

**SELECCION RECIPROCA RECURRENTE EN  
POBLACIONES DE MAIZ PARA TROPICO SECO  
Y BAJIO MEXICANO**

**ARMANDO MUÑOZ URBINA**

**T E S I S**

**PRESENTADO COMO REQUISITO PARCIAL  
PARA OBTENER EL GRADO DE:  
MAESTRO EN CIENCIAS  
EN FITOMEJORAMIENTO**



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



**Universidad Autónoma Agraria  
"Antonio Narro"**

**PROGRAMA DE GRADUADOS**

**Buenavista, Saltillo, Coah.**

**NOVIEMBRE DEL 2000**

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

SUBDIRECCIÓN DE POSTGRADO

SELECCIÓN RECÍPROCA RECURRENTE EN POBLACIONES DE MAÍZ PARA  
TRÓPICO SECO Y BAJÍO MEXICANO

TESIS

POR

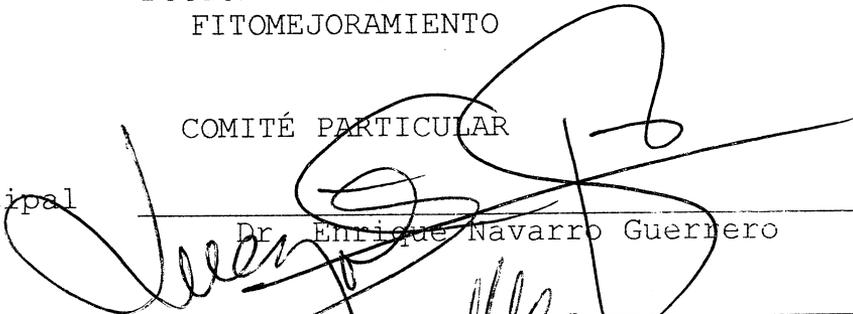
ARMANDO MUÑOZ URBINA

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

DOCTOR EN CIENCIAS EN  
FITOMEJORAMIENTO

COMITÉ PARTICULAR

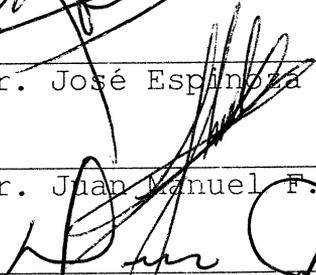
Asesor principal

  
Dr. Enrique Navarro Guerrero

Asesor:

  
Dr. José Espinoza Velázquez

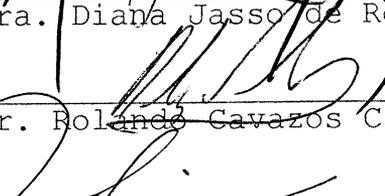
Asesor:

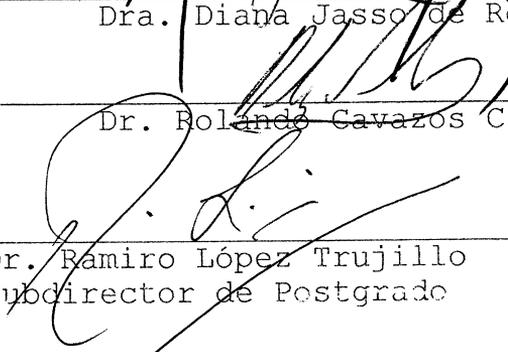
  
Dr. Juan Manuel F. Narváez Melo

Asesor:

  
Dra. Diana Jasso de Rodríguez

Asesor:

  
Dr. Rolando Cavazos Cadena

  
Dr. Ramiro López Trujillo  
Subdirector de Postgrado

Buenavista, Saltillo, Coahuila, Noviembre 2000

## AGRADECIMIENTOS

A La Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, por permitirme llevar a cabo un invaluable acopio de experiencias y conocimientos.

Al Dr. Enrique Navarro Guerrero, por su acertada dirección y por sus valiosas aportaciones y apoyo constante en la investigación.

Al Dr. José Espinoza Velázquez, por su valioso asesoramiento en el desarrollo de esta tesis, por sus enseñanzas, sugerencias y por su inmensa calidad humana.

