

Segregación transgresiva en familias $F_{2:7}$ de triticales

Transgressive Segregation in $F_{2:7}$ Triticale Families

José Luis Velasco-López¹, Alejandro Javier Lozano-del Río^{1*}, Víctor Manuel Zamora-Villa¹, Modesto Colín-Rico¹, Luis Ibarra-Jiménez² y Juan Plutarco Munguía-López²

¹Departamento de Fitomejoramiento. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Calzada Antonio Narro 1923, Buenavista, 25315, Saltillo, Coah., México. Tel.: [844] 4 110254. E-mail: jlozrio@uaaan.mx; ajlozanodelrio@yahoo.com [*Autor responsable]. ²Centro de Investigación en Química Aplicada. Blvd. Enrique Reyna 140, 25250, Saltillo, Coah., México.

RESUMEN

La segregación transgresiva en plantas autógamas es importante para la derivación de nuevas variedades con mejores características. El objetivo de esta investigación fue evaluar la segregación transgresiva en 26 familias $F_{2:7}$ de triticales, provenientes de diferentes cruces entre progenitores femeninos de hábito primaveral e intermedio y un progenitor masculino común de hábito invernal para características de producción de biomasa de hojas, biomasa total y rendimiento de grano, bajo tres ambientes, e identificar las familias que confieran una mayor productividad bajo estrés ambiental. Se realizaron análisis de varianza individuales por ambiente y combinados entre ambientes, además de sus correspondientes pruebas de comparación de medias para cada una de las variables estudiadas, utilizando la prueba de Tukey a una probabilidad ($p < 0.05$). Se realizaron análisis de contrastes ortogonales entre las familias y sus progenitores. Los análisis de varianza mostraron diferencias ($p < 0.01$) y ($p < 0.05$) entre tratamientos para biomasa total y rendimiento de grano en los tres ambientes. El análisis combinado registró diferencias estadísticas en ambientes y tratamientos para las tres variables, la prueba de medias entre ambientes también registró diferencias en las tres variables y la prueba de medias combinada entre tratamientos no registró diferencias estadísticas para la biomasa de hojas. Los análisis de contrastes por familias registraron poca diferencia contra sus progenitores; sin embargo, hubo familias que presentaron más de 50% de genotipos transgresivos, algunos genotipos mostraron transgresión positiva en base a su mejor progenitor para las tres variables y mantuvieron su transgresión en los tres ambientes. Así se concluye que la segregación transgresiva ocurre en familias avanzadas $F_{2:7}$ de triticales para estas variables y es una herramienta importante para el mejoramiento de este cultivo bajo estrés ambiental, además de que las cruces entre materiales primaverales y tardíos permite la ocurrencia de transgresivos positivos.

Palabras clave: Triticales, familias, mejor progenitor, transgresión positiva.

ABSTRACT

Transgressive segregation in self-pollinated plants is important for the derivation of new varieties with better characteristics. The objective of this research was to evaluate the transgressive segregation in 26 families $F_{2:7}$ triticales from different female parents of crosses between spring and intermediate habit and a common male ancestor of winter habit, for production traits leaf biomass, total biomass and grain yield under three environments and to identify families that confer increased productivity under environmental stresses. Analysis of individual and combined environment variance between environments and mean comparison tests were conducted for each variable, using the Tukey test at ($p < 0.05$) probability. Analysis of orthogonal contrast between families and parents groups were done. The analysis of variance showed differences ($p < 0.01$) and ($p < 0.05$) between treatments for total biomass and grain yield in the three environments. The combined analysis showed statistical differences in environments and treatments for the three variables, the mean test environments also showed differences between the three variables and the mean test between combined treatments did not register differences for leaf biomass. The contrast analysis registered little differences between families and parents; however, there were families who had more than 50% of transgressive genotypes, which showed positive transgression based on their best parent for the three variables and maintained their transgression across the three environments. We conclude that the transgressive segregation occurs in advanced families $F_{2:7}$ of triticales for these variables and it is an important tool for the improvement of this crop under environmental stress furthermore, crosses between spring and late materials allows the occurrence of positive transgressive.

Key words: Triticales, families, best parent, positive transgression

Recibido: Diciembre 2013 • Aprobado: Abril 2014

INTRODUCCIÓN

En el mejoramiento de plantas autóгамas se busca obtener nuevas variedades a partir de cruzamientos entre progenitores que generen características importantes como: un alto potencial en rendimiento tanto en grano como en biomasa, resistencia y tolerancia a factores bióticos/abióticos y con ciclos cortos. Estas características dependerán de la frecuencia de alelos complementarios presentes en las líneas progenitoras y de la capacidad del mejorador de realizar las cruzas más convenientes para seleccionar genotipos superiores (Yadav *et al.*, 1998).

En poblaciones segregantes, las características cuantitativas presentan una distribución normal. Algunos individuos o un grupo de ellos, pueden estar presentes en los extremos superior o inferior de la media de la distribución. A este fenómeno, en el que ciertos individuos presenten superioridad en una o más características diferentes respecto a sus progenitores y el resto de la población, se le conoce como segregación transgresiva (Grant, 1978; De Vicente y Tanksley, 1993).

La ocurrencia de transgresión es común en las plantas, ya que diversos caracteres han exhibido transgresión, en un mayor porcentaje a características morfológicas (65%), mientras que el resto se divide entre los diferentes caracteres como fertilidad, fisiología, ciclo de vida, tolerancia a estrés biótico y abiótico (Jinksy Ponni, 1980). En cruzas realizadas en diversos cultivos agrícolas se ha reportado transgresión en características agronómicas que son difíciles de mejorar como rendimiento de grano. Choo *et al.* (1986) reportaron que 1.7% de líneas evaluadas rindieron más que sus progenitores más rendidores. Surma (1996) reportó resultados similares donde 1.4% fue superior al mejor progenitor.

