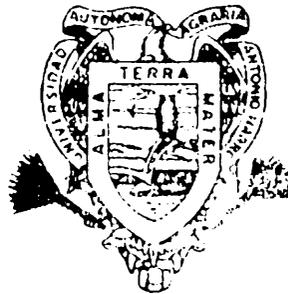


UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA  
"ANTONIO NARRO"

PROGRAMA DE GRADUADOS



SELECCION FAMILIAR DE HERMANOS COMPLETOS  
EN EL COMPUESTO INTERRACIAL PRECOZ DE  
ALTURA DE MAIZ. (Zea mays L.)

LUIS IBARRA JIMENEZ

TESIS

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

BUENAVISTA SALTILLO, COAHUILA

MARZO DE 1983

Tesis elaborada bajo la supervisión del Comité Particular de Asesoría y aprobada como requisito parcial para optar al grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS, ESPECIALIDAD FITOMEJORAMIENTO

COMITE PARTICULAR DE ASESORIA



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

*H Raj*  
DR. HANS RAJ CHAUDHARY  
Asesor Principal

*Gustavo Olivares*  
ING. M.C. GUSTAVO OLIVARES S.  
Asesor

*Jose Luis Gutierrez*  
ING.M.C. JOSE LUIS GUTIERREZ E.  
Asesor

*Enrique Navarro*  
ING. M.C. ENRIQUE NAVARRO G.  
Asesor Suplente

*Jesus Torralba*  
DR. JESUS TORRALBA ELGUEZABAL  
Subdirector Asuntos de Postgrado

BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MEXICO, MARZO, 1983

## AGRADECIMIENTO

AL DR. HANS RAJ CHAUDHARY

Por su valiosa colaboración en la revisión del presente trabajo y sus sugerencias al mismo.

AL ING. JOSE LUIS GUTIERREZ ESQUIVEL.

Por su disponibilidad para culminar el presente trabajo.

A LOS INGENIEROS GUSTAVO OLIVARES SALAZAR Y ENRIQUE NAVARRO G.

Por sus sugerencias al manuscrito y hacer posible la realización del presente trabajo.

AL ING. JOSE RAFAEL GOMEZ GONZALEZ.

Por su valiosa colaboración en la presente tesis.

AL DR. HERNAN CORTEZ MENDOZA.

Por su oportunidad de realizar la presente investigación.

AL COLEGIO DE GRADUADOS Y MAESTROS DEL MISMO.

AL CONSEJO NACIONAL DE CIENCIA Y TECNOLOGIA.

Por el apoyo económico que me brindó durante mis estudios de maestría.

D E D I C A T O R I A

A MIS PADRES:

SR. MAURILIO IBARRA ALCANTAR  
SRA. CARMEN JIMENEZ DE IBARRA

A MI ESPOSA:

LETICIA YOLANDA

A MI HIJA:

CINTIA IOHANA

A MA. GUADALUPE RODRIGUEZ F. Y GRACIELA DEL BOSQUE

Por la mecanografía del trabajo.

## C O N T E N I D O

	Página
I. INTRODUCCION.....	1
II. REVISION DE LITERATURA.....	3
2.1 Mejoramiento Intrapoblacional.....	3
2.1.1 Selección Masal.....	8
2.1.2 Selección Mazorca por Surco Modificada.....	11
2.1.3 Selección Familiar de Medios Hermanos.....	13
2.1.4 Selección Familiar de Hermanos Completos.....	14
2.1.4.1 Comparación con otros Métodos.....	18
2.1.5 Selección Recurrente entre Líneas $S_1$ y $S_2$ .....	24
2.2 Interacción Genotipo-Ambiente.....	28
III. MATERIALES Y METODOS.....	35
3.1 Breve Reseña Histórica del Compuesto Interracial Precoz de Altura.....	35
3.2 Naturaleza del Material Genético.....	36
3.3 Evaluación del Material Genético en el Campo.....	36
3.4 Toma de Datos.....	37
3.5 Análisis de Datos .....	39
3.5.1 Análisis Estadístico.....	39
3.5.2 Análisis Genético.....	42
IV. RESULTADOS Y DISCUSION.....	49
4.1 Comportamiento General de las Familias de Hermanos Com- pletos en los Tres Ambientes.....	49
4.2 Parámetros Genéticos.....	60
4.3 Coeficientes de Variación Genotípica (CVG), Heredabili- dad en Sentido Amplio ( $h^2$ ), y Ganancia Genética por Año (Gy) .....	65
4.4 Correlaciones Genotípicas y Fenotípicas.....	69
V. CONCLUSIONES.....	77
VI. BIBLIOGRAFIA.....	79
VII. APENDICE.....	91

## RESUMEN

A partir del compuesto CIPA de maíz, se formaron 220 familias de hermanos completos, las mismas que fueron evaluadas en 3 localidades, durante un ciclo de selección (Ciclo 1). El diseño utilizado fue el de bloques al azar con dos repeticiones en cada localidad. Bajo las condiciones en que se efectuó la presente investigación, se llegó a los siguientes resultados importantes: Los niveles de significancia de los cuadrados medios de familias en los análisis de varianza individuales y combinados, en la mayoría de los caracteres nos indicaron que existe una alta variabilidad genética en la población bajo estudio. La componente de interacción familias por localidad, solamente fue de importancia significativa para los caracteres días a floración y rendimiento, indicando con esto que los genotipos están interaccionando con el ambiente. La varianza genética estimada de los análisis de varianza individuales y combinados fueron diferentes de cero para la mayoría de los caracteres. La varianza de interacción familias por localidad, solamente fue diferente de cero para los caracteres días a floración y rendimiento. Las estimaciones de heredabilidad para la mayoría de los caracteres bajo estudio mostraron una amplitud considerable de variabilidad entre localidades, indicando que pudieron ser debidas al alto grado de varianza del

error entre ambientes. El genotipo y su interacción con el medio ambiente parecieron ser los responsables de las altas varianzas del error. Las tasas de ganancia obtenidas mostraron el mismo signo en los tres ambientes para los caracteres número de mazorcas podridas, días a floración, y rendimiento. La tasa de ganancia cuyo signo cambió con el ambiente, fue probablemente debido a la variabilidad genética de las familias bajo estudio, y a las localidades en que fueron evaluadas. Las correlaciones genotípicas y fenotípicas estimadas siguieron una tendencia similar, aunque las primeras exhibieron superioridad relativa en magnitud, lo que significa que los valores fenotípicos fueron altamente afectados por el medio ambiente.

## I. INTRODUCCION

La selección recurrente ha contribuído a incorporar a los genotipos de maíz: buen desarrollo radicular y de tallo, buena inserción de mazorca, precocidad, sanidad, vigor, y rendimiento, etc.

Trabajos realizados en los últimos años han demostrado que cuando el desarrollo de los híbridos se efectúa a partir de poblaciones mejoradas se tienen posibilidades de encontrar combinaciones superiores que cuando se parte de poblaciones originales, como consecuencia del aprovechamiento de la varianza genética aditiva y no aditiva.

Los caracteres complejos, como rendimiento son controlados por poligenes, en donde los cambios en la expresión están regidos por los cambios en las frecuencias génicas para la manifestación del carácter, lo cual puede lograrse eficientemente mediante el uso de métodos de selección recurrente. La tasa de mejoramiento de las mejores cruzas dependerá del mejoramiento de la población base, los programas de mejoramiento deberán enfocarse a maximizar el mejoramiento de las poblaciones base, previo a la formación de híbridos.

Esta secuencia permitirá además dos formas de

aprovechamiento del material genético que son: la obtención de variedades mejoradas de polinización libre y el mejoramiento constante de las poblaciones base para la obtención de híbridos.

Presiones de selección constantes y recombinación de progenies que poseen genes que reúnan las normas establecidas por los mejoradores, desarrollarán poblaciones básicas mejoradas que incrementarán las posibilidades de obtener mejores líneas e híbridos. El éxito relativo de la selección recurrente depende de la complejidad de las características bajo selección y de las técnicas experimentales para descartar progenies y los efectos del ambiente. La comparación de los resultados muestra que se pueden esperar ganancias significativas para la mayoría de las características, pero la tasa de ganancia es mayor para unas características que para otras.]

Por lo anteriormente expuesto, los objetivos del presente trabajo fueron los siguientes: 1) Seleccionar las familias de hermanos completos derivadas del compuesto CIPA, de acuerdo a su comportamiento entre ambientes, 2) Determinar la importancia relativa de algunos componentes de varianza, 3) Determinar la ganancia genética de un ciclo de selección para siete caracteres agronómicos medidos, 4) Estimar las correlaciones genotípicas y fenotípicas, para establecer los criterios de selección a seguir en el programa de mejoramiento del compuesto CIPA.

## II. REVISION DE LITERATURA

### 2.1. Mejoramiento Intrapoblacional.

La selección recurrente fue sugerida por Hayes y Garber (1919) como un método de desarrollo de variedades de maíz. East y Jones (1920) y Jenkins (1940) publicaron las descripciones detalladamente de este método de mejoramiento. Se han publicado posteriores resultados empíricos de selección recurrente para ver su efectividad en el mejoramiento de poblaciones (Lonnquist, 1961; Webel y Lonnquist, 1967; Gardner 1969; Burton et al., 1971; Moll y Stuber, 1971; Darrah et al., 1972; Eberhart et al., 1973; Horner et al., 1973; Russell et al., 1975).

Cuando un carácter es controlado por unos cuantos genes y sus efectos no son enmascarados por la variación ambiental, un gran número de individuos pueden ser evaluados, y los individuos homocigotes para todos los alelos favorables para determinado carácter pueden ser seleccionados y usados. Lindstrom (1939), consideró las limitaciones que el mejorador puede tener dentro de cuatro subdivisiones: 1) un gran número de genes, 2) efectos de enmascaramiento por el ambiente, 3) sistemas complicados de interacción génica, y 4) inadecuados métodos de aislamiento y evaluación de líneas.

Muchos métodos de selección recurrente y técnicas han sido propuestas para el desarrollo de poblaciones. Ello requiere la selección de plantas con fenotipos superiores - en el mejoramiento poblacional y la recombinación de esos - individuos seleccionados para formar una nueva población. La selección recurrente incrementa gradualmente la frecuencia de alelos favorables. La selección puede estar basada en el fenotipo de un individuo (selección masal) o en la media de fenotipos de familias. Cuando se usan familias, tres fases se involucran: 1) formación de familias, 2) evaluación de esas familias y selección de las superiores, y 3) intercruzamiento de plantas con semilla remanente de las familias seleccionadas para repetir el siguiente ciclo de mejoramiento poblacional.

Muchos procedimientos han sido desarrollados y estudiados en algunos detalles. Eso incluye: 1) selección masal, 2) selección mazorca por surco modificada, 3) selección de medios hermanos, 4) selección de hermanos completos, 5) selección de líneas  $S_1$  ó  $S_2$ , y 6) selección de cruas de pruebas con un probador de amplia base genética o con líneas endocriadas como probador.

Una comparación crítica de la eficiencia relativa de las alternativas de los sistemas de selección recurrente posee problemas. El progreso en el mejoramiento de plantas depende de dos elementos separados: 1) de las caracte-

rísticas genéticas de la población base y 2) de la eficiencia de la selección practicada.

El mejoramiento intrapoblacional, antes de la extracción de líneas para el desarrollo de híbridos, ha sido recomendado por algunos mejoradores en programas de mejoramiento de maíz (Lonnquist 1949 y Gardner, 1961). Ellos señalan que el principal objetivo es hacer más efectivo el uso de la porción aditiva de la varianza genética existente en las poblaciones y variedades sintéticas de maíz, antes de capitalizar la de dominancia y los efectos epistáticos en combinaciones híbridas específicas.

Los avances en el estudio de la genética cuantitativa han contribuido a un mejor entendimiento de la variabilidad genética en las poblaciones de maíz, y como consecuencia, un gran interés fue dirigido hacia una re-examinación y una evaluación más crítica de los métodos tradicionalmente usados para el mejoramiento intrapoblacional.

Robinson et al. (1949), encontraron varianza genética aditiva para rendimiento de grano en tres variedades sureñas políficas de maíz en los Estados Unidos. Indican que la varianza de dominancia fue menor que la varianza aditiva para los caracteres estudiados en las tres variedades.

Gardner (1961), señala que los estudios realizados en Carolina del Norte y Nebraska indican que en las variedades de polinización libre existen grandes cantidades de varianza genética aditiva para rendimiento, y que por lo tanto, la selección entre plantas individuales o entre progenies, debe ser efectiva para mejorar el rendimiento en todas las variedades investigadas.

Hull (1945 y 1952), atribuyó el fracaso de los intentos iniciales para mejorar el rendimiento por los métodos de selección masal y de mazorca por surco, a la falta de varianza genética aditiva. Sugirió que la varianza genética en tales casos era mayormente no aditiva, en cuyos casos no esperaría progresos por selección masal o en mazorca por surco.

Gardner (1961), indica que una explicación lógica a la falta de ganancia genética son los efectos ambientales, que fueron tan grandes, que los efectos genéticos, fueron enmascarados en los trabajos iniciales de selección masal y selección mazorca por surco. Señala que las variaciones extremas en factor tiempo pudieron resultar de año en año en interacciones genotipo-ambiente de consideración. Puesto que genotipos diferentes son favorecidos en diferentes ambientes.

Sprague (1966), señala que la falta de efecti-

vidad en fitomejoramiento parece ser consecuencia de los procedimientos, más que a la ausencia de variabilidad genética.

Lonnquist (1964), señala que los errores en los primeros métodos de selección fueron:

- 1) Falta de control de los progenitores.
- 2) Técnicas de campo deficientes.
- 3) Reducida intensidad de selección.

Paterniani (1967), señala que las razones del fracaso para mejorar el rendimiento fueron:

- 1) Incapacidad para identificar genotipos superiores, ya fuera por el aspecto fenotípico de plantas individuales o de progenies.
- 2) La selección muy rigurosa en poblaciones pequeñas, más un muestreo inadecuado, condujeron a una endogamia rápida, y por consecuencia, pérdida de vigor.
- 3) Polinización completamente sin control.

Sprague (1977), remarcó la carencia completa de información crítica sobre la efectividad de la selección masal para rendimiento. Señala además, que fueron los avances en el conocimiento de la genética y los

procedimientos experimentales, los que proporcionaron la base para explicar la falta de progreso en rendimiento con los métodos iniciales de mejoramiento intrapoblacional.

#### 2.1.1. Selección Masal.

De los métodos de selección recurrente que se han mencionado, la selección masal es el más sencillo, ya que se basa en el rendimiento por planta y no en la prueba de progenies. Presenta las siguientes ventajas: la intensidad de selección es alta, ofrece una máxima recombinación; y permite una máxima utilización de la variabilidad genética (Lonnquist 1965).

Gardner (1961), aplicó la selección masal moderna (SMM) a dos subpoblaciones derivadas de la variedad Hays Golden. En una de ellas se obtuvo ganancias de 4.3% para el primer ciclo, y de 7.4% y 6.4% para el segundo y tercer ciclo, respectivamente.