Al Dr. Juan Manuel Fernando Narváez Melo, por sus enseñanzas, así como por su constante apoyo y amistad.

A la Dra. Diana Jasso de Rodríguez, por su valiosa participación, orientación, y ayuda desinteresada.

Al Dr. Rolando Cavazos Cadena, por su permanente predisposición y por su valiosa participación en la evaluación del trabajo sustentado.

Al Dr. Gaspar Martínez Zambrano, por el apoyo brindado en todo momento.

A la M.C. Cristina Vega S., al M.C. Regino Morones R, por su amistad y apoyo durante la realización de mis estudios.

A Alicia de la Rosa, por su valiosa amistad y ayuda desinteresada.

A mis compañeros y amigos: M.C. Ma. Elena García, M.C. Juan F. Ponce M., M.C. Ramón Cortez N., Q.F.B. Beatris Jaime y Q.F.B. Ursula E. Casar, por su valiosa amistad.

## DEDICATORIA

A Dios todopoderoso y eterno

luz esplendente y día sin ocaso.

A la memoria de mis padres

Natalio y Ma. de la Luz

Vi la ciudad santa, la nueva Jerusalén,  
arreglada como una novia que se adorna  
para su esposo. (Ap 21,2)

A mis hermanos

J. Guadalupe, Ma. del Carmen, J. Francisco  
y en especial a Ma. del Socorro, por su  
apoyo constante y generosa ayuda.

A todas aquellas personas que han depositado  
en mi su amistad y confianza.

## COMPENDIO

Selección Recíproca Recurrente en Poblaciones de Maíz para  
Trópico Seco y Bajío Mexicano

POR

ARMANDO MUÑOZ URBINA

DOCTORADO

FITOMEJORAMIENTO

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

Buenavista, Saltillo, Coahuila, Noviembre 2000

DR. Enrique Navarro Guerrero - Asesor -

Palabras clave: *Zea mays*, ganancia genética,  
componentes principales, distancia  
genética.

En la presente investigación se trabajó con el patrón heterótico de grano dentado-cristalino en dos experimentos de selección recíproca recurrente (SRR), en los que se utilizaron las poblaciones de madurez intermedia Pob. A

(Pob. 43 x Pool 20) y Pob. B (Pool 19 x Pool 23) en el Exp. I, y las poblaciones de madurez tardía Pob. 43 y Pool 23 en el Exp. II. Estos experimentos fueron evaluados en las localidades de Celaya, Gto. y Gómez Palacio, Dgo. con la finalidad de determinar el comportamiento agronómico y heterosis de estos grupos. En ambas localidades se utilizó el diseño de bloques completos al azar, dos repeticiones, y en cada experimento se incluyeron como testigos los híbridos AN-447, AN-EXP.1 y AN-EXP.2. Se efectuó un análisis combinado para evaluar las características agronómicas en las variables: rendimiento (REN), por ciento de mazorcas podridas (MZP), por ciento de mazorcas con *Fusarium* (MZF), días a floración masculina (FMA), días a floración femenina (FFE), altura de planta (APL) y altura de mazorca (AMZ).

Los análisis de varianza combinados detectaron diferencias ( $P < 0.05$  y  $P < 0.01$ ) entre mestizos, para todas las variables evaluadas en los dos experimentos de SRR. En cada experimento se observó a mestizos con buen comportamiento agronómico, que superaron en varias características a los híbridos testigo, lo que permite

seleccionar líneas adecuadas para su recombinación y de esta forma obtener el material básico para el siguiente ciclo de selección. La heredabilidad estimada ( $H^2$ ) (sentido amplio) se presentó en un rango que va de 28 por ciento (para REN) y 40 por ciento (para APL); en los casos donde las variables presentaron valores medios de  $H^2$  se puede esperar la obtención de ganancias genéticas considerables en los siguientes ciclos de selección. Las variables MZP, MZF y REN presentaron valores altos de coeficiente de variación genética (CVG) por lo que se espera que presenten un avance genético mayor. Las correlaciones genéticas y fenotípicas de REN con MZP, MZF, FMA y FFE fueron negativas, lo cual se considera favorable en esta investigación, ya que una selección exitosa para mayor rendimiento, se contará con mayor precocidad y más sanidad en el cultivo. El Análisis de Componentes Principales (ACP) practicado en estas poblaciones detectó un comportamiento opuesto entre REN y las variables MZP, MZF, FMA, FFE, en el CP1 y de APL, AMZ contra MZP, MZF en el CP2. Este análisis permitió agrupar a los mestizos con respecto a los tres primeros componentes, los cuales explicaron más del 80 por ciento de la variabilidad de los datos.