La explotación de segregantes transgresivos que superen al mejor progenitor ha sido considerada una valiosa herramienta en cereales autóгамas como el cultivo de avena (Cowen y Frey, 1987); arroz (Mao *et al.*, 2011) y trigo de primavera (Yadav *et al.*, 1992). Así la estrategia del mejorador es encontrar y poder manipular la variación genética transgresiva que puede ser utilizada para mejorar características importantes en los cultivos agrícolas.

De acuerdo con lo anterior, el objetivo de esta investigación fue evaluar la segregación transgresiva en 26 familias $F_{2:7}$ provenientes de diferentes cruzas entre progenitores femeninos de hábito primaveral e intermedio y un progenitor masculino común de

hábito invernal, para características de producción de biomasa de hojas, biomasa total y rendimiento de grano, bajo tres condiciones ambientales diferentes.

MATERIALES Y MÉTODOS

El trabajo se realizó en el Campo Agrícola Experimental de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN), en Zaragoza, Coah., México, ubicado entre las coordenadas 28° 36' 25" LN y 100° 54' 35" LO del meridiano de Greenwich, con una altitud de 335 msnm.

El material genético utilizado fueron 26 familias $F_{2:7}$ de triticale forrajero y sus progenitores, consistiendo de 11 familias originadas de la cruza AN-123 x ABT, seis familias de la cruza AN-125 x ABT, cuatro familias de la cruza AN-137 x ABT, tres familias de la cruza AN-38 x ABT y una familia de las cruzas Eronga x ABT y AN-105 x ABT, respectivamente. Los genotipos evaluados fueron proporcionados por el Proyecto Triticale del Programa de Cereales de la UAAAN (Cuadro 1).

El establecimiento de los experimentos consistió en las labores normales para acondicionar el suelo para un buen desarrollo de las plantas, esto es, barbecho, rastreo doble y nivelación.

Los experimentos de campo fueron conducidos de la siguiente manera, donde se evaluaron los genotipos bajo tres diferentes ambientes: 1) Irrigación normal (riegos a la siembra, amacollamiento, inicio de embuche, floración y llenado de grano, con fertilización); 2) Irrigación normal sólo hasta floración, con fertilización; 3) Irrigación normal, con un corte para forraje en la etapa de inicio de encañe y posterior evaluación para grano con fertilización (Cuadro 2). El riego se aplicó por gravedad en los tres ambientes en la localidad de Zaragoza, Coah., México.

El tamaño de las parcelas en los tres ambientes consistió de seis surcos de 5 m de largo por 30 cm entre hileras (9.0 m²). Durante el desarrollo del experimento se presentó incidencia de roya de la hoja (*Pucciniare condita*), por lo cual se tomaron lecturas en los materiales evaluados; sin embargo, no se realizó control químico.

El diseño experimental utilizado fueron bloques completos al azar con tres repeticiones por tratamiento en cada uno de los tres ambientes. Se realizaron análisis de varianza individuales por ambiente y combinados entre ambientes. Se efectuaron pruebas de comparación de medias por ambiente y el combinado entre

Cuadro 1. Material genético utilizado en la evaluación de la segregación transgresiva en 26 familias $F_{2:7}$ de triticale provenientes de diferentes cruzas entre progenitores femeninos de hábito primaveral e intermedio y un progenitor masculino común de hábito invernal durante los ciclos otoño-invierno 2012-2013 y verano 2013.

Trat	Variedad	Cruza	Origen LV-11-12	Trat	Variedad	Cruza	Origen LV-11-12
1	AN-2-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V1	18	AN-65-2010	Eronga x ABT	TCL2-V3
2	AN-3-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V2	19	AN-80-2010	AN-137 x ABT	TCL2-V9
3	AN-8-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V5	20	AN-82-2010	AN-137 x ABT	TCL2-V10
4	AN-12-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V6	21	AN-83-2010	AN-137 x ABT	TCL2-V11
5	AN-13-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V7	22	AN-90-2010	AN-137 x ABT	TCL2-V14
6	AN-24-210	AN-123 x ABT	TCL1-V10	23	AN-101-2010	AN-38 x ABT	TCL2-V15
7	AN-28-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V12	24	AN-102-2010	AN-38 x ABT	TCL2-V16
8	AN-31-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V14	25	AN-107-2010	AN-38 x ABT	TCL2-V19
9	AN-33-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V15	26	AN-123-2010	AN-105 x ABT	TCL2-V25
10	AN-34-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V16	27	AN-123 ♀		Progenitor
11	AN-39-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V19	28	AN-125 ♀		Progenitor
12	AN-42-2010	AN-125 x ABT	TCL1-V20	29	AN-137 ♀		Progenitor
13	AN-49-2010	AN-125 x ABT	TCL1-V22	30	AN-38 ♀		Progenitor
14	AN-50-2010	AN-125 x ABT	TCL1-V23	31	AN-105 ♀		Progenitor
15	AN-55-2010	AN-125 x ABT	TCL1-V25	32	Eronga 83 ♀		Progenitor
16	AN-60-2010	AN-125 x ABT	TCL1-V27	33	ABT ♂		Progenitor
17	AN-61-2010	AN-125 x ABT	TCL1-V28				

* Familias $F_{2:7}$; ♀: progenitores femeninos; ♂: progenitor masculino.

Cuadro 2. Condiciones de los ambientes en la evaluación de la segregación transgresiva en 26 familias $F_{2:7}$ de triticale provenientes de diferentes cruzas entre progenitores femeninos de hábito primaveral e intermedio y un progenitor masculino común de hábito invernal.