La otra subpoblación fue irradiada para incrementar la variabilidad genética. La alta dosis de radiación bajó el rendimiento, pero obtuvo una ganancia en el segundo ciclo de 7.8% sobre el rendimiento del primer ciclo. En el tercer ciclo volvió a irradiar, y en el cuarto ciclo obtuvo una ganancia de 16.6% sobre la original.

9

Johnson (1965), informa que la ganancia obtenida en el quinto ciclo de SMM en la variedad V-520c fue de 19% sobre la original.

Hakim et al. (1969), señalan que las diferencias entre las dos estaciones de crecimiento en los Baños, Filipinas, son muy grandes, y un primer ciclo de SMM rindió 9% sobre la variedad original en la misma estación y 4% en ambas estaciones, por lo que concluyen que la selección es posible solo sobre una base estacional.

Hallauer y Sears (1969), aplicaron la SMM en las variedades Krug e Iowa Ideal durante seis y cinco ciclos, obteniendo ganancias de 4% y 5%, respectivamente.

Gardner (1969), dio a conocer que la selección masal en maíz, no solo incrementó el rendimiento de grano, sino que también resultó en importantes respuestas correlacionadas con alta prolificidad, menor esterilidad, menor acame, madurez más tardía, plantas más altas, y aumento en la humedad del grano a la cosecha.

Terregosa y Arias (1970), indican que las plantas políficas son las más tardías y que las mazorcas más pesadas son las de mayor contenido de humedad.

Terregosa y Harpstead (1967), informan de los

resultados de la selección masal en una variedad de maíz de los Valles Altos de Colombia. El rendimiento en la población seleccionada para varias mazorcas fue de 14% más que la original, y de 28% más en el número de mazorcas por planta.

Terregoza y Arias (1970), informan los resultados de cuatro ciclos de selección masal para prolificidad y rendimiento por planta en la variedad ICA-522. Los avances en prolificidad, aunque en menor grado que para rendimiento por planta, fueron en los cuatro ciclos de selección de 8.4%, 18.4%, 20% y 32.8% sobre la original, respectivamente.

Arboleda (1975), sometió a cinco generaciones de recombinación en lote aislado a la variedad MVA, de la cual derivó tres muestras: MVA-A, para hacer selección masal en tres ciclos A (buena lluvia), MVA-B, para selección en tres ciclos B (secos), y MVA-AB, para hacer selección en ambas estaciones.

Señala que la selección en la muestra MVA-A, el incremento fue de 10.52% por ciclo en ciclos A (directa) y 0.8% en ciclos (indirecta). Las ganancias para prolificidad fueron de 8.84% y 0.97% por ciclo para las pruebas A y B, respectivamente.

Las respuestas a rendimiento y prolificidad en la subpoblación MVA-B fueron de 2.54% y 4.4% por ciclo, respectivamente. Las respuestas indirectas fueron de 7.6% y 11.45% para rendimiento y prolificidad respectivamente.

La subpoblación MVA-AB mostró la mejor estabilidad en rendimiento durante los seis ciclos. Las ganancias en rendimiento para las pruebas A y B fueron 5.34% y 1.10% por ciclo, mientras que para prolificidad fueron de 7.02% y 3.34% por ciclo, respectivamente.

Terregoza (1975), después de ocho ciclos de selección masal divergente obtuvo ganancias de 5.93% y 3.43% por ciclo para rendimiento y mazorcas por planta respectivamente.

#### 2.1.2. Selección Mazorca por Surco Modificada.

Lonnquist (1964), propuso algunas modificaciones al antiguo sistema de selección mazorca por surco, entre ellas utilizar tres localidades para estimar las medias familiares. Esta modificación proporcionó mayores oportunidades para una selección fenotípica más precisa entre plantas dentro de las familias de medios hermanos seleccionadas, puesto que cada planta de estas familias era evaluada sobre la base del peso del grano en lugar de la apariencia fenotípica. La modificación también resultó en el

ahorro de gran cantidad de labor al momento de la cosecha.

El método de mazorca por surco tal como lo describe el autor, proporcionaría una rápida intensificación de genes favorables o complejo de genes de tipo aditivo, sin excesivas tasas altas de endogamia. Permitirá además, la retención de mucho del material genético favorable.

Woodworth et al. (1952). dieron a conocer el avance obtenido durante 50 generaciones de selección mazorca por surco, para los caracteres alto y bajo contenido de aceite y proteína en el grano de la variedad de maíz Burr White. Las primeras 28 generaciones fueron de selección mazorca por surco y las 22 restantes de selección masal.

Las cantidades de aceite y proteínas en la variedad original fueron de 4.7% y 10.92% respectivamente. Después de 50 generaciones las cantidades alta y baja de aceite fueron del 19.45% y 4.91%, respectivamente.

Paterniani (1967), presenta los resultados de tres ciclos de selección de mazorca por surco en la variedad de maíz Paulist Dent. Indica que el coeficiente de regresión para rendimiento, fue de 13.6% promedio por ciclo de selección, comparado con el original. Encontró además mejoramiento para resistencia al acame y enfermedades, y el grano resultó con un color más oscuro del endospermo. Fue lograda

poca mejoría para reducir la altura de mazorca, además menciona que no se perdió precocidad.

Bahadur (1974), citado por Sprague, reportó 5.3% de incremento en el rendimiento por año en la variedad Hays Golden después de 10 ciclos de selección mazorca por surco modificada en Nebraska. Aunque por otra parte se incrementó la humedad del grano al momento de la cosecha (1.4% por año) y la altura de mazorca en 2.9% por año.

### 2.1.3. Selección Familiar de Medios Hermanos.

Este método de selección se presenta como una mejor alternativa que la selección masal, Geron (1972), comparó los dos métodos y concluyó que la selección de medios hermanos con semilla remanente fue significativamente superior a la selección masal. Existen en la actualidad numerosos trabajos en donde se reportan ganancias significativas, en rendimiento, entre las que pueden citarse las siguientes, las cuales se refieren a por ciento de ganancias por ciclo de selección: Webel y Lonquist (1967), 9.44 en la variedad Hays Golden; Paterniani (1967) 13.6 en una variedad de polinización libre de Brasil; Romero (1967), 17.7 en un compuesto Tuxpeño; Espinoza y Alvarado (1970), 13.5 en la variedad P.D. (M. S.); Sevilla (1975), 9.45 en la variedad PMC-562; Compton y Bahadur (1977), continuando la selección iniciada por Lonquist en 1961 obtuvieron 5.6 en

promedio de 10 ciclos.

El aprovechamiento de las bases genéticas mejoradas por éste método de selección como fuente de líneas para la obtención de híbridos, ha sido demostrado por varios investigadores como Genter y Alexander 1966, Lonquist 1966, Penny 1968, Genter 1971, Moll y Stuber 1971, Hallauer 1967, 1973, Lonquist y Willams 1967, Harvis et al. 1972, Russell y Eberhart 1975, Hoegemeyer 1974; quienes encontraron que aplicando este método de selección recurrente, las líneas y sus cruzas derivadas de poblaciones mejoradas superaron a las líneas y cruzas de las poblaciones originales en maíz.

#### 2.1.4. Selección Familiar de Hermanos Completos.

La selección familiar de hermanos completos requiere solamente dos generaciones por ciclo cuando se hacen cruzas planta a planta de diferentes familias seleccionadas, porque la formación de familias y recombinación son hechas simultáneamente, por ejemplo: estación 1, recombinación y formación de familias; y estación 2, ensayos de rendimiento.

Velázquez (1978), partiendo de una población de 12 progenitores de hermanos completos provenientes de cuatro poblaciones de diferente origen genético: Tuxpeño, Mezcla Tropical blanca, Blanco cristalino y Eto Blanco;

previamente seleccionados por el sistema de hermanos completos por 15, 2, 6 y 12 ciclos de selección respectivamente, encontraron que las cruzas simples fueron estadísticamente superiores al 5%, tuvieron 31.47% y 8.23% más de rendimiento que el promedio de las variedades experimentales y que la mejor variedad experimental de donde fueron seleccionados los progenitores respectivamente. Estas cruzas formadas tuvieron en promedio 12.39% más de rendimiento que los híbridos dobles formados con el sistema convencional, y un promedio de 15.31% de ganancias por ciclo.

Entre las 22 cruzas significativamente superiores solamente la población Mezcla Tropical Blanca mostró una buena proporción de cruzas intrapoblacionales sobresalientes y un promedio superior en este tipo de cruzas que en las cruzas interpoblacionales. Las otras tres poblaciones mostraron comportamiento inverso. Cuando comparó las medias de las mejores cruzas en cada población, inter e intrapoblacionales en las cuatro poblaciones se tuvo mayor rendimiento en cruzas interpoblacionales. La heterosis de los híbridos interpoblacionales fue de 11.53% más alto que en cruzas intrapoblacionales.

Para la población en estudio, la varianza genética no aditiva fue más importante que la varianza aditiva como consecuencia de la gran diversidad genética de los progenitores.

Lonnquist y Willams (1967), formaron 102 familias de hermanos completos (cruzas dobles crípticas) entre dos poblaciones de maíz, las cuales fueron llevadas a cabo por varios ciclos de selección recurrente. Las familias exhibieron un 30% de heterosis y un 6% de rendimiento más que tres cruzas dobles, que se usaron como testigos en la comparación. Un segundo grupo de familias de hermanos completos utilizando progenies  $F_2$  de progenitores de cruzas seleccionadas, dieron evidencia de incremento en el rendimiento posteriormente.

Lonnquist (1965), usando familias de hermanos completos en maíz, obtuvo 14% de incremento de rendimiento en el primer ciclo y 6% en el segundo ciclo.

Villena y Johnson (1972), aplicando la selección de familias de hermanos completos al carácter altura de planta en tres poblaciones de maíz: Tuxpeño Crema 1, Eto Blanco, y Mix-1 x Colima grupo 1 redujeron la altura de planta en 63, 33, y 47 cms. respectivamente.

Lonnquist et. al. (1967), han demostrado que las líneas y las correspondientes cruzas a partir de poblaciones previamente mejoradas mediante selección de familias de hermanos completos son superiores a las obtenidas de las poblaciones originales.

Hallauer (1969), comparó la variabilidad existente en una población sin mejorar y mejorada por los sistemas de hermanos completos y medios hermanos y encontró una menor varianza genética aditiva en las poblaciones mejoradas, pero con una mayor probabilidad de encontrar cruzas superiores.

La información de los progresos observados de la selección de hermanos completos en maíz con dos estaciones por ciclo es limitado.

Bolton (1971), completó cinco ciclos de selección de hermanos completos en el compuesto A en Tanzania en cinco años.

Moll y Stuber (1971), reportaron 2.5 a 4.0% de ganancia en rendimiento por ciclo de selección en Carolina del Norte en cinco variedades de maíz. Para estimar los componentes de varianza aditiva y de dominancia, ellos usaron una selección modificada, en el cual la planta usada como macho fue cruzada con cuatro hembras.

Muchena et al. (1979), condujeron estudios mediante selección familiar de hermanos completos para reducir la altura de planta y altura de mazorca y modificar la distancia internudos de dos poblaciones de maíz tropical (Zea mays L.), las poblaciones fueron (Tuxpeño y Mezcla

Amarilla). Los diagramas de los internudos progenitores fueron contruidos por representaci3n gr3fica sucesiva tom3ndolos de abajo hacia arriba. Las plantas de ciclos avanzados de selecci3n tuvieron en ambas poblaciones menos y m3s cortos internudos abajo de la mazorca. Estos resultados fueron el producto de la comparaci3n con la poblaci3n original.

#### 2.1.4.1. Comparaci3n con Otros M3todos.

Cornelius y Dudley (1974), desarrollaron 60 familias de hermanos completos en una variedad sint3tica de ma3z. Dentro de cada familia tomada al azar se hicieron autofecundaciones y cruzas para establecer grupos de l3neas autofecundadas y de hermanos completos. Estos autores encontraron que el grado de depresi3n por endocr3a para altura de planta, altura de mazorca y rendimiento de grano fue mayor para las autofecundaciones que para familias de hermanos completos.

Ellos indicaron que el desequilibrio de ligamiento en la poblaci3n original podr3a brindar m3s oportunidad para recombinaci3n por medio de hermanos completos que bajo autofecundaciones para un nivel dado de endocr3a.

Mukherjee et al. (1980), derivaron de cuatro poblaciones de ma3z con amplia base gen3tica: familias de medios hermanos, hermanos completos y familias  $S_1$ . Los compuestos de donde derivaron progenies  $S_1$  dieron los m3s al-

tos rendimientos. Los compuestos de donde se derivaron progenies de hermanos completos y medios hermanos no mostraron diferencia significativa en rendimiento.

Moll y Stuber (1967), reportan un reducido grado de respuesta en maíz, a la selección recíproca recurrente, desde el octavo hasta el décimo ciclo de selección. Esta aparente reducción en el grado de respuesta, fue visto en las poblaciones progenitoras, como en la población híbrida. En las mismas poblaciones de maíz el grado de respuesta a la selección familiar de hermanos completos tiende a ser lineal hasta el décimo ciclo de selección. Las posibles causas a la reducida respuesta en selección recíproca recurrente, la cual resta de ser investigada, incluye efectos de interacciones genotipo x ambiente, efectos de endocría, y cambios en las varianzas genéticas. La población híbrida mejorada por 10 ciclos de selección recíproca recurrente produce 30% más de ganancias que la población híbrida original. Esto ha sido acompañado por un 43% de incremento en el número de mazorcas por planta. La selección recíproca recurrente para el desarrollo de híbridos superiores ha sido iniciada en el décimo ciclo. Dos criterios de selección han sido comparados, rendimiento de grano y número de mazorcas por planta.

Hallauer et al. (1976), completaron cinco ciclos de selección recíproca de hermanos completos; el promedio de ganancias para rendimiento fue de 15.3% para BS<sub>10</sub>, BS<sub>11</sub>

y sus cruzas. La selección recíproca de hermanos completos fue más efectiva que la selección masal para prolificidad en  $BS_{10}$  y para rendimiento en  $BS_{11}$  y otras características, sin decremento en la variación genética después de cuatro ciclos de selección recíproca de hermanos completos.

Moll y Stuber (1971), hicieron comparaciones entre selección familiar de hermanos completos y selección recíproca recurrente, la selección se hizo principalmente para alto rendimiento de grano. Las poblaciones experimentales involucradas, fueron dos variedades de polinización abierta, "Jarvis" e "Indian Chief".

Después de seis ciclos de selección, se hicieron los siguientes cruzamientos: (1) entre las dos variedades originales, Jarvis e Indian Chief, (2) entre las variedades mejoradas, resultado de la selección familiar de hermanos completos, dentro de cada variedad, y (3) entre las variedades resultantes de selección recíproca recurrente. En cada caso los híbridos varietales fueron hechos por cruzamientos planta a planta entre un mínimo de 100 plantas en cada población.

