UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
DIVISIÓN DE AGRONOMÍA
PROGRAMA DOCENTE DE LA CARRERA DE
INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

# Análisis genético y heredabilidad de una población de maíz braquítico.

Por:

**VICENTE ANDRES ZARZOZA MORA**

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

**INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN**

Saltillo, Coahuila de Zaragoza, México
Septiembre 2026

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
DIVISIÓN DE AGRONOMÍA
PROGRAMA DOCENTE DE LA CARRERA DE
INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Análisis genético y heredabilidad de una población de maíz braquítico.

Por:

**VICENTE ANDRES ZARZOZA MORA**

TESIS

Presentada como requisito parcial para obtener el título de:

**INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN**

Aprobada por el Comité Asesor:

DR. ANTONIO FLORES NAVEDA
Asesor Principal

DR. ROSENDO HERNANDEZ MARTINEZ
Asesor Principal Externo

ING. RAUL GANDARA HUITRON
Coasesor

ING. GUSTAVO ALFONSO BURCIAGA VERA
Coasesor

DR ALBERTO SANDOVAL RANGEL
Coordinador de la División de Agronomía

## DECLARACIÓN DE NO PLAGIO

El autor quien es el responsable directo, jura bajo protesta de decir la verdad que no se incurrió en plagio o conducta académica incorrecta en los siguientes aspectos:

Reproducción de fragmentos o textos sin citar la fuente o autor original (corte y pega); reproducir un texto propio publicado anteriormente sin hacer referencia al documento original (auto plagio); comprar, robar o pedir prestados los datos o la tesis para presentarla como propia; omitir referencia bibliográficas o citar textualmente sin usar comillas; utilizar ideas o razonamientos de un autor sin citarlo; utilizar material digital como imágenes, videos, ilustraciones, gráficas, mapas o datos sin citar el autor original y/o fuente, así mismo tengo conocimiento de que cualquier uso distinto de estos materiales como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por las autoridades correspondientes.

Por lo anterior me responsabilizo de las consecuencias de cualquier tipo de plagio en caso de existir y declaro que este trabajo es original.

Pasante



Vicente Andrés Zarzoza Mora

## AGRADECIMIENTOS

*A **Dios y Sagrado Corazón de Jesús** por regalarme este hermoso propósito de vida, ayudarme a cumplir mis sueños, brindarme salud y sabiduría para tomar buenas decisiones durante mi estancia lejos de mis seres queridos.*

*A **Don Antonio Narro † y Trinidad Narro †** por donar sus bienes materiales y económicos para la fundación de mi adorada escuela (UAAAN), que con su gesto de filantropía han transformado la vida de miles de personas y el agro mexicano, incluyendo la mía. Infinitamente gracias.*

*A la **(Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro)** por haberme abrigado en sus aulas, laboratorios, campos experimentales, comedor, dormitorios, hacerme un hombre de bien y darme todas las herramientas necesarias para afrontar la vida profesional.*

*Al **M.C. Eduardo Hernández Alonso** por su orientación durante la conducción de este proyecto de investigación y su amistad incondicional.*

*Al **Dr. Humberto De león Castillo †**por formar parte de mi preparación académica, al compartir su vasto conocimiento en el área del fitomejoramiento, brindarme consejos, compartir experiencias, anécdotas y haberme impulsado para incursionar en el área del mejoramiento genético del maíz.*

*Al **Ing. Raúl Gándara Huitrón** por formar parte del comité de asesoría y por su valiosa orientación, observaciones y aportaciones durante el desarrollo de este trabajo.*

*Al **Ing. Gustavo Alfonso Burciaga Vera** por formar parte del comité de asesoría y por su valiosa orientación, observaciones y aportaciones durante el desarrollo de este trabajo.*

*Al **Dr. Antonio Flores Naveda** por formar parte del comité de asesoría y revisión del presente trabajo de investigación.*

*Al **Dr. Rosendo Hernández Martínez** por formar parte del comité de asesoría y por su valiosa orientación, observaciones y aportaciones durante el desarrollo de este trabajo.*

*Gracias por cada momento amigos **maiceros**, por las experiencias y por la amistad que construimos: Luis, Diego y Carlitos.*

## DEDICATORIAS

*A la memoria de mis abuelas y abuelos que me encantaría estuvieran presentes en esta etapa de mi vida:* ***Isabel Negrete Pérez†, Porfiria Contreras Armenta†, Vicente Andrés Mora Aguiñaga† y Manuel Zarzoza Contreras†.***

*A mis padres* ***Antonio Zarzoza Contreras y Emelia Mora Negrete*** *por su apoyo incondicional y haber hecho de mí una persona de bien.*

*A* ***mis familiares*** *que siempre me han brindado su apoyo y han deseado lo mejor para mí.*

*A mis queridos hermanos,* ***Susana, Lúpiz y Tony****, por acompañarme a lo largo de este camino, por su apoyo constante y por cada palabra de aliento y buenos deseos que me motivaron a seguir adelante y alcanzar esta meta.*

*A mi esposa* ***Michelle*** *y mi hija* ***Isabel*** *por siempre apoyarme en mis planes de vida y colmarme de amor siempre.*

## ÍNDICE DE CONTENIDO

**DECLARACIÓN DE NO PLAGIO** ..... iii

**AGRADECIMIENTOS** ..... iv

**DEDICATORIAS** ..... v

**ÍNDICE DE CONTENIDO** ..... vi

**ÍNDICE DE CUADROS** ..... ix

**ÍNDICE DE FIGURAS** ..... x

**RESUMEN** ..... xii

**I. INTRODUCCIÓN** ..... 1

**1.1. Objetivos** ..... 3

**1.2. Hipótesis** ..... 3

**II. REVISIÓN DE LITERATURA** ..... 4

**2.1. Maíz Enano** ..... 4

**2.2. Variedades Sintéticas** ..... 5

**2.3. Selección Recurrente** ..... 6

**2.3.1. Selección Recurrente de Familias de Hermanos Completos** ..... 7

**2.3.2. Selección Recurrente de familias de Medios Hermanos** ..... 8

**2.4. Diseños Genéticos** ..... 9

**2.5. Diseño Carolina del Norte I** ..... 10

**2.6. Componentes de Varianza** ..... 11

**2.6.1. Aptitud Combinatoria General (ACG)** ..... 11

**2.7. Heredabilidad** ..... 12

**2.8. AMMI Componentes Principales** ..... 13

**2.9. Índice de Selección** ..... 14

**III. MATERIALES Y MÉTODOS** ..... 17
**3.1. Ubicación del Experimento** ..... 17
**3.2. Material Genético** ..... 17
**3.3. Instalación del Experimento** ..... 18
**3.4. Manejo Agronómico** ..... 18
**3.4.1. Fertilización** ..... 18
**3.4.2. Riegos** ..... 19
**3.4.3. Control de malezas** ..... 19
**3.4.4. Control de plagas** ..... 19
**3.5. Variables Agronómicas Evaluadas** ..... 19
**3.5.1. Floración Macho (FM)** ..... 19
**3.5.2. Floración Hembra (FH)** ..... 20
**3.5.3. Altura de Planta (APTA)** ..... 20
**3.5.4. Altura de Mazorca (AMZCA)** ..... 20
**3.5.5. Acame de Raíz (AR)** ..... 20
**3.6. Diseño Experimental Utilizado** ..... 22
**3.7. Modelo lineal para del Análisis Genético** ..... 23
**3.8. Estimación de Esperanzas de Cuadrados Medios para el Diseño Carolina del Norte I.** ..... 24
**3.9. Estimación de Componentes de Varianza** ..... 24
**3.10. Estimación de Heredabilidad** ..... 25
**3.11. Uso del Grafico Biplot Mediante el Modelo AMMI** ..... 26
**3.12. Índice de Selección** ..... 28
**IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN** ..... 29
**4.1. Análisis de varianza** ..... 29

**4.2. Componentes Genéticos y Varianza** ..... 32

**4.3. Heredabilidad de Caracteres**..... 33

**4.4. Selección de familias**..... 34

**V. CONCLUSIÓN**..... 40

**VI. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS** ..... 41

## ÍNDICE DE CUADROS


| Cuadro | Descripción | Página |
|---|---|---|
| **3.1** | Localización geográfica y condiciones climáticas del ambiente de evaluación…….. | **16** |
| **3.2** | Esperanzas de cuadrados medios del diseño genético Carolina del Norte I…….. | **23** |
| **4.1** | Cuadrados medios del análisis de varianza de 11 variables agronómicas, evaluadas durante la primavera-verano del 2021, en la población de maíz enana……... | **30** |
| **4.2** | Componentes genéticos, varianza y heredabilidad de la población de maíz enano…… | **32** |
| **4.3** | Variables y sus respectiva heredabilidad elegidas para construir el índice de selección para la población en estudio…… | **36** |
| **4.4** | Selección de 15 estructuras familiares de hermanos completos superiores de la población de maíz enano…….... | **37** |
| **4.5** | Selección de 10 machos superiores con base al comportamiento de la progenie de medios hermanos paternos para 11 variables agronómicas……. | **38** |

## ÍNDICE DE FIGURAS


| Figura | Descripción | Página |
|---|---|---|
| **4.1** | Gráfico Biplot y agrupamiento natural de 11 variables agronómicas evaluadas en la población de maíz enano..... | **35** |

## RESUMEN

Para realizar la caracterización genética de una población de maíz es indispensable establecer un diseño genético que permita estimar diferentes parámetros relacionados con la acción génica. Entre estos parámetros se encuentran la heredabilidad ($h^2$), la varianza aditiva ($\sigma^2A$), la varianza de dominancia ($\sigma^2D$), la varianza fenotípica ($\sigma^2P$), la varianza atribuible a machos ($\sigma^2M$) y la varianza de hembras dentro de machos ($\sigma^2H(M)$). El presente trabajo tuvo como finalidad estimar los componentes de la varianza genética y la heredabilidad de la población evaluada, con el propósito de identificar las 15 mejores estructuras familiares y los machos participantes, considerando su comportamiento agronómico. Esta selección permitió establecer las bases para la reconstitución genética de una nueva población y, a su vez, contribuir con alelos favorables al programa de mejoramiento genético de maíces de porte bajo, con potencial para ser utilizados en procesos posteriores de mejoramiento.

El experimento se estableció durante el ciclo primavera-verano (P-V) 2021, utilizando un diseño de bloques al azar con arreglo *Alpha-lattice*, con la finalidad de mejorar la precisión experimental y obtener información confiable respecto a la homogeneidad de los datos. La unidad experimental estuvo constituida por un surco de 3 m de longitud, con una distancia de 0.75 m entre surcos, durante el ciclo agrícola primavera-verano (P-V) 2021.

El análisis de varianza mostró diferencias altamente significativas ($p \leq 0.01$) para los componentes de varianza aditiva ($\sigma^2A$) y de dominancia ($\sigma^2D$). La varianza aditiva presentó valores superiores a la varianza de dominancia en las variables Floración Macho (FM), Floración Hembra (FH), Altura de Planta (APTA), Altura de Mazorca (AMZCA), Acame de Raíz (AR), Mala Cobertura (MC) y Rendimiento (REND), entre las 11 variables agronómicas evaluadas.

Los valores de heredabilidad ($h^2$) estimados mediante el diseño genético fueron altos para las variables Floración Macho (FM), Floración Hembra (FH), Altura de Planta (APTA), Altura de Mazorca (AMZCA), Mala Cobertura (MC), Calificación de

Mazorca (CMZCA) y Rendimiento (REND). En contraste, las cuatro variables restantes presentaron valores de heredabilidad bajos.

El análisis mediante el gráfico Biplot permitió identificar y establecer agrupamientos entre las variables evaluadas, facilitando la interpretación de las relaciones existentes entre los caracteres estudiados, asimismo, fue posible identificar tres agrupamientos principales relacionados con características de rendimiento, sanidad y precocidad, lo que facilitó la interpretación conjunta del comportamiento de los caracteres estudiados.

La selección de las estructuras familiares pertenecientes a la población evaluada se realizó mediante el empleo de la herramienta estadística IS, disponible en el programa SAS (*Statistical Analysis System* 9.0). De las 11 variables evaluadas se seleccionaron tres caracteres considerados representativos: Calificación de Mazorca, Floración Hembra y Mala Cobertura. A partir de estos criterios se identificaron las 15 estructuras familiares con los valores superiores, correspondientes a los números 90, 112, 118, 53, 123, 86, 57, 38, 111, 41, 128, 206, 69, 85 y 154. Los machos que participaron como progenitores en dichas estructuras familiares fueron los números 18, 16, 8, 11, 23, 24, 25, 31, 9 y 14.

