sugiere que se puede realizar una selección exitosa, y de esta forma seguir el siguiente ciclo de selección para continuar mejorando las poblaciones.

En la comparación de medias (Cuadro 5), por localidades El Mezquite N.L. y San Juan de la Vaquería Saltillo Coah., mostraron un rendimiento similar,

a diferencia de Gral. Cepeda, Coah., siendo superiores las dos primeras localidades con un rendimiento de 7.517 y 6.871 t ha⁻¹, respectivamente.

Cuadro 5. Comparación de medias entre las localidades para las variables en estudio evaluadas en 2007.

Localidades	REND (t ha⁻¹)	FM (días)	APTA (cm)	PRO
El Mezquite, N.L.	7.517 a	101 a		1.094 b
Saltillo, Coah.	6.871 a	85 b	2.363 a	1.054 b
Gral. Cepeda Coah.	5.219 b	72 c	1.87 a	1.197 a
Media	6.693	88	2.161	1.106
Tukey (α=0.05)	0.884	2.575	0.926	0.1

Valores con la misma letra dentro de la misma columna son estadísticamente iguales
 REND = rendimiento, FM = Floración masculina, APTA = Altura de planta, PRO = Prolificidad.

En el caso de la variable floración masculina, se encontró un gradiente, siendo El Mezquite, N.L., la localidad donde las poblaciones fueron más tardías en promedio, seguida de Saltillo Coah., y Gral. Cepeda, Coah., con una amplitud de 101, 85 y 72 días respectivamente, lo que demuestra que en la localidad de Gral. Cepeda, Coah., la media de los materiales genéticos fue más baja.

En altura de planta, la localidad de El Mezquite N.L. no se incluyó, ya que en esta localidad los materiales se acamaron a causa de una tormenta ocurrida al final de la floración, cabe mencionar que esto no impidió se llevara a cabo la

cosecha por lo que se pudo estimar el rendimiento. En las localidades de San Juan, Saltillo y Gral. Cepeda, Coah., se encontró que la expresión de este carácter es estadísticamente igual.

El índice de prolificidad fue superior en la localidad de Gral. Cepeda, Coah., y estadísticamente diferente a las localidades de El Mezquite NL. y San Juan, Saltillo, Coah.

La comparación de medias por poblaciones (Cuadro 6) muestra que para rendimiento de grano, las poblaciones PA6221 y PA6222 son superiores e iguales estadísticamente y corresponden a las poblaciones constituidas a partir de la combinación de los probadores 6221 y 6222, con materiales adaptados a grandes altitudes.

Cuadro 6. Comparación de medias para las variables en estudio correspondiente a las nueve poblaciones evaluadas en el 2007.

Poblaciones	REND (t ha ⁻¹)	FM (días)	APTA (cm)	PRO
PA6221	8.065 a	94 a	2.433 a	1.101
PA6222	7.953 a	93 a	2.498 a	1.15
PB6222	7.11 b	87 c	2.111 b c	1.134
PATROP	6.994 b	90 b	2.425 a	1.099
PITROP	6.678 b c	84 e	2.102 b c	1.104
PI6221	6.544 b c	88 c	2.165 b	1.094
PBTROP	6.168 c d	86 d	2.083 b c	1.081
PI6222	5.864 d	86 d	2.099 b c	1.097
PB6221	5.835 d	88 c	2.031 c	1.098
Media	6.693	88	2.161	1.106
Tukey ($\alpha=0.05$)	0.074	0	0.095	0.074

Valores con la misma letra dentro de la misma columna son estadísticamente iguales, **REND** = Rendimiento, **FM** = Floración masculina, **APTA** = Altura de planta, **PRO** = prolificidad,

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

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. Sin embargo, la diferencia promedio entre las floraciones es de seis días lo cual

está en el rango para realizar selección. Las poblaciones de origen alto son más rendidoras, más tardías en comparación con las poblaciones constituidas con materiales de altitudes bajas, resultando ser menos rendidoras; las más precoces como es el caso de la población PB6221 y la PI6221.

Es importante señalar que la población PITROP, cuyo rendimiento promedio es próximo a la media y figura en el grupo de las más rendidoras, es la más precoz de las poblaciones en estudio.