El incremento en rendimiento observado después de seis ciclos de selección en seis de las siete probadas fue significativo. La excepción fue la variedad Indian Chief a la selección recíproca recurrente, la cual no fue esta-

dístiticamente significativa. La respuesta de ambas variedades a la selección de familias de hermanos completos fue de 2.1 veces más grande que la respuesta a la selección recíproca recurrente. La respuesta del híbrido varietal por medio de la selección recíproca recurrente fue de 1.3 veces mayor que a la respuesta a selección de familias de hermanos completos. La respuesta del compuesto varietal a la selección familiar de hermanos completos, no fue mayor que para Jarvis, la cual fue la de mayor respuesta de las dos variedades. La heterosis del híbrido varietal incrementado, marcadamente después por selección recíproca recurrente, mostró un pequeño cambio mediante selección de familias de hermanos completos.

Mulamba y Mock (1978), derivaron 250 familias de hermanos completos de la población de maíz Eto Blanco, las cuales fueron cultivadas en dos densidades de población (50,000 y 80,000 plantas/ha.) en Poza Rica, México, en 1975. Estimaron las varianzas genotípicas y heredabilidades, las correlaciones genotípicas fueron obtenidas entre rendimiento de grano y varias características. Observaron una gran cantidad de variabilidad entre familias en las densidades de población. Consecuentemente, las estimaciones de varianzas genotípicas y heredabilidades fueron altas. Las correlaciones genotípicas entre rendimiento de grano y la mayoría de las características fueron generalmente bajas.

Mukherjee et al. (1977), trabajando en dos poblaciones de maíz (A 61 y A 62) derivaron familias de medios hermanos, y en cinco poblaciones (A 600, A 603, A 605, A 100 y A 101) fueron sometidos a formación de familias de hermanos completos para observar la resistencia a Chilo partellus, haciendo las infestaciones por un período de tres años. Cada año los resultados obtenidos fueron utilizados para la derivación subsecuente de progenies usando solamente familias resistentes. La presentación inicial indicó que todas las poblaciones bajo estudio ofrecían posible resistencia. Subsecuentes programas de mejoramiento hicieron posible obtener resistencia en todas las poblaciones, que fueron prósperos como evidentes en el primero y segundo ciclos de selección, cuando se seleccionaron las 10 familias superiores. La resistencia esperada con la selección de genotipos superiores refleja claramente el éxito de las poblaciones mejoradas, las cuales aprovechan el mejoramiento a la resistencia a C. partellus.

Darrah et al. (1978), utilizando métodos comprensivos de mejoramiento en maíz encontraron que: La selección mazorca por surco fue efectiva en el mejoramiento del Kitale compuesto A (KCA). Datos de un dialelo del ciclo seis de mazorcas por surco mostraron que, cuando menos de 10 líneas fueron seleccionadas, hubo depresión por endocría, pero no hubo significancia entre varios experimentos de selección mazorca por surco. Las

ganancias en rendimiento con selección recíproca recurrente y selección mazorca por surco estuvieron asociadas con el incremento de mazorcas por cada 100 plantas. La ganancia mediante selección recíproca recurrente fue de 3.5% por año (7% por ciclo), y en el mejor año mediante selección mazorca por surco se obtuvo una ganancia de 2.6% por año.

La selección masal con 10% de intensidad de selección produjo rendimientos significativos, pero no al 2% de intensidad de selección. Líneas  $S_1$  y tres métodos de selección de medios hermanos fueron infectivos en Kitale Compuesto (KCA), lo cual fue atribuido mediante estudios a la falta de equilibrio de ligamiento en KCA. La selección de hermanos completos fue efectiva, y se obtuvo una ganancia de 1.2% por año. Todos los métodos de selección recurrente mostraron un incremento significativo en número de mazorcas por cada 100 plantas. El tamaño de la población fue importante en la reducción debida a la depresión por endocria.

Eagles y Hardacre (1979), utilizaron familias de hermanos completos y líneas  $S_1$ , las cuales fueron derivadas de la población de maíz denominada Pool 5, con una amplia base de germoplasma, dichas familias fueron usadas para estudiar la variación genética para porcentaje de germinación y porcentaje de emergencia a 10°C. Las varianzas genotípicas fueron altas para todos los caracteres, y

la mejor población de familias fue marcadamente superior a los híbridos utilizados como testigos. Los efectos paternos fueron aparentemente importantes para porcentaje de germinación, pero las varianzas debida a los machos fueron significantes para porcentaje de emergencia y tiempo de emergencia. Los niveles de depresión por endocría fueron también importantes para esos dos caracteres de emergencia. Ambos caracteres (germinación y emergencia), no se correlacionaron con peso de semilla. La población Pool 5 podría ser una fuente de genes para el mejoramiento de la germinación y emergencia del maíz a bajas temperaturas.

Hakim et al. (1969), compararon los métodos de selección masal, selección mazorca por surco modificada, selección de progenies  $S_1$ , selección familiar de medios hermanos y de hermanos completos. Utilizaron la varianza genética aditiva para calcular el mejoramiento genético esperado con diferentes métodos. El avance esperado por generación indicó que la selección de progenies  $S_1$  sería superior al resto de los métodos.

#### 2.1.5. Selección Recurrente Entre Líneas $S_1$ y $S_2$ .

El proceso de evaluación de progenies  $S_1$ , conduce por sí solo al mejoramiento de la mayoría de las características de maíz. La selección basada en progenies endocriadas  $S_1$ ,  $S_2$ , etc., es en teoría más eficiente para cam-

biar las frecuencias génicas con efectos aditivos, que los métodos de cruzas de prueba.

Los estudios de selección que han comparado la evaluación de progenies  $S_1$ , y cruzas de prueba no están en total concordancia.

Roble y Rinke (1963), ensayaron líneas  $S_1$  de una variedad sintética de maíz estudiando el comportamiento de líneas  $S_1$  per se y en pruebas de mestizos con probadores emparentados, y encontraron que la selección de líneas mediante el método de líneas  $S_1$  fue más eficiente, que hacer la selección en base a mestizos. Genter y Alexander (1966), llegaron a la misma conclusión.

Lonnquist y Lindsey (1964), formaron dos sintéticos de maíz en base a líneas  $S_1$  y por el método de mestizos. Ambas poblaciones fueron significativamente superiores en rendimiento a la población original, y aunque no existió diferencia estadística entre ambos métodos, hubo una ligera ventaja en el sintético formado por líneas seleccionadas por el método de líneas  $S_1$ .

Davis (1934), reportó que la alta combinación de líneas  $S_2$ , también exhibieron altas combinaciones cuando fueron probadas como líneas  $S_4$  y  $S_5$ .

Sprague (1946), derivó 167 líneas de la variedad sintética Stiff Stalked y sus correspondientes cruzas con el probador Híbrido 13. Las seis líneas  $S_1$  de más alto rendimiento, fueron otra vez autofecundadas y cruzadas con el probador. Los rendimientos por acre de las seis mejores plantas  $S_0$ , y la media familiar de las mejores seis líneas  $S_1$  tuvieron una alta correlación de 0.85 entre el comportamiento de las dos series. Hubo además diferencia significativa dentro de cada una de las seis familias. No hubo diferencia significativa entre las primeras cuatro familias ni entre las dos últimas, mostrando que la alta correlación fue principalmente entre esos grupos.

Lonnquist (1953), realizó selección divergente para baja y alta aptitud combinatoria de sublíneas dentro de cada generación autofecundada desde  $S_0$  hasta  $S_4$ . Altas y bajas combinaciones fueron seleccionadas respectivamente en los dos grupos de líneas  $S_1$ , al igual se hizo desde la generación  $S_2$  hasta  $S_4$ , con lo cual demostró que la aptitud combinatoria de un grupo de líneas o familias es relativamente estable desde la  $S_1$  hasta generaciones subsecuentes de autofecundación, lo que quiere decir que la segregación de rendimiento en las generaciones tempranas de endocria no existe. Seleccionó algunas de las líneas de la selección divergente para futuros estudios de habilidad combinatoria, escogiendo 4 líneas con baja y 5 líneas con alta habilidad combinatoria, en base a las cruzas de prueba

con  $Wf_9 \times M_{14}$ , después de cada generación de autofecundación desde  $S_1$  hasta  $S_4$  encontrando que, en el grupo alto hubo un incremento de rendimiento promedio desde  $S_1$  hasta  $S_4$  en las cruza de prueba, mientras el grupo bajo no mostró esa tendencia. Se hicieron las cruza posibles entre 9 líneas estudiadas lo cual dio la siguiente información: alto rendimiento x alto rendimiento promediaron 91.9 bushels, alto x bajo rendimiento fue de 82 bushels y bajo x bajo rendimiento promedió 70.2 bushels. Lo cual significa una evidencia futura de la importancia del aumento favorable en relación a la habilidad combinatoria.

Wellhausen y Wortman (1954), determinaron la habilidad combinatoria de varias líneas  $S_1$  y  $S_3$  en varias regiones de México. Los primeros híbridos en México producidos por la fecundación Rockefeller, fueron combinaciones de líneas  $S_1$ , las cuales resultaron en una pequeña ganancia de habilidad combinatoria. Tales resultados fueron obtenidos solamente cuando las combinaciones híbridas fueron probadas bajo condiciones similares, a donde se efectuaron las líneas.

Penny et al. (1967), evaluaron el progreso alcanzado haciendo mejoramiento para barrenador del tallo en maíz, derivando 100 líneas  $S_1$  después de tres ciclos de selección. Las cinco variedades sintéticas bajo estudio mostraron una notable resistencia, después de los tres ciclos. Encontrándose que el sintético tardío fue casi total-

mente resistente.

Jinahyon y Russell (1969), hicieron selección recurrente entre líneas  $S_1$  para resistencia a la pudrición del tallo, encontraron que la selección entre progenies  $S_1$  no cambió la aptitud combinatoria, pero sí se incrementó el rendimiento de progenies  $S_1$ , lo cual es deseable para futuros trabajos de hibridación.

## 2.2. Interacción Genotipo-Ambiente.

Sprague y Federer (1951), estudiaron una serie de cruzas simples y cruzas dobles a través de localidades y años para obtener información de híbridos, híbridos x localidades, e híbridos x año. Ambas interacciones fueron significativas. Ellos reportaron que los componentes de interacción fueron mayores para las cruzas simples que para las cruzas dobles en los experimentos. Eberhart y Russell, reportaron un mayor número de interacciones para cruzas simples que para cruzas dobles. Wright et al. (1951), reportaron resultados similares. Encontraron menores interacciones genotipo ambiente para cruzas triples que para cruzas simples.

Eberhart y Russell (1966), recomendaron el desarrollo de índices basados en factores ambientales, como lluvia, temperatura y fertilidad de suelos. Índices para medir daños de plagas y enfermedades deben ser incluidos si los genotipos tienen diferentes niveles de resistencia. Debe

considerarse la cantidad de radiación solar (Duncan et al. 1973), la unidad de grados para el crecimiento (Wang, 1970). La respuesta diferencial de genotipos a esos índices podría ser usado para entender las causas de las interacciones genotipo-ambiente. Finlay y Wilkinson (1963) y Eberhart y Russell (1966, 1969), usaron la media de todos los genotipos en una localidad como índice ambiental para dar una medida general de los factores adversos que afectan el rendimiento y encontraron una respuesta lineal a este índice quitando parte de la interacción. Además Eberhart y Russell (1966, 1969), reportaron que la variación en la respuesta ambiental de las cruzas simples de maíz evaluadas, fue causada principalmente por efectos genéticos aditivos.

Cuando los índices a caracterizar los ambientes no son aprovechables, los genotipos deben ser evaluados en un gran número de ambientes para estimar una respuesta promedio. Los genotipos élite se espera que den una respuesta promedio superior. Pero si la llave de factores causantes de las interacciones genotipo-ambiente pueden ser determinados e índices apropiados pueden ser desarrollados, la respuesta de cada genotipo a esos índices pueden ser determinados. El desempeño predicho de cada genotipo para un ambiente específico es siempre de un mayor valor que un basto número de experimentos en ambientes que no ha tenido índices (Eberhart et al. 1973).

Con la técnica de índices, el número de ambientes debe ser mayor que el número de índices, y los ambientes deben ser suficientemente diferentes.

Rowe y Andrew (1964), no encontraron asociación entre estabilidad y nivel de heterocigosidad entre cinco líneas y los diez híbridos resultantes para los caracteres días a floración y número de hileras, pero indican que la estabilidad declinó cuando la heterocigosis fue aumentada. Los componentes de varianza para la interacción genotipo-ambiente fueron mayores para las líneas no segregantes, que para los grupos genéticos segregantes. Continúan diciendo que los grupos heterocigóticos más vigorosos observaron alto comportamiento bajo condiciones favorables y fueron desproporcionalmente reducidos en ambientes desfavorables.

El análisis de regresión mostró que los grupos segregantes fueron más estables que las líneas ó las  $F_1$ , ya que sus medias para cada ambiente, se desviaron menos de la regresión.

Allard y Bradshaw (1964), señalan que la interacción genotipo ambiente es complicada, ya que deben considerarse muchos genotipos y ambientes, y que por lo tanto, el número posible de tipos de interacción es muy grande.

Estos autores dividen las variaciones del ambiente

te en dos categorías: siendo los primeros aquellos caracteres del ambiente tales como los aspectos generales del clima y tipo de suelo, así como aquellos que varían de una manera sistemática. La segunda categoría incluye fluctuaciones en el tiempo como cantidad y distribución de lluvia y temperatura, entre otros.

Señalan a la vez que las interacciones genotipo por año reflejan las fluctuaciones en el ambiente, lo cual no es predecible. Sugieren además que las poblaciones heterogéneas y heterocigotas ofrecen la mejor oportunidad de producir variedades las cuales muestran pequeñas interacciones genotipo-ambiente.

Eberhart y Russell (1966), proponen un modelo de regresión como una técnica utilizable para la partición de la interacción genotipo-ambiente para describir la estabilidad del rendimiento de un cultivo.

El modelo que proponen es:

$$Y_{ij} = \mu_i + B_i I_j + \delta_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$  = rendimiento medio de la  $i$ ésima variedad en el  $j$ -ésimo ambiente.

$\mu_i$  = rendimiento medio de la variedad  $i$  en todos

los ambientes.

$B_i$  = coeficiente de regresión de la  $i$ -ésima variedad en todos los  $j$ -ambientes.

$I_j$  = índice ambiental en el  $j$ -ésimo ambiente.

$\delta_{ij}$  = desviación a partir de la regresión de la  $i$ -ésima variedad en el  $j$ -ésimo ambiente.

Los mismos autores hacen ver las limitaciones de un índice ambiental, que al no ser independiente de los materiales experimentales, tienen como objeción, que los rendimientos de una variedad cualquiera, están inevitablemente correlacionados parcialmente con un índice ambiental contra el que se prueban.

Definen a una variedad estable como aquella que posee una media alta, un coeficiente de regresión igual a uno, y con desviaciones de regresión estadísticamente iguales a cero.

Scott (1967), opina que la estabilidad del rendimiento en híbridos de maíz es importante. Varios métodos para estabilidad del rendimiento han sido usados, como lo es la mezcla de semilla de más de un híbrido para incrementar los genotipos de un cultivo dado. El cultivo de híbridos

de una amplia base de genes, cruzas dobles, y variedades sintéticas.