En conclusión, el estudio permitió estimar los principales componentes de la variación genética de la población y establecer criterios de selección para identificar los individuos y estructuras familiares de mayor interés agronómico. Los resultados proporcionaron información útil para la reconstitución genética de una nueva población y para la incorporación de alelos favorables al programa de mejoramiento de maíces de porte bajo. Asimismo, los machos seleccionados podrán emplearse en la derivación de líneas y en la formación de nuevas poblaciones destinadas a futuros procesos de mejoramiento genético.

**Palabras clave:** Braquítico, respuesta a la selección, gen br2.

# I. INTRODUCCIÓN

En el mejoramiento genético del maíz, tanto mediante la formación de híbridos como a través del mejoramiento poblacional, se implementan diversas metodologías y estrategias de selección orientadas a incrementar el progreso genético durante cada ciclo de selección. El objetivo principal de este proceso es incrementar el rendimiento de grano por unidad de superficie, el carácter de mayor interés para el mejorador. Este incremento beneficia directamente la economía de los productores y contribuye a satisfacer la demanda nacional de este cereal.

Una estrategia eficaz en el mejoramiento genético de maíz es la selección recurrente o mejoramiento poblacional. Este método somete a la población a ciclos continuos de selección para aumentar progresivamente la frecuencia de alelos favorables, optimizando así la capacidad genética de los materiales en función de los objetivos del mejorador.

Como premisa, el fitomejorador debe analizar continuamente el comportamiento genético de las poblaciones. Este conocimiento le permite predecir y diseñar estrategias eficaces para identificar progenitores con buena aptitud combinatoria, facilitando así la reconstitución poblacional o la derivación de líneas élite para la formación y enriquecimiento de grupos heteróticos en el mejoramiento aplicado.

Como apoyo a los programas de selección recurrente, se emplean diversos diseños genéticos, entre los que destaca el Diseño Carolina del Norte I. Esta metodología consiste en cruzar individuos machos con diferentes hembras para explorar la estructura genética de la población y estimar sus componentes de varianza y heredabilidad. Así, la selección de los mejores genotipos incrementa la frecuencia de alelos favorables y reduce la carga genética indeseable.

Dentro de este marco, el programa de mejoramiento genético del Instituto Mexicano del Maíz (IMM), perteneciente a la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN), ha fortalecido sus actividades a través de la investigación, la conservación y ampliación del germoplasma, así como mediante la generación de materiales genéticos con características de adaptación a diferentes condiciones y necesidades productivas. La presente investigación se encuentra enfocada en el denominado "Sector C", conformado por productores que utilizan variedades mejoradas y materiales de tipo sintético para el establecimiento de sus cultivos.

De igual manera, el presente estudio tiene como propósito estimar los componentes de la variación genética y los valores de heredabilidad de la población de maíz de porte enano "VEAN-Mezcalito", mediante la aplicación del Diseño Carolina del Norte I. La mejora continua de este material es de alto interés para el Bajío mexicano, ya que permite a los agricultores obtener rendimientos competitivos frente a los híbridos sin incurrir en costos adicionales por la compra recurrente de semilla.

## 1.1. Objetivos

- Estimar los componentes de varianza genética y la heredabilidad de 11 variables agronómicas en la población de maíz enano.

- Identificar, mediante el Diseño Carolina del Norte I, las 15 familias de hermanos completos superiores en rendimiento, precocidad, calidad, porte y sanidad.

- Seleccionar los 10 genotipos de mayor valor genético a partir del desempeño promedio de las familias a las que pertenecen.

## 1.2. Hipótesis

- La aplicación del Diseño Genético Carolina del Norte I permitirá estimar de manera confiable los componentes de varianza y heredabilidad, definiendo así la estrategia de mejoramiento más adecuada para la población de maíz enano

- La evaluación poblacional permitirá identificar al menos 15 familias con atributos agronómicos superiores para la siguiente generación de recombinación, garantizando un avance genético significativo en la población en estudio.

- El promedio de desempeño de las familias servirá como criterio eficaz para seleccionar 10 genotipos superiores con base en su valor genético.

# II. REVISIÓN DE LITERATURA

## 2.1. Maíz Enano

Hernández y De León, (2021) mencionaron que, el uso de poblaciones de maíz de porte enano son una alternativa para aumentar la producción agrícola por las características morfológicas que este tipo de poblaciones poseen, principalmente permiten un mayor acomodo de plantas por hectárea en comparación con las poblaciones de porte normal, además de una nula reducción del tamaño de la mazorca, Un mayor aprovechamiento de la energía solar debido a la disposición vertical de sus hojas, mayor tolerancia a factores limitantes de sanidad como lo son; acames de tallo y raíz, además de un extenso sistema radicular.

Por otro lado, Cassani *et al*., (2011), mencionaron que, con la presencia del gen braquítico en maíz, la arquitectura de las hojas se presentan más erectas y obscuras y por lo tanto poseen la característica de que persisten verdes durante más tiempo y a medida que se acerca la madurez, este carácter se hace más pronunciado; a este fenómeno se le conoce como “Stay Green”, esta característica se asocia típicamente con mayor rendimiento y mejor resistencia al estrés debido a altos niveles de nitrógeno que prolongan el verdor.

Zhang *et al.,* (2019), indicaron que, el gen br2 tiene una regulación única en cuanto al desarrollo de la altura de la planta. En ese sentido, el gen de enanismo br2 se consideró ideal para acortar la altura del maíz debido a su singular fenotipo que consta de entrenudos inferiores más cortos pero entrenudos superiores casi normales (Multani, *et al.,* 2003; Xing, *et al.,* 2015).

Para evitar el alongamiento de las plantas como el maíz, se ha hecho una selección en este cereal para estaturas bajas a moderadas en la mayoría de los programas de mejoramiento modernos. El aumento en el rendimiento del maíz por unidad de superficie se ha debido principalmente al aumento en el acomodo de plantas por hectárea, esto es debido a la implementación de variedades con estatura moderadamente baja (Duvick, 2005).

Balzan *et al.,* (2018), mencionaron que, el crecimiento del tallo puede tener competencia con el de las hojas, pero en gran medida estas determinan la capacidad de las plantas para competir por la luz. El tamaño del tallo también está estrechamente relacionado con la resistencia de la planta al acamado, el cual es un factor importante que influye en el rendimiento. Debido a la importancia del maíz como uno de los principales cultivos a nivel mundial, se han identificado y aislado diversos mutantes con características de porte enano.

## 2.2. Variedades Sintéticas

Sahagún y Clemente (2012), definieron a las variedades sintéticas como variedades de polinización libre obtenidas mediante métodos de mejora genética, formadas a partir de cruzamientos de progenitores endogámicos, posteriormente cruzas simples y dobles. Los sintéticos de maíz representan una alternativa al uso de híbridos comerciales debido al elevado costo de la semilla híbrida. A diferencia de los híbridos, la semilla cosechada de una variedad sintética puede conservarse y utilizarse en ciclos posteriores, manteniendo las características generales de la población.

Los mismos autores realizaron un estudio donde generaron información que contribuyera a determinar el origen y magnitud de la diferencia que hay entre la variedad sintética derivada con *L* líneas en relación con las variedades sintéticas cuyos progenitores son *L*/2 cruzas simples o *L*/4 dobles formadas en ambos casos, con la participación de todas las líneas y se encontró que la variedad sintética producida por el apareamiento aleatorio de *L* líneas no emparentadas cuyo coeficiente de endogamia (CE) es $F_{L,}$ y son representadas por sendos conjuntos de

plantas, tiene un CE ($FSin_L$) que nunca es mayor que el de la variedad sintética derivada del apareamiento aleatorio de *L*/2 cruzas simples ($FSin_{CS}$) o *L*/4 cruzas dobles ($FSin_{CD}$) generadas con las mismas *L* líneas. Por lo tanto, las diferencias entre las variedades sintéticas se deben a que cada conjunto de cuatro líneas iniciales aporta al arreglo genotípico de la variedad sintética un número más mayor de genes que no son idénticos por descendencia en la medida de que menos líneas integren cada tipo de progenitor es lo que hace que las variedades sintéticas puedan diferir.

Márquez (2013), mencionó que, las variedades sintéticas son una alternativa para los agricultores de baja inversión, dado que el costo de semilla híbrida representa en ocasiones el 15 % del total de los costos de producción y los agricultores no pueden costear ese tipo de semilla, es por ello por lo que prefieren sembrar poblaciones de las cuales ellos puedan obtener semilla año con año.

### 2.3. Selección Recurrente

Ramya *et al.,* (2016) definen la selección recurrente como un proceso cíclico de selección y recombinación de individuos sobresalientes, cuyo objetivo es acumular alelos favorables, mantener la variabilidad genética y promover el progreso genético a través de sucesivos ciclos de selección.

La selección recurrente se basa en el aumento de la capacidad genética de la misma población al identificar progenitores élites para la siguiente generación y producir una variedad mejorada, por lo tanto, la descendencia muestra los valores de reproducción estimados al utilizar ampliamente para maximizar la respuesta a la selección, esto se debe a que los valores de reproducción estimados para él progenitor puede predecir el fenotipo medio de su descendencia (Bijma *et al*., 2020).

La selección recurrente es una estrategia eficaz para el mejoramiento de caracteres de baja heredabilidad, ya que permite aumentar la media poblacional sin reducir considerablemente la variabilidad genética, facilitando así la selección continua durante los sucesivos ciclos de mejoramiento. Además, se caracteriza por ser de fácil aplicación en plantas alógamas como el cultivo de maíz y difícil en autógamas,

con la finalidad de cumplir con los objetivos a largo plazo al completar con los ciclos de selección requeridos, que posteriormente el producto obtenido será una variedad mejorada de polinización libre (Márquez, 1985; Hallauer *et al.*, 2010).

Vieira *et al*., (2021), Señalaron que el éxito de un programa de selección recurrente depende, en gran medida, de la conservación de la variabilidad genética de la población durante los sucesivos ciclos de selección. Y usar el número ideal de progenies que permitan muestrear eficientemente los parámetros genéticos al reflejar estimaciones precisas sobre su potencial genético.

En selección recurrente la utilización de un número ideal de repeticiones y progenies optimiza la efectividad en el mejoramiento de la población, en ese sentido el número de repeticiones y progenies no deben ser tan grandes para evitar la instalación del experimento sea inviable en términos de ejecución, tiempo y costo. Sin embargo, tampoco debe de ser tan pequeño para impedir que la representación de la variabilidad genética de la población esté incompleta y disminuya la precisión experimental (Cargnelutti Filho *et al.,* 2018).

En un estudio realizado por Hallauer y Carena (2012), introdujeron un esquema de selección recurrente para aumentar la frecuencia de alelos favorables para caracteres poligénicos. Los programas dentro de la población incluyeron la evaluación de estructuras familiares de medios hermanos, hermanos completos, progenies $S_1$ y $S_2$. Los programas de selección se restringieron a las estructuras familiares de medios hermanos y hermanos completos, por lo tanto, obtuvieron que el rendimiento de grano, humedad a la cosecha, acame de raíz y tallo fueron los caracteres principales que se consideraron en la selección para formar la población del siguiente ciclo.

### 2.3.1. Selección Recurrente de Familias de Hermanos Completos

En un trabajo realizado por Coutiño *et al*., (2008) encontraron que el esquema de selección recurrente de familias de hermanos completos se ha usado exitosamente para otras características además de rendimiento de grano; por ejemplo, reducción de alturas de planta y mazorca, tamaño de espiga, precocidad y tolerancia a sequía.

Así mismo, mencionaron que la utilización de estructuras familiares de medios hermanos consiste en el acomodo para cruzamiento de plantas utilizadas como macho, los cuales serán cruzadas con varias hembras lo que nos genera familias de hermanos completos, esto nos permite conocer el potencial genético de los machos con base a la media del potencial de la progenie de las hembras con las que fue cruzado.