La ganancia genética estimada para rendimiento mediante la SRR fue mayor para las poblaciones de madurez intermedia: Pob. A y Pob. B ( $\Delta G = 1.637 \text{ t ha}^{-1}$ ) que para las poblaciones de madurez tardía: Pob. 43 y Pool 23 ( $\Delta G = 1.146 \text{ t ha}^{-1}$ ), esto debido principalmente a que las poblaciones de madurez intermedia poseen una base genética más amplia y que la población Pool 23, de madurez tardía, presentó un valor reducido de  $\sigma^2_G$ . Cabe señalar que aunque se espera una mayor ganancia entre las poblaciones A y B de madurez intermedia, se espera mayor heterosis entre la población Pob. 43 y Pool 23 de madurez tardía, ya que estas presentaron una mayor distancia genética que se estimó utilizando el estadístico  $D^2$  de Mahalanobis; sin embargo, la mayor divergencia se presentó entre la población Pob. A y Pool 23 ( $D^2 = 135.11$ ) las cuales son elegibles para un programa de hibridación, ya que caen en los grupos más divergentes, por lo que pueden resultar en un mayor vigor híbrido.

locations of Celaya, Gto. and Gómez Palacio, Dgo. in order to determine the agronomic performance and heterosis of these groups. In both locations it was used the randomized complete blocks design, two repetitions, and in each experiment the hybrids AN-447, AN-EXP.1 and AN-EXP.2 were included as checks. It was carried out an analysis combined to evaluate the agronomic characteristics in the traits: yield (Y), percent of rotten ears (RE), percent of ears with *Fusarium* (FE), days to tasseling (DMF), days to silking (DFF), plant height (PH) and ear height (EH).

The combined variance analysis detected differences ( $P < 0.05$  and  $P < 0.01$ ) among topcrosses, for all the variables evaluated in the two experiments of RRS. In each experiment it was observed topcrosses with good behavior, that surpassed in several characteristics to the check hybrids, that permits to select lines adapted for their recombination and in this way to obtain the basic material for the following selection cycle. The heritability estimate ( $H^2$ ) (broad-sense) was presented in a range that is going of 28 per cent (for Y) and 40 per cent (for PH); in the cases where the variables presented medium values of  $H^2$  can be expected to obtain considerable genetic gain in the following selection cycles. The variable RE, FE and Y presented high values of genetic coefficient of variation

(GCV), therefore it is a greater genetic advance. The genetic and phenotypic correlations of Y with RE, FE, DMF and DFF they were negative, something which is considered favorable in this research, since a successful selection for greater yield, will be counted on greater precociousness and sanitation in the crops cultivation. The Principal Components Analysis (ACP) practiced in these populations detected a behavior opposed among Y and the variables RE, FE, DMF, DFF, in the PC1 and of PH, EH against RE, FE in the PC2. This analysis permitted to group the topcrosses with respect to the first three components, those which explained more than 80 per cent of the variability of the data.

The genetic gain estimated for yield through the RRS was greater for the populations of intermediate maturity: Pob. A and Pob. B ( $\Delta G = 1.637 \text{ t ha}^{-1}$ ) than for the populations of late maturity: Pob. 43 and Pool 23 ( $\Delta G = 1.146 \text{ t ha}^{-1}$ ), this due mainly to the fact that the populations of intermediate maturity possess a genetic base wider than the population Pool 23, of late maturity, presented a reduced value of  $\sigma^2G$ . We can indicate that though is waited a greater gain between the populations A and B of intermediate maturity, it is waited greater

heterosis between the population Pob. 43 and Pool 23 of late maturity, since these presented a greater genetic distance that was estimated using the statistic  $D^2$  of Mahalanobis; however, the greater divergence was presented between the population Pob. A and Pool 23 ( $D^2= 135.11$ ) those which are eligible for a program of hybridization, since fall in the groups most divergent, therefore they can result in a greater hybrid vigor.