Esos métodos de estabilización de los rendimientos no depende para estabilidad de "factores genéticos". Se obtiene mérito solamente si las poblaciones de muchos genotipos híbridos son menos sujetos a influencias ambientales que las poblaciones de pocos genotipos.

Las observaciones indican que cuando se comparan cruzas dobles, algunas tienen un alto rango de adaptación mientras otras no.

Byth, citado por Goldsworthy (1974), opina que en la Universidad de Quensland, se está dando un nuevo enfoque a la interacción genotipo-ambiente, lo cual puede proporcionar al fitomejorador una base más amplia para el análisis de dicho fenómeno.

Señala el autor, que tales procesos tienden a reducir la complejidad involucrada en las respuestas de las variedades, conjuntando aquellas que responden de una manera similar en los diferentes ambientes. Indica que de esta forma se pueden derivar un número determinado de grupos homogéneos de variedades, y que la comparación en la respuesta de estos grupos, puede hacerse relativamente fácil.

Goldsworthy (1974), señala que en muchos casos, la evaluación de genotipo por año por localidad, ha sido substancial y esto significa que para que haya efectividad, una evaluación debe involucrar pruebas en varias localidades y a través de una serie de años. Indica que ésto es más importante que el empeñarse en obtener información en una localidad cualquiera.

Márquez (1976), indica que todo fenómeno que impli que la evaluación de genotipos en varios ambientes debe involucrar en el modelo descriptivo una componente de interacción.

### III. MATERIALES Y METODOS

#### 3.1. Breve Reseña Histórica del Compuesto Interracial Precoz de Altura (C.I.P.A.).

En 1967 se sembró el compuesto C.I.P.A. de maíz y se hicieron las cruzas biparentales o diseño I de Carolina del Norte.

Se eligieron 153 plantas al azar, que fueron utilizadas como macho, cada una de las cuales fueron cruzadas al azar con dos hembras, por lo que se obtuvieron 306 cruzas de hermanos completos.

En 1968, en el campo experimental de la Escuela Nacional de Agricultura en San Martín, Estado de México, se llevó a cabo un experimento para evaluar las características agronómicas de las 306 familias de hermanos completos. Dicho material fue evaluado con 17 grupos de 18 cruzas cada uno, con dos repeticiones. Esto se efectuó para dos densidades de población (ambientes): 24,000 y 72,000 plantas/ha., para lo que se utilizó un esquema de bloques contiguos al azar entre ambas densidades con el objeto de eliminar en lo posible, las diferencias en cuanto a heterogeneidad del suelo.

### 3.2. Naturaleza del Material Genético.

Para fines del presente estudio se realizó la siguiente metodología.

En 1978, en Santa Ana de Arriba, Xalmimilulco, Puebla, se sembró compuesto original de C.I.P.A. obteniéndose 219 familias de hermanos completos, las cuales fueron el resultado de cruzamientos entre pares de plantas, usando ca da una solamente una vez como hembra o como macho.

En 1979, se evaluaron las 219 familias de hermanos completos, incluyéndose el testigo (C.I.P.A. original) para obtener información de las 220 genotipos. Dicha evaluación se realizó en tres localidades: Campo Experimental de la Universidad Autónoma Agraria "Antonio Narro" en Navidad, N.L., Rancho "El Queretano" en San Luis de la Paz, Gto., y en el Campo Directo de la Productora Nacional de Semillas (PRONASE), en San Luis de la Paz, Gto.

### 3.3. Evaluación del Material Genético en el Campo.

Los 3 ensayos consistieron en la evaluación de 220 genotipos de maíz Zea mays L. Dichos ensayos constaron de parcelas de dos surcos de 3 metros de largo, con una distancia entre surcos de 0.75 metros, la distancia entre plantas fue de 0.25 metros; se consideró parcela útil a ambos surcos,

excepto las plantas de cada extremo. La distribución de los 220 genotipos se hizo en el campo siguiendo una distribución de bloques al azar con dos repeticiones.

#### 3.4. Toma de Datos.

El comportamiento de las 220 familias de hermanos completos en las 3 localidades, se probó con los siguientes parámetros:

a) Días a floración. Tomando en cuenta en que el 50% de las plantas de cada parcela, estuvieran derramando polen. Este dato fue transformado mediante raíz cuadrada.

b) Altura de mazorca. Se midió en metros, y es la longitud desde la base del tallo, hasta el nudo de inserción de la mazorca principal.

c) Acame de tallo. Se refiere al número de plantas con tallo quebrado abajo de la mazorca. Este carácter luego de expresarse en por ciento de plantas acamadas por tratamiento y por repetición fue transformado por arcoseno.

d) Cobertura de mazorca. Para medir cobertura se utilizó una escala del 1-5, donde el número 1 indica "mejor" y el 5 "la más precaria".

e) Mazorcas cosechadas. Este carácter, luego de expresarse en número de mazorcas por planta, se transformó mediante raíz cuadrada.

f) Mazorcas podridas. Este parámetro luego de expresarse en porcentaje en relación al número de mazorcas cosechadas, se transformó por arcoseno.

g) Rendimiento. El peso de campo se llevó al 15.5% de humedad y posteriormente por covarianza se ajustó por fallas dado que se cosechó diferente número de plantas por parcela.

Esto se hizo de la siguiente forma:

$$\text{Peso de campo al 15.5\% de hum.} = \text{peso de campo} \left( \frac{1 - \text{hum}}{100} \right) 0.845$$

Donde:

$$\text{Peso de campo} \left( \frac{1 - \text{hum}}{100} \right) = \text{peso seco.}$$

De acuerdo con lo anterior se ajustó por fallas los rendimientos de cada tratamiento, cada repetición y cada localidad mediante la fórmula:

$$\hat{y}_i = \bar{y}_i - b_{xy} (x_i - \bar{x})$$

Donde:

$\hat{y}_i$  = Promedio ajustado de cada uno de los tratamientos.

$\bar{y}_i$  = Promedio de cada uno de los tratamientos sin ajustar.

$b_{xy}$  = Coeficiente de regresión.

$x_i$  = Es número de plantas en cada tratamiento.

$\bar{x}$  = Promedio general del número de plantas por unidad experimental.

### 3.5. Análisis de Datos.

#### 3.5.1. Análisis Estadístico.

El modelo usado para los análisis de varianza individuales fue el siguiente:

$$y_{ij} = \mu + T_i + R_j + E_{ij}$$

Donde:

$$i = 1, 2, \dots, t$$

$$j = 1, 2, \dots, r$$

$y_{ij}$  = Es el efecto del  $i$ -ésimo genotipo, en la  $j$ -ésima repetición.

$\mu$  = Es la media general del carácter medido.

$T_i$  = Es el efecto del  $i$ -ésimo tratamiento, donde:

$$T_i \sim NI(0, \sigma^2_T)$$

$R_j$  = Es el efecto de la  $j$ -ésima repetición, donde:

$$R_j \sim NI(0, \sigma^2_R)$$

$E_{ij}$  = Es el error experimental, donde:

$$E_{ij} \sim NI(0, \sigma^2_E)$$

El modelo usado para los análisis de varianza combinados fue el siguiente:

$$y_{ijk} = \mu + L_i + E_{ik} + B_j + (LB)_{ij} + E_{ijk}$$

Donde:

$$i = 1, 2, \dots, l$$

$j = 1, 2, \dots, t$

$k = 1, 2, \dots, r$

$\mu =$  media general del caracter medido.

$y_{ijk} =$  Es el efecto de la  $i$ -ésima localidad, del  $j$ -ésimo tratamiento en la  $k$ -ésima repetición.

$L_i =$  Es el efecto de la  $i$ -ésima localidad, donde:

$$L_i \sim NI(0, \sigma_L^2)$$

$E_{ik} =$  Es el efecto de la  $k$ -ésima repetición dentro de la  $i$ -ésima localidad donde:

$$E_{ik} \sim NI(0, \sigma_E^2)$$

$B_j =$  Es el efecto del  $j$ -ésimo genotipo, donde:

$$B_j \sim NI(0, \sigma_B^2)$$

$(LB)_{ij} =$  Es el efecto de la  $ij$ -ésima observación asociada con la interacción genotipo por localidad, donde:

$$(LB)_{ij} \sim NI(0, \sigma_{LB}^2)$$

$E_{ijk}$  = Es el efecto de la  $ij$ -ésima observación dentro de la  $k$ -ésima repetición, donde:

$$E_{ijk} \sim N(0, \sigma^2_E)$$

La forma en que se realizaron los análisis de varianza individuales y combinados de los tres ambientes, así como las especificaciones de las esperanzas de los cuadrados medios se muestran en los cuadros 1 y 2.

En los análisis de varianza para cada localidad, las hipótesis nulas a probar fueron :  $H_0$  : Tratamientos = 0. La prueba de  $f$  usada fue  $\frac{M_2}{M_1}$ , con los respectivos grados de libertad asociados.

Para los análisis de varianza combinados las hipótesis nulas fueron  $H_0$ : Localidades (L) = 0; Repeticione/Localidades (R/L) = 0; Genotipos (G) = 0; Genotipos x Localidades (GxL) = 0. Las pruebas de F usadas para los análisis combinados fueron:

$$\frac{M_1 + M_5}{M_2 + M_4} \text{ para (L); } \frac{M_4}{M_1} \text{ para (R/L); } \frac{M_3}{M_2} \text{ para (G); y } \frac{M_2}{M_1}$$

para (GXL). Las pruebas de F estuvieron asociadas con los respectivos grados de libertad de  $M_1$ ,  $M_2$ ,  $M_3$ ,  $M_4$  y  $M_5$ .

### 3.5.2. Análisis Genéticos.

Obtención de los componentes de varianza ambiental ( $\sigma^2_E$ ), varianza genética ( $\sigma^2_G$ ), y varianza fenotípica

( $\sigma^2_P$ ) a partir de los análisis de varianza individuales.

La  $\sigma^2_E$  fue estimada directamente del cuadrado medio del error.

La  $\sigma^2_G$  fue estimada de la siguiente manera:

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

La  $\sigma^2_P$  fue estimada de la siguiente forma:

$$\sigma^2_P = \frac{\sigma^2_E}{r} + \sigma^2_g$$

Cuadro 1. Análisis de varianza para cada localidad, bajo el diseño de Bloques al azar.

F.V.	G.L.	C.M.	E.C.M. (Modelo Aleatorio)
Genotipos	t-1	$M_2$	$\sigma^2_e + r\sigma^2_g$
Repeticiones	r-1		
Error experimental	(r-1)(t-1)	$M_1$	$\sigma^2_e$
Total	rt-1		

Cuadro 2. Análisis de varianza combinado bajo el diseño de Bloques al azar.

F.V.	G.L.	C.M.	E.C.M. (Modelo aleatorio)
Localidades (L)	$l-1$	$M_5$	$\sigma^2_e + r\sigma^2_g + g\sigma^2_{r/l} + rg\sigma^2_l$
Rep./Localidades (R/L)	$(r-1)l$	$M_4$	$\sigma^2_e + g\sigma^2_{r/l}$
Genotipos (G)	$g-1$	$M_3$	$\sigma^2_e + r\sigma^2_{gl} + rl\sigma^2_g$
Genotipos por Localidades (GXL)	$(g-1)(l-1)$	$M_2$	$\sigma^2_e + r\sigma^2_{gl}$
Error Exp. (GXR/L)	$(g-1)(r-1)l$	$M_1$	$\sigma^2_e$

Se obtuvieron los mismos componentes de varianza a partir de los análisis de varianza combinados, así como las interacciones de las familias con el medio ambiente (F<sub>xL</sub>), tales componentes se estimaron de la siguiente forma:

La  $\sigma^2_E$  fue estimada directamente del cuadrado medio del error.

La Varianza Genética ( $\sigma^2_G$ ), Varianza de Familias por Localidad ( $\sigma^2_{F_xL}$ ), y Varianza Fenotípica ( $\sigma^2_P$ ) se obtuvieron de la siguiente forma:

$$\sigma^2_G = \frac{-M_3 - M_2}{rl}, \sigma^2_{F_xL} = \frac{M_2 - M_1}{r}, \text{ y } \sigma^2_P = \frac{\sigma^2_E}{rl} + \frac{\sigma^2_{GL}}{l} + \sigma^2_G$$

Los errores estándar de las estimaciones de los componentes de varianza están dados por la fórmula:

$$V(\sigma^2_i) = \frac{2}{k^2} \sum_i \left( \frac{\lambda_i^2 M_i^2}{g l i + 2} \right), \text{ E.E. } = \sqrt{V(\sigma^2_i)}$$

El Coeficiente de Variación Genética (C.V.G.) fue calculado de la siguiente forma:

$$\text{C.V.G.} = \frac{\sqrt{\sigma^2_G}}{\bar{x}} \times 100$$

Donde:

Donde:

$\sigma^2_G$  = Es la varianza genética.

$\bar{x}$  = Es la media general.

La estimación de la heredabilidad en sentido amplio fue calculado de la siguiente forma:

$$h^2 = \frac{\sigma^2_G}{\sigma^2_P}$$

Donde:

$\sigma^2_G$  = Es la varianza genética.

$\sigma^2_P$  = Es la varianza fenotípica.

El avance genético esperado fue calculado de la siguiente forma:

$$Gy = \frac{K \sigma^2_G}{\sigma P}$$

Donde:

$Gy$  = Es la ganancia por año.

$\sigma^2_G$  = Es la varianza genética.

$\sigma P$  = Es la raíz cuadrada de varianza fenotípica.

$K$  = Es el diferencial de selección estandarizado.

Los cálculos fueron hechos asumiendo que se necesitan 2 años por ciclo de selección.

Coeficiente de correlación fenotípica y genotípica.

La correlación entre dos variables X y Y, fueron obtenidas, entre todas las combinaciones posibles de los siete caracteres agronómicos medidos mediante las siguientes fórmulas:

$$G_{xy} = \frac{\text{Cov } G_{xy}}{\sqrt{\sigma^2_{Gx} \sigma^2_{Gy}}}$$

$$P_{hxy} = \frac{\text{Cov } P_{hxy}}{\sqrt{\sigma^2_{Phx} \sigma^2_{Phy}}}$$

Donde:

$G_{xy}$  = Es la correlación entre los valores genotípicos.

$P_{hxy}$  = Es la correlación entre los valores fenotípicos.

$\text{Cov } G_{xy}$  = Es la covarianza entre los valores aditivos.

$\text{Cov } P_{hxy}$  = Es la covarianza entre los valores fenotípicos.

#### IV. RESULTADOS Y DISCUSION

En los cuadros 3 al 5 del apéndice, se encuentran los análisis de covarianza para la corrección por fallas en los tres ambientes. Los valores de F calculados fueron altamente significativos al 0.01 de probabilidad. Los coeficientes de regresión obtenidos fueron de 0.0415, 0.0469 y 0.0613 en las localidades PRONASE, Navidad, N.L., y Rancho "El Queretano", respectivamente.

##### 4.1. Comportamiento General de las Familias de Hermanos Completos en los Tres Ambientes.

En el cuadro 6, se observan las medias de altura de mazorca, mazorcas por planta, acame de tallo, mazorcas podridas, cobertura, días a floración y rendimiento de las 220 familias de hermanos completos, expresadas por localidad.