Márquez y Sahagún (2000), mencionaron que, en las familias de hermanos completos con relación a los diseños I y II de Carolina del Norte, los machos se cruzan con varias hembras, por lo tanto, una familia de medios hermanos en estos diseños está formada por varias de hermanos completos, al compartir un macho común. En ese sentido los autores describen que el método de hermanos completos consiste en:

- La obtención de las familias de hermanos completos, al cruzar plantas manualmente. Posteriormente las semillas obtenidas de cada cruzamiento se colocan en una bolsa y constituyen una familia.
- La evaluación de las familias de hermanos completos en ensayos de rendimiento. Se usa una presión de selección del 10-20 % o al criterio del mejorador, se escogen las mejores familias.
- La recombinación de las mejores familias al utilizar semilla del remanente.

### 2.3.2. Selección Recurrente de familias de Medios Hermanos

Kaleem *et al*., (2013), mencionaron que, el mejoramiento de las poblaciones a través de selección recurrente por selección de familias de medios hermanos es un tipo de método utilizado para la mejora intra poblacional que implica la evaluación del comportamiento de las familias de medios hermanos lo que provee una prueba de progenie de los individuos y esto servirá como criterio de selección y posterior mejorar la población.

Por otro lado, Sohail *et al*., (2019), describieron que, el uso de estructuras familiares de medios hermanos en el mejoramiento poblacional es efectivo para este tipo de mejoramiento, donde la unidad de recombinación son las semillas remanentes auto

fecundadas ($S_{0:1}$) de los individuos que son progenitores de las estructuras familiares seleccionadas con base a su comportamiento.

Al respecto Eyhéreabide (2015), mencionó que, las plantas utilizadas como polinizadoras son donadoras de polen a varias hembras para obtener las familias de medios hermanos entre sí, dichas plantas donadoras son a su vez auto fecundadas y la semilla se deberá mantener en reserva para la etapa de recombinación de las mejores familias.

### 2.4. Diseños Genéticos

Para el mejoramiento de plantas existen varios diseños genéticos o de apareamiento que los fitomejoradores o genetistas utilizan para aumentar la capacidad genética y así obtener mejoras. La selección de progenitores machos y un diseño de apareamiento adecuado son la clave para exitosos esquemas de fitomejoramiento (Khan *et al*., 2009).

En cambio, Acquaah (2012), mencionó que, para la utilización de los diseños de apareamiento o diseños genéticos es necesario tomar en cuenta varios factores los cuales son necesarios de conocer y la elección del diseño no sea errónea. Los factores que influyen en la elección de un diseño de apareamiento son: 1) el tipo de polinización de la planta que se va a someter (auto o polinización cruzada); 2) tipo de cruza que se empleará (artificial o natural); 3) tipo de diseminación del polen (entomófila o anemófila); 4) la presencia de un sistema de esterilidad masculina; 5) el propósito del proyecto (por estudios genético o de cría) y 6) el tamaño de la población requerida.

Sin embargo Fristche *et al*., (2018), indicaron que, los diseños de apareamiento se emplean para cuatro objetivos principales, 1) proporcionar información sobre el control genético del rasgo o característica bajo investigación; 2) generar descendencia de una población que se utilizará como base para la selección y desarrollo de variedades mejoradas; 3) proporcionar estimaciones de ganancia genética obtenida; y 4) proporcionar información sobre los progenitores utilizados

en el programa de mejoramiento y evaluarlos con base a las habilidades de combinaciones generales (ACG) y específicas (ACE).

### 2.5. Diseño Carolina del Norte I

En particular, Fasahat *et al*., (2016), revelaron que, los diseños de Carolina del Norte se pueden definir de una manera simple como una clase de diseños o esquemas de apareamiento factorial donde ciertos grupos de progenitores son usados como machos y otros de hembras para su participación en los cruzamientos. Los diseños son útiles para estudiar, combinar la capacidad en experimentos de modelo fijo y acción génica y cuando es aleatorio se aplican los modelos propuestos por (Comstock y Robinson,1952) que constan de tres tipos de diseños de Carolina del Norte que son una forma de diseño de apareamiento biparental. Por ello, en los diseños de Carolina del Norte cuanto mayor sea el tamaño o el número de líneas mayor es la precisión de las estimaciones genéticas obtenidas a partir de los datos.

Ahora bien, Acquaah (2012), mencionó que, el Diseño de Carolina del Norte I se utiliza comúnmente para estimar varianza aditiva y de dominancia, así como para evaluar la selección recurrente se requiere suficiente semilla para ensayos de evaluación repetidos, y por lo tanto no es aplicable y práctico en especies reproductoras que no son capaces de reproducir grandes cantidades de semilla. El diseño I es aplicable para especies alógamas y autógamas que cumplen con los criterios de este. Como un diseño anidado cada miembro de un grupo de progenitores usados como machos se empareja con un grupo diferente usado como hembras.

Por otro lado, Muthoni y Shimelis (2020), indicaron que, en el diseño Carolina del Norte I las hembras deben ser polinizadas por un macho específico y los materiales de prueba en este diseño se originan del apareamiento de ambos materiales. Por lo cual las progenies derivadas de los cruzamientos constituyen el material para evaluación y experimentación futura.

En ese sentido en este diseño las progenies incluyen tanto hermanos completos como medios hermanos y cada conjunto de familias con el mismo padre en común

constituye un grupo familiar de medios hermanos, por lo tanto, para los conjuntos familiares que comparten ambos padres constituyen un conjunto familiar de hermanos completos (Kearsey y Pooni, 1996; Hallauer et al, 2010).

### 2.6. Componentes de Varianza

De acuerdo con Hallauer *et al*., (2010) la estimación de estos parametros en poblaciones de amplia base genética proporciona al fitomejorador información sobre su composición genética. Como consecuencia de la amplia base genética el mejorador puede seleccionar y ejecutar metodologías de mejoramiento adecuadas a la población en estudio en función a la información genética obtenida. Con el fin de conocer los componentes de varianza y el ambiente, las progenies desarrolladas a partir del diseño de apareamiento deben evaluarse bajo un diseño experimental apropiado. A partir de los datos obtenidos por el análisis de varianza en los diseños experimentales, las respuestas obtenidas se expresan en términos de los componentes de varianza y se realizan las traducciones apropiadas con base al diseño de apareamiento utilizado.

Finalmente, Sravanti *et al*., (2017), sugirieron que, las estimaciones de los componentes y parámetros genéticos como lo son las varianzas, coeficientes de variación, heredabilidad, habilidades combinatorias y correlaciones ambientales, permiten conocer la magnitud de la variabilidad genética existente en la población y las respectivas ganancias genéticas en el proceso de selección al realizar un análisis crítico en el germoplasma. Las estimaciones son un requisito previo para iniciar cualquier programa de mejoramiento de cultivos, así como para adoptar una selección apropiada de metodologías en el avance genético que se espera obtener.

#### 2.6.1. Aptitud Combinatoria General (ACG)

De acuerdo a Luna *et al*., (2013), aludieron que, el aumento de la capacidad genética en un programa de mejoramiento está en función de la comprensión de la acción génica que controla las características de interés agronómico y la aptitud combinatoria general de los progenitores a utilizar, esto permite aumentar la

respuesta a la selección al elegir aquellos progenitores con un comportamiento promedio sobresaliente o superior al esperado.

Así mismo, Fasahat *et al*., (2016), señalaron que, desde que se introdujo la aptitud combinatoria general (ACG), está ha sido usada ampliamente en el fitomejoramiento para comprobar el potencial de líneas al combinarse con otras, además con la ACG se tiene la capacidad de predecir combinaciones óptimas de genotipos para diferentes caracteres basándose en diferentes datos genéticos moleculares, así apoyar en gran medida la eficiencia de los programas de fitomejoramiento.

Los mismos autores mencionaron que con el avance que ha tenido la genética biométrica han sido sugeridas distintas técnicas para la estimación de la ACG al resaltar como más eficientes las técnicas siguientes: Diseño dialélico sugerido por (Griffing, 1956), Línea por probador sugerida por (Kempthorne & Curnow, 1961) y los tres Diseños de Carolina del Norte por (Comstock y Robinson, 1952).

Del mismo modo Rocha *et al*., (2019), citaron que, las estimaciones de ACG indican una mayor concentración de genes que son aditivos, además que en estimaciones altas o bajas muestran que los progenitores han dado algo a la progenie.

### 2.7. Heredabilidad

Los autores Laghari *et al*., (2010), alaudieron que, la heredabilidad es una medida atribuible al fenotipo como consecuencia de la carga genética y su función en el fitomejoramiento es que el mejorador se apoya en esta para saber cómo orientar el programa. La heredabilidad proporciona información sobre hasta qué punto una característica de interés puede ser transmitida a las siguientes generaciones, por este motivo es que la heredabilidad influye en la elección de las metodologías de mejoramiento o selección a utilizar por el mejorador para mejorar el carácter en la población de estudio.

La heredabilidad se define como la proporción de variación fenotípica entre los individuos que componen una población que se debe a efectos genéticos

hereditarios; también conocida como la heredabilidad en sentido amplio. De manera similar la heredabilidad en sentido estricto se define como la proporción de la variación fenotípica atribuible al genotipo, que comprende los efectos aditivos, dominancia y epistáticos. A menudo se calcula como una medida de presión de los ensayos con el fin de calcular la respuesta a la selección. Generalmente la heredabilidad se estima sobre la base de la entrada media, como consecuencia de que el fenotipo es un valor agregado, ya que los genotipos se replican en los ensayos (Schmidt *et al.,* 2019).

Además, las estimaciones de heredabilidad ayudan a hacer eficiente la selección de genotipos superiores en diversas poblaciones genéticas. De manera similar, el avance genético permite medir la cantidad de progreso que podría esperarse con la selección de un carácter. La alta heredabilidad, junto con un alto avance genético, indica que se podría mejorar un carácter mediante una simple selección (Tefera *et al*,. 2017).

### 2.8. AMMI Componentes Principales

Ahora bien, Raj *et al*., (2020), sugirieron que, en el método AMMI el objetivo para los materiales es la estrategia de adaptación del modelo donde se centran las respuestas de un conjunto de variables evaluadas, las cuales nos ayudan a tener indicios de cual o cuales materiales en evaluación son los que se van a trabajar en el mejoramiento futuro del cultivo.

Por otro lado, el análisis biplot genotipo por carácter es una herramienta muy eficiente para estudiar las correlaciones entre las variables, evaluar los genotipos en función de varias características y así identificar aquellos genotipos o materiales que son superiores en características de interés (Yan y Kang, 2002).

En un estudio por Kose *et al*., (2018) utilizaron un análisis de regresión múltiple, ruta, componente principal y un conglomerado para investigar las relaciones que existen entre el rendimiento de aceite y algunos componentes de rendimiento en cártamo y encontraron cuales son los caracteres que afectan el rendimiento de

aceite, lo cual es importante para determinar los criterios de selección en el fitomejoramiento.

En concordancia los análisis multivariados que tiene mayor eficacia para la identificación de los caracteres secundarios son el análisis biplot basado en el análisis de componentes principales (Anshori *et al*., 2019).

### 2.9. Índice de Selección

El índice de selección es un método efectivo y su eficacia es equivalente al peso o valor que se le asigna a cada carácter. Para la determinación del índice de selección se puede hacer por medio de un análisis multivariado que se usa para interpretar y simplificar los datos que contienen un gran número de variables (Mattijik y Sumertajaya, 2011).

Al respecto Mohammadi *et al*., (2010), señalaron que, comprender las relaciones existentes entre el rendimiento y los diferentes caracteres que contribuyen a su expresión puede favorecer la eficiencia de los programas de mejoramiento genético, al permitir una aplicación más adecuada de los índices de selección.

En cambio, Milligan *et al*., (2003), Señalaron que, en los programas de mejoramiento genético de maíz, la implementación de metodologías de selección permite identificar las variables agronómicas más relevantes para su incorporación en un proceso de selección simultánea orientado a incrementar la producción. Por lo general, las variables consideradas en un índice de selección deben presentar una heredabilidad superior a la del rendimiento per se y mantener una correlación significativa con este.

Por ejemplo, Sabouri *et al*., (2008), estudiaron los índices de selección con la finalidad de incrementar el rendimiento del grano de arroz, apoyándose de las heredabilidades de las variables; número de panojas por planta, altura de planta, días a espigado y exserción de panoja tuvieron mayor valor que el rendimiento de grano. Los índices de selección se construyeron al usar los resultados del análisis multivariante, posteriormente para evaluar las estrategias de selección para

maximizar el rendimiento de grano, se calcularon 14 índices de selección basados en dos métodos (óptimo y base) y combinaciones de 12 rasgos con varios pesos económicos. Los resultados de los índices de selección mostraron que la selección por peso de grano, número de panojas por planta y longitud de la panoja al utilizar sus efectos fenotípicos y/o genotípicos directos (coeficiente de trayectoria) como pesos económicos debería servir como un criterio de selección efectivo para usar el valor óptimo o base.