## ÍNDICE DE CONTENIDO

	Página
ÍNDICE DE CUADROS . . . . .	xv
ÍNDICE DE FIGURAS . . . . .	xvii
INTRODUCCIÓN. . . . .	1
Objetivos . . . . .	3
REVISIÓN DE LITERATURA. . . . .	5
Selección Recíproca Recurrente. . . . .	5
La SRR y Otros Métodos de Selección . . . . .	8
Métodos Opcionales a la SRR . . . . .	11
Probadores. . . . .	15
Heterosis . . . . .	18
Análisis Multivariado . . . . .	21
MATERIALES Y MÉTODOS. . . . .	26
Material Genético . . . . .	26
Procedimiento Experimental. . . . .	28
Análisis Estadístico. . . . .	31
RESULTADOS Y DISCUSIÓN. . . . .	42
CONCLUSIONES. . . . .	85
RESUMEN . . . . .	88
LITERATURA CITADA . . . . .	92

## ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro No.		Página
3.1	Descripción de los complejos germoplásmicos . .	26
3.2	Coordenadas y tipo de clima que prevalece en las dos localidades mexicanas de evaluación . .	29
3.3	Componentes del análisis de varianza individual	33
3.4	Componentes del análisis de varianza combinado.	35
3.5	Componentes del análisis de covarianzas combinado . . . . .	35
4.1	Cuadrados medios de los análisis de varianza individual y combinado del Complejo Dentado PA(B) . . . . .	43
4.2	Cuadrados medios de los análisis de varianza individual y combinado del Complejo Cristalino PB(A) . . . . .	45
4.3	Cuadrados medios de los análisis de varianza individual y combinado del Complejo Dentado P43(23) . . . . .	47
4.4	Cuadrados medios de los análisis de varianza individual y combinado del Complejo Cristalino Pool 23(43) . . . . .	48
4.5	Promedios de los mejores mestizos del Complejo Dentado PA(B) . . . . .	54
4.6	Promedios de los mejores mestizos del Complejo Cristalino PB(A) . . . . .	55
4.7	Promedios de los mejores mestizos del Complejo Dentado P43(23) . . . . .	57

4.8	Promedios de los mejores mestizos del Complejo Cristalino Pool 23(43). . . . .	58
4.9	Comparación e los valores medios entre los mestizos directos y recíprocos. . . . .	60
4.10	Comparación de los valores medios entre los mestizos directos del Exp. I contra los mestizos directos y recíprocos del Exp. II. . .	61
4.11	Comparación de los valores medios entre los mestizos recíprocos del Exp. I contra los mestizos directos y recíprocos del Exp. II. . .	62
4.12	Varianza genética y fenotípica, $H^2$ , CVG para los mestizos del Exp. I . . . . .	63
4.13	Varianza genética y fenotípica, $H^2$ , CVG para los mestizos del Exp. II. . . . .	64
4.14	Correlaciones genéticas y fenotípicas para los mestizos del Exp. I . . . . .	67
4.15	Correlaciones genéticas y fenotípicas para los mestizos del Exp. II. . . . .	67
4.16	Análisis de Componentes Principales para los mestizos del Complejo Dentado PA(B) . . . . .	71
4.17	Análisis de Componentes Principales para los mestizos del Complejo Cristalino PB(A). . . . .	72
4.18	Análisis de Componentes Principales para los mestizos del Complejo Dentado P43(23) . . . . .	72
4.19	Análisis de Componentes Principales para los mestizos del Complejo Cristalino Pool 23(43). .	73
4.20	Distancia $D^2$ entre las cuatro poblaciones de mestizos para los valores fenotípicos . . . . .	80
4.21	Distancia $D^2$ entre las cuatro poblaciones de mestizos para los valores genotípicos . . . . .	82

## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura No.		Página
4.1	Distribución de los 154 mestizos del Complejo Dentado PA(B) . . . . .	74
4.2	Distribución de los 164 mestizos del Complejo Cristalino PB(A) . . . . .	75
4.3	Distribución de los 135 mestizos del Complejo Dentado P43(23) . . . . .	76
4.4	Distribución de los 113 mestizos del Complejo Cristalino Pool 23(43) . . . . .	76
4.5	Divergencia entre las cuatro poblaciones de mestizos utilizando el estadístico $D^2$ , cuando se utilizan valores fenotípicos . . . . .	80
4.6	Divergencia entre las cuatro poblaciones de mestizos utilizando el estadístico $D^2$ , cuando se utilizan valores genotípicos . . . . .	82

## INTRODUCCIÓN

Los procedimientos en uso para mejorar el rendimiento de las poblaciones de maíz caen dentro de dos categorías: a) selección para mejorar el comportamiento de la población, b) selección para mejorar el comportamiento de combinación de cruzamientos. Pandey y Gardner (1992) señalan que si la meta principal es desarrollar y liberar una variedad mejorada, se deben seguir o utilizar métodos de selección intrapoblacional; si la última meta es la obtención de un híbrido, la selección interpoblacional permite tomar ventaja de la variabilidad genética en dos poblaciones contrastantes. Por otra parte, los métodos de selección interpoblacional también son requeridos cuando se trabaja con características controladas por dominancia, sobredominancia y por tipos dominantes de epistasis y baja heredabilidad como corresponde a rendimiento. Aquí, la Selección Recíproca Recurrente (SRR) puede ser efectiva en el mejoramiento de características cuantitativas con base en la cruce entre poblaciones.

Eyherabide y Hallauer (1991) indican que los métodos de selección interpoblacional han sido utilizados para

desarrollar nuevos patrones heteróticos y mejorar aquéllos previamente identificados. Entre los patrones heteróticos que han sido utilizados se encuentra el de contraste entre maíces de grano dentado y cristalino; con ellos se ha obtenido un buen comportamiento y alta heterosis para la cruce poblacional. Moreno-González y Grossman (1976) indican que cuando se utilizan poblaciones genéticamente divergentes se incrementa la oportunidad de obtener progenies de cruza mejoradas superiores. Martin y Hallauer (1980) señalan que con el uso de poblaciones mejoradas a través de la SRR aumenta la probabilidad de desarrollar líneas e híbridos superiores, y lograr además que a través de la cruce entre poblaciones se le dé un mayor énfasis a la selección para la expresión de heterosis.

El principal objetivo de la SRR es desarrollar fuentes de germoplasma que permita a los fitomejoradores identificar material sobresaliente de utilidad en la obtención y derivación de líneas con mayor potencial heterótico para la formación de híbridos comerciales. Por otra parte, cuando se desea generar mayor información acerca de los materiales y de las características evaluadas en conjunto, la aplicación de una prueba multivariada puede ser, generalmente, un mejor procedimiento, ya que ésta tiene la ventaja adicional de valorar correctamente la

correlación entre las variables (Manly, 1990). Entre las pruebas multivariadas que se utilizan para medir similitud morfológica se encuentra la distancia generalizada de Mahalanobis que puede ser útil para explicar las relaciones entre variedades. Con respecto al análisis de Componentes Principales (CP), éste permite reducir la cantidad de datos por interpretar sin perder mucha de la información que se busca. Por lo tanto, es una herramienta adecuada para analizar la estructura de observaciones multivariadas cuando se busca la dependencia entre ellas y se desconocen los patrones de interrelación.

En este contexto, en el programa de mejoramiento genético del Instituto Mexicano del Maíz "Dr. Mario E. Castro Gil" se aplicó la metodología de SRR en cuatro poblaciones sintéticas de maíz para las regiones de Trópico Seco y Bajío con el fin de lograr los siguientes objetivos.