En cuanto a la altura de mazorca la localidad Rancho El Queretano presentó la media más alta por experimento con 1.36 mts. La media más baja la presentó la localidad Pronase con 0.95 mts., lo cual significa una diferencia para este carácter de 0.41 mts. entre esos ambientes.

La prolificidad es un carácter recesivo, y que varía de población a población. En el compuesto CIPA, el número de mazorcas por planta varió de 0.99 a 1.22 obteniéndose dichos promedios en las localidades de Pronase y El Queretano respectivamente, la localidad de Navidad, N.L. presentó una media de 1.06 mazorcas por planta.

Por lo que respecta a acame de tallo, la media general de los tres ambientes fue de 27.23%, las localidades de la región de San Luis de la Paz (ambas) mostraron una media inferior a la media de ambientes. La localidad de Navidad, N.L. registró una media de 43.5%.

Al comparar los porcentajes de mazorcas podridas, con los de altura de mazorca, se puede observar que son caracteres mutuamente asociados, es decir, que al aumentar la altura de mazorcas, el porcentaje de mazorcas podridas disminuyó. Por ejemplo la localidad El Queretano presentó la media más alta de altura de mazorca con 1.36 mts., y presentó también el menor porcentaje de mazorcas podridas con 12.9%, contrariamente, la localidad Pronase presentó la media más baja de altura de mazorca con 0.95 mts., mientras que el porcentaje de mazorcas podridas fue el más alto con 19%.

La cobertura, como se indicó en materiales y métodos se midió con una escala del 1-5. La media por experimen

to varió de 2.15 a 3.15, dichos valores corresponden a las localidades de Navidad, N.L. y El Queretano respectivamente, con valor intermedio de 2.95 promedio de cobertura fue registrada la localidad de Pronase.

La precocidad es condición propia de cada población, a la vez que está influenciada por el medio ambiente. La media general de localidades fue de 82.10 días a la floración, y solamente los experimentos de la región de San Luis de la Paz, Gto. presentaron una media menor que la media de localidades. Al agrupar los días a floración promedio por regiones, se observa que las localidades de San Luis de la Paz, promediaron 78.59 días para este carácter, existiendo una diferencia de 10.52 días respecto a Navidad, N.L., que promedió 89.11 días para las 220 familias.

La localidad El Queretano presentó la media más alta de rendimiento de mazorca al 15.5% de humedad con 6.72 Ton/Ha. La media más baja la presentó la localidad Navidad, N.L. con 3.31 Ton/ha., lo cual significa una diferencia de rendimiento de 3.41 Ton/ha. (103.02%) respecto a esos experimentos.

Al considerar la media de rendimiento de las tres localidades como índice de adaptación del compuesto CIPA ( $\bar{x}$  = 5.15 Ton/ha.) y seleccionar solo los ambientes cuyos promedios superaron la media general de localidades, selec-

cionaríamos solo los ambientes de San Luis de la Paz, Gto., (ambos). Para fines de selección familiar, la mejor media de genotipos es la media de los diferentes ambientes, ya que ésto es más ventajoso que empeñarse en obtener precisión en un ambiente determinado.

Este comportamiento superior de las familias de hermanos completos del compuesto CIPA, en la región de San Luis de la Paz, Gto. puede deberse a la mayor potencialidad del compuesto CIPA a esa región específica, lo que le impide rendir bien en ambientes desfavorables, aunque no se descarta la posibilidad de que la estabilidad haya sido declinada en la región de Navidad, N.L. dada la diversidad genética de la población, por la poca oportunidad de selección en este compuesto.

En los cuadros 7 al 9, se muestran los cuadrados medios de los análisis de varianza individuales para siete características agronómicas medidas en el compuesto CIPA; el diseño experimental usado fue el de bloques al azar con dos repeticiones por ambiente.

En el cuadro 7, están los cuadrados medios por característica en la localidad Rancho El Queretano. Los caracteres días a floración, altura de mazorca y rendimiento fueron estadísticamente diferentes al 0.01% de probabilidad, el carácter número de mazorcas podridas solo

Cuadro 6. MEDIAS DE LAS CARACTERISTICAS ESTUDIADAS EN LAS 220 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS, EVALUADAS EN TRES LOCALIDADES.

	Rancho "El Queretano" San Luis de la Paz, Gto.	PRONASE San Luis de la Paz, Gto.	Navidad, N.L.	Medias
Altura de mazorca	1.36	0.95	1.13	1.20
Mazorcas por planta	1.22	0.99	1.06	1.09
Acame de tallo	22.5	12.7	43.5	27.23
Mazorcas podridas	12.9	19.0	17.4	16.43
Cobertura	3.15	2.95	2.15	2.75
Días a floración	79.03	78.15	89.11	82.10
Rendimiento	6.72	5.41	3.31	5.15

Tuadro 7. CUADRADOS MEDIOS PARA SIETE CARACTERISTICAS DE LAS 220 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EVALUADAS EN LA LOCALIDAD "EL QUERETANO"

FUENTES DE VARIACION	G.L.	DIAS A FLOR	ALTURA DE MAZORCA	ACAME DE TALLO	MAZORCAS POR PLANTA	No. DE MAZORCAS PODRIDAS	COBERTURA	RENDIMIENTO
Familias	219	0.02**	0.02**	280.59	0.04	86.74*	1.09	3.46**
Bloques	1	0.02	0.02	16593.96**	0.25	7882.52**	8.18**	7.80
Error Exp.	219	0.01	0.01	237.21	0.04	62.25	0.98	2.24
C.V.		1.12%	7.35%	50.78%	16.39%	37.55%	31.42%	22.27%

\* Significativo al  $p = 0.05$

\*\* Significativo al  $p = 0.01$

Cuadro 8. CUADRADOS MEDIOS PARA SIETE CARACTERISTICAS DE LAS 220 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EVALUADAS EN LA LOCALIDAD PRONASE.

FUENTES DE VARIACION	G.L.	DIAS A FLOR	ALTURA DE MAZORCA	ACAME DE TALLO	MAZORCAS POR PLANTA	No. DE MAZORCAS PODRIDAS	COBERTURA	RENDIMIENTO
Familias	219	0.25**	0.02**	33.50*	0.02	81.13**	0.53**	2.18**
Bloques	1	0.04	0.25**	956.39**	0.01	947.86**	6.63**	20.49**
Error exp.	219	0.15	0.01	28.09	0.02	28.81	0.23	1.35
C.V.		4.38%	10.53%	25.41%	14.28%	20.78%	16.25%	21.48%

\* Significativo al  $p= 0.05$

\*\* Significativo al  $p= 0.01$

Cuadro 9. CUADRADOS MEDIOS PARA SIETE CARACTERISTICAS DE LAS 220 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS EVALUADAS EN LA LOCALIDAD NAVIDAD, N.L.

FUENTES DE VARIACION	G.L.	DIAS A FLOR	ALTURA DE MAZORCA	ACAME DE TALLO	MAZORCAS POR PLANTA	No. DE MAZORCAS PODRIDAS	COBERTURA	RENDIMIENTO
Familias	219	0.07**	0.03**	379.44*	0.13	154.28	1.24	1.41**
Bloques	1	0.52**	0.83**	266403.26**	0.01	96.73	311.14**	0.14
Error exp.	219	0.04	0.02	320.08	0.13	145.98	1.31	0.79
C.V.		2.12%	12.52%	43.35%	34.01%	49.02%	53.23%	26.85%

\* Significativo al  $p = 0.05$

\*\* Significativo al  $p = 0.01$

se aproximó al 0.05.. El resto de los parámetros no mostró significancia, a los niveles de F requeridos.

En los análisis de varianza calculados para la localidad Pronase (Cuadro 8), se observa, que todos los parámetros medidos mostraron significancia, excepto el carácter número de mazorcas por planta. El carácter acame de tallo solo mostró significancia al 0.05, el resto de los parámetros fueron significativos, al 0.01 de probabilidad.

De acuerdo con los cuadrados medios del cuadro 9, cuyos valores corresponden a los análisis de varianza del experimento en Navidad, N.L., se concluye que los caracteres: días a floración, altura de mazorca y rendimiento fueron significativamente diferentes al 0.01 de probabilidad, el carácter acame de tallo, solo difirió al 0.05. El carácter número de mazorcas podridas, cuyo cuadrado medio de tratamientos, aunque mayor que el cuadrado medio del error no se aproximó al 0.05 de probabilidad. Los cuadrados medios de familias para número de mazorcas por planta y cobertura, tampoco mostraron significancia.

Los niveles de significancia encontrados para la mayoría de los caracteres bajo estudio, nos indican que existe una alta variabilidad genética en las familias bajo estudio.

En el cuadro 10, del apéndice se encuentra la prueba de Hartley, la cual indica que se rechaza la hipótesis nula ( $H_0$ ) de homogeneidad de varianza. No obstante se procedió a calcular los análisis de varianza combinados para obtener información adicional.

En el cuadro 11, se muestran los análisis de varianza combinados, en los cuales se puede observar que los cuadrados medios de familias, excepto número de mazorcas por planta, fueron significativamente diferentes al 0.01 de probabilidad. Para la interacción familias por localidad, hubo significancia al 0.05 y 0.01 de probabilidad para los caracteres días a floración y rendimiento, lo cual indica que las familias tuvieron un comportamiento desigual en las diferentes localidades para esos caracteres, y ésto es debido probablemente, a que las condiciones como lluvias, fotoperíodo, fertilidad de suelos, etc., que prevalecieron de localidad a localidad no fueron las mismas para los tres ambientes. Los resultados de la presente investigación concuerdan con los estudios presentados por Sprague y Federer (1951), y Eberhart y Russell (1969), que concluyeron que las componentes de interacción en maíz fueron más altas para aquellos genotipos de estrecha base genética. Aunque también cabe señalar que no concuerdan con los resultados presentados en otros cultivos por Kofoid et al. (1978), y Chaudhary y Nava (1981), donde concluyen que el postulado de que a mayor variabilidad genética corresponde una mayor

Cuadro 11. ANALISIS DE VARIANZA COMBINADO PARA SIETE CARACTERISTICAS DE LAS 220 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS, EVALUADAS EN 3 LOCALIDADES.

FUENTES DE VARIACION	G.L.	DIAS A FLORACION	ALTURA DE MAZORCA	ACAME DE TALLO	MAZORCA POR PLANTA	No DE MAZORCAS PODRIDAS	COBERTURA	RENDIMIENTO
		C U A D R A D O S			M E D I O S			
Localidades (L)	2	49.03**	18.14**	45784.56	6.20**	2778.48	124.40	1303.86**
Rep/localidades (R/L)	3	0.19*	0.37**	94651.20**	0.09	2975.70**	108.65**	9.48**
Familias (F)	219	0.16**	0.046**	274.51**	0.07	162.23**	1.34**	2.87**
Familias x localidades (FxL0)	438	0.09*	0.013	209.51	0.06	79.96	0.76	2.08**
Error experimental	657	0.07	0.014	195.13	0.06	79.01	0.84	1.46

\* Significativo al  $p = 0.05$

\*\* Significativo al  $p = 0.01$

estabilidad en el comportamiento de los genotipos no siempre se observa experimentalmente.

#### 4.2. Parámetros Genéticos.

En el cuadro 12, se presentan los componentes de varianza genética ( $\sigma^2_G$ ), del error experimental ( $\sigma^2_E$ ), y fenotípica ( $\sigma^2_P$ ), de siete características medidas en el com puesto CIPA.

Las estimaciones de varianza genética para el carácter mazorcas por planta en la localidad El Queretano, y cobertura en la localidad Navidad, N.L. presentaron varianzas genéticas negativas. Como por definición no pueden existir varianzas negativas, se consideraron como ceros las estimaciones de los coeficientes de variación genética, las heredabilidades y ganancias genéticas por año para esas características en tales ambientes.

Asumiendo que las estimaciones de las varianzas se distribuyen como una normal, los límites de rechazo de la hipótesis están dados por  $\pm 2$  veces el error estándar de la estimación. Por lo anterior las estimaciones de la varianza genética en el ambiente El Queretano se consideran diferentes de cero para los caracteres altura de mazorca, mazorcas podridas, días a floración y rendimiento. Así mismo todas las estimaciones de varianza genética en la loca-

Cuadro 12. COMPONENTES DE VARIANZA GENETICA ( $\sigma^2_G$ ), DEL ERROR ( $\sigma^2_E$ ), Y FENOTIPICA ( $\sigma^2_P$ ), DE SIETE CARACTERISTICAS DE 220 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS, (error estándar entre paréntesis)

C A R A C T E R	L O C A L I D A D E S			
	III. QUIBUITANO	PRONASE	NAVITIAO, N.L.	
	SAN LUIS DE LA PAZ, GTO.	SAN LUIS DE LA PAZ, GTO.		
Días a floración	$\sigma^2_G =$	0.005 (0.001)	0.050 (0.014)	0.0150 (0.004)
	$\sigma^2_E =$	0.010	0.150	0.046
	$\sigma^2_P =$	0.010	0.125	0.035
Altura de mazorca	$\sigma^2_G =$	0.050 (0.01)	0.005 (0.001)	0.005 (0.002)
	$\sigma^2_E =$	0.010	0.010	0.020
	$\sigma^2_P =$	0.010	0.010	0.015
Acum. de tallo	$\sigma^2_G =$	21.690 (17.477)	2.705 (2.079)	29.08 (23.012)
	$\sigma^2_E =$	237.210	28.090	320.08
	$\sigma^2_P =$	140.2950	16.750	189.72
Mazorcas por planta	$\sigma^2_G =$	-0.0015 (0.003)	0.009 (0.001)	0.0025 (0.003)
	$\sigma^2_E =$	0.040	0.020	0.130
	$\sigma^2_P =$	0.0185	0.0109	0.0075
Mazorcas podridas	$\sigma^2_G =$	12.245 (5.078)	26.160 (4.095)	4.150 (10.103)
	$\sigma^2_E =$	62.250	28.810	145.980
	$\sigma^2_P =$	43.370	40.565	77.140
Cobertura	$\sigma^2_G =$	0.055 (0.070)	0.15 (0.027)	-0.035 (0.080)
	$\sigma^2_E =$	0.980	0.230	1.310
	$\sigma^2_P =$	1.035	0.265	0.020
Rendimiento	$\sigma^2_G =$	0.610 (0.196)	0.415 (0.122)	0.310 (0.077)
	$\sigma^2_E =$	2.246	1.350	0.790
	$\sigma^2_P =$	1.730	1.090	0.705

lidad Pronase fueron diferentes de cero, excepto para los caracteres mazorcas por planta, acame de tallo, mazorcas podridas y cobertura en el ambiente de Navidad, N.L.

La varianza del error en un experimento no puede ser eliminada porque por definición incluye toda la varianza no genética, y en muchas ocasiones su control no está al alcance del fitomejorador, por lo que es necesaria su consideración, en cualquier programa de selección.

En las tres localidades fueron observadas altas varianzas fenotípicas y del error para los caracteres acame de tallo y mazorcas podridas. Estas estimaciones tuvieron relativamente valores bajos para el resto de los caracteres medidos. Las altas estimaciones de varianza fenotípica, y del error para los caracteres acame de tallo y mazorcas podridas son probablemente explicables en base al rango que presentaron todos los genotipos bajo consideración, para dichas características.