Ambiente	Fecha de siembra	Fertilización total	Número de riegos	Lámina total (incluyendo precipitación)
1	13-12-2012	167-00-00	5	79.2
2	13-12-2012	167-00-00	4	67.2
3	13-11-2012	237-00-00	6	89.2

ambientes para cada una de las variables estudiadas, utilizando la prueba de Tukey ($p \leq 0.05$). Se realizaron análisis de contrastes ortogonales entre las familias y sus correspondientes progenitores, tanto femenino como masculino, así como con el progenitor medio.

Las variables registradas fueron: rendimiento de grano (RG), el cual se registró en gramos por parcela a un 13% de humedad y se transformó a toneladas por hectárea; biomasa de hojas (BH) ésta se determinó en cada unidad experimental, cortando 0.60 m de un surco interno con competencia completa, y de la muestra de forraje verde, se separaron las hojas de cada muestra, secándolas y pesándolas en gramos por parcela, el valor obtenido se transformó posteriormente a toneladas por hectárea; biomasa total (BT) que consistió en la suma de los pesos de las variables biomasa de hojas, biomasa de tallos y biomasa de espigas con grano que se transformó a toneladas por hectárea. La transgresión de cada familia se comparó con el del mejor progenitor con la fórmula $T = [(Fn - MP) / MP] * 100$, donde: T = % de transgresión, Fn = Media de la familia, MP = Media del mejor progenitor.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el Cuadro 3 se presenta el análisis de varianza individual para los tres ambientes, y muestra que

los tratamientos registraron diferencias estadísticas ($p \leq 0.01$) para la BT, mientras que el RG mostró diferencia ($p \leq 0.01$) en los ambientes uno y tres, para el ambiente uno sólo se observó diferencia ($p \leq 0.05$) y para la BH únicamente diferencia ($p \leq 0.01$) en el ambiente tres.

El análisis de varianza combinado entre ambientes (Cuadro 4) indica que los tres ambientes presentaron efectos en las variables evaluadas y nos permite seleccionar a los tratamientos más sobresalientes, ya que registraron diferencias ($p \leq 0.01$) para los tres ambientes en las tres variables evaluadas. Los tratamientos registraron diferencias estadísticas ($p \leq 0.01$) para RG, BT, y diferencias ($p \leq 0.05$) para la BH, lo que significa que los tratamientos mostraron diferencias en sus comportamientos en los ambientes. Para las interacciones ambiente por tratamiento se registraron diferencias ($p \leq 0.01$) en el RG y la BT, por lo que se puede afirmar que existió efecto de los ambientes sobre los tratamientos.

La prueba de comparación de medias (Cuadro 5) indica que existieron diferencias entre los tres ambientes para RG y BT. El ambiente dos registró diferencias en la BH de los ambientes uno y tres. De esta manera, los ambientes muestran efectos para seleccionar genotipos sobresalientes para las variables evaluadas.

El análisis combinado de la prueba de medias entre tratamientos (Cuadro 6) señala al tratamiento

Cuadro 3. Cuadrados medios del análisis de varianza de las variables rendimiento de grano, biomasa de hojas y biomasa total.

FV	GL	RG	Ambiente			RG	BH	BT	RG	BH	BTMF
			1	2	3						
Rep	2	0.302 ^{ns}	0.242 ^{ns}	2.325 ^{ns}	0.486 ^{ns}	0.250 ^{ns}	5.620 ^{ns}	0.472 ^{ns}	0.711 ^{ns}	28.758 ^{ns}	
Trat	32	0.619*	0.591 ^{ns}	34.050**	0.670**	0.539 ^{ns}	19.713**	0.374**	0.832**	49.812**	
Error	64	0.382	0.735	15.794	0.314	0.414	9.371	0.173	0.376	14.363	
Total	98										
Media		3.133	2.864	21.868	2.574	2.269	16.617	2.366	3.014	19.024	
C.V (%)		19.7	29.9	18.1	22.7	28.3	18.4	17.6	20.3	19.9	

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total; FV: fuente de variación; GL: grados de libertad; ns: no significativo, * diferencias ($p \leq 0.05$) y ** ($p \leq 0.01$), respectivamente.

Cuadro 4. Cuadrados medios de los análisis de varianza combinado entre ambientes para las variables evaluadas.

FV	GL	RG	BH	BT
Amb	2	15.563**	15.362**	683.988**
Amb*Rep	6	0.420 ^{ns}	0.401 ^{ns}	12.231 ^{ns}
Trat	32	1.019**	0.776*	54.601**
Amb*Trat	64	0.322**	0.593 ^{ns}	24.487**
Error	192	0.290	0.508	13.176
Total	296			
Media General		2.691	2.715	19.169
C.V (%)		20.0	26.2	18.9

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total; FV: fuente de variación; GL: grados de libertad; ns: no significativo, * diferencias ($p \leq 0.05$) y ** ($p \leq 0.01$), respectivamente.

Cuadro 5. Comparación de medias por ambientes para las variables rendimiento de grano, biomasa de hojas y biomasa total.

Ambiente	RG	BH	BT
1	3.133 ^a	2.864 ^a	21.868 ^a
2	2.574 ^b	2.269 ^b	16.617 ^c
3	2.366 ^c	3.014 ^a	19.024 ^b
Valor Turkey	0.202	0.240	1.143

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total. Tratamientos con la misma literal son estadísticamente iguales al nivel de probabilidad [$p \leq 0.05$].

30 como el de mayor rendimiento, superando en 67% al tratamiento 22, que presentó el rendimiento más bajo. La BH no mostró diferencias estadísticas en ningún tratamiento. El tratamiento 20 produjo la mayor BT, 64% superior al tratamiento 31 que registró el valor más bajo.