Para el caso de altura de planta, nuevamente las poblaciones con mayor altura resultaron ser la PA6221 y la PA6222, lo cual se esperaba ya que existe una asociación entre la altura de la 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 B6221.

En el caso de prolificidad no se encontró diferencias significativas entre poblaciones (Cuadro 4), lo cual se comprueba en el Cuadro 6, ya que todas se comportaron de manera similar. En general los resultados indican que existe suficiente variabilidad entre las poblaciones para realizar selección y avanzar así otro ciclo de selección (Cuadro 6).

Selección familiar

La selección de las mejores familias dentro de las nueve poblaciones se realizó con el Software índice de selección (Barreto *et al.*, 1991). Se presentan los resultados aplicados a la población B6222, el resto de la selección se incluye en los cuadros del apéndice (Cuadro A1- A8). La metodología de selección fue la misma para todas las poblaciones.

Los resultados del índice de selección muestran las mejores familias de hermanos completos (FHC) (Cuadro 7), los cuales están identificados por el número de entrada que se asignó en campo. En el proceso de selección, se le indicó al programa obtener las mejores 15 familias y de acuerdo a la metodología el valor del índice entre más pequeño, indica que esta parcela es la que se acerca más a las metas e intensidades deseadas.

Cuadro 7. Índices de selección para seis variables en estudio en la población B6222 evaluadas en tres localidades en el 2007.

ENT	REND (t ha ⁻¹)	FM (días)	APTA (cm)	MCOB (%)	PRO	ÍNDICE
166*	8.569	88	2.15	0	1.332	3.294
157*	7.455	87	2.04	0	1.22	5.416
135	7.586	86	2.08	3.12	1.296	5.571
109*	9.667	85	2.19	3.92	1.349	5.993
119*	7.432	88	1.97	4.17	1.114	6.6
116	7.563	90	2.09	2.56	1.138	6.723
128	7.912	88	2.13	4.35	1.024	6.935
132	8.944	88	2.23	6.43	1.759	7.221
152	8.107	91	2.39	6.67	1.231	7.228
136*	6.661	87	2.14	2.78	1.275	7.245
133*	7.465	87	2.26	6.72	1.094	7.346
138	6.681	86	2.1	1.67	1.252	7.354
162*	7.244	87	2.19	11.01	1.206	7.362
115*	6.932	85	2.18	4.17	1.097	8.024
137*	8.498	82	2.22	1.85	1.63	8.172
M.F.S	7.781	86.9	2.15	3.96	1.267	
M. Pob	6.928	87.93	2.11	11.63	1.133	
D.S	0.852	-1.03	0.04	-7.67	0.134	

ENT = Entrada, REND = Rendimiento, FM = Floración masculina, APTA = Altura de planta, MCOB = Mala cobertura, PRO = Prolificidad, ÍNDICE = Índice de selección, M.F.S = Media de la fracción seleccionada, M.Pob = Media de la población, D.S = Diferencial de selección * = Entradas que coinciden con las marcadas en el libro de campo.

En el caso de este índice de selección, el objetivo fue conservar la media de la población en cuanto a floración masculina y altura de planta, mientras que para las demás variables se trató de reducir la mala cobertura y aumentar prolificidad y rendimiento de grano. Bajo esta metodología no se seleccionan a las familias de más alto rendimiento, es decir, las familias seleccionadas

cuentan con atributos deseables además del rendimiento de grano. Los criterios de selección fueron establecidos considerando los atributos de la planta de interés para los agricultores bajo un esquema de producción de temporal.

Se realizó una comparación entre la media de la población (promedio de todas las familias involucradas en la selección) y la media de la fracción seleccionada (promedio de las familias seleccionadas) y el diferencial de selección (diferencia estimada que existe entre la población original y la fracción seleccionada) (Cuadro 7). De acuerdo a estos parámetros, el rendimiento de grano estimado de la fracción seleccionada es mayor a la media de la población en un 12.3 %.

En las variables de altura de planta y floración masculina, no hay evidencia de cambios entre la media de la población y la fracción seleccionada, dado que así fue solicitado. Para prolificidad, se seleccionaron los genotipos que se ubicaron por arriba de la media, donde la media de la fracción seleccionada fue superior en 11.8 % y en las plantas con mala cobertura de mazorca, la media de la fracción seleccionada se redujo en un 66 %. Los resultados del índice se indican como posible ganancia en la selección combinada en el diferencial de selección estimado (Cuadro 7).