En la evaluación del carácter cobertura de mazorca se encontró un alto valor para la varianza del error en los 3 ambientes, el cual posiblemente se debió a la sensibilidad del carácter para su calificación. Esta sensibilidad junto con el rango de control genético probablemente fueron los causantes del amplio rango en la heredabilidad entre ambientes estimadas para este carácter. Esto pr

blemente sea verdad tomando como base que la falta de uniformidad para la expresión del carácter cobertura de mazorca, afecta la habilidad para su calificación. Tales dudas han sido reportadas por Hughes en maíz (1966) y Brenan en trigo (1976); ambas citas mencionadas por Chaudhary (1981).

En el cuadro 13, se muestran los componentes de varianza obtenidos a partir de los análisis de varianza combinados. Los errores estándar se incluyen entre paréntesis.

Todas las estimaciones de varianza genética fueron diferentes de cero, excepto para el carácter número de mazorcas por planta.

La varianza de interacción familia por localidad para altura de mazorca y cobertura fueron negativas (-0.0005 y -0.040 respectivamente), e igual a cero en mazorcas por plantas. Las estimaciones de varianza de familias por localidad fueron diferentes de cero para los caracteres días a floración y rendimiento. El éxito en la reducción de los componentes de interacción con el ambiente, radica en poder alcanzar un manejo óptimo de los factores, localidades y años, lo cual combinado con un óptimo manejo de los factores microambientales (fertilidad de suelos, plagas, etc.), podría reducir la magnitud de la interacción genotipo por ambiente, con lo cual se podría minimizar el valor de interacción, asimismo se reduciría la varianza del error es-

Cuadro 13. ANALISIS DE VARIANZA COMBINADOS Y ESTIMACION DE LOS COMPONENTES DE VARIANZA DE SIETE CARACTERISTICAS MEDIDAS EN EL COMPUESTO C.I.P.A. DE MAIZ (*Zea mays* L.) VARIANZA GENETICA ( $\sigma^2_G$ ), VARIANZA GENETICA POR LOCALIDAD ( $\sigma^2_{FXL}$ ), VARIANZA DEL ERROR ( $\sigma^2_E$ ) Y VARIANZA FENOTIPICA ( $\sigma^2_p$ ). (Los errores están entre paréntesis).

	$\sigma^2_G$	$\sigma^2_{FXL}$	$\sigma^2_E$	$\sigma^2_p$
Días a flor	0.012 (0.003)	0.010 (0.004)	0.070	0.027
Altura de mazorca	0.005 (0.0007)	-0.0005 (0.0005)	0.014	0.007
Acame de tallo	10.830 (4.948)	7.190 (8.875)	195.130	45.748
Mazorcas por planta	0.002 (0.0012)	0.000 (0.003)	0.060	0.012
Mazorcas podridas	13.710 (2.725)	0.475 (3.464)	79.010	27.035
Cobertura	0.097 (0.023)	-0.040 (0.035)	0.840	0.223
Rendimiento	0.130 (0.051)	0.310 (0.081)	1.460	0.447

tándar.

Al comparar las varianzas genéticas obtenidas a partir de los análisis de varianza individuales y combinados, se observa que en ambas formas de agrupación de datos se encontraron varianzas genéticas diferentes de cero para los caracteres días a floración, altura de mazorca y rendimiento. Solamente el carácter mazorcas por planta presentó varianza genética igual a cero en ambas formas de agrupación.

Al igual que en los análisis de varianza individuales, se encontró también en los análisis de varianza combinados, altas varianzas fenotípicas y del error, para los caracteres acame de tallo y mazorcas podridas, lo cual es explicable en base a la interacción genotipo por ambiente, y a la heterogeneidad de varianza, según la prueba de Hartley. Para minimizar la varianza fenotípica se debe incrementar el número de ambientes y años. Este aspecto es de gran importancia ya que al reducir la varianza fenotípica mayor será la heredabilidad, y por consiguiente habrá una mayor ganancia genética por año.

#### 4.3. Coeficientes de Variación Genotípica (CVG), Heredabilidad en Sentido Amplio ( $h^2$ ) y Ganancia Genética por Año (Gy).

En el cuadro 14, se pueden observar los coeficientes

tes de variación genotípica para cada una de las siete características, así como los ambientes de prueba.

En cuanto a rendimiento, la localidad Navidad, N.L., presentó el coeficiente de variación genotípica más alto (16.82%), no obstante de haber presentado la media de rendimiento más baja, los coeficientes de variación genética para rendimiento encontrados en los ambientes El Queretano y Pronase, fueron de 11.62 y 11.91% respectivamente, los cuales se consideran relativamente altos respecto al resto de los coeficientes de variación genotípica calculados. Cabe mencionar que el carácter cobertura de mazorca presentó un coeficiente de variación genotípica bajo, en los ambientes El Queretano y Pronase e igual a cero en Navidad, N.L.

Los coeficientes de variación genotípica obtenidos a partir de los análisis de varianza combinados fueron relativamente alto para el carácter mazorcas podridas, intermedios para acame de tallo y rendimiento y bajos para el resto de los caracteres. Por lo anterior se puede mencionar que aun existe suficiente variabilidad genética para seguir haciendo selección en los caracteres mazorcas podridas, acame de tallo y rendimiento.

Las estimaciones de heredabilidad fueron relativamente altas y similares entre ambientes para los caracteres altura de mazorca, días a floración y rendimiento,

Cuadro 14. COEFICIENTES DE VARIACION GENOTIPICA (CVG), HEREDABILIDAD EN SENTIDO AMPLIO ( $h^2$ ) Y GANANCIA GENETICA POR AÑO (expresados en porciento).

	RANCHO "EL QUERETANO" SAN LUIS DE LA PAZ, GTO.			PRONASE SAN LUIS DE LA PAZ, GTO.			NAVIDAD, N.L.			COMBINADO	
	CVG	$h^2$	Gy	CVG	$h^2$	Gy	CVG	$h^2$	Gy	CVG	$h^2$
Altura de mazorca	5.20	50.00	-2.57	7.44	50.00	3.68	6.26	33.33	18.50	5.92	71.43
Mazorcas por planta	0.00	0.00	0.00	3.03	8.26	0.61	4.72	3.70	0.66	3.78	16.67
Acame de tallo	15.36	15.46	-5.70	7.88	16.15	-3.65	13.20	15.64	3.47	12.08	23.67
Mazorcas podridas	16.66	28.23	-10.09	19.80	64.49	-15.13	8.26	5.38	-1.90	22.51	50.71
Cobertura	7.45	5.31	-1.21	13.13	56.60	6.92	0.00	0.00	0.00	3.56	43.50
Días a floración	0.79	50.00	0.04	2.53	40.00	0.13	1.30	42.86	0.06	1.21	44.44
Rendimiento	11.62	35.26	4.84	11.91	38.07	5.14	16.82	43.87	7.79	7.01	29.08

bajas para los caracteres mazorcas por planta y acame de tallo, los caracteres mazorcas podridas y cobertura no mostraron heredabilidades consistentes respecto a ambientes.

Las estimaciones de heredabilidad obtenidas a partir de los análisis de varianza combinados fueron de 71.43, 44.44 y 29.08% para los caracteres altura de mazorca, días a floración y rendimiento, respectivamente. Estas estimaciones de heredabilidad concuerdan muy bien con los resultados de Velázquez (1978), quien reportó similares resultados de heredabilidad para esos caracteres, en la formación de híbridos simples de maíz en base a familias de hermanos completos. La baja estimación de heredabilidad para el carácter mazorcas por planta, acame de tallo y rendimiento se debieron probablemente al alto grado de varianza del error. La interacción genotipo por ambiente parece ser el responsable de la alta varianza del error.

Las estimaciones de heredabilidad son útiles, en fitomejoramiento para tener una base para la selección de acuerdo a su representación fenotípica. Johnson *et al.* (1955), mostraron que para una mas confiable conclusión, las estimaciones de heredabilidad y ganancia genética deben ser consideradas juntas.

Swarup y Chaugale (1962) mostraron que la alta heredabilidad no es siempre una indicación de alta ganan-

cia genética. Sharma et al. (1966), reportaron una alta correlación entre ambas estimaciones para varias características. Las tasas de ganancias obtenidas para cada localidad mostraron el mismo signo para los caracteres número de mazorcas podridas, días a floración y rendimiento. El carácter acame de tallo en la Región de San Luis de la Paz, Gto. (ambos ambientes), mostraron también una ganancia con igual signo (negativo). El cambio de signo en las tasas de ganancias estimadas es probablemente debido a la interacción genotipo por medio ambiente. Sin embargo en la presente investigación no fue estimada la ganancia esperada en base al análisis combinado, ya que no hubo una estimación de la varianza aditiva.

#### 4.4. Correlaciones Genotípicas y Fenotípicas.

En el cuadro 15, del apéndice se presentan las covarianzas genéticas y del error, las cuales fueron computadas para la obtención de las correlaciones entre pares de caracteres.

Los coeficientes de correlación genotípica y fenotípica para siete caracteres en todas las combinaciones posibles en tres localidades, y los coeficientes de correlación obtenidos a partir de los análisis de covarianza combinados se encuentran en el cuadro 16, cincuenta y nueve de esos coeficientes mostraron significancia a nivel genotípi-

co, mientras que solamente veintiseis mostraron significancia a nivel fenotípico.

Todas las correlaciones genotípicas en la localidad El Queretano fueron altamente significativas al 0.01 de probabilidad, menos las que a continuación se exponen: altura de mazorca-mazorcas podridas, mazorcas por planta-días a floración, acame de tallo-cobertura, mazorcas podridas-días a floración, y cobertura-días a floración. Las correlaciones fenotípicas que mostraron significancia al 0.05 y 0.01 fueron las siguientes: altura de mazorca-días a floración, mazorcas por planta-acame de tallo, mazorcas por planta-mazorcas podridas, mazorcas por planta-rendimiento, mazorcas podridas-cobertura y mazorcas podridas-rendimiento.

En la localidad Pronase las correlaciones genotípicas asociadas entre sí, fueron las mismas que en el ambiente de El Queretano, aunque la magnitud de asociación y cambio de signo se presentaron algunos pares de variables. La diferencia fué que en el ambiente de Pronase, no se correlacionaron acame de tallo-mazorcas podridas, y días a floración-rendimiento, además que hubo una correlación entre mazorcas por planta-días a floración. Los coeficientes de correlación fenotípicos que mostraron nivel de significancia estadístico fueron las siguientes: altura de mazorca-días a floración, altura de mazorca-rendimiento, mazorca por planta-rendimiento, acame de tallo-días a floración,

mazorcas podridas-cobertura, mazorcas podridas-rendimiento, y cobertura-rendimiento.

En la localidad Navidad, N.L. todas las correlaciones genotípicas fueron altamente significativas al 0.01 de probabilidad, no siendo así para altura de mazorca-acame de tallo, altura de mazorca-cobertura, mazorcas por planta-días a floración, acame de tallo-cobertura, cobertura-días a floración y cobertura-rendimiento. Solo hubo correlación fenotípica al 0.01 de probabilidad entre los caracteres: altura de mazorca-días a floración, altura de mazorca-rendimiento, acame de tallo-días a floración, y acame de tallo-rendimiento.

Al analizar los coeficientes de correlación fenotípicos y genotípicos, obtenidos a partir de los análisis de covarianza combinados, se observa que siguieron una tendencia relativamente similar al de ambientes individuales, es decir se observó un mayor número de correlaciones genotípicas (13), mientras que solo nueve mostraron nivel de significancia fenotípica.

Las mismas correlaciones genotípicas observadas anteriormente se muestran en el cuadro 17, pero ordenados de manera que puedan notarse los cambios que se producen, cuando las familias de hermanos completos se evalúan en diferentes ambientes. Lo mismo pero en lo que respecta a correlaciones fenotípicas se observa en el cuadro 18.

Al analizar las correlaciones genotípicas se observa que hubo una alta y positiva correlación en los 3 ambientes entre los siguientes pares de variables: altura de mazorca con mazorcas por planta, y días a floración, mazorcas por planta-rendimiento, y mazorcas podridas-cober-tura. Una alta asociación con signo negativo en los 3 ambientes se presentó entre mazorcas podridas-rendimiento.

El resto de los parámetros medidos mostraron en la mayoría de los casos correlaciones positivas y negativas en los diferentes ambientes, así como cambios en la magnitud de las correlaciones, lo que significa que los valores reproductivos fueron afectados por el medio ambiente. Solamente los pares de caracteres acame de tallo-cober-tura, y cobertura-días a floración no mostraron significancia estadística en ningún ambiente.

Al analizar las correlaciones fenotípicas en los 3 ambientes se aprecia que los caracteres altura de mazorca-días a floración, se correlacionaron alta y positivamente en los experimentos de El Queretano y Pronase (0.202 y 0.266 respectivamente), en cambio se produjo una alta pero negativa correlación en el experimento de Navidad, N.L. cuyas características ambientales son muy diferentes a las de la región de San Luis de la Paz, Gto. Otros caracteres fenotípicos que se correlacionaron entre sí, con el mismo signo de la región de San Luis de la Paz,

Gto., fueron el de mazorcas por planta-rendimiento, mazorcas podridas-cobertura, y mazorcas podridas-rendimiento. Aunque en algunos casos el signo no varió en las correlaciones fenotípicas de Navidad, N.L., las correlaciones mencionadas no se aproximaron al 95% de probabilidad.

En la presente investigación no hubo una tendencia concreta sobre correlación entre pares de caracteres, tomando en cuenta la inconsistencia que hubo sobre los coeficientes de correlación, a nivel individual o combinado, por lo que se considera necesario hacer estudios adicionales, con respecto a correlaciones, incluyendo ambientes diferentes, en futuros ciclos de selección, para obtener información confiable (Sugerido por Johnson, et al. 1955). Es conocido que el ligamiento complejo o efectos pleiotrópicos de genes pueden ser fuentes de correlaciones genotípicas entre características.

Los resultados de la presente investigación no se soportan suficientemente para concluir cual es la causa de las correlaciones de este estudio. Sin embargo el material genético de esta investigación está actualmente bajo estudio, y posteriormente se podrá dar información útil para concluir las bases genéticas de las correlaciones.

Cuadro 16. CORRELACIONES GENOTÍPICAS Y FENOTÍPICAS PARA SIETE PARES DE VARIABLES DE 220 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS. (Correlaciones fenotípicas entre paréntesis).