1. Determinar los parámetros genéticos en las poblaciones bajo estudio.
2. Predecir el avance genético por SRR.

3. Determinar las variables más importantes y la relación entre ellas, que permitan explicar la variabilidad existente.
  
4. Medir la divergencia genética entre las poblaciones.

## REVISIÓN DE LITERATURA

### Selección Recíproca Recurrente (SRR)

La selección recurrente (SR), de acuerdo con Bruce y Lamkey (1993) comprende dos categorías: métodos de selección intrapoblacional y métodos de selección interpoblacional. Jenknis (1940) propuso un método de SR interpoblacional basado sobre la evaluación de progenies de medio hermanos (MH) en el cual se considera que los efectos aditivos son de mayor importancia. La selección sugerida se basó en pruebas de aptitud combinatoria general utilizando un probador de amplia base genética. En contraste, Hull (1945) plantea que la sobredominancia es prevalente y sugiere que los mejoradores deberían de seleccionar con base en la aptitud combinatoria específica utilizando un probador de estrecha base genética en sus evaluaciones. Observando la aplicabilidad de ambos métodos, Comstock *et al.* (1949) proponen el método de selección recíproca recurrente (SRR) como un sistema de mejoramiento que permite la utilización de todos los efectos genéticos y además aprovecha la aptitud combinatoria específica desde el inicio, aprovechando más efectivamente a genes que

muestran dominancia parcial o completa. Además, con este método, al probar plantas de la población A en cruza con plantas de la población B, se efectúa una presión de selección hacia aquellos genes específicos, los cuales contribuyen más en la cruza de las dos poblaciones.

La SRR se ha aplicado desde sus inicios en las poblaciones Iowa Stiff Stalk Synthetic (BSSS) y Iowa Corn Borer Synthetic No. 1 (BSCB1) y se ha trabajado con estas poblaciones en el programa de mejoramiento de maíz de la Cooperativa Federal Estatal de Iowa desde 1949 (Keeratinijakal y Lamkey, 1993). Estos autores evaluaron 11 ciclos de SRR en las poblaciones BSCB1(R) y BSSS(R) concluyendo que la SRR mejoró el rendimiento de grano de la cruza interpoblacional con incrementos de 6.95 por ciento por ciclo, el rendimiento de grano de BSCB1(R) aumentó en 1.94 por ciento, aunque el de BSSS(R) no cambió significativamente. Las BSSS(R) y BSCB1(R) también se probaron con las líneas B73 y Mo17 y con las poblaciones originales (Co). El mejoramiento del rendimiento de estas cruzas sugirió que la SRR fue efectiva para mejorar la aptitud combinatoria general y específica de las poblaciones *per se*. La heterosis de la cruza poblacional se incrementó de 25.44 a 76.04 por ciento del Co al C11. La SRR también fue efectiva para reducir acames de raíz y

tallo. Los cambios en otras características agronómicas fueron en la dirección deseada. Las líneas extraídas de las poblaciones mejoradas pueden ser utilizados en combinaciones híbridas para maximizar la heterosis.

La elección de progenitores para definir un patrón heterótico son de gran importancia en los programas de SRR. Gómez *et al.* (1992) probaron 10 variedades sobresalientes a través de sus cruzas posibles (VS-529, VS-530, VS-531, VS-535, Tuxpeño C8 sequía, CGB-23, NICOB, CABG intermedio, (CGB 11xV424)F<sub>2</sub> y (Chis 501xV424)F<sub>2</sub>) para iniciar un programa de SRR en las diferentes áreas tropicales de México. De los resultados obtenidos indican que las variedades VS-535 (formada de germoplasma Celaya, Cristalinos del Caribe, Costa tropical, ETO y Tuxpeño) y V-531 (de sólo germoplasma Tuxpeño) forman un patrón heterótico que puede dar resultados sobresalientes ya que fueron las variedades de mayor rendimiento *per se* y las que tuvieron mayores efectos de ACG y ACE y las de mayor heterosis. El mejoramiento genético por SRR también se espera tenga éxito ya que tanto los efectos de ACG como de ACE fueron significativos.

## La SRR y Otros Métodos de Selección

La SRR es una metodología que no se utiliza de manera general debido a la gran cantidad de recursos que se requiere aplicar en especies como maíz. Sin embargo, es una herramienta útil en programas de mejoramiento encaminados a producir híbridos comerciales. Aunque la SRR no se ha comparado extensamente con otros métodos de mejoramiento, existen investigaciones que indican que la SRR puede producir mayor ganancia en la cruce poblacional cuando se le compara con métodos de selección intrapoblacional, como la selección recurrente de hermanos completos.