En otro estudio realizado por Lalic *et al*., (2010), mencionaron que, el índice de sección evita los inconvenientes de seleccionar a un solo rasgo, esto porque particularmente hay relaciones indeseables en las características y presenta molestias en el trabajo que realizan los mejoradores, en función de esto el índice de selección tiene el objetivo de mejorar simultáneamente varias características al mismo tiempo, incluido el rendimiento en grano.

El uso de índices de selección es apropiado porque la fuerza estadística supera la correlación negativa entre caracteres agronómicos y permite la selección en conjunto para variables específicas que se desean mejorar. Los índices de selección son técnicas multivariadas que combinan información de distintos caracteres de interés agronómico, con esta herramienta de selección se determinan los valores numéricos que funcionan como carácter teórico adicional y se relaciona con la combinación de los otros caracteres particulares definidos por el mejorador que debe mantenerlos bajo selección simultánea (Santos *et al*., 2007).

# III. MATERIALES Y MÉTODOS

## 3.1. Ubicación del Experimento

El estudio se realizó en las instalaciones de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, particularmente en el campo experimental del Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario Enrique Castro Gil”. (Bajío) con coordenadas: 25°21′36.97″ N, 101°02′25.81″ W (Cuadro 3.1).

**Cuadro 3.1.** Localización geográfica y condiciones climáticas del ambiente de evaluación.

| Año | Localidad | Coordenadas geográficas | | |
|---|---|---|---|---|
| | | Latitud | Longitud | Altitud |
| 2021 | Bajío UAAAN | 25°21′36.97″ Norte | 101°02´25.81″ Oeste | 1730 m.s.n.m. |
| Descripción climática: | | | | |
| Temperatura media anual | | 19.8 °C | | |
| Precipitación media anual | | 350 a 400 mm | | |
| Tipo de clima | | BW hw (x´´) (e) | | |

## 3.2. Material Genético

El material genético empleado estuvo integrado por 225 estructuras familiares de Hermanos Completos, derivadas de una población de maíz de porte enano, además de cuatro genotipos considerados como testigos.

Durante el ciclo agrícola primavera-verano (P-V) 2020 se realizaron los cruzamientos necesarios para obtener las 225 estructuras familiares empleadas en el presente experimento. Para su formación se utilizaron 45 plantas como progenitores masculinos, cuya función fue proporcionar el polen para efectuar los cruzamientos. Cada macho se cruzó con cinco plantas hembras, dando como resultado un total de 225 familias de Hermanos Completos. Estas familias

constituyeron el material genético utilizado para el establecimiento y desarrollo de la evaluación en campo correspondiente a la presente investigación.

Con base a la información anterior, los 45 machos y sus respectivas 5 hembras de cada uno, fueron tomados de una población enana de maíz de nombre “VEAN Mezcalito” perteneciente al programa de mejoramiento del Instituto Mexicano del Maíz “Dr. Mario Enrique Castro Gil” de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro.

En el ciclo P-V del 2021, se establecieron en campo las 225 estructuras familiares, lo cual permite estimar y estudiar los efectos y varianzas genéticas que se presenten, a fin de obtener estimaciones de heredabilidad y otros efectos genéticos. El establecimiento se realizó con el fin de evaluar bajo ensayos uniformes de rendimiento las estructuras familiares atendiendo la fase de evaluación en el ciclo de selección recurrente.

### 3.3. Instalación del Experimento

La siembra del experimento se realizó manualmente el 4 de mayo de 2021, depositando dos semillas por golpe. Posterior a la emergencia de las plántulas, se efectuó un raleo o aclareo para ajustar la población a la densidad requerida de 8 plantas por metro lineal.

La unidad experimental estuvo constituida por una parcela de un solo surco, asignándose un surco a cada estructura familiar y a cada uno de los genotipos utilizados como testigos. Cada surco presentó una longitud de 3 m y una distancia de 0.75 m entre parcelas. La densidad de siembra establecida fue de aproximadamente 106,400 plantas por hectárea.

### 3.4. Manejo Agronómico

El manejo agronómico del experimento se llevó a cabo de manera homogénea para todas las estructuras familiares y los 4 testigos utilizados, el cual consistió en la realización de prácticas culturales como fertilización, riego, control de malezas, control de plagas; todo esto de acuerdo con los requerimientos del cultivo y al lugar de evaluación.

### 3.4.1. Fertilización

Se llevó a cabo manualmente para todas las parcelas de evaluación una dosis por hectárea de 210-95-95 kilogramos de Nitrógeno, Fósforo y Potasio. Al momento de la siembra se aplicó la mitad del Nitrógeno y el total de Fosforo y Potasio, en la etapa vegetativa V6 se aplicó el resto del N.

### 3.4.2. Riegos

Fueron aplicados vía riego por cintilla, la frecuencia de cada riego estuvo en función del contenido de humedad del suelo y la apariencia de la planta en función a la falta de agua.

### 3.4.3. Control de malezas

En el ambiente de evaluación se utilizó un herbicida pre-emergente con el nombre comercial de calibre 90 (atrazina), se aplicaron 1.5 kg $ha^{-1}$ diluidos en 200 litros de agua, lo anterior se realizó un día después de la siembra y posteriormente a los 15 días de siembra se aplicó herbicida post-emergente Convey® (Topramezone 29.73% SC) a una dosis de 100 ml $ha^{-1}$ diluido en 200 litros de agua.

### 3.4.4. Control de plagas

En esta evaluación se utilizó el insecticida Proclaim® (Benzonato de Emamectina) para control de lepidópteros en estadios larvales, la aplicación estuvo en función de la incidencia de las larvas y presencia de daño por estas en las plantas.

## 3.5. Variables Agronómicas Evaluadas

Los caracteres agronómicos que se tomaron en cuenta para esta evaluación y que fueron considerados de mayor importancia en la selección de los materiales se mencionan a continuación:

### 3.5.1. Floración Macho (FM)

Es el número de días después de siembra en que tarda la planta en tener presencia de la inflorescencia masculina (espiga), si más del 50% de la parcela presenta espigas entonces se toma el dato.

### 3.5.2. Floración Hembra (FH)

Es el número de días después de siembra en que la planta tarde en tener presencia de inflorescencia femenina (estigmas), si más del 50% de la parcela tiene estigmas entonces se toma el dato.

### 3.5.3. Altura de Planta (APTA)

Se refiriere a la distancia medida en metros que existe desde la base del tallo a al nudo de la hoja bandera. Este dato se tomó a 6 plantas representativas de la parcela cuando la planta haya terminado su crecimiento vertical.

### 3.5.4. Altura de Mazorca (AMZCA)

Se refiere a la distancia medida en metros que existe desde la base del tallo al nudo de la inserción de la mazorca principal. Este dato se tomó a 6 plantas representativas de la parcela junto con la variable (APTA).

### 3.5.5. Acame de Raíz (AR)

Es el número de plantas que presentan un ángulo de inclinación igual o mayor a 30° con respecto a la posición vertical de la planta, el valor se expresó en porcentaje en cada surco por genotipo.

### 3.5.6. Acame de Tallo (AT)

Es el número de plantas que presentaron el tallo totalmente quebrado por debajo de la mazorca principal. De cada parcela se sacó el porcentaje de plantas con acame.

### 3.5.7. Mala Cobertura (MC)

Es el número de mazorcas que tienen una mala cobertura del totomoxtle con respecto al número total de mazorcas, el valor se expresa en porcentaje por cada parcela.

### 3.5.8. Plantas con *Fusarium* (FUS)

Es el número de plantas que se encontraron con muerte prematura, con una apariencia de senescencia muy específica, el valor fue expresado en porcentaje. Con respecto al número total de plantas, esto en cada parcela.

### 3.5.9. Calificación de Planta (CPTA)

Es el valor expresado como calificación que va del 1 al 9 donde se tomó en cuenta el aspecto de: porte, sanidad, vigor, potencial de rendimiento y precocidad.

### 3.5.10. Calificación de Mazorca (CMZCA)

Es la calificación que se da al conjunto de mazorcas por parcela, tomando en cuenta la calidad de la mazorca, en escala que va del 1 al 9.

### 3.5.11. Rendimiento (REND)

Por parcela se tomó el conjunto de mazorcas cosechadas y se tomó una muestra al azar de 250 gr de grano posteriormente se tomó muestra de humedad con un determinador Dickey John. Se calculó el porciento de materia seca por diferencia con el 100 por ciento.

El peso seco se estimó al multiplicar el porciento de materia seca por el peso de campo.

El rendimiento de mazorca se calculó para cada parcela a partir del peso seco, ajustado de acuerdo con el porcentaje de humedad registrado. Posteriormente, el valor obtenido se multiplicó por el factor de conversión (FC) para expresar el rendimiento en toneladas por hectárea (t $ha^{-1}$).

$$FC = \frac{10{,}000m^2}{APU\ x\ 0.845\ x\ 1000}$$

Donde:

APU = Área de Parcela Útil, calculada a partir de la distancia entre surcos, la longitud del surco y el número de plantas establecidas en cada parcela.0.845 = Constante para obtener el rendimiento 15.5 por ciento de humedad.

1000 = Factor de conversión utilizado para expresar el rendimiento en toneladas por hectárea (t $ha^{-1}$).

10,000 $m^2$ = Equivalencia a una hectárea.

### 3.6. Diseño Experimental Utilizado

La evaluación de las 225 estructuras familiares y los cuatro genotipos utilizados como testigos se realizó bajo un diseño experimental de 13 bloques al azar, distribuidos en dos repeticiones y organizados mediante un arreglo Alpha-látice. Este diseño se empleó con la finalidad de favorecer la aleatorización y mantener una mayor homogeneidad en las condiciones experimentales. Debido a que la evaluación se llevó a cabo en una sola localidad, el análisis se efectuó mediante un modelo lineal individual. La unidad experimental estuvo constituida por un surco de 3 m de longitud, con una separación de 0.75 m entre surcos. A cada estructura familiar y genotipo testigo se le asignó un surco, estableciéndose una población de 24 plantas por parcela durante el ciclo agrícola primavera-verano (P-V) 2021.
Estas estructuras familiares se llevaron a campo con la finalidad de observar y evaluar bajo ensayos uniformes de rendimiento, para conocer su comportamiento agronómico y así someterlas al diseño genético Carolina del Norte I.

Modelo lineal del diseño experimental:

$$Y_{jkL} = \mu + R_i + B_{k(i)+} T_j + E_{ijk}$$

Donde:

$Y_{ijk}$ = *Valor observado correspondiente al tratamiento (j) evaluado en la repetición (i) y dentro del bloque (k).*

$\mu$ = Media general de las observaciones obtenidas en el experimento.

$R_i$ = es el efecto de la i-ésima repetición.

$B_{k(i)}$ = = Es el efecto del k-ésimo bloque dentro del i-ésima repetición.

$T_j$ = Es el efecto del i-ésimo tratamiento.

$E_{ijk}$ = Efecto del error aleatorio no controlado asociado con la observación correspondiente.

### 3.7. Modelo lineal para del Análisis Genético

Se efectuó un análisis estadístico individual, debido a que la evaluación experimental se realizó en una única localidad.

$$G_{ijkl} = \mu + R_i + B_{j(i)} + M_k + H_{l(k)} + E_{ijkl}$$

Donde:

$G_{ijkl}$ = Es el valor observado de los Machos (k), de hembras dentro de machos ($H_l(k)$), en la repetición (i), dentro del bloque (j).

μ = es la media general.

$R_i$ = es el efecto de la i-ésima repetición.

$B_{j(i)}$ = es el efecto del j-ésimo bloque dentro de la i-ésima repetición.

$M_k$ = es el efecto del k-ésimo macho.

$H_{l(k)}$ = es el efecto de la l-ésima hembra dentro del k-ésimo macho.

$E_{ijkl}$ = es el efecto del error aleatorio no controlado.