El análisis de los contrastes ortogonales (Cuadro 7) indica que la mayor parte de las familias no mostró diferencias estadísticas al compararlas con sus respectivos progenitores, lo cual significa que los genotipos que representan a sus respectivas familias,

no mostraron diferencias respecto a sus progenitores. Con algunas excepciones, como la familia 38, que registró diferencias ($p \leq 0.05$) al compararla con su progenitor femenino para RG en los ambientes uno y dos.

En el ambiente tres, donde se detectó diferencia contra su progenitor masculino, la misma familia registró diferencias en la BT únicamente en el ambiente uno, pero en ninguno de los ambientes mostró diferencias con su progenitor femenino, quien fue el mejor progenitor para las dos variables (Cuadro 10).

Cuadro 6. Comparación de medias entre variedades del análisis combinado entre ambientes de las variables rendimiento de grano, biomasa de hojas y biomasa total.

Trat	RG	BH	BT
1	2.605 ^{bcde}	2.874 ^a	19.807 ^{abcdef}
2	2.211 ^{cde}	3.185 ^a	19.067 ^{abcdef}
3	2.591 ^{abcde}	2.829 ^a	17.955 ^{abcdef}
4	2.590 ^{abcde}	2.577 ^a	23.415 ^{ab}
5	3.097 ^{bcd}	2.682 ^a	20.252 ^{abcdef}
6	2.745 ^{bcde}	3.229 ^a	20.933 ^{abcdef}
7	3.345 ^{ab}	2.696 ^a	19.981 ^{abcdef}
8	2.485 ^{bcde}	3.196 ^a	22.952 ^{abc}
9	2.479 ^{cde}	2.682 ^a	15.437 ^{ef}
10	2.917 ^{bcde}	2.282 ^a	17.319 ^{bcdef}
11	2.758 ^{abcde}	2.829 ^a	16.000 ^{def}
12	2.979 ^{abcde}	2.681 ^a	15.541 ^{ef}
13	2.506 ^{bcde}	2.815 ^a	20.065 ^{abcdef}
14	2.111 ^e	2.916 ^a	22.230 ^{abcd}
15	2.124 ^{de}	2.667 ^a	17.215 ^{bcdef}
16	2.267 ^{cde}	2.459 ^a	20.000 ^{abcdef}
17	2.679 ^{abcde}	2.756 ^a	20.537 ^{abcdef}
18	2.755 ^{abcde}	3.007 ^a	20.874 ^{abcdef}
19	2.768 ^{abcde}	2.548 ^a	21.904 ^{abcde}
20	3.186 ^{abc}	2.807 ^a	24.396 ^a
21	2.432 ^{bcde}	2.785 ^a	21.356 ^{abcdef}
22	2.101 ^e	2.533 ^a	17.363 ^{bcdef}
23	2.740 ^{abcde}	2.977 ^a	21.245 ^{abcdef}
24	2.885 ^{abcde}	2.696 ^a	19.489 ^{abcdef}
25	2.692 ^{abcde}	2.977 ^a	15.463 ^{ef}
26	2.772 ^{abcde}	3.166 ^a	17.689 ^{bcdef}
27	2.647 ^{abcde}	2.755 ^a	17.111 ^{bcdef}
28	2.736 ^{abcde}	2.015 ^a	16.663 ^{bcdef}
29	2.710 ^{abcde}	2.574 ^a	18.148 ^{abcdef}
30	3.512 ^a	2.222 ^a	18.920 ^{abcdef}
31	3.151 ^{abc}	2.668 ^a	14.845 ^f
32	2.784 ^{abcde}	2.267 ^a	20.070 ^{abcdef}
33	2.454 ^{bcde}	2.267 ^a	18.370 ^{abcdef}
Valor Tukey	0.978	1.296	6.597

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total. Tratamientos con la misma literal son estadísticamente iguales al nivel de probabilidad ($p \leq 0.05$).

No se observó transgresión positiva en base a su mejor progenitor en ninguna de las dos variables. Lo contrario ocurrió en la familia Eronga vs su progenitor femenino que registró diferencia ($p \leq 0.01$) en el ambiente tres para la BH, y aunque no se observó diferencia con su progenitor masculino, quien fue el mejor progenitor, lo superó en 34%; además se registró diferencia ($p \leq 0.05$) para la BT que de igual manera con 23% superó a su mejor progenitor masculino y ($p \leq 0.05$) para RG en el ambiente uno de igual manera superó en 5% a su progenitor masculino más rendidor (Cuadro 10).

Asimismo, la familia 137 mostró diferencia ($p \leq 0.05$) en comparación con su progenitor femenino para la BT en los ambientes uno y tres, aunque no tuvo diferencia con su progenitor masculino, quien fue el mejor progenitor, la familia mostró superioridad de 10% en el ambiente uno y 16% en el ambiente tres (Cuadro 10).

La familia 123 fue diferente ($p \leq 0.01$) a su progenitor femenino únicamente en el ambiente tres para la BH, aunque no mostró diferencias con su progenitor masculino quien fue el mejor progenitor en los contrastes. La familia fue superior en 19% a su mejor progenitor.

La familia-105 contra su progenitor femenino presentó diferencia ($p \leq 0.05$) para la misma variable, pero no contra su progenitor masculino que fue el mejor progenitor, además de no mostrar superioridad

en ningún grado a su mejor progenitor (Cuadro 10).

Los contrastes del análisis combinado (Cuadro 8) muestran familias que difieren de sus progenitores, ya que se encontraron diferencias ($p \leq 0.01$) en la comparación de la familia-38 versus su progenitor femenino para RG, la cual no superó a su progenitor femenino que fue más rendidora (Cuadro 9).

La BHMF mostró diferencias ($p \leq 0.01$) en el contraste entre las familias-123 versus progenitor femenino, ya que sólo superó en 1% a su progenitor masculino que fue el progenitor superior. Asimismo, se observaron diferencias ($p \leq 0.05$) entre las familias-137 con su progenitor femenino; sin embargo, no superaron a su progenitor masculino que fue el progenitor superior (Cuadro 9).