Moll y Robinson (1966) utilizaron las poblaciones Jarvis e Indian Chief y compararon los métodos de Selección Recurrente de Hermanos Completos (SRHC) y la SRR. Aparentemente, la SRHC fue más efectiva que la SRR para mejorar el comportamiento de la cruce poblacional; sin embargo, el diferencial de selección fue mayor en los experimentos para SRHC. Los resultados de los datos son interpretados como un indicador de que el efecto de la SRHC para mejorar la cruce poblacional es aproximadamente igual al de la SRR. Moll y Stuber (1971), trabajando con las mismas poblaciones, encontraron que la respuesta del híbrido varietal a la SRR fue 1.3 veces mayor que con la

SRHC, y que la heterosis en el híbrido varietal se incrementó marcadamente después de la SRR, pero mostró poco cambio después de la SRHC. Posteriormente Moll y Hanson (1984) utilizando las mismas poblaciones determinaron que después de 10 ciclos de SRHC y de SRR la respuesta del híbrido varietal fue de 2.0 por ciento para la SRHC y de 2.7 por ciento para la SRR.

Con respecto a la Selección Recíproca Recurrente de Hermanos Completos (SRRHC) Jones et al. (1971) indican que la SRR presenta una mayor ventaja en la estimación del valor genético del individuo. Al comparar ambos métodos concluye que el comportamiento de las dos esquemas dependen de la intensidad de selección y de la varianza ambiental. Con respecto a la SRRHC señalan que ésta es inferior a la SRRMH en que la estimación del valor genético de un individuo depende del valor genético de su cruce, y una familia de HC puede ser un estimador menos preciso del valor genético del progenitor que una familia de MH. Por otra parte, la principal ventaja de la SRRHC es que las familias superiores pueden ser reproducidas. La SRRHC podría facilitar al mejorador el mantener un tamaño efectivo de la población más grande que la SRRMH, pero esto puede reducir el posible diferencial de selección. El

mejorador necesita decidir si sacrifica la ganancia a corto plazo en aras de una mayor ganancia a largo plazo.

Helms *et al.* (1989) indican que se puede obtener un mayor progreso con la SRR que con los métodos de selección de familias de medio hermanos (MH) y selección (S) de progenies autofecundadas S<sub>2</sub> en la población BSSSCo; señalan también que, en teoría, la SRR puede explotar los efectos epistáticos y de dominancia entre BSSS(R)Cn y BSCB1(R)Cn, mientras que el método S puede no seleccionar para aptitud combinatoria específica en la cruce poblacional BS13(S)Cn x BSCB1(R)Cn. La población como probador de MH puede ser superior al híbrido Iowa13 debido a que éste puede tener alelos favorables que enmascaren la resistencia al acame de raíz en la población BSSS(HT). El uso de la población como probador puede exponer a los alelos deletéreos más rápidamente.

Stojsin y Kannenberg (1994) mencionan que la SRR tiene ventajas sobre el método de selección Mazorca por Surco (ME), medio hermanos (MH) y progenies autofecundadas (S), porque aquélla puede cambiar la frecuencia de alelos con dominancia favorables de manera más efectiva. En la comparación de estos métodos de mejoramiento, se observó que por la vía S se activó la más alta respuesta para las

características: índice de rendimiento no ajustado, índice de rendimiento ajustado, rendimiento, humedad de grano y acame de planta. El MH fue el segundo mejor procedimiento; sin embargo, la respuesta a la selección fue obstruida por la depresión endogámica asociada a la deriva genética, la cual afectó en la dirección opuesta. De manera general, S acumuló la mayor deriva genética y MH la menor para las cinco características. ME funcionó efectivamente en los ciclos iniciales de selección, con características altamente heredables y poblaciones de amplia base. Finalmente, se señala que la SRR y S deben ser considerados en los ciclos finales de selección y para características con baja heredabilidad, tal como lo es rendimiento.