### 3.8. Estimación de Esperanzas de Cuadrados Medios para el Diseño Carolina del Norte I.

**Cuadro 3.2.** Esperanzas de cuadrados medios del diseño genético Carolina del Norte I.

| F.V. | G.L. | C.M. | E.C.M. |
|---|---|---|---|
| R | r-1 | | |
| M | m-1 | $M_3$ | $\sigma^2_e + r\,\sigma^2_{h/m} + rh\,\sigma^2_m$ |
| H(M) | m-(h-1) | $M_2$ | $\sigma^2_e + r\,\sigma^2_{h/m}$ |
| Error | (mh-1) (r-1) | $M_1$ | $\sigma^2_e$ |
| Total | rmh-1 | | |

F.V. = Fuentes de Variación; G.L. = Grados de libertad; C.M.= Cuadrados medios; E.C.M.= Esperanza de cuadrados medios; (R)= Repetición; (M)= Macho; H(M)= hembras dentro de machos.

### 3.9. Estimación de Componentes de Varianza

La estimación de los componentes de varianza se hizo con el programa estadístico SAS (*Statistical Analysis System* 9.0) a través del comando *varcomp*, dicha estimación se hizo para cada variable agronómica al colocar en el modelo del comando la variable evaluada, repeticiones, bloques dentro de repeticiones, machos e influencia de machos dentro de hembras. Al ejecutar la operación se generó un análisis de varianza con sus respetivas varianzas; varianza de machos ($\sigma^2_m$), varianza de hembras dentro de machos ($\sigma^2_{h(m)}$) y varianza del error ($\sigma^2_e$).

La estimación de los componentes de varianza aditiva ($\sigma^2_A$) y la varianza de dominancia ($\sigma^2_D$) se realizó con base a las esperanzas de cuadrados medios del análisis de varianza, así para cada una de las variables, se usó como apoyo el comando varcomp del programa estadístico SAS (*Statistical Analysis* System 9.0).

Los componentes de varianza del diseño se estiman con base a los cuadrados medios de la siguiente forma:

$$\sigma^2_m = (M_3 - M_2)/hr$$

$$\sigma^2_{h(m)} = (M_2 - M_1)/r$$

$$\sigma^2_e = M_1$$

Los componentes de varianza asociados con el diseño experimental se estimaron bajo el supuesto de ausencia de efectos epistáticos. Estos componentes pueden obtenerse al demostrar las relaciones de equivalencia correspondientes, de acuerdo con las siguientes expresiones:

$$\sigma^2_m = CovMH = \tfrac{1}{4}\sigma^2_A$$

$$\sigma^2_{h(m)} = CovHC - CovMH = \tfrac{1}{4}\sigma^2_A + \tfrac{1}{4}\sigma^2_D$$

$$\sigma^2_e = \sigma^2_p - CovHC = \tfrac{1}{2}\sigma^2_A + \tfrac{1}{4}\sigma^2_D + \tfrac{1}{4}\sigma^2_e$$

Los componentes de varianza genética se estimaron mediante las siguientes expresiones:

$$\sigma^2_A = 4\sigma^2_m$$

$$\sigma^2_D = 4(\sigma^2_{h(m)} - \sigma^2_m)$$

### 3.10. Estimación de Heredabilidad

A partir de los componentes de varianza previamente estimados, se calcularon los valores puntuales de la heredabilidad en sentido estricto ($h^2$), definida como la proporción de la varianza fenotípica atribuible a la variación genética de tipo aditivo. La estimación de este parámetro se realizó para cada una de las variables agronómicas evaluadas, utilizando el programa estadístico SAS

(Statistical Analysis System, versión 9.0), mediante la aplicación conjunta de los procedimientos correspondientes a parámetros genéticos y varcomp.

$$h^2 = \frac{\sigma^2{}_A}{\sigma^2{}_F}$$

Varianza Aditiva, $\sigma^2_A = 4\ \sigma^2_M$.

Varianza de Dominancia, $\sigma^2_D = 4\ (\sigma^2_{H(M)} - \sigma^2_M)$.

Varianza Fenotípica, $\sigma^2_f = \sigma^2_m + \sigma^2_{h(m)} + \sigma^2{}_e$

### 3.11. Uso del Grafico Biplot Mediante el Modelo AMMI

Teniendo los datos analizados se prosiguió a identificar y seleccionar las mejores estructuras familiares, además de identificar y seleccionar los mejores machos involucrados en las mejores familias.

Para llevar a cabo este procedimiento, fue necesario expresar los datos en unidades comparables, debido a que las variables agronómicas evaluadas fueron registradas utilizando diferentes unidades de medida, tales como días, kilogramos, centímetros y porcentajes, entre otras. Debido a esta diferencia en las escalas de medición, se realizó la estandarización de los datos correspondientes a las 11 variables agronómicas evaluadas, con el propósito de homogeneizar las unidades y facilitar su posterior análisis estadístico. Para ello, se empleó la siguiente fórmula:

$$Z = \frac{\mathrm{Yi} - \bar{\mathrm{Y}}}{\sigma}$$

Donde:

Z = Valor estandarizado.

Yi = Valor observado.

$\bar{Y}$ = Promedio de Yi;

$\sigma$ = Desviación estándar de la variable en cuestión.

Posteriormente, una vez realizada la estandarización, los datos se organizaron de manera que las variables agronómicas se ubicaran en la primera columna, seguidas por el número correspondiente a cada estructura familiar y, finalmente, por el valor estandarizado de cada observación. Con esta base de datos se efectuó el análisis mediante el comando AMMI Biplot del programa estadístico SAS (Statistical Analysis System, versión 9.0). La aplicación de este procedimiento permitió obtener una representación gráfica de los datos mediante el gráfico Biplot, facilitando la interpretación de las relaciones entre las variables agronómicas y la identificación de sus patrones de agrupamiento natural.

El modelo AMMI (Modelo Aditivo de Efectos Principales e Interacciones Multiplicativas) se presenta de la siguiente manera:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{K=1}^{P} \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$ = Comportamiento del i-ésimo genotipo en la j-ésima variable.

$\mu$ = media general.

$g_i$ = efecto del i-ésimo genotipo.

$e_j$ = efecto de la j-ésima variable.

$P$ = Numero de ejes de componentes principales considerados en el modelo AMMI que van desde que

$k$=1.

$\lambda_k$ = Raíz cuadrada del vector característico del k-ésimo eje del ACP.

$\alpha_{ij}$ = Calificación del ACP para el k-ésimo eje del i-ésimo genotipo.

$Y_{ik}$= Calificación del ACP para el k-ésimo eje de la j-ésima variable.

$\varepsilon_{ij}$ = Error aleatorio de i-ésimo genotipo en la j-ésima variable.

### 3.12. Índice de Selección

Una vez identificadas y visualizadas las variables agronómicas distribuidas en los diferentes grupos, se procedió a emplear la herramienta de índice de selección, con el propósito de identificar las familias con características de mayor interés para el mejoramiento de la población. De las 11 variables agronómicas evaluadas, se seleccionaron inicialmente tres características representativas del conjunto de variables, considerando los principales atributos que se buscaba mejorar en la población: sanidad, precocidad y rendimiento.

La selección de estas variables se realizó considerando criterios que permitieran determinar aquellas con mayor capacidad para representar al conjunto de caracteres evaluados. Entre estos criterios se contempló la asignación de un mayor peso o importancia mediante un valor económico, una correlación favorable con las demás variables y valores elevados de heredabilidad. Con base en estos criterios, las variables seleccionadas se utilizaron como indicadores para orientar el proceso de selección de las mejores estructuras familiares dentro de la población en estudio. Las variables seleccionadas fueron floración femenina (FH), mala cobertura (MC) y calificación de mazorca (CMZCA), las cuales se emplearon como criterios de selección asociados, respectivamente, con las características de precocidad, sanidad y rendimiento. Asimismo, aunque el proceso de selección se centró en estas variables, también se consideraron de manera indirecta características relacionadas con el porte y la calidad de la planta y de la mazorca, favoreciendo la selección de familias que presentaran un comportamiento favorable en estos atributos.

Los índices de selección se construyeron con base a la metodología propuesta por (Barreto *et al*., 1991), donde la ecuación empleada para estimar el índice fue la siguiente:

$$IS= \{[(Yj - Mj)^2 * Ij] + [(Yi - Mi)^2 * Ii] + .....[(Yn - Mn)^2 * In]\}^{1/2}$$

Donde:

IS = Índice de selección.

*Yj...n* = Variable en unidades Z.

*Mj...n* = meta de selección.

*Ij...n* = Intensidad de selección.

Para hacer un uso eficiente de la herramienta de índice de selección, se establecieron metas específicas para cada una de las variables consideradas. Estas metas se expresaron en una escala de −3 a +3, de acuerdo con la dirección y magnitud de la selección deseada respecto a la media de la población. Los valores negativos se asignaron cuando se buscó seleccionar genotipos con valores inferiores a la media poblacional para la variable evaluada; en contraste, los valores positivos correspondieron a la selección de genotipos que presentaron valores superiores a dicha media. Cuando el objetivo fue favorecer genotipos con valores cercanos al promedio de la población, se estableció una meta con valor de cero.

Los valores obtenidos a partir del índice de selección se utilizaron como variable de respuesta para realizar un análisis de varianza (ANOVA), complementado con una prueba de comparación de medias de Tukey, con un nivel de significancia de $p < 0.01$. La selección de las estructuras familiares se realizó considerando aquellas que presentaron los valores más bajos del índice, debido a que estos representan las menores distancias respecto a las metas previamente establecidas. De acuerdo con Barreto *et al.* (1991), los individuos que presentan una menor distancia con respecto al valor objetivo pueden considerarse los de mayor correspondencia con el ideotipo o conjunto de características deseadas para el proceso de selección.

# IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En este apartado, se muestran los análisis estadísticos, la estimación de componentes genéticos y su varianza, la heredabilidad de los caracteres de las familias, así mismo su agrupación de caracteres a través del gráfico Biplot, así como la selección de familias a través de un índice de selección.

## 4.1. Análisis de varianza

En el Cuadro 4.1., se encuentran los cuadrados medios arrojados en el análisis de varianza y sus respetivas significancias para las fuentes de variación en 11 variables evaluadas en la población de estudio.

Para las fuentes de variación repeticiones y bloques dentro de repeticiones se encontraron diferencias altamente significativas ($p \leq 0.01$) en 5 de 11 variables; floración macho (FM), floración hembra (FH), altura de planta (APTA), altura de mazorca (AMZCA) y rendimiento (REND). Esto indica que, tanto repeticiones como bloques tienen diferente comportamiento entre sí; con esta situación, el diseño nos indica que las discrepancias se le pueden atribuir a la heterogeneidad del suelo en sus propiedades físicas y químicas en el acomodo que se les dio a los genotipos. Información similar fue descrita por Gutiérrez *et al*., (2016) donde puntualizan como las diferencias fenotípicas entre genotipos es un gran reto para el mejoramiento genético tradicional; debido, principalmente a la influencia predominante de los factores ambientales sobre la expresión de los caracteres, lo que constituye una limitante para la adecuada identificación de la variación genética. En consecuencia, un mismo genotipo puede presentar diferentes expresiones fenotípicas cuando se desarrolla bajo condiciones ambientales distintas; de manera similar, genotipos diferentes pueden manifestar fenotipos semejantes cuando son evaluados bajo un mismo ambiente.

**Cuadro 4.1.** Cuadrados medios del análisis de varianza de 11 variables agronómicas, evaluadas durante la primavera-verano del 2021, en la población de maíz enana.

| F.V. | G.L. | FM (d) | FH (d) | APTA (m) | AMZCA (m) | AR (%) | AT (%) | MC (%) | FUS (%) | CPTA (1-9) | CMZCA (1-9) | REND t ha$^{-1}$ |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Rep | 1 | 185.70** | 93.31** | 2540.83** | 2507.25** | 11.55 | 0.51 | 201.09 | 3.31 | 0.43 | 0 | 1263.17** |
| Bloq (Rep) | 24 | 13.68** | 11.91** | 484.51** | 261.58** | 2.72 | 12.69 | 44.38 | 17.22* | 1.59 | 2.83** | 11.35** |
| Machos | 44 | 17.55** | 14.27** | 639.88** | 320.10** | 5.78 | 24.35** | 265.44** | 12.02 | 1.39 | 4.57** | 23.52** |
| Hembras (Machos) | 180 | 6.43** | 5.51** | 241.97** | 111.60** | 4.61 | 20.50** | 103.48** | 15.19** | 1.25 | 1.94** | 8.40** |
| Error | 200 | 3.59 | 2.89 | 133.76 | 58.74 | 4.51 | 12.21 | 55.89 | 10.55 | 1.14 | 0.98 | 5.12 |
| Total | 449 | | | | | | | | | | | |
| C.V.(%) | | 2.17 | 1.91 | 7.55 | 9.99 | 22.27 | 32.2 | 30.75 | 29.71 | 24.85 | 22.13 | 16.08 |
| Media | | 87.33 | 89.15 | 153.06 | 76.66 | 9.54 | 10.85 | 24.31 | 10.93 | 4.29 | 4.48 | 14.06 |
| Máximos | | 92.5 | 95 | 189.5 | 100.5 | 18.25 | 33.85 | 57.6 | 21.85 | 6.5 | 8 | 21.77 |
| Mínimos | | 82.5 | 83.5 | 117.5 | 54 | 8.15 | 8.15 | 8.7 | 8.15 | 2 | 1.5 | 8.33 |

*, **=significancia al 0.05, al 0.01 de probabilidad respectivamente; ns=no significativo; F.V.= Fuentes de variación; C.V.=Coeficiente de Variación; E.E. $\bar{x}$ =Error estándar de la media; G.L=Grados de libertad; FM=Floración Macho; FH=Floración Hembra; APTA= Altura de Planta; AMZCA=Altura de mazorca; AR = Acame de raíz; AT= Acame de tallo; MC= Mala cobertura; FUS= Plantas con fusarium; CPTA= Calificación de planta; CMZCA= Calificación de mazorca; REND= Rendimiento.