	Altura de Mazorca (1)	Mazorca por Planta (2)	Acum. de Tallo (3)	Mazorcas podridas (4)	Cobertura (5)	Días a Flor (6)	Rendimiento (7)
El Queretano		0.365** (0.036)	0.203** (-0.065)	0.005 (0.069)	0.482** (0.128)	0.400** (0.202)**	-0.271** (0.068)
Pronase 1		0.329** (0.048)	-0.429** (-0.030)	-0.105 (-0.104)	-0.255** (-0.048)	0.569** (0.226)**	0.329** (0.244)**
Navidad		0.283** (0.033)	-0.065 (0.101)	-0.243** (-0.087)	-0.001 (0.073)	0.231** (-0.175)**	0.330** (0.476)**
Combinado		0.393** (0.085)	0.034 (-0.060)	0.099 (-0.170)**	0.037 (-0.094)	0.328** (0.249)**	0.406** (0.319)**
El Queretano			0.224** (0.187)**	-0.339** (0.133)**	-0.660** (0.005)	0.036 (-0.029)	0.628** (0.466)**
Pronase 2			-0.628** (0.102)	-0.163* (-0.081)	0.172** (0.074)	0.298** (0.104)	0.894** (0.220)**
Navidad			-0.510** (0.031)	0.295** (-0.020)	0.428** (0.027)	0.011 (-0.051)	0.323** (0.124)
Combinado			-0.489** (0.170)**	-0.296** (-0.096)	-0.134* (0.004)	0.089 (-0.058)	0.744** (0.314)**
El Queretano				-0.622** (-0.118)	-0.043 (0.031)	0.549** (0.073)	-0.369** (0.009)
Pronase 3				0.049 (0.007)	0.072 (0.054)	-0.139* (-0.135)*	-0.375** (-0.013)
Navidad				-0.381** (0.053)	-0.024 (-0.059)	-0.198** (-0.186)**	0.581** (0.179)**
Combinado				-0.231** (-0.101)	-0.064 (0.047)	0.261** (0.207)**	-0.288** (0.109)**
El Queretano					0.633** (0.170)**	-0.056 (-0.054)	-0.605** (-0.268)**
Pronase 4					0.579** (0.327)**	-0.071 (-0.054)	-0.343** (-0.227)**
Navidad					0.514** (0.010)	0.345** (0.090)	-0.651** (0.040)
Combinado					0.698** (0.211)**	0.078 (-0.067)	-0.693** (-0.536)**
El Queretano						0.120 (-0.047)	-0.666** (-0.065)
Pronase 5						-0.115 (-0.099)	0.164* (0.171)*
Navidad						-0.004 (-0.037)	-0.021 (0.071)
Combinado						-0.090 (0.078)	0.017 (-0.088)
El Queretano							0.308** (0.103)
Pronase 6							0.069 (-0.072)
Navidad							0.571** (0.016)
Combinado							0.277** (0.418)**

\* Significancia al  $p = 0.05$

\*\* Significancia al  $p = 0.01$

**Cuadro 17.** CORRELACIONES GENOTIPICAS POSIBLES ENTRE SIETE PA-  
RES DE VARIABLES ESTUDIADAS EN 220 FAMILIAS DE HER-  
MANOS COMPLETOS DEL COMPUESTO CIPA.

PARES DE VARIABLES	L O C A L I D A D E S			
	EL QUERETANO	PRONASE	NAVIDAD, N.L.	COMBINADO
<sup>1</sup> AMZ-MZPP	0.365**	0.329**	0.283**	0.393**
AMZ-ACT	0.203**	-0.429**	-0.065	0.034
AMZ-MZPO	0.005	-0.105	-0.243**	0.099
AMZ-COB	0.482**	-0.255**	-0.001	0.037
AMZ-DIAF	0.400**	0.569**	0.231**	0.328**
AMZ-REND	-0.271**	0.329**	0.330**	0.406**
<sup>2</sup> MZPP-ACT	-0.224**	-0.628**	0.510**	-0.489**
MZPP-MZPO	-0.339**	-0.163*	0.295**	-0.296**
MZPP-COB	-0.660**	0.172**	0.428**	-0.134*
MZPP-DIAF	0.036	0.298**	0.011	0.089
MZPP-REND	0.628**	0.894**	0.323**	0.744**
<sup>3</sup> ACT-MZPO	-0.622**	0.049	-0.381**	-0.231**
ACT-COB	-0.043	0.072	-0.024	-0.064
ACT-DIAF	0.549**	-0.139*	-0.198**	0.261**
ACT-REND	-0.369**	-0.375**	0.581**	-0.288**
<sup>4</sup> MZPO-COB	0.633**	0.579**	0.514**	0.698**
MZPO-DIAF	-0.056	-0.071	0.345**	0.078
MZPO-REND	-0.605**	-0.343**	-0.651**	-0.693**
<sup>5</sup> COB-DIAF	0.120	-0.115	-0.004	-0.090
COB-REND	0.666**	0.164*	-0.021	0.017
<sup>6</sup> DIAF-REND <sup>7</sup>	0.308**	0.069	0.571**	0.277*

Significancia al  $p = 0.05$

Significancia al  $p = 0.01$

<sup>1</sup>AMZ = altura de mazorca

<sup>2</sup>MZPP = mazorcas por planta

<sup>3</sup>ACT = Acame de tallo

<sup>4</sup>MZPO = mazorcas podridas

<sup>5</sup>COB = cobertura

<sup>6</sup>DIAF = días a floración

<sup>7</sup>REND = rendimiento

Cuadro 18. CORRELACIONES FENOTIPICAS POSIBLES ENTRE SIETE PA-  
RES DE VARIABLES ESTUDIADAS EN 220 FAMILIAS DE HER-  
MANOS COMPLETOS DEL COMPUESTO CIPA.

PARES DE VARIABLES	L O C A L I D A D E S			
	EL QUERETANO	PRONASE	NAVIDAD, N.L.	COMBINADO
<sup>1</sup> AMZ-MZPP	0.036	0.048	0.033	0.085
AMZ-ACT	-0.065	-0.030	0.101	-0.060
AMZ-MZPO	0.069	-0.104	-0.087	-0.170**
AMZ-COB	0.128	-0.048	0.073	-0.094
AMZ-DIAF	0.202**	0.226**	-0.175**	0.249**
AMZ-REND	-0.068	0.244**	0.476**	0.319**
MZPP-ACT	0.187**	0.102	0.031	0.170**
<sup>2</sup> MZPP-MZPO	-0.133*	-0.081	-0.020	-0.096
MZPP-COB	0.005	0.074	0.027	0.004
MZPP-DIAF	-0.029	0.104	-0.051	-0.058
MZPP-REND	0.466**	0.220**	0.124	0.314**
<sup>3</sup> ACT-MZPO	-0.118	0.007	0.053	-0.101
ACT-COB	0.031	0.054	-0.059	0.047
ACT-DIAF	0.073	-0.135*	-0.186**	-0.207**
ACT-REND	0.009	-0.013	0.179**	0.109
<sup>4</sup> MZPO-COB	0.170**	0.327**	0.010	0.211**
MZPO-DIAF	-0.054	-0.054	0.090	-0.067
MZPO-REND	-0.268**	-0.227**	0.040	-0.536**
<sup>5</sup> COB-DIAF	-0.047	-0.099	-0.037	0.078
COB-REND	-0.065	-0.171**	0.071	-0.088
<sup>6</sup> DIAF-REND <sup>7</sup>	0.103	-0.072	0.016	0.418**

Significancia al  $p = 0.05$

Significancia al  $p = 0.01$

<sup>1</sup>AMZ = altura de mazorca

<sup>5</sup>COB = cobertura

<sup>2</sup>MZPP = mazorcas por planta

<sup>6</sup>DIAF = días a floración

<sup>3</sup>ACT = acame de tallo

<sup>7</sup>REND = rendimiento

<sup>4</sup>MZPO = mazorcas podridas

## V. CONCLUSIONES

Los niveles de significancia encontrados en los cuadros medios de familias de los análisis de varianza individuales y combinados, nos indican que existe una gran variabilidad genética en las familias en estudio.

Los análisis de varianza combinados mostraron significancia estadística al 0.01 de probabilidad entre localidades para la mayoría de los caracteres en estudio, lo cual nos indica que las localidades estudiadas tuvieron un comportamiento desigual. Lo anterior es probablemente debido a que las condiciones como fotoperíodo, fertilidad de suelos, lluvia, etc., que prevalecieron de localidad a localidad, no fueron las mismas entre ambientes.

El efecto de interacción genotipo por ambiente fue de importancia significativa para los caracteres días a floración y rendimiento, por lo que se considera que los factores macro (localidades), y micro ambientales (nutrientes, humedad, etc.) fueron los responsables de esa interacción.

La varianza genética calculada para la mayoría de los caracteres fué diferente de cero. En el presente método de selección familiar de hermanos completos recombinados

do remanente la varianza aditiva y de dominancia no son independientes y probablemente ambas tienen participación en la varianza genética. Solamente las estimaciones de varianza de familias por localidad fueron diferentes de cero para los caracteres días a floración y rendimiento. La interacción genotipo por ambiente podría aumentar el error de la componente de interacción. En el presente estudio solo se tienen las estimaciones de genotipo por localidad, sin tomar en cuenta las estimaciones de primer orden que incluye años, y que son generalmente las más importantes.

Los caracteres altura de mazorca, días a floración y rendimiento mostraron relativamente altas heredabilidades, pero bajas ganancias genéticas! En el presente trabajo se confirma lo reportado con otros autores, que la alta heredabilidad no siempre es una indicación de alta ganancia genética.

Las correlaciones genotípicas y fenotípicas, siguieron una tendencia similar, aunque las primeras exhibieron superioridad en magnitud, lo que significa que los valores fenotípicos fueron afectados por el ambiente. Las correlaciones cuyo signo no varió entre localidades fueron afectadas de igual manera por el ambiente.

## VI. BIBLIOGRAFIA

- Allard, R.W., and A.D. Bradshaw. 1964. Implications of genotype environment interactions in applied plant breeding. *Crop Sci.* 4 : 503-507.
- Arboleda, R.F. 1975. Interacción genotipo-ambiente: selección masal en diferentes ambientes. Informativo del maíz. Número extraordinario. 1 : 10-14.
- Bolton, A. 1971. Territorial maize variety trials in Tanzania 1966-70. *E. Afr. for. J.* 37 : 109-124.
- Burton, J. W., L.H. Penny, A.R. Hallauer, and S.A. Eberhart. 1971. Evaluation of synthetic population developed from a maize population (BSK) by two methods of recurrent selection. *Crop Sci.* 11 : 361-367.
- Compton, W.A., and K. Bahadur, 1977. Ten cycles of progress from modified ear-to-row selection. *Crop. Sci.* 17 : 378-380.
- Chaudhary, H.R., y Nava, A.V. 1981. Estudio de variabilidad y adaptación de algunas líneas de sorgo para grano. Presentado en el Congreso Internacional de los 80's,

del 3-10 de Nov, de 1981. ICRISAT, Hyd. India.

Darrah, L.L., S.A. Eberhart, and L.H. Penny. 1972. A maize breeding study in Kenya, *Crop Sci.* 12 : 605-608.

\_\_\_\_\_, 1978. Six years of maize selection in Kitale Synthetic. II. Ecuador 573, and Kitale Composite, using methods of the comprehensive breeding system. *Euphytica* 27 : 191-204.

Davis, R.L. 1934. Maize crossing values in second generation lines. *J. Agric. Res.* 48 : 339-357.

Eagles, H.A., and A.K. Hardacre. 1979. Genetic variation in maize (Zea Mays) for germination and emergence at 10° Celcius. *Euthytica* 28 (2). 287-296.

East, E.M., and D.F. Jones. 1919. Inbreeding and outbreeding  
J.B. Lippincott., Philadelphia. 285 p.

Eberhart, S.A., and W.A. Russell. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6 : 36-40.

\_\_\_\_\_, and W.A. Russell. 1969. Yield and stability for 10-line diallel of single cross and double-cross mays hybrids. *Crop Sci.* 9 : 357-360.

- \_\_\_\_\_ Seme Debela, and R.A. Hallauer. 1973. Reciprocal recurrent selection in the BSSS and BSC B<sub>1</sub> maize populations and half sib selection in BSSS. *Crop Sci.* 13 : 451-456.
- Espinoza, E., y A. Alvarado. 1970. Segundo ciclo de selección mazorca por surco en P.D. (M.S.) 6. 16<sup>a</sup> Reunión Centroamericana PCCMCA.
- Finlay, K.W., and G.N. Wilkinson. 1963. The analysis of a adaptation in a plant breeding programme. *Australian Journal of Agricultural Research* 14 : 742-754.
- Gardner, C.O. 1961. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. *Crop Sci.* 1 : 241-245.
- \_\_\_\_\_. 1969. The role of mass selection and mutagenic treatment in modern corn breeding. *Proc. 24th. Corn Res. Conf., American seed Trade Assoc. Pub. No. 24* : 15-21.
- Genter, C.F., and M.W. Alexander. 1966. Development and selection of productive S<sub>1</sub> inbred lines of maize. *Crop Sci.* 6 : 429-431.
- \_\_\_\_\_. 1971. Yields of S<sub>1</sub> lines from original and advanced synthetic varieties of maize. *Crop Sci.* 11 : 821-824.

- Geron, X.F. 1972. Comparación de selección masal y de la selección familiar para rendimiento en dos variedades de maíz. Tesis M.C. Colegio de Postgraduados, ENA, Chapingo México.
- Goldsworthy, P. 1974. Adaptación del maíz. En el mejoramiento de maíz a nivel mundial en la década del setenta y el papel del CIMMYT. CIMMYT, El Batán, Méx.
- Hallauer, A.R. 1967. Development of single cross hybrids from two eared maize populations. *Crop Sci.* 2 : 192-195
- \_\_\_\_\_, and J.H. Sears. 1969. Mass selection for yield in two varieties of maize. *Crop Sci.* 9 : 47-50
- \_\_\_\_\_. 1973. Hybrid development and population improvement in maize by reciprocal full-sib selection Egypt J. *Genet. Cytol.* 2 : 84-101.
- \_\_\_\_\_, and S.O. Smith. 1976. Development and evaluation of breeding methods for corn populations and hybrids. USDA. Cereal and Soybean improvement res bessey hall.
- Hakim, R.M., J.C. Sentz, and V.R. Carañgal. 1969. Mass and family selection for yield in a tropical variety of maize. *Abs. Amer. Soc. Agron.* Detroit, Michigan. P-P. 7.
- Harvis, R.E., W.A. Compton, and C.O. Gardner, 1972. Effects

*of mass selection and irradiation in corn measured by random S<sub>1</sub> lines and their test crosses. Crop Sci. 12 : 594-598.*

Hanson, W.D., and H.F. Robinson (Ed.) Statistical genetics and plant breeding, NAS-NRC Publication 982.  
Page 124-140.

Hayes, H.K, and L. Alexander. 1924. Methods of corn breeding. Minn. Agr. Exp. Sta. Bull 201-22p.

Hoegemeyer, T.C. 1974. Selection among and within full-sib families for the development of single crosses in maize (Zea mays L.) Ph. D. dissertation. Iowa, State Univ. Ames, Iowa.

Horner, E.S., W. Chapman, M.C. Lutrick, and H.W. Lundy. 1969. Comparison of selection based on yield of topcross progenies and S<sub>2</sub> progenies in maize (Zea mays L.) Crop Sci. 9 : 539-543.

\_\_\_\_\_, H.W. Lundy, M.C. Lutrick and W.H. Chapman 1973. Comparison of three methods of recurrent selection in maize, Crop Sci. 13 : 485-489.