Las familias-137 mostraron diferencias ($p \leq 0.05$) con su progenitor femenino y masculino en BT, quienes fueron superiores en 6% a su progenitor femenino, que fue el mejor progenitor para esta variable, observándose segregación transgresiva positiva en este análisis combinado para esta familia (Cuadro 9). Las familias-125 comparadas con su progenitor femenino registraron diferencia ($p \leq 0.05$) para BT, pero no mostraron superioridad respecto a su mejor progenitor (Cuadro 9). De esta manera es claro que algunas familias presentan transgresión positiva para las características evaluadas, datos similares reportó Surma (1996) en rendimiento.

Cuadro 7. Contrastes ortogonales y significancia estadística entre las familias y sus progenitores para las variables evaluadas.

Ambiente 1				
FV Familias	GL	RG (CM)	BH (CM)	BT (CM)
123 vs 123	1	0.097 ^{ns}	3.776 ^{ns}	15.468 ^{ns}
123 vs ABT	1	0.249 ^{ns}	0.156 ^{ns}	10.215 ^{ns}
125 vs 125	1	0.928 ^{ns}	0.474 ^{ns}	55.295 ^{ns}
125 vs ABT	1	0.132 ^{ns}	0.036 ^{ns}	1.044 ^{ns}
Eronga vs Eronga	1	0.721 ^{ns}	0.026 ^{ns}	0.358 ^{ns}
Eronga vs ABT	1	0.046 ^{ns}	1.434 ^{ns}	0.026 ^{ns}
137 vs 137	1	0.078 ^{ns}	0.363 ^{ns}	97.292*
137 vs ABT	1	0.018 ^{ns}	0.0003 ^{ns}	18.968 ^{ns}

Cuadro 7. continuación

Ambiente 1				
FV Familias	GL	RG (CM)	BH (CM)	BT (CM)
38 vs 38	1	2.139*	0.284 ^{ns}	104.956*
38 vs ABT	1	0.015 ^{ns}	0.039 ^{ns}	3.082 ^{ns}
105 vs 105	1	0.420 ^{ns}	0.295 ^{ns}	0.106 ^{ns}
105 vs ABT	1	0.173 ^{ns}	0.074 ^{ns}	37.835 ^{ns}
Ambiente 2				
123 vs 123	1	0.054 ^{ns}	0.016 ^{ns}	6.215 ^{ns}
123 vs ABT	1	0.083 ^{ns}	0.002 ^{ns}	0.523 ^{ns}
125 vs 125	1	1.164 ^{ns}	0.056 ^{ns}	5.531 ^{ns}
125 vs ABT	1	0.071 ^{ns}	0.027 ^{ns}	1.142 ^{ns}
Eronga vs Eronga	1	1.233*	1.306 ^{ns}	35.201 ^{ns}
Eronga vs ABT	1	0.048 ^{ns}	0.000 ^{ns}	17.116 ^{ns}
137 vs 137	1	0.187 ^{ns}	1.101 ^{ns}	3.987 ^{ns}
137 vs ABT	1	0.054 ^{ns}	0.007 ^{ns}	25.261 ^{ns}
38 vs 38	1	1.437*	0.639 ^{ns}	34.682 ^{ns}
38 vs ABT	1	0.226 ^{ns}	0.359 ^{ns}	5.549 ^{ns}
105 vs 105	1	0.168 ^{ns}	0.011 ^{ns}	22.943 ^{ns}
105 vs ABT	1	0.351 ^{ns}	0.074 ^{ns}	11.760 ^{ns}
Ambiente 3				
FV	GL	RG (CM)	BH (CM)	BT (CM)
123 vs 123	1	0.058 ^{ns}	4.231**	33.823 ^{ns}
123 vs ABT	1	0.241 ^{ns}	0.769 ^{ns}	4.231 ^{ns}
125 vs 125	1	0.409 ^{ns}	0.381 ^{ns}	83.109*
125 vs ABT	1	0.341 ^{ns}	1.584 ^{ns}	24.830 ^{ns}
Eronga vs Eronga	1	0.023 ^{ns}	4.054**	65.776*
Eronga vs ABT	1	0.450 ^{ns}	1.183 ^{ns}	27.306 ^{ns}
137 vs 137	1	0.092 ^{ns}	1.577 ^{ns}	58.679*
137 vs ABT	1	0.467 ^{ns}	1.409 ^{ns}	2.136 ^{ns}
38 vs 38	1	0.443 ^{ns}	0.110 ^{ns}	1.441 ^{ns}
38 vs ABT	1	0.692*	1.283 ^{ns}	2.150 ^{ns}
105 vs 105	1	0.110 ^{ns}	1.850*	28.453 ^{ns}
105 vs ABT	1	0.025 ^{ns}	0.426 ^{ns}	0.047 ^{ns}

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total; FV: fuente de variación; GL: grados de libertad; ns = no significativo, * diferencias ($p \leq 0.05$) y ** ($p \leq 0.01$), respectivamente.

Cuadro 8. Contrastes ortogonales entre las familias y sus progenitores, combinado entre ambientes para las variables evaluadas.