El ambiente jugó un papel importante en la expresión del potencial genético, tal como se refleja en la significancia, sin embargo, en el C.V. tiene valores aceptables lo que nos indica que hubo homogeneidad de varianza al establecer el experimento, por lo tanto, el estudio podría replicarse y obtener resultados similares.

Se encontraron diferencias altamente significativas (p≤ 0.01), para la fuente de variación de machos (Cuadro 4.1) en las variables floración macho (FM), floración hembra (FH), altura de planta (APTA), altura de mazorca (AMZCA), acame de tallo (AT), mala cobertura (MC), calificación de mazorca (CMZCA) y rendimiento (REND). Esto nos indica que el potencial genético de los machos involucrados en este estudio es variable y estos mostraron una participación genotípica importante y por lo tanto fenotípicamente en la expresión de las estructuras familiares evaluadas en el ambiente donde fueron estudiadas.

En la fuente de variación de hembras (Cuadro 4.1) dentro de machos se encontraron diferencias altamente significativas (p≤ 0.01), para las variables floración macho (FM), floración hembra (FH), altura de planta (AP), altura de mazorca (AMZCA), acame de tallo (AT), mala cobertura (MC), plantas con fusarium (FUS), calificación de mazorca (CMZCA) y rendimiento (REND), por tanto, esta significancia indica que hay variabilidad genética entre hembras y se puede realizar una selección de estructuras familiares superiores en comparación con la media y los testigos, para esta fuente de variación en las variables con alta significancia.

El análisis de cada variable agronómica en lo que respecta a la media de confiabilidad de la población indica que se hizo una estimación confiable ya que al aumentar al doble el valor del error estándar siempre fue menor que los promedios estimados. En el mejoramiento genético de plantas se reconoce la existencia de una amplia variabilidad genética dentro de las poblaciones, por lo que los individuos presentan diferencias entre sí en cuanto a sus características genotípicas y fenotípicas, aunque comparten características en común con sus semejantes. Por lo tanto, es importante en los programas de mejoramiento hacer uso de esa variabilidad para la mejora de una población o inclinarse a la hibridación para la generación de nuevos genotipos.

## 4.2. Componentes Genéticos y Varianza

En el Cuadro 4.2 se presentan los componentes genéticos, varianza, heredabilidad, error estándar de la población en estudio, evaluadas en un ambiente, para 11 variables agronómicas.

**Cuadro 4.2.** Componentes genéticos, varianza y heredabilidad de la población de maíz enano.

| ESTIMADOR | FM (d) | FH (d) | APTA (m) | AMZCA (m) | AR (%) | AT (%) | MC (%) | FUS (%) | CPTA (1-9) | CMZCA (1-9) | REND t ha$^{-1}$ |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| $\sigma^2_M$ | 1.27 | 0.91 | 43.31 | 24.93 | 0.12 | 0.40 | 16.07 | 0.09 | 0.01 | 0.26 | 1.81 |
| $\sigma^2_{H(M)}$ | 1.16 | 1.15 | 56.95 | 26.50 | 0.21 | 4.70 | 26.65 | 2.03 | 0.07 | 0.54 | 1.73 |
| $\sigma^2_E$ | 3.93 | 3.20 | 130.80 | 57.68 | 4.38 | 11.86 | 56.68 | 10.73 | 1.13 | 1.00 | 5.01 |
| $\sigma^2_P$ | 7.10 | 5.92 | 271.61 | 131.91 | 4.66 | 17.36 | 97.38 | 13.40 | 1.27 | 1.98 | 9.34 |
| $h^2$ | 0.72 | 0.62 | 0.64 | 0.76 | 0.11 | 0.09 | 0.66 | 0.03 | 0.03 | 0.53 | 0.78 |
| E.E. $h^2$ | 0.73 | 0.69 | 0.71 | 0.77 | 0.38 | 0.44 | 0.74 | 0.37 | 0.35 | 0.67 | 0.78 |
| $\sigma^2_A$ | 5.09 | 3.64 | 174.15 | 100.23 | 0.49 | 1.61 | 64.23 | 0.36 | 0.04 | 1.05 | 7.28 |
| E.E. $\sigma^2_A$ | 5.21 | 4.07 | 191.89 | 101.40 | 1.76 | 7.68 | 71.64 | 5.00 | 0.44 | 1.32 | 7.24 |
| $\sigma^2_D$ | -0.47 | 0.95 | 52.76 | 5.24 | 0.36 | 17.17 | 42.41 | 7.73 | 0.24 | 1.10 | -0.37 |
| E.E. $\sigma^2_D$ | 6.64 | 5.43 | 253.21 | 127.52 | 3.44 | 14.65 | 94.44 | 10.42 | 0.94 | 1.85 | 9.03 |
| E.E | 4.67 | 3.86 | 171.34 | 80.48 | 4.33 | 12.27 | 54.66 | 11.27 | 1.19 | 1.18 | 5.79 |

$\sigma^2_M$ = Varianza de machos; $\sigma^2_{H(M)}$ =Varianza de hembras dentro de machos; $\sigma^2_A$ =Varianza aditiva; $\sigma^2_D$ = Varianza de dominancia; $\sigma^2_E$ = Varianza del error; $\sigma^2_P$ = Varianza Fenotípica; $h^2$ = Heredabilidad; *E.E.* $\sigma^2_A$ = Error estándar de la varianza aditiva; *E.E.* $\sigma^2_D$ = Error estándar de la varianza de dominancia; *E.E* = Error estándar; *E.E.*$h^2$= Error estándar de la heredabilidad.

La varianza aditiva ($\sigma^2_A$), fue mayor para las variables; Floración Macho (FM), Floración Hembra (FH), Altura de Planta (APTA), Altura de Mazorca (AMZCA), Mala Cobertura (MC), Rendimiento (REND) del total de las variables (cuadro 4.2), lo que nos indica que el valor reproductivo de dichas variables es aceptable, al revelar respuestas positivas en la selección de alelos favorables para el aprovechamiento de estos caracteres dentro de un programa de mejoramiento genético. Resultados similares fueron encontrados por Silva *et al*., (2018), mencionan que, la existencia de varianza aditiva en un programa de selección recurrente es la razón de ser de la selección, ya que se tiene el objetivo de acumular genes favorables para mejorar la población *per se*.

Las variables; Acame de Tallo (AT) y Plantas con *Fusarium* (FUS), mostraron que la varianza de dominancia ($\sigma^2_D$) presentó valores superiores a los correspondientes a la varianza aditiva ($\sigma^2_A$). Lo anterior coincide con lo estudiado por Melendres *et al*., (2018), encontraron estimaciones de varianza aditiva bajas para calificaciones de mazorca y concluyen que, con la ganancia genética obtenida, para el siguiente ciclo de la población existan estimaciones de varianza aditiva más altas.

### 4.3. Heredabilidad de Caracteres

La heredabilidad ($h^2$) que mostró la población bajo el diseño genético en lo general se detectaron valores altos para las variables Floración Macho (FM), Floración Hembra (FH), Altura de Planta (APTA), Altura de Mazorca (AMZCA), Mala Cobertura (MC), Calificación de Mazorca (CMZCA) y Rendimiento (REND), y las cuatro restantes tienen valores bajos (Cuadro 4.2), lo anterior nos indica, que los progenitores de este estudio podrán heredar estos caracteres a su descendencia con valores que oscilan de 0.53 (MC) a 0.78 (REND). Al respecto, Ogunniyan y Olakojo (2014), encontraron que, cuando se hacen estimaciones de heredabilidad alta es indicativo de presencia de genes aditivos en las características y sugieren que habrá una mejora confiable en el ciclo a través de la selección, para lo que asociaron la ganancia genética con la alta heredabilidad.

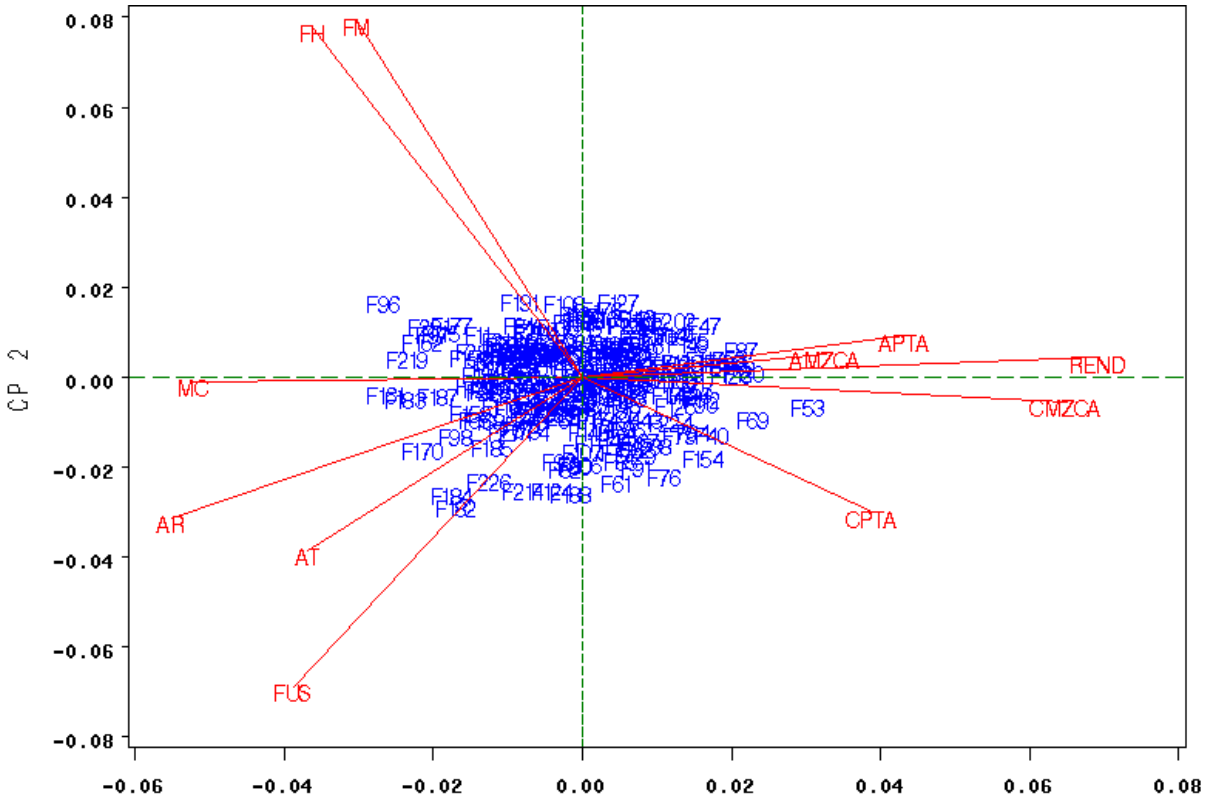
Por otro lado, se encontraron valores de heredabilidad bajos, menores a 0.2 en las variables Acame de Raíz (AR), Acame de Tallo (AT), Plantas con *Fusarium* (FUS), Calificación del Planta (CPTA). Las estimaciones de heredabilidad baja indican que el incremento de alelos favorables en la población será lento o nulo, esto coincide con lo encontrado por Jilo *et al*., (2018), señalan que, en caracteres de baja heredabilidad habrá dificultad para seleccionar estas características debido a que hay un enmascaramiento causado por el ambiente sobre los rasgos fenotípicos. Lo anterior beneficia a la población de estudio ya que son caracteres indeseables.