Hull, F.H. 1945. Recurrent selection for specific combining ability in corn. J. Am. Soc. Agron. 37 : 134-145.

\_\_\_\_\_. 1952. Recurrent selection and overdominance, in heterosis. Edited by J.W. Gowen. Iowa State College Press. Ames, Iowa. pp: 451-473.

Jinahyon, S., and W.A. Russell. 1969. Evaluation of recurrent selection for stalk-rot resistance in an open pollinated variety of maize. Iowa State J. Sci. 43 : 229-237.

Johnson, H.W., H.F. Robinson, and R.E. Comstock. 1955. Genotypic and phenotypic correlations in soybeans and their implication in selection. Agron. J. 47 : 477-482.

Johnson, E.C. 1963. Efecto de la selección masal sobre el rendimiento de una variedad tropical de maíz. Novena Reunión Centroamericana del PCCMCA. Panamá Panamá. pp : 56-57.

\_\_\_\_\_. 1965. Selección masal en las poblaciones de maíz. 11<sup>a</sup> Reunión Centroamericana del PCCMCA, Panamá, Panamá. pp: 27-29.

Lindstrom, E.W. 1939. Analysis of modern maize breeding principles and method. Proc. 7th Int. Genet. Congr. Edinburgh, Scotland. p. 191-196.

Lonnquist, J.H. 1949. The development and performance of synthetic varieties of corn. Agron. J. 41 : 153-156.

\_\_\_\_\_. 1950. The effect of selection for combining ability in corn. Agron. J. 43 : 311-315.

\_\_\_\_\_. 1964. A modification of the ear to row procedure for the improvement of maize populations. Crop Sci. 4 : 227-228.

\_\_\_\_\_, and M.F. Lindsey. 1964. Top cross versus  $S_1$  lines performance in corn (Zea mays L.). Crop Sci. 8: 50-53.

\_\_\_\_\_. 1965. Métodos de selección útiles para el mejoramiento de poblaciones. Trad. M.G. Gutiérrez. Fitotecnia Latinoamericana 2 : 1-10.

\_\_\_\_\_. 1966. Parent lines for modern hybrids proceedings of the 21st hybrid corn Industry Research Conference. 32-38.

\_\_\_\_\_, and N.E. Williams. 1967. Development of maize hybrids through selection among full-sib families. Crop Sci. 7 : 369-370.

Márquez, S.F. 1976. El problema de la interacción genotipo-ambiente en genotecnia vegetal. PATENA A.C. Chapingo, Méx.

Moll, R.H., and C.W. Stuber . 1967. Quantitative inheritance

and selection response in corn. Genetics (Perf. Org.).

\_\_\_\_\_. 1971. Comparisons of response to alternative selection procedures initiated with two populations of maize (Zea mays L.) Crop Sci. 11 : 706-711.

Muchena, S.C., C.O. Grogan, and A.D. Violic. 1979. The effect of recurrent selection for reduction of plant and ear height on internode pattern in 2 tropical maize (Zea mays) populations. Can J. Plant Sci. 59(1) : 143-146.

Mukherjee, B.K., P. Sarup, V.P. Ahuja, K.H. Siddiqui, V.P.S. Panwar, K.K. Marwaha, and R.D. Singh. 1977. Progressive incorporation of genetic resistance to the stalk borer (Chilo partellus) by population improvement methods in corn maize. J. Entomol Res 1(2) : 202-205.

\_\_\_\_\_, R.D. Singh, K.N. Agarwal, and V.P. Ahuja. 1980. Relative performance of maize (Zea mays L.) populations synthesized from various types of progenies. Indian Agric. Res. Inst. New Delhi. Indian J. Agric. Sci. 50(6). 462-465.

Mulamba, N.N., and J.J. Mock. 1978, Improvement of yield potential of the Eto blanco maize (Zea mays L.) population by breeding for plant traits. Egypt J. Genet. Cytol. 7(1) 40-51.

Paterniani, B. 1967. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (Zea mays L.). Crop Sci. 7 : 212-215.

Penny, L.H., G.E. Scott, and W.D. Guthrie. 1967. Recurrent selection for European corn borer resistance. Crop Sci. 7 : 407-409.

\_\_\_\_\_. 1968. Selection induced differences among strains of a synthetic variety of maize. Crop Sci. 8 : 167-169.

Robinson, H.F., R.E. Comstock, and P.H. Harvey. 1949. Estimates of heritability and the degree of dominance in corn. Agron. J. 41 : 353-359.

Romero, F.J. 1967. Selección mazorca por hilera en maíz en Honduras. 13<sup>a</sup> Reunión Centroamericana, PCCMCA, San José, Costa Rica. pp: 29-32.

Rowe, P.R., and R.H. Andrew. 1964. Phenotypic stability for a systematic series of corn genotypes. Crop. Sci. 4 : 563-567.

Russell, W.A., and S.A. Eberhart. 1975. Hybrid performance of selected maize lines from reciprocal recurrent selection and testcross selection programs. Crop Sci. 15 : 1-4.

- Scott, G.E. 1967. Selection for stability of yield in maize. Crop Sci. 7 : 549-551.
- Sevilla, P.R. 1975. Selección mazorca por hilera modificada en una variedad de maíz de la Sierra Peruana. Informativo del maíz. Número extraordinario. Vol. 1 : 22-26.
- Sharma, S.K., K.B. Tehran, and P.D. Bhargava. 1966. Genotypic and phenotypic variability in barley under rainfed conditions. Ind. J. Genet. Plant Breeding. 26 : 366-369.
- Sprague, G.F. 1946. Early testing of inbred lines of corn. J. Am. Soc. Agron. 38 : 108-117.
- \_\_\_\_\_, and W.T. Federer. 1951. A comparison of variance components in corn yield trials. II. Error, year x variety, location x variety, and variety components, Agr. Journal. 43 : 535-541.
- \_\_\_\_\_. 1966. Quantitative genetics in plant improvement. In plant breeding. Iowa State Univ. Press. Ames. Iowa, pp: 315-332.
- \_\_\_\_\_, and S.A. Eberhart. 1977. Corn and corn improvement. Ed. G.F. Sprague. Am. Soc. Agron., Inc. Madison, Wisconsin pp: 305-362.
- Swarup, V., and D.S. Chaugale. 1962. Studies on genetic varia-

bility in sorghum. I. Phenotypic variation and its heritable component in some important quantitative characters contributing towards yield. *Ind. J. Genet. Plant. Breeding.* 22 : 31-36.

Terregozza, C., and D.D. Harpstead, 1967. Effects of mass selection for ears per plant in maize. *Abs. Amer. Soc. Agron. Washington, D.C.* pp: 20.

\_\_\_\_\_, y E. Arias. 1970. Selección masal por prolificidad y rendimiento en la variedad de maíz ICA V-522. *Fitotecnia Latinoamericana* 7 : 55-70.

\_\_\_\_\_, y F. Arboleda, A. Rivera, C. Díaz y F. Arias. 1973. Evaluación de la selección masal por prolificidad en dos poblaciones de maíz de clima frío. 5a. Reunión de maiceros de la Zona Andina. Cochabamba, Bolivia. pp: 170-171.

\_\_\_\_\_. 1975. Ocho ciclos de selección masal divergente por mazorca por planta en una variedad sintética de maíz. *Informativo del maíz. Número extraordinario.* 1 : 15-21.

Velázquez, M.R. 1978. Formación de híbridos simples en base a familias de hermanos completos provenientes de diferentes poblaciones de maíz. Tesis M. en C. Colegio

de Postgraduados, ENA. Chapingo México.

Villena, W., y E.C. Johnson. 1972. Respuesta a selección para altura de planta y sus efectos en rendimiento y acame en 3 poblaciones tropicales de maíz. 18<sup>a</sup> Reunión Centroamericana PCCMCA. Nicaragua p: 36.

Webel, O.D., and J.H. Lonquist. 1967. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn. Crop Sci. 7 : 651-655.

Wellhausen, E.J., and L.S. Wortman. 1954. Combining ability of  $S_1$  and derived  $S_3$  lines of corn. Agron. Jour. 46 : 86-89.

Woodworth, C.M., E.R. Leng, and R.W. Jugenheimer. 1952. Fifty generations of selection for protein and oil in corn. Agron. J. 44 : 60-65.

Wright, A.J. 1971. The analysis and prediction of some two factor interactions in grass breeding. J. Agric. Sci. Camb. 76 : 301-306.

VII. APENDICE

Cuadro 3. ANALISIS DE COVARIANZA EN BLOQUES AL AZAR PARA LA CORRECCION POR FALLAS. LOCALIDAD RANCHO "EL QUERETANO", SAN LUIS DE LA PAZ, GTO.

F. V.	G.L.	SX <sup>2</sup>	SXY	SY <sup>2</sup>	G.L.	S.C.	C.M.	F
REPETICIONES	1	56.020	-5.557	0.551				
TRATAMIENTOS	219	3251.716	134.946	114.792				
ERROR EXP.	219	2462.480	102.138	74.888	218	70.652	0.324	
TOTAL	439	5770.216	231.527	190.231				
TRAT. ERROR	438	5714.195	237.084	189.680	437	179.843		
PARA PROBAR LAS MEDIAS AJUSTADAS					219	109.191	0.449	1.538**
B = COEFICIENTE DE REGRESION = 0.0415								
** SIGNIFICATIVO AL P = 0.01								

Cuadro 4. ANALISIS DE COVARIANZA EN BLOQUES AL AZAR PARA LA CORRECCION POR FALLAS, LOCALIDAD CAMPO DE LA PRODUCTORA NACIONAL DE SEMILLAS (PRONASE), SAN LUIS DE LA PAZ, GTO.

F. V.	G. L.	SX <sup>2</sup>	SXY	SY <sup>2</sup>	G. L.	S. C.	C. M.	F
REPETICIONES	1	5.457	-3.354	2.061				
TRATAMIENTOS	219	2342.443	224.039	91.478				
ERROR EXP.	219	1686.043	103.364	54.093	218	47.756	0.219	
TOTAL	439	4033.943	324.049	147.632				
TRAT.	ERROR	438	4028.486	327.403	437	118.961		
PARA PROBAR LAS MEDIAS AJUSTADAS					219	71.206	0.325	1.484**
B = COEFICIENTE DE REGRESION = 0.0613								
** SIGNIFICATIVO AL P = 0.01								

Cuadro 5. ANALISIS DE COVARIANZA EN BLOQUES AL AZAR PARA LA CORRECCION POR FALLAS. LOCALIDAD, CAMPO EXPERIMENTAL DE NAVIDAD, N.L.

F. V.	G.L.	SX <sup>2</sup>	SXY	SY <sup>2</sup>	G.L.	S.C.	C.M.	F
REPETICIONES	1	530.202	20.282	0.776				
TRATAMIENTOS	219	2131.843	110.144	61.253				
ERROR EXP.	219	2375.298	111.290	38.701	218	33.483	0.154	
TOTAL	439	5035.343	241.715	100.730				
TRAT.	ERROR	438	4505.141	221.434	99.954	437	89.070	
PARA PROBAR LAS MEDIAS AJUSTADAS					219	55.588	0.254	1.653**
B = COEFICIENTE DE REGRESION = 0.0469								
** SIGNIFICATIVO AL P = 0.01								

Cuadro 10.

PRUEBA DE HARTLEY  
 ERRORES EXPERIMENTALES DE CADA LOCALIDAD, ASI COMO LOS RESPECTIVOS GRADOS DE LIBERTAD PARA PROBAR HOMOGENEIDAD DE VARIANZAS.

LOCALIDAD	G.L.	ALTURA DE MAZORCA	MAZORCAS POR PLANTA	ACAME DE TALLO	MAZORCAS PODRIDAS	COBERTURA	DIAS A FLORACION	RENDIMIENTO
1	219	0.01	0.04	237.21	62.25	0.98	0.01	2.24
2	219	0.01	0.02	28.90	28.81	0.23	0.15	1.35
3	219	0.02	0.13	320.08	145.98	1.31	0.04	0.79

CONCLUSION: Se rechaza la hipótesis de homogeneidad de varianzas.

Cuadro 15. ESTIMACION DE COVARIANZAS GENOTIPICAS Y DEL ERROR PARA SIETE PARES DE VARIABLES DE 220 FAMILIAS DE HERMANOS COMPLETOS. (Covarianzas genotípicas entre paréntesis).

	Altura de Mazorca (1)	Mazorcas por Planta (2)	Acaba de tallo (3)	Mazorcas podridas (4)	Cobertura (5)	Días a Flor (6)	Rendimiento (7)
El Queretano	-0.001 (0.001)	-0.287 (0.067)	-0.047 (0.069)	0.003 (0.008)	0.0005 (0.002)	0.012 (-0.015)	
Pronase	-0.0004 (0.007)	0.075 (-0.050)	-0.057 (-0.038)	0.009 (-0.007)	-0.002 (0.009)	0.021 (0.015)	
Navidad	0.00007 (0.001)	0.392 (-0.025)	-0.117 (-0.035)	0.014 (-0.00001)	-0.012 (0.002)	0.072 (0.013)	
Combinado	0.0013 (0.012)	0.180 (-0.522)	0.221 (-1.144)	0.026 (-0.129)	-0.0135 (0.051)	0.105 (0.300)	
El Queretano		0.770 (-0.040)	-0.147 (-0.046)	0.013 (-0.006)	-0.001 (0.0001)	0.129 (0.019)	
Pronase		0.149 (-0.031)	-0.058 (-0.025)	0.004 (0.002)	-0.003 (0.002)	0.048 (0.006)	
Navidad		0.502 (-0.139)	-0.153 (0.030)	0.003 (0.004)	-0.005 (0.00007)	0.036 (0.009)	
Combinado		1.421 (0.126)	-0.358 (-0.055)	0.020 (0.0005)	0.009 (-0.001)	0.213 (0.025)	
El Queretano			1.858 (-10.140)	0.454 (0.047)	-0.190 (0.181)	2.972 (-1.344)	
Pronase			0.115 (0.109)	0.131 (0.046)	-0.201 (0.051)	0.081 (-0.397)	
Navidad			4.252 (-1.252)	-1.225 (-0.024)	0.093 (-0.132)	0.009 (1.761)	
Combinado			0.0131 (-3.557)	-0.057 (0.336)	-1.084 (0.221)	4.262 (0.536)	
El Queretano				0.147 (0.755)	-0.013 (-0.014)	-1.328 (-1.655)	
Pronase				-0.150 (1.146)	-0.079 (0.081)	-0.584 (-1.219)	
Navidad				-0.252 (0.196)	0.123 (0.086)	2.075 (-0.739)	
Combinado				-0.255 (1.163)	0.001 (0.055)	0.163 (-2.028)	
El Queretano					-0.003 (0.002)	0.117 (-0.122)	
Pronase					-0.016 (-0.016)	0.120 (0.041)	
Navidad					-0.011 (-0.0001)	0.142 (-0.024)	
Combinado					0.030 (0.013)	0.361 (-0.068)	
El Queretano						-0.007 (0.017)	
Pronase						-0.073 (0.010)	
Navidad						0.073 (0.039)	
Combinado						-0.153 (0.048)	