Cuadrados medios				
FV Familias	GL	RG	BH	BT
123 vs 123	1	0.034 ^{ns}	5.679**	49.954 ^{ns}
123 vs ABT	1	0.546 ^{ns}	0.586 ^{ns}	11.907 ^{ns}
125 vs 125	1	0.656 ^{ns}	0.009 ^{ns}	67.219*
125 vs ABT	1	0.0007 ^{ns}	0.508 ^{ns}	16.679 ^{ns}
Eronga vs Eronga	1	0.003 ^{ns}	0.356 ^{ns}	0.830 ^{ns}
Eronga vs ABT	1	0.408 ^{ns}	0.004 ^{ns}	28.210 ^{ns}
137 vs 137	1	0.055 ^{ns}	2.819*	80.363*
137 vs ABT	1	0.203 ^{ns}	0.525 ^{ns}	70.022*
38 vs 38	1	3.691**	0.119 ^{ns}	3.318 ^{ns}
38 vs ABT	1	0.685 ^{ns}	1.244 ^{ns}	2.331 ^{ns}
105 vs 105	1	0.645 ^{ns}	1.074 ^{ns}	36.403 ^{ns}
105 vs ABT	1	0.456 ^{ns}	0.141 ^{ns}	2.090 ^{ns}

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total; FV: fuente de variación; GL: grados de libertad; ns = no significativo, * diferencias ($p \leq 0.05$) y ** ($p \leq 0.01$), respectivamente.

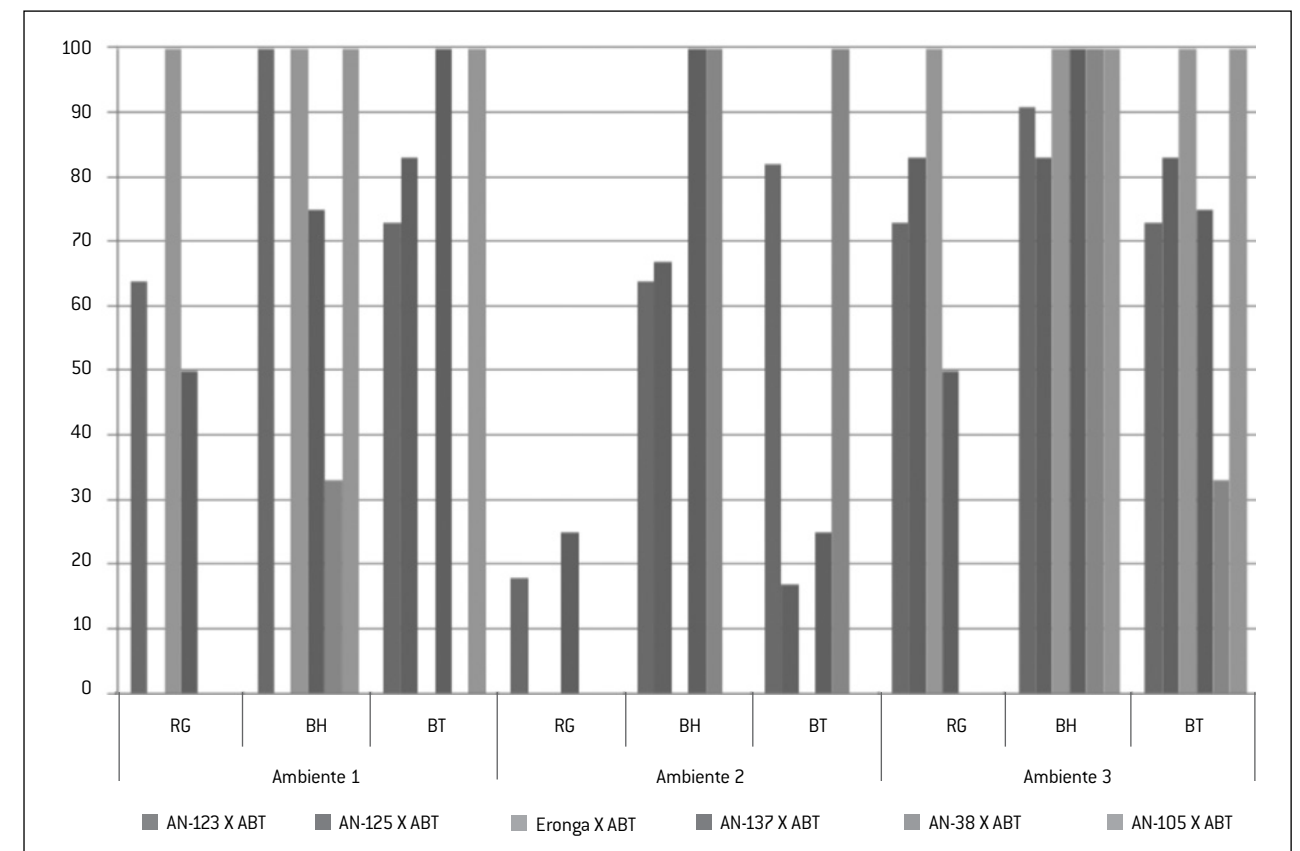


Figura 1. Segregación transgresiva de las diferentes cruces (%). RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total.

La Figura 1 muestra las frecuencias de genotipos transgresivos positivos que representan cada cruza, esto es: genotipos que superan al mejor progenitor. Las cruzas representadas por un solo genotipo y que superan a su mejor progenitor representan el 100% de transgresivos positivos, tal es el caso de la cruza Eronga X ABT y la AN-105 X ABT, que aunque mostraron transgresión positiva en las tres variables, no mantuvieron la transgresión en los tres ambientes. La cruza AN-123 X ABT, representada

por 11 genotipos, mostraron entre 15% y 100% de transgresivos positivos y estuvieron presentes en los tres ambientes para las tres variables evaluadas.

La cruza AN-137 X ABT, formada por cuatro genotipos, mostró una frecuencia de transgresivos positivos entre 25% y 100%, presentes en algún grado en los tres ambientes y para las tres variables.

La cruza AN-125 X ABT, que fue representada por seis genotipos, mostró un rango de 15%-83% de transgresivos positivos para BT, también presentó

más de 80% de transgresivos positivos para BH en los ambientes 2 y 3, pero no presentó transgresivos positivos en el ambiente 1.