Para caracteres de baja heredabilidad (menores a 0.2) es recomendable utilizar el método de mejoramiento de progenies endogámicas con la finalidad de que haya un estricto desecho de alelos desfavorables por lo menos en dos ciclos y después de ello someter la población a esquemas de mejoramiento de estructuras familiares de hermanos completos o medios hermanos.

### 4.4. Selección de familias

Para hacer selección de familias hay distintos métodos, cada uno con confiabilidades y requerimientos según sea el caso, en la actualidad el uso de los índices de selección es una alternativa que permite hacer el trabajo de una manera eficiente y acertada. Para la población en estudio se utilizó el índice de selección (IS) propuesto por Barreto *et al*., (1991), para realizar una estricta selección de las mejores estructuras familiares. En su construcción, se utilizaron 3 variables de las 11 evaluadas, para esto se tomaron en cuenta variables que impactaran en los aspectos de precocidad, sanidad y rendimiento.

La selección de las variables que representaron a cada conjunto según la característica a mejorar en la población con la finalidad de construir el índice de selección se realizó bajo diseño del gráfico Biplot generado por el análisis estadístico AMMI el cual agrupó naturalmente las variables de tal manera que se formaron tres grupos y se eligió una variable por grupo que presentara mayor diversidad con base  la longitud de su vector, tomando en cuenta la heredabilidad, correlación de la variable con el resto del grupo y el valor económico asignado.




FM=Floración Macho; FH=Floración Hembra; APTA= Altura de Planta; AMZCA=Altura de mazorca; AR = Acame de raíz; AT= Acame de tallo; MC= Mala cobertura; FUS= Plantas con *fusarium*; CPTA= Calificación de planta; CMZCA= Calificación de mazorca; REND= Rendimiento.

**Figura 4.1.** Gráfico Biplot y agrupamiento natural de 11 variables agronómicas evaluadas en la población de maíz enano.

La Figura 4.1, corresponde al gráfico Biplot de agrupamiento natural de variables de la población en estudio, este tipo de gráficos permite reducir el total de variables en un número menor, se agrupa según a la clasificación que pertenezcan y son empleadas para el índice de selección.

La figura se interpreta de la siguiente manera; para el cuadrante uno y cuatro se correlacionaron las variables que contribuyen al potencial de rendimiento, lo que indica que la toma de los datos se relacionó positivamente con el rendimiento (REND), calificación de planta (CPTA), calificación de mazorca (CMZCA), altura de planta (APTA) y altura de mazorca (AMZCA).

De este agrupamiento de los cuadrantes 1 y 4 se tomó calificación de mazorca (CMZCA), esta variable es con el fin de mejorar la calidad de mazorcas lo cual repercute en el rendimiento considerablemente.

En el Cuadrante 2, se agruparon las variables que se asocian con la precocidad, para mejorar la población, en ese aspecto, se tomó la variable floración hembra (FH).

**Cuadro 4.3.** Variables y sus respectiva heredabilidad elegidas para construir el índice de selección para la población en estudio.

| Variable | $h^2$ | Objetivos |
|---|---|---|
| **FH** | 0.62 | Mejorar la población en aspecto de precocidad, calidad de grano, porte, rendimiento y sanidad. |
| **MC** | 0.66 | |
| **CMZCA** | 0.53 | |

$H^2$= Heredabilidad de los caracteres de la población; FH=Floración hembra; MC=Mala Cobertura; CMZCA= Calificación de mazorca.

Para el cuadrante 3, se agruparon las variables, mala cobertura (MC), acame de raíz (AR), acame de tallo (AT) y plantas con *fusarium* (FUS). El agrupamiento de estas variables se asocia con la sanidad, de este grupo se eligió la variable mala cobertura (MC).

Las estructuras familiares que se encuentran más cercanas al vector de las variables indican que tienen un valor superior, como puede observarse la familia 53 está asociada al vector de calificación de mazorca (CMZCA) y donde hay menos contribución por parte de una variable es en la altura de mazorca (AMZCA) ya que los valores no son significativos al estar cercanos a cero.

Los índices de selección fueron hechos por repetición para la población en estudio y los valores que se obtuvieron fueron sometidos a un análisis de varianza y agrupados con la prueba de medias de Tukey ($p = 0.01$).

La selección de estructuras familiares de la población se llevó a cabo con la herramienta estadística IS, en el programa SAS (*Statistical Analysis System 9.0*),

con este procedimiento se detectaron 15 estructuras familiares superiores de acuerdo a la metodología de Barreto *et al*., (1991) en ese sentido., en el cuadro 4.4 se describen las 15 estructuras superiores, es decir las que obtuvieron los valores del índice de selección más pequeños, ya que reunieron la mayoría de los caracteres requeridos en la selección.

El Cuadro 4.4, se muestran los valores medios de 11 variables agronómicas y la selección de 15 estructuras familiares, estás mostraron superioridad con base al índice de selección, como se puede observar existe gran variabilidad en los datos principalmente en las variables agronómicas de altura de planta (APTA) rendimiento (REND), acame de tallo (AT), y plantas con *fusarium* (FUS).

**Cuadro 4.4.** Selección de 15 estructuras familiares de hermanos completos superiores de la población de maíz enano.

| FAM | IS | FM (d) | FH (d) | APTA (cm) | AMZCA (cm) | AR (%) | AT (%) | MC (%) | FUS (%) | CPTA (1-9) | CMZCA (1-9) | REND (t ha$^{-1}$) |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **90** | 5.266 | 86 | 86 | 160 | 80 | 9 | 13 | 20 | 8 | 4 | 7 | 16.60 |
| **112** | 6.251 | 85 | 87 | 156 | 79 | 9 | 11 | 16 | 8 | 5 | 7 | 16.49 |
| **118** | 6.466 | 87 | 89 | 169 | 80 | 8 | 15 | 9 | 6 | 4 | 7 | 17.49 |
| **53** | 7.276 | 85 | 87 | 174 | 92 | 9 | 11 | 17 | 8 | 5 | 7 | 22.33 |
| **86** | 8.299 | 86 | 87 | 149 | 70 | 9 | 12 | 16 | 14 | 5 | 5 | 15.74 |
| **57** | 8.361 | 88 | 89 | 162 | 75 | 9 | 9 | 16 | 12 | 5 | 7 | 17.18 |
| **123** | 8.365 | 87 | 88 | 146 | 74 | 8 | 8 | 11 | 7 | 6 | 6 | 17.75 |
| **38** | 8.372 | 85 | 87 | 183 | 92 | 12 | 13 | 13 | 15 | 3 | 6 | 16.54 |
| **206** | 8.440 | 85 | 87 | 137 | 78 | 9 | 9 | 13 | 20 | 4 | 5 | 13.82 |
| **41** | 8.476 | 88 | 87 | 159 | 85 | 10 | 11 | 9 | 9 | 4 | 6 | 13.92 |
| **111** | 8.677 | 84 | 86 | 137 | 68 | 9 | 11 | 18 | 11 | 5 | 4 | 13.06 |
| **69** | 8.811 | 86 | 86 | 171 | 84 | 9 | 8 | 28 | 11 | 6 | 7 | 19.85 |
| **128** | 8.865 | 89 | 89 | 156 | 87 | 9 | 11 | 16 | 8 | 6 | 5 | 16.14 |
| **154** | 8.870 | 84 | 85 | 170 | 97 | 9 | 10 | 27 | 14 | 5 | 6 | 15.70 |
| **85** | 8.926 | 83 | 85 | 139 | 69 | 9 | 9 | 22 | 15 | 3 | 6 | 15.84 |

FAM=Familia; IS=Índice de Selección; FM=Floración Macho; FH=Floración Hembra; APTA= Altura de Planta; AMZCA=Altura de mazorca; AR = Acame de raíz; AT= Acame de tallo; MC= Mala cobertura; FUS= Plantas con *fusarium*; CPTA= Calificación de planta; CMZCA= Calificación de mazorca; REND= Rendimiento.

Una de las variables más importantes es el rendimiento y se lograron identificar progenies con valores altos, el más bajo fue de 13.06 t $ha^{-1}$ y el valor más alto fue de 22.33 t $ha^{-1}$, las familias fueron 111 y 53 respectivamente, lo que nos indica un rendimiento superior si es comparado con la media para esta variable en esta población. La elección de las 15 familias se hizo con base al agrupamiento de variables para mejorar caracteres de rendimiento, sanidad y precocidad, al aplicar una estricta selección menor al 10 % en el número de familias elegidas.

**Cuadro 4.5.** Selección de 10 machos superiores con base al comportamiento de la progenie de medios hermanos paternos para 11 variables agronómicas.

| M | ÍS | FM (d) | FH (d) | APTA (cm) | AMZCA (cm) | AR (%) | AT (%) | MC (%) | FUS (%) | CPTA (1-9) | CMZCA (1-9) | REND (t $ha^{-1}$) |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **18** | 7.038 | 87 | 88 | 154 | 73 | 9 | 10 | 19 | 10 | 4 | 6 | 15.8 |
| **16** | 7.299 | 84 | 85 | 146 | 72 | 10 | 10 | 20 | 12 | 5 | 5 | 14.0 |
| **8** | 7.885 | 87 | 88 | 167 | 86 | 10 | 12 | 18 | 12 | 4 | 5 | 15.7 |
| **11** | 8.214 | 87 | 89 | 166 | 83 | 9 | 10 | 21 | 10 | 5 | 6 | 18.1 |
| **23** | 9.234 | 87 | 89 | 166 | 83 | 9 | 10 | 21 | 10 | 5 | 6 | 18.1 |
| **24** | 9.462 | 87 | 89 | 174 | 84 | 9 | 10 | 19 | 10 | 5 | 6 | 17.1 |
| **25** | 9.921 | 86 | 88 | 146 | 69 | 9 | 10 | 21 | 11 | 5 | 5 | 14.3 |
| **31** | 9.971 | 87 | 88 | 156 | 82 | 9 | 9 | 27 | 11 | 5 | 5 | 15.6 |
| **9** | 10.07 | 86 | 88 | 158 | 86 | 10 | 13 | 21 | 11 | 4 | 4 | 13.5 |
| **14** | 10.66 | 87 | 89 | 147 | 70 | 9 | 12 | 26 | 11 | 4 | 5 | 15.2 |

M=Macho; IS= índice de Selección; FM=Floración Macho; FH=Floración Hembra; APTA= Altura de Planta; AMZCA=Altura de mazorca; AR = Acame de raíz; AT= Acame de tallo; MC= Mala cobertura; FUS= Plantas con fusarium; CPTA= Calificación de planta; CMZCA= Calificación de mazorca; REND= Rendimiento.

Para la elección de los 10 mejores machos participantes en las estructuras familiares a través de la media se encontró lo siguiente; en el cuadro 4.5 se presentan los valores promedio de 11 variables agronómicas de 10 machos superiores que participaron en los cruzamientos con 5 hembras por lo tanto son progenitores de la progenie evaluada, al estudiar los valores genéticos en la progenie se obtiene su promedio en aptitud combinatoria general o 4 veces la varianza aditiva.

Los machos mostraron poca variabilidad en las variables agronómicas lo que nos indica que hay similitud en el comportamiento en campo, además los 10 machos darán origen a la reconstitución de la nueva población al recombinarse, atendiendo al tercer paso de la selección recurrente y pueden ser usados también para programas de mejoramiento en la utilización como progenitores o derivación de líneas.

## V. CONCLUSIÓN

La evaluación realizada en campo permitió orientar el proceso de selección de genotipos con características favorables, mediante el apoyo de herramientas estadísticas como el modelo AMMI y los índices de selección. Estas metodologías facilitaron la identificación y agrupamiento de las características de interés, permitiendo seleccionar las estructuras familiares que presentaron un comportamiento acorde con los objetivos establecidos para el mejoramiento de la población.

La heredabilidad alta nos indica que los caracteres ligados a las variables que mostraron ese tipo de heredabilidad tienen la capacidad de transmitirse fácilmente, cuando se obtiene este tipo de heredabilidad la cual tiene un valor > 0.5 el método sugerido para el siguiente ciclo debería ser selección individual, pero no para todos los caracteres, por lo tanto es necesario elevar el valor de la varianza aditiva y lograr que el mejoramiento de la población sea aún más efectivo, por lo que es recomendable seguir trabajando con estructuras familiares.