En el caso de días a floración masculina, el objetivo fue conservar el tiempo de madurez en la media de la población, con un diferencial de selección negativo lo cual indica que las entradas seleccionadas por el índice son un poco más precoces pero sin alejarse mucho de la media, lo cual es lo que se intenta realizar. En lo que se refiere a la mala cobertura, el diferencial de selección fue negativo, ya que el objetivo fue seleccionar plantas que no presenten esta característica y el peso que se le asignó fue importante.

Al realizar la comparación de las familias seleccionadas por el software índices de selección y las seleccionadas en campo, se observó que en la mayoría hay coincidencias de las entradas (Cuadro 7), lo cual fue similar para la mayoría de las poblaciones, con excepción de las PB6221, PI6221, PA6221, PA6222, donde la coincidencia existe pero, es menor que en las poblaciones PB6222, PBTR0P, PI6222, PITR0P, PATR0P (Cuadros A1 al A8 del apéndice).

Lo anterior se debe a que en campo las calificaciones son visuales y por lo tanto no se cuantifican las asociaciones con otras características de interés. De aquí la importancia de usar la herramienta de índice de selección para ayudar a obtener mejores familias y ser más eficientes en la metodología de selección usando criterios de selección múltiple.

Con base en los análisis de los resultados de la selección en cada una de las poblaciones, se decidió obtener las mejores 10 familias identificadas por el índice. La observación en campo obedece a la expresión del rendimiento por localidad, lo que no coincidió con la selección promedio realizada por el índice de selección.

V. CONCLUSIONES

1. La diferencia existente en las localidades hace que las nueve poblaciones expresen su potencial genético de diferente manera en cada una de ellas, por lo que algunas poblaciones mostraron mejor adaptabilidad.
2. Las nueve poblaciones mostraron ser diferentes debido al origen de las colectas que conformaron cada población y a la combinación con los probadores de amplia base genética.
3. Se identificaron diez familias de hermanos completos (FHC) por cada población con buenos atributos, las cuales conformarán el siguiente ciclo de selección (C1), para continuar con el mejoramiento genético de las poblaciones.

LITERATURA CITADA

- Barreto, H.J., J.A. Bolaños y H.S. Cordova. 1991. Programa índice de selección. Guía para la operación del Software. CIMMYT. México, D.F. 27 p.
- Bejarano, R. A., V. Segovia y H. Moreno. 1992. Evaluación del rendimiento y caracteres de planta y mazorca en familias de hermanos completos de la variedad de maíz dulce "riqueza". *Agronomía tropical*. 42 (3-4): 151-160.
- Brauer H., O. 1987. Fitogenética aplicada. Novena reimpresión. Editorial LIMUSA S.A. de C.V. México pp. 518 p.
- Chávez A., J.L. 1987. Mejoramiento de Plantas I. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Departamento de Fitomejoramiento, Buenavista Saltillo Coah., México. 146 p.
- Chávez A., J.L. 1995. Mejoramiento de Plantas II. Primera edición. Editorial TRILLAS S.A. México. 136 p.
- Comptom, W. A. and J.H. Lonquist 1982. A multiplicative selection index applied to four cycles of full-sib recurrent selection in maize. *Crop Sc.* 22: 981-983.
- Eberhart, S. A., M. N. Harrison, and F. Ogada. 1967. A comprehensive breeding system. *Züchter* 37: 169-174.
- García E., J. 1999. Selección recurrente de familias de hermanos completos con pedigrí y evaluación del quinto ciclo de selección en una población de maíz denominado "Pool-24", Tesis de Licenciatura. Ing. Agrónomo en Producción. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista, Saltillo, Coah. p. 96