Finalmente, la cruza AN-38 X ABT, que estuvo representada por tres genotipos, mostró 32% de transgresivos positivos en el ambiente uno y 100%

Cuadro 9. Valores por cruza, progenitor medio y mejor progenitor combinado entre ambientes para las variables evaluadas.

Medias			
FV	RG	BH	BT
AN-123 x ABT	2.711	2.823	19.374
Progenitor medio	1.819	1.707	11.338
Mejor progenitor	♀ 2.647	♀ 2.755	♂ 18.370
AN-125 x ABT	2.397	2.707	19.010
Progenitor medio	1.759	1.814	11.148
Mejor progenitor	♀ 2.736	♂ 2.267	♂ 18.370
Eronga x ABT	2.679	2.756	20.537
Progenitor medio	1.871	1.726	11.793
Mejor progenitor	♀ 2.710	♀ 2.574	♂ 18.370
AN-137 x ABT	2.903	2.787	22.391
Progenitor medio	1.717	1.731	11.403
Mejor progenitor	♀ 3.512	♂ 2.267	♀ 18.920
AN-38 x ABT	2.424	2.765	19.988
Progenitor medio	1.936	1.888	11.907
Mejor progenitor	♀ 3.151	♀ 2.668	♂ 18.370
AN-105 x ABT	2.885	2.696	19.489
Progenitor medio	1.706	1.779	10.430
Mejor progenitor	♀ 2.784	♂ 2.267	♀ 20.070

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total; FV: fuente de variación; ♀: progenitores femeninos; ♂: progenitor masculino.

Cuadro 10. Valores por cruza, progenitor medio y mejor progenitor por ambiente para rendimiento de grano y biomasa de hoja y total (t ha⁻¹).

Cruza	RG Ambiente			BH			BT		
	A1	A2	A3	A1	A2	A3	A1	A2	A3
AN-123 x ABT	3.303	2.525	2.307	3.216	2.210	3.074	23.124	15.770	19.229
Progenitor medio	3.058	2.508	2.086	2.511	2.156	2.222	21.289	14.800	17.133
Mejor progenitor	♀ 3.114	♀ 2.666	♀ 2.161	♂ 2.978	♂ 2.178	♂ 2.578	♂ 21.511	♂ 15.333	♂ 18.267
AN-125 x ABT	2.775	2.184	2.376	2.859	2.281	3.169	20.967	16.000	20.827
Progenitor medio	3.188	2.603	1.994	2.794	2.156	2.778	19.172	16.400	16.978
Mejor progenitor	♀ 3.376	♀ 2.857	♂ 2.011	♀ 3.289	♂ 2.178	♀ 2.978	♂ 21.511	♀ 17.467	♂ 18.267
Eronga x ABT	3.177	2.531	2.559	2.000	2.178	3.467	21.378	18.711	22.533
Progenitor medio	2.742	2.894	2.222	2.422	2.644	2.200	21.456	19.117	17.089
Mejor progenitor	♂ 3.001	♀ 3.438	♀ 2.433	♂ 2.978	♀ 3.111	♂ 2.578	♀ 21.867	♀ 23.556	♂ 18.267
AN-137 x ABT	2.914	2.500	2.453	2.800	2.233	3.294	23.831	18.578	21.356
Progenitor medio	3.048	2.565	2.134	2.778	1.867	2.556	19.733	17.600	17.444
Mejor progenitor	♀ 3.094	♀ 2.780	♀ 2.257	♂ 2.978	♂ 2.178	♂ 2.578	♂ 21.511	♀ 19.867	♂ 18.267
AN-38 x ABT	3.085	2.667	2.566	2.930	2.578	3.333	22.004	16.904	17.289
Progenitor medio	3.531	2.908	2.511	2.913	2.111	2.844	24.402	14.156	17.378
Mejor progenitor	♀ 4.060	♀ 3.467	♀ 3.010	♀ 3.467	♂ 2.178	♀ 3.111	♀ 29.511	♂ 15.333	♂ 18.267
AN-105 x ABT	3.341	2.834	2.142	2.756	2.400	3.111	16.489	18.133	18.444
Progenitor medio	3.436	2.759	2.213	2.644	2.333	2.289	18.867	14.778	16.178
Mejor progenitor	♀ 3.871	♀ 3.169	♀ 2.414	♂ 2.978	♀ 2.489	♂ 2.578	♂ 21.511	♂ 15.333	18.267

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total; ♀: progenitores femeninos; ♂: progenitor masculino

de transgresivos positivos en los ambientes dos y tres para BH, también presentó transgresivos positivos en BT en el ambiente tres con 32% y el ambiente dos con 100%, pero no presentó ningún transgresivo en el ambiente 1 para esta variable. De esta manera, se observó que existen transgresivos para características morfológicas y para estrés abiótico (déficit de humedad), lo cual concuerda con Jinks y Pooni (1980) que mencionan que diversos caracteres pueden exhibir transgresión, incluyendo tolerancia a estrés biótico/abiótico, como fue el caso en este estudio.

De lo anterior se puede observar que existieron genotipos superiores a su mejor progenitor y que mantuvieron su transgresión en los tres ambientes, tal fue el caso del tratamiento 7 de la cruza AN-123 X ABT y el tratamiento 20 de la cruza AN-137 X ABT que superaron su mejor progenitor en los tres ambientes y en las tres variables evaluadas (Cuadro 11). También se observó que los tratamientos 1 y 5 de la cruza AN-123 X ABT mostraron transgresivos positivos para BH y BT, que mantuvieron su transgresión positiva en los tres ambientes (Cuadro 11). En total,

17 de los 26 tratamientos tuvieron mayor transgresión positiva en BH y BT; además, un promedio de nueve tratamientos mostraron transgresión positiva en RG. De esta manera es claro que la transgresión positiva en comparación con el mejor progenitor es importante en el mejoramiento de triticale, como lo es en otros cultivos autógamos, como documentan Cowen y Frey (1987), Mao *et al.* (2011) y Yadav *et al.* (1992).