### **Métodos Opcionales a la SRR**

La SRR es un procedimiento que permite modificaciones para mejorar la eficiencia de la selección y reunir los estándares requeridos para los propósitos de mejoramiento aplicado. La SRR ha sido modificada principalmente con respecto al tipo de probador a utilizar.

Entre las modificaciones aplicadas al método SRR se encuentra el trabajo de Moreno-González y Grossman (1976) en el que proponen dos métodos alternativos; el primero

utiliza como probador de la población A, una población LB (población para bajo rendimiento derivada de B); el probador recíproco de B es la población A mejorada; este método se denomina SRR-I. El segundo método (SRR-II) estriba en que en vez de utilizar a la población A mejorada como probador de B, se utiliza un probador LA (población de bajo rendimiento derivada de A). Al comparar estos métodos con SRR se encontró que si la sobredominancia no es importante, SRR-II es el mejor método de selección seguido de SRR-I y SRR. Si la sobredominancia es importante SRR y SRR-I son superiores a SRR-II; la selección recíproca recurrente es preferida si loci con efectos de sobredominancia son suficientemente importantes. Si el modelo genético es una mezcla de niveles de dominancia en diferentes loci, inicialmente se sugiere la selección intrapoblacional o SRR-II, pudiéndose incrementar la frecuencia de loci que muestran dominancia incompleta o completa. Esto puede ser seguido por SRR-I para mover las frecuencias génicas en dirección opuesta en aquellos loci sobredominantes con, esencialmente, las mismas frecuencias génicas en ambas poblaciones. Finalmente aplicar la SRR.

Otra modificación a la SRR que incluye el desarrollo de líneas e híbridos superiores, la presenta Sfakianakis (1995) quien trabajó con las poblaciones, Across-8045 y

GROP-272. La selección se basó sobre la progenie de MH, y se llevó a cabo entre y dentro de líneas durante las generaciones de la crusa So x So hasta la crusa S5 x S5. La ganancia genética se midió al comparar los rendimientos de la progenie con respecto a la media de los híbridos testigo en cada año. Después de varias generaciones de endogamia y selección, la ganancia fue de 4.0 por ciento por generación para Across-8045, y 6.5 por ciento por generación para GROP-272. El rendimiento promedio de los mejores mestizos S5 x S5 fue 11.8 por ciento más alto que la media de los testigos para Across-8045, y 15.8 por ciento más grande que la media de los testigos para GROP-272. Las ventajas de este esquema de mejoramiento son que proporciona abundante semilla de MH para las pruebas y al mismo tiempo se desarrollan líneas e híbridos a través del proceso.

Landi y Frascaroli (1995) utilizaron líneas endogámicas como probador en lugar de las poblaciones, y desarrollaron dos ciclos de SRR modificada en los sintéticos precoces A y B utilizando la línea A632 como probador del sintético A, y la línea W117 como probador del sintético B. Las poblaciones originales y mejoradas de los dos sintéticos fueron probadas en forma *per se* y en combinación híbrida con el probador endogámico y con el híbrido simple A188 x W64A. La ganancia de la crusa entre

los dos sintéticos fue de 4.9 por ciento ciclo<sup>-1</sup> (para el comportamiento del índice que incluye: rendimiento de grano, por ciento de plantas no acamadas y humedad de grano). El sintético B contribuyó más que el sintético A en cuanto a la ganancia en la cruce poblacional, el índice de comportamiento, rendimiento de grano y pérdida de precocidad. Por lo tanto, estos resultados indican que la línea A632, utilizada como probador de la población A, fue homocigota para alelos dominantes favorables en más loci que la línea W117, probador de la población B.

Anteriormente, Russell *et al.* (1992) evaluaron un procedimiento equivalente y compararon la SRR con el procedimiento de SRR modificado, utilizando líneas endogámicas como probadores en lugar de las poblaciones (la línea AG32 como probador de la población BS21 y la línea H99 como probador de BS22). El rendimiento de grano mostró una ganancia lineal altamente significativa para BS21(R) x BS22(R) (4.9 por ciento ciclo<sup>-1</sup>), BS21(AG32HI) x AG32