- Gómez, J. G., H. De León, C., S. Rodríguez H. 1986. Selección recurrente de hermanos completos con pedigrí. XI Congreso Nacional de Fitogenética. Guadalajara, México.
- Hallauer, A. R. 1990. Methods used in developing maize inbreds. *Maydica* 36: 1-19.
- Hallauer, A. R., and J.B. Miranda. 1988. Quantitative genetics in maíz breeding. Iowa State University Press. Ames, Iowa, USA. 468 p.
- Ibarra J., L. 1983. Selección familiar de hermanos completos en el compuesto interracial precoz de altura de maíz (*Zea Mays*). Tesis de Maestría en Ciencias en Fitomejoramiento. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista, Saltillo, Coah. México. 95 p.
- Lerner M., I. 1964. La base genética de la selección. Universidad de California, Berkeley. Traducida por José M^a. Soler Coll. ED. GEA, Pedrell. Barcelona. 124 p.
- Lonquist, J. H. 1949. The development and performance of synthetic varieties of corn. *Agron. J.* 41: 153-156.
- Lonquist, J. H. and N. E. Williams. 1967. Development of maize hybrids through selection among full-sib families. *Crop Sc.* 7: 369-370.
- Márquez S., F. 1992. Genotecnia vegetal. Métodos, teoría y resultados. Tomo I. Primera edición. Editorial A.G.T. S.A. México. 356 p.
- Maya L., J. B. y J. L. Ramírez. 2002. Selección recurrente en tres poblaciones de maíz para el subtrópico de México. *Rev. Fitotec. Mex.* 25: 201-207.
- Mendoza M., A. Oyervides., L. Latournerie y H. De León. 2000. Selección recurrente en maíz para el trópico húmedo. *Agronomía Mesoamericana* 11(1): 89-93.

- Montenegro T., H., F. Rincón S., N. A. Ruiz T., H. De León, C. y G. Castañón N. 2002. Potencial genético y aptitud combinatoria de germoplasma de maíz tropical. *Rev. Fitotec. Mex.* 25: 135-142.
- Ramírez D., J.L, J. Ron P., J de J. Sánchez G. y M. Chuela B. 2000. Selección recurrente en la población de maíz subtropical PABGT-CE. *Agrociencia* 34: 33-39.
- 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 de la 2^a. Reunión Nacional para el mejoramiento, Conservación y Uso de los Maíces Criollos. Uruapán, Mich. 9 al 11 de octubre de 2004 de 2007. pp. 116-123.
- Robles S., R. 1986. *Genética Elemental y Fitomejoramiento Práctico*. División de Ciencias Agropecuarias y Marítimas. Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey. Editorial Limusa 1^a edición. 477 p.
- Robles S., R. 1986. *Genética elemental y fitomejoramiento práctico*. Primera edición. Editorial LIMUSA S.A. México.
- SAGARPA-SIAP. 2007. Situación actual y perspectivas del maíz en México 1996-2012. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. (SIAP), Secretaría de Agricultura, Ganadería, y Pesca (SAGARPA). México, D.F.
- SAS Institute Inc. 2004. *SAS/STAT® 9.1 User's Guide*. Cary, N.C. SAS Institute Inc. USA. 5121 p.

Sprague. G.,F and S.A. Eberhart. 1977. Corn breeding. In Sprague, G.F.(Ed). Corn and corn improvement. American Society of Agronomy, Madison Wis., U.S.A.

Yáñez C., L.F. 2005. Manual de ganadería doble propósito. Índices de selección: sugerencias para su utilización. Universidad Nacional Experimental Sur del Lago Venezuela. pp. 106-110.

APÉNDICE

Cuadro A1. Índices de selección para seis variables en estudio en la población BTROP evaluadas en tres localidades en el 2007.

ENT	REND (t ha-1)	FM (días)	APTA (cm)	MCOB (%)	PRO	ÍNDICE
41*	8.254	88	2.33	0	1.203	5.502
45*	7.959	87	2.23	0	1.219	6.458
31	7.170	84	2.11	0	1.130	6.645
52	7.493	84	2.01	4.80	1.175	6.757
21*	7.223	85	2.18	4.20	1.158	7.270
14	7.346	85	2.19	1.70	1.004	7.718
50	6.841	88	1.98	3.20	1.147	7.723
43	7.289	86	2.07	1.40	1.002	7.967
25*	6.982	85	2.28	2.00	1.244	7.980
47	6.670	90	2.09	0.00	1.146	8.500
22*	7.685	87	1.95	11.90	1.201	8.580
13*	7.032	86	2.16	8.60	1.032	9.105
35*	5.953	87	2.10	0.00	1.127	9.228
54*	6.507	84	1.97	6.10	1.232	9.396
44	5.909	87	2.08	0.00	1.096	9.470
M.F.S	7.087	86	2.00	2.90	1.141	
M. Pob	6.021	87	2.08	6.60	1.081	
D.S	-0.140	0.21	-0.54	0.60	0.080	