CONCLUSIONES

La segregación transgresiva positiva ocurrió con frecuencia en las familias de triticale, por lo tanto, es posible la derivación de líneas superiores de esas familias, lo cual es una valiosa herramienta en el mejoramiento del triticale en el norte de México, principalmente para fines forrajeros. En todas las cruza evaluadas, la frecuencia de familias segregantes transgresivos positivos fue menor para rendimiento de grano; sin embargo, se identificaron familias con un adecuado comportamiento para esta variable, principalmente para condiciones de restricciones de humedad.

LITERATURA CITADA

Choo, T.M., A. Kotecha, E. Reinbergs, L.S.P. Song and S.O. Fejer. 1986. Diallel analysis of grain yield in barley using doubled haploid lines. *Plant Breed.* 97: 129-137.

Cowen, N.M., and K.J. Frey. 1987. Relationships between three measures of genetic distance and breeding behavior in oats (*Avena sativa* L.). *Genome* 29: 97-106.

De Vicente, M.C. and S.D. Tanksley. 1993. QTL analysis of transgressive segregation in an interspecific tomato cross. *Genetics* 134: 585-596.

Grant, V. 1978. *Genetics of Flowering Plants*. Columbia University Press, New York. 514 p.

Jinks, J.L. and H.S. Pooni. 1980. Comparing predictions of mean performance and environmental sensitivity of recombinant inbred lines based upon F3 and triple test cross families. *Heredity* 45: 305-312.

Mao, D., T. Liu, C. Xu, X. Li X. and Y. Xing. 2011. Epistasis and complementary gene action adequately account for the genetic bases of transgressive segregation of kilo-grain weight in rice. *Euphytica* 180: 261-271.

Surma, M. 1996. Biometric-genetic analysis of quantitative traits of hybrids and doubled haploid lines of spring barley. *Treatises and Monographs*. No. 3, Institute of Plant Genetics PAS, Poznan: 110.

Yadav, B., B. Ram, S.K. Sethi and O.P. Luthra. 1992. Genetics of field resistance and transgressive segregation to leaf rust of wheat (*Triticumaestivum* L. em. Thell.). *Cereal Res. Comm.* 20: 41-48.

Yadav, B., B. Ram, S.K. Sethi and O.P. Luthra. 1992. Genetics of field resistance and transgressive segregation to leaf rust of wheat (*Triticumaestivum* L. em. Thell.). *Cereal Res. Comm.* 20: 41-48.

Yadav, B., C.S. Tyagi and D. Singh. 1998. Genetics of transgressive segregation for yield and yield components in wheat. *Ann. Appl. Biol.* 133: 227-235.

Cuadro 11. Segregación transgresiva en base al mejor progenitor.

Trat 1	Ambiente 1 RG	Ambiente 2 BH	Ambiente 2 BT	RG	BH	BT	RG	BH	BT
1	-1.177	47.826	12.869	-9.087	16.667	5.919	7.147	66.667	28.333
2	-12.344	67.391	-3.165	-16.007	27.083	30.530	-22.931	83.333	13.611
3	0.464	52.174	0.844	-12.005	0.000	3.115	6.427	73.810	11.944
4	-1.819	41.304	29.114	-15.632	-14.583	29.283	14.087	78.571	58.611
5	29.183	78.261	2.532	22.593	22.917	25.545	-7.352	83.333	32.778
6	5.780	54.348	24.684	-23.051	-29.167	1.246	33.728	83.333	56.389
7	32.144	63.043	10.338	33.139	33.333	17.134	9.717	102.381	27.222
8	0.535	56.522	46.835	-15.632	-29.167	13.084	-3.907	78.571	51.389
9	-4.816	54.348	-5.274	-18.966	-8.333	-11.215	7.044	-7.143	-14.444
10	11.488	73.913	13.291	-0.333	8.333	-10.592	21.337	40.476	-4.167
11	7.100	41.304	-8.228	-3.210	12.500	11.838	9.203	47.619	-20.556
12	-3.621	-13.514	-8.122	-11.824	22.917	-17.303	60.146	0.000	2.550
13	-11.126	-20.270	22.843	-19.020	29.167	-14.504	11.580	31.343	35.694
14	-31.797	-10.811	46.701	-34.967	-20.833	-9.415	10.062	13.433	79.887
15	-28.440	-14.865	24.365	-23.493	-6.250	-10.178	-10.343	7.463	-5.666
16	-16.557	-18.919	27.919	-33.683	6.250	-11.450	5.734	11.940	41.076
17	-15.273	0.000	45.178	-18.359	10.417	12.468	43.901	13.433	44.759
18	27.919	7.143	-2.236	-26.374	-30.000	-20.566	5.160	90.244	41.620
19	4.632	5.172	26.485	-9.512	37.143	-4.474	13.146	49.123	45.722
20	2.693	20.690	58.416	24.301	20.000	8.277	29.641	33.333	50.535
21	-5.135	-8.621	32.673	-23.141	17.143	-10.738	-1.428	35.088	36.364
22	-25.566	43.103	24.257	-31.894	100.000	-19.016	-6.647	10.526	-13.636
23	-34.756	-35.897	-25.753	-22.885	21.739	55.479	-3.691	8.571	39.892
24	-13.903	-7.692	-6.175	-21.987	23.913	33.904	-18.346	2.857	-18.329
25	-23.372	12.821	-37.500	-24.295	32.609	1.370	-22.222	10.000	-7.008
26	-13.691	19.231	1.644	-10.554	-3.571	27.500	-11.275	55.556	30.915

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total