De acuerdo con las estimaciones realizadas es recomendable recombinar el remanente de los machos que participaron como progenitores paternos en las estructuras familiares 90, 112, 118, 53, 123, 86, 57, 38, 111, 41, 128, 206, 69, 153 85; con la finalidad de reconstituir genéticamente la población

Se realizó una estricta selección de 10 genotipos macho superiores con base al valor genético de su progenie, de acuerdo con el párrafo anterior se procedió a identificar los machos participantes en las estructuras familiares superiores y con ayuda del índice de selección se obtuvieron los siguientes: 18, 16, 8, 11, 23, 24, 25, 31, 9,14.

## VI. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS


Acquaah, G. 2012. Principles of plant genetics and breeding. 2nd ed. Wiley-Blackwell, Oxford.

Anshori, M.F., Purwoko, B.S., Dewi, I.S., Ardie, S.W., Suwarno, W.B. 2019. Selection index based on multivariate analysis for selecting doubled-haploid rice lines in lowland saline prone areas. SABRAO J Breed Genet 51(2): 161-174.

Balzan, S., Carraro, N., Salleres, B., Cotivo, C.D., Tuinstra, M.R., Johal, G., Varotto, S. 2018. Genetic and phenotypic characterization of a novel brachytic2 allele of maize. Plant Growth Regul, 86(1): 81–92.

Barreto, H. J. Bolaños, A.J. Córdova, S. H. (1991). Programa de índices de selección, Guía para la operación de software. CIMMYT. México, D.F. 27 p.

Bijma, P., Wientjes, Y.C., Calus, M.P. 2020. Breeding top genotypes and accelerating response to recurrent selection by selecting parents with greater gametic variance, genetics, 214(1): 91-107. https://doi .org/10.1534/genetics.119.302643

Cargnelutti Filho, A., Toebe, M., Mendonca, A.B., Andiara, K.J., Marcio, N.L. 2018. Number of replicates and experimental precisión statistics in corn. Pesquisa Agropecuaria Brasileira, 53(11): 1213-1221.

Cassani, E., Villa, D., Durante, M. 2011. The brachytic 2 and 3 maize double mutant shows alterations in plant growth and embryo development. Plant Growth Regul 64, 185–192. https://doi.org/10.1007/s10725-010-9556-8

Comstock, R.E., Robinson, H.F. 1952. Estimation of the average dominance of genes, in heterosis, Ames, Iowa, Iowa State College Press, 494-516.

Coutiño, E. B., Sánchez, G.G., Vidal, M.V. 2008. Selección entre y dentro de familias de hermanos completos de maíz en Chiapas, México. Revista Fitotecnia Mexicana, 31(2):115-123.

Duvick, D.N. 2005 Genetic progress in yield of United States Maize (*Zea Mays L.*). Maydica 50(34), 193–202.

Eyhérabide, G.H. 2015. Bases para el manejo del cultivo de maíz. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. 299pp.

Fasahat, P., Rajabi, A., Rad, M.J., Derera, J. 2016. Principles and utilization of combining ability in plant breeding. Biometrics & Biostatistics International Journal. 4(1): 1-22.

Fristche, N.R., Akdemir, D., Jannink, J.L. 2018. Accuracy of genomic selection to predict maize single crosses obtained through different mating designs. Theor Appl Genet 131, 1153–1162.

Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Aust. J. Biol. Sci. 9: 463-493.

Gutiérrez, V.J., Ramírez, P.J., Raya, P.J. 2016. Variabilidad genética de líneas endogámicas de maíz comparadas con progenitores criollos mediante microsatélites. CONCIENCIA TECNOLÓGICA. 51. 47-52.

Hallauer, A.R., Filho J.B., Carena, M.J. 2010. Hereditary variance: mating designs. In: Quantitative Genetics in Maize Improvement. Plant Breeding Manual, vol 6. Springer, New York, NY.

Hallauer, A.R., Carena, M.J. 2012. Recurrent selection methods to improve germoplasm maize. Maydica a journal devoted to maize and allied species. 57(4): 266-283.

Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda, J.B. 2010. Quantitative genetics in maize breeding, handbook of plant breeding. New York: Springer Science and Business Media. 663pp.

Hernández, A.E., De León, C.H. 2021. Comportamiento genético para componentes de rendimiento en una población de maíz enano. *Rev. Mex. De Cienc. Agríc*. 26:131–144. https://doi.org/10.29312/remexca.v0i26.2943

Jilo, T., Tulu, L., Birhan, T.B., Beksisa, L. 2018. Genetic variability, heritability and genetic advance of maize (Zea mays L.) inbred lines for yield and yield related traits in southwestern Ethiopia. Journal of Plant Breeding and Crop Science, 10(10), 281-289.

Kaleem, U., Muhammad, N., Muhammad, I. 2013. Herdability estimates and yield performance of half sib families derived from maize variety Sarhad White. Sarhad Journal of Agriculture, 29: 29-32.

Kearsey, M.J., Pooni, H.S. 1996. The genetical análisis of quantitative traits. 1st ed. Chapman and Hall, London, UK.

Kempthorne, D., Curnow, R.N. 1961. The partial diallel cross. Biometrics 17(2): 229-240.

Khan, S.A., H. Ahmad, A. Khan, M. Saeed, S.M. Khan and B. Ahmad. 2009. Using line x tester analysis for earliness and plant height traits in sunflower (Helianthus annuus L.). Recent Research in Science and Technology. 1: 202–206.

Kose, A., Onder, O., Bılır, O., Kosar, F. 2018. Application of multivariate statistical analysis for breeding strategies of spring safflower (*Carthamus tinctorius L*.). Turkish Journal Of Field Crops, 23(1):12-19 . DOI: 10.17557/tjfc.413818

Laghari, K.A., Sial, M.A., Afzal, A.M., Mirbahar, A.A., Pirzada, A.J., Dahot, M.U., Mangrio, S.M., 2010. Heritability studies ofyield and yield associated traits in bread wheat. Pak. J. Bot., 42(1): 111-115.

Lalić, D., Novoselović, J., Kovačević. 2010. "Genetic gain and selection criteria effects on yield and yield components in barley (*Hordeum vulgare* L.)," *Periodicum biologorum*, 112(3): 311–316.

Luna, O.J., García, H.J., Valdez, C.R., Gallegos, R.M., Preciado, R.P., Guerrero, G.C., Espinoza, B.A. 2013. Aptitud combinatoria y componentes genéticos en líneas de maíz. Universidad y Ciencia. 29:243-253.

Márquez, F., Sahagún, C.J. 2000. Estimación de varianzas genéticas en maíz con familias independientes de hermanos completos. Agrociencia, 34(4): 437-444.

Márquez, S.F. 1985. Genotecnia vegetal: Métodos, teoría, resultados. Tomo I. México D.F. AGT Editor, S. A. 357p.

Márquez, S.F. 2013. Endogamia en un sintético de maíz formado con familias de auto hermanos (líneas s1). Rev. Fitotec. Mex, 36(3):259-261.

Mattjik, A.A., Sumertajaya, I.M. 2011. Multivariate analysis using SAS. Statistika F-MIPA IPB Press, Bogor.

Melendres, M.J., Valdivia, B.R., Lemus, F.C., Medina, T.R., García, L.M., Ortíz, C.M., Espinosa, C.A., Robledo, T.M. 2018. Estimation of maize genetic parameters under improvement by recurrent reciprocal selection. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas. 9 (7); 1327- 1337.

Milligan, S., Balzarini, B., White, W.H. 2003. Broad sense heredabilites genetic correlations and selection índices for sugarcane borer resistence and their relation to yield los. Crop Sci. 43: 1729-1735.

Mohammandi, J.A., Syed, S.M. 2010. Selection indices for yield and quality traits in sweet corn. Park J. Bot. 42(2): 775-789.

Multani, D.S., Briggs, S.P., Chamberlin, M.A., Blakeslee, J.J., Murphy, A.S., Johal, G.S. 2003. Loss of an MDR transporter in compact stalks of maize br2 and sorghum dw3 mutants. Science. 302(5642), 81–433.

Muthoni, J., Shimelis, H. 2020. Mating desings commonly used in plant breeding: A review. Autralian Journal of Crop Science. 14(12): 1855-1869.

Ogunniyan, D.J., Olakojo, S.A. 2014. Genetic variation, heritability, genetic advance and agronomic character association of yellow elite inbred lines of maize (Zea mays L.), Nigerian Journal of Genetics, Volume 28, Issue 2, 2014, Pages 24-28, https://doi.org/10.1016/j.nigjg.2015.06.005.

Raj, K.L., Chandan, S.C., Sunita, S.D., Pankhuri, G., Anand, M., Shubham, S., Shama, S., Ranjana, M. 2020. Estimation of intra-specific genetic variability and half-sib family selection using AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interactions) model in menthol mint (*Mentha arvensis L.*). Journal of Medicinal and Aromatic Plant Sciences 42(1-2): 102-113.

Ramya, P., Singh, G.P., Jain, N., Singh, P.K., Pandey, M.K., Sharma, K., Prabhu K.V. 2016. Effect of recurrent selection on drought tolerance and related morpho-physiological traits in bread wheat. PloS ONE 11(6): e0156869, https://doi.org/10.1371/journal.pone.0156869

Rocha, Makyslano Rezende da et al. Combinatorial analysis of agronomic characters in soybean. Ciência e Agrotecnologia. 2019, v. 43.1-7. https://doi.org/10.1590/1413-7054201943028018.

Sabouri, H., Rabiei, B., Fazlalipour, M. 2008. Use of selection indices based on multivariate analysis for improving grain yield in rice, Science,15(4): 303-310.

Sahagún, C.J., Clemente, V.V. 2012. ¿Variedades sintéticas derivadas de cruzas simples o de cruzas dobles?, *Revista Chapingo. Serie horticultura*, *18*(2): 279-289.

Santos, F.S., Amaral, A.T., Freitas, S.P., Rangel, R.M. 2007. Genetic gain prediction by selection index in a UNB-2U popcorn population under recurrent selection. [Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente]. Bragantia 66: 389-396.

Schmidt, P., Hartung, J., Bennewitz, J., Piepho, H.P. 2019. Heritability in plant breeding on a genotype-difference basis, *Genetics*. 212(4): 991–1008.

Silva, D.R., García, M.P., Faleiro, S.D., López, d.C. 2018. Determinación de componentes de la varianza y parámetros genéticos en una población segregante de maíz tropical. *Bioagro*, *30*(1), 67-77.

Sohail, A., Asad, M., Aziz, A., Hussain, Q., Haleem, A., Maryam, M., Sheikh, F., Rahman, Z., Bashir, F. 2019. Evaluation of maize (Zea mays L.) half sib recurrent families for expected response and percent gain per cycle. Journal of Plant Breeding and Genetics, 7(1): 27-32. doi:https://doi.org/10.33687/pbg.007.01.2888

Sravanti, K., Swarnalatha, D.I., Sudarshan, M.R., Supriya, K. 2017. Evaluation of maize genotypes (*Zea mays L.*) for variability, heritability and genetic advance. International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences, 6(10): 2227-2232.

Tefera, A., Sentayehu, A., Leta, T. 2017. Genetic variability, heritability and genetic advance for yield and its related traits in rainfed lowland rice (*Oryza sativa* L.) genotypes at Fogera and Pawe, Ethiopia. Adv Crop Sci Technol. 5:2.

Vieira, P.M., Ocampos, B.O., da silva, A.B., Henrique, M.M., Candido, J. 2021. Number of progenies and repetitions for reciprocal full-sib recurrent selection programs in maize. Ciencia e Agrotecnología. 45, 1-9.

Xing, A., Gao, Y., Ye, L., Zhang, W., Cai, L., Ching, A., Llaca, V., Johnson, B., Liu, L., Yang, X., Kang, D., Yan, J., Li, J. 2015. A rare SNP mutation in brachytic2 moderately reduces plant height and increases yield potential in maize. J Exp Bot. 66(13): 3791–802.

Yan, W., Kang, M.S., 2002. GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists.

Zhang, X., Hou, X., Liu, Y., Zheng, L., Yi, Q., Zhang, H., Huang, Y. 2019. Maize brachytic2 (br2) suppresses lower internode elongation for the excessive accumulation of auxins in the region of the intercalary meristem. BMC Plant Biology. 19(1): 1-16.