ENT = Entrada, REND = Rendimiento, FM = Floración masculina, APTA = Altura de planta, MCOB = Mala cobertura, PRO = Prolificidad, M.F.S = Media de la fracción seleccionada, M.Pob = Media de la población, D.S = Diferencial de selección * = Entradas que coinciden con las marcadas en el libro de campo.

Cuadro A2. Índices de selección para seis variables en estudio en la población B6221 evaluadas en tres localidades en el 2007.

ENT	REND (t ha ⁻¹)	FM (días)	APTA (cm)	MCOB (%)	PRO	ÍNDICE
79*	8.911	89	2.13	5.13	1.145	5.970
99	8.318	89	2.18	0	1.342	6.413
63	8.702	86	2.15	12.92	1.240	8.347
77*	7.728	90	2.40	1.59	1.208	8.390
94	7.306	90	1.76	0	1.149	8.641
87	6.925	85	2.05	0	1.282	9.021
66	7.073	91	2.16	4.76	1.162	9.403
64	7.518	88	1.98	9.21	1.057	9.530
69	7.031	91	1.94	3.03	1.119	9.582
70	7.059	87	2.35	0	1.118	9.608
89	6.920	87	2.34	0	1.129	9.823
88	7.829	86	2.00	8.91	1.007	9.878
67	7.235	87	2.05	2.38	1.000	9.924
71	6.839	85	1.79	4.17	1.252	10.034
97*	6.885	85	2.14	0	1.000	10.043
M.F.S	7.485	88	2.09	3.47	1.147	
M. Pob	6.734	88	2.03	7.21	1.099	
D.S	0.660	0.02	0.30	-0.45	0.400	

ENT = Entrada, **REND** = Rendimiento, **FM** = Floración masculina, **APTA** = Altura de planta, **MCOB** = Mala cobertura, **PRO** = Prolificidad, **M.F.S** = Media de la fracción seleccionada, **M.Pob** = Media de la población, **D.S** = Diferencial de selección * = Entradas que coinciden con las marcadas en el libro de campo.

Cuadro A3. Índices de selección para seis variables en estudio en la población ITTROP evaluadas en tres localidades en el 2007.

ENT	REND (t ha ⁻¹)	FM (días)	APTA (cm)	MCOB (%)	PRO	ÍNDICE
49	8.677	85	1.95	3.92	1.128	4.643
6*	7.882	85	2.06	2.38	1.075	5.202
8*	9.940	84	2.38	9.11	1.211	6.420
24	7.025	81	2.10	0.00	1.240	6.460
14*	7.257	82	2.09	4.76	1.368	6.734
40*	8.037	81	1.96	1.67	1.071	7.135
10*	7.946	83	2.18	3.27	0.937	7.284
23*	9.022	84	2.28	16.59	1.292	7.290
5	6.815	83	2.24	5.74	1.337	7.307
13	7.114	83	2.09	6.67	1.032	7.322
7	7.330	84	2.22	9.67	1.103	7.414
1*	7.307	81	2.35	3.17	1.124	7.685
54*	6.638	86	2.05	4.76	1.031	7.792
26*	8.230	82	1.82	7.14	1.011	7.803
27*	8.321	83	2.23	17.83	1.318	7.906
M.F.S	7.836	83	2.13	6.44	1.151	
M. Pob	6.580	84	2.10	12.17	1.104	
D.S	0.920	-0.49	0.18	-0.58	0.350	

ENT = Entrada, REND = Rendimiento, FM = Floración masculina, APTA = Altura de planta, MCOB = Mala cobertura, PRO = Prolificidad, M.F.S = Media de la fracción seleccionada, M.Pob = Media de la población, D.S = Diferencial de selección, * = Entradas que coinciden con las marcadas en el libro de campo.

Cuadro A4. Índices de selección para seis variables en estudio en la población I6221 evaluadas en tres localidades en el 2007.

ENT	REND (t ha ⁻¹)	FM (días)	APTA (cm)	MCOB (%)	PRO	ÍNDICE
77*	9.249	85	2.35	2.22	1.210	5.419
89	7.495	87	2.03	0	1.106	5.648
74	7.267	86	2.11	0	1.166	5.763
91	7.299	90	2.28	4.17	1.356	6.755
63	6.734	90	2.13	0	1.158	6.765
70	6.800	89	2.33	1.59	1.368	7.453
69	6.279	88	2.28	1.59	1.160	7.613
64	6.482	90	2.16	2.22	1.143	7.797
75*	8.147	86	2.17	4.76	0.970	7.843
60	5.954	89	2.17	0	1.170	8.002
59	7.354	89	1.99	7.14	1.152	8.063
84	6.870	92	2.43	1.96	1.265	8.119
87	6.581	86	2.50	0	1.095	8.163
80*	6.658	89	2.28	3.55	1.273	8.344
66	8.148	88	2.43	10.64	1.120	8.497
M.F.S	7.154	88	2.24	2.65	1.180	
M. Pob	6.517	88	2.16	5.92	1.094	
D.S	0.540	0.06	0.35	-0.39	0.580	

ENT = Entrada, **REND** = Rendimiento, **FM** = Floración masculina, **APTA** = Altura de planta, **MCOB** = Mala cobertura, **PRO** = Prolifricidad, **M.F.S**= Media de la fracción seleccionada, **M.Pob**= Media de la población, **D.S** = Diferencial de selección, * = Entradas que coinciden con las marcadas en el libro de campo.

Cuadro A5. Índices de selección para seis variables en estudio en la población I6222 evaluadas en tres localidades en el 2007.

ENT	REND (t ha ⁻¹)	FM (días)	APTA (cm)	MCOB (%)	PRO	ÍNDICE
115*	8.796	83	1.96	4.55	1.180	5.679
137*	8.017	86	1.92	2.08	1.083	6.491
104*	8.040	87	2.20	10.76	1.295	7.069
103*	7.972	81	1.96	3.97	1.095	7.477
134*	7.522	84	2.28	3.33	1.087	7.517
127*	7.588	84	2.11	8.18	1.066	7.744
117	7.233	83	2.15	4.48	1.111	7.796
118	6.996	87	2.12	7.41	1.192	7.840
124	7.137	89	1.88	1.75	1.225	8.156
114*	7.600	86	2.21	16.27	1.119	8.230
136*	8.011	86	2.44	16.93	1.192	8.575
112	9.831	84	2.41	16.22	0.943	8.930
102*	6.549	85	2.20	2.90	1.051	8.940
113	6.357	83	2.04	0	1.120	8.985
128	8.297	84	2.26	23.18	1.161	9.344
M.F.S	7.729	85	2.14	8.13	1.128	
M. Pob	6.106	87	2.10	14.98	1.096	
D.S	-0.580	0.2	-0.50	0.22	-0.110	

ENT = Entrada, REND = Rendimiento, FM = Floración masculina, APTA = Altura de planta, MCOB = Mala cobertura, PRO = Prolificidad, M.F.S = Media de la fracción seleccionada, M. Pob = Media de la población, D.S = Diferencial de selección, * = Entradas que coinciden con las marcadas en el libro de campo.

Cuadro A6. Índices de selección para seis variables en estudio en la población ATROP evaluadas en tres localidades en el 2007.

ENT	REND (t ha⁻¹)	FM (días)	APTA (cm)	MCOB (%)	PRO	ÍNDICE
9	9.341	86	2.40	0	1.200	4.892
10	10.013	87	2.30	4.76	1.253	6.080
33	8.180	91	2.55	2.78	1.366	6.226
3*	8.444	87	2.44	2.27	1.067	6.412
15*	7.728	92	2.25	0	1.107	6.497
13	7.727	86	2.40	0	1.231	6.544
40	8.732	87	2.47	4.55	1.467	6.612
24*	8.594	92	2.52	7.92	1.085	6.732
48*	9.756	89	2.30	12.16	1.384	6.805
50	7.421	92	2.32	0	1.062	7.069
45	7.344	96	2.53	0	1.125	7.132
35*	7.519	92	2.55	2.38	1.007	7.558
29	7.792	90	2.05	0.00	1.142	7.593
8*	10.883	89	2.43	4.76	1.619	7.630
18	7.475	94	2.10	6.44	1.201	8.204
M.F.S	8.493	90	2.37	3.20	1.221	
M. Pob	7.124	91	2.42	8.84	1.103	
D.S	0.800	-0.24	-0.24	-0.52	0.770	

ENT = Entrada, REND = Rendimiento, FM = Floración masculina, APTA = Altura de planta, MCOB = Mala cobertura, PRO = Prolificidad, M. F.S = Media de la fracción seleccionada, M. Pob = Media de la población, D.S = Diferencial de selección, * = Entradas que coinciden con las marcadas en el libro de campo.

Cuadro A7. Índices de selección para seis variables en estudio en la población A6221 evaluadas en tres localidades en el 2007.

ENT	REND (t ha ⁻¹)	FM (días)	APTA (cm)	MCOB (%)	PRO	ÍNCICE
75*	9.617	91	2.55	0	1.168	7.157
65	9.452	97	2.58	2.38	1.258	7.171
85	9.639	99	2.43	0	1.192	7.274
93*	9.937	94	2.60	0	1.005	7.412
61	9.605	98	2.60	7.14	1.241	7.653
79*	9.504	96	1.90	2.63	1.208	8.208
74*	10.931	96	2.43	13.64	1.000	8.460
90*	8.153	94	2.35	2.38	1.262	9.016
76	9.017	98	2.60	0	1.023	9.125
64	8.741	98	1.95	0	1.111	9.457
66	8.637	92	2.46	0	1.117	9.567
69	8.624	94	2.33	8.50	1.056	9.699
95	8.632	98	2.26	11.90	1.113	9.837
56	8.725	95	2.90	3.85	1.076	9.888
72	8.296	92	2.55	0	0.995	10.038
M.F.S	9.167	95	2.43	3.49	1.121	
M. Pob	7.905	95	2.43	9.84	1.101	
D.S	0.840	0	-0.44	0.16	-0.160	

ENT = Entrada, Rend = Rendimiento, Fm = Floración masculina, Apta = Altura de planta, MCOB = Mala cobertura, Pro = Prolificidad, M. F.S = Media de la fracción seleccionada, M. Pob = Media de la población, D.S = Diferencial de selección * = Entradas que coinciden con las marcadas en el libro de campo.

Cuadro A8. Índices de selección para seis variables en estudio en la población A6222 evaluadas en tres localidades en el 2007.

ENT	REND (t ha-1)	FM (días)	APTA (cm)	MCOB (%)	PRO	ÍNDICE
111	10.702	95	2.75	5.26	1.259	7.012
144	10.036	100	2.50	0	1.412	7.385
114	9.380	94	2.50	0	1.060	7.928
143	9.828	94	2.40	6.20	1.195	8.176
129	9.523	91	2.40	2.08	1.068	8.444
125	9.808	96	2.20	11.52	1.179	8.665
118*	9.796	89	2.64	2.78	1.566	9.220
139*	8.520	96	2.20	3.57	1.286	9.331
102	9.019	97	2.70	0	1.210	9.343
128	9.206	88	2.25	5.26	1.132	9.407
117*	10.643	89	2.80	18.55	1.373	9.637
104*	10.668	98	1.95	9.38	1.574	9.736
122	8.822	95	2.95	5.26	1.158	9.763
112	8.586	97	2.46	5.16	1.024	9.785
127	8.070	92	2.36	2.38	1.069	9.997
M.F.S	9.507	94	2.47	5.16	1.237	
M. Pob	8.008	94	2.49	11.40	1.152	
D.S	0.810	-0.11	-0.56	0.56	-0.330	

ENT = Entrada, **REND** = Rendimiento, **FM** = Floración masculina, **APTA** = Altura de planta, **MCOB** = Mala cobertura, **PRO** = Prolificidad, **M. F. S** = Media de la fracción seleccionada, **M. Pob** = Media de la población, **D.S** = Diferencial de selección * = Entradas que coinciden con las marcadas en el libro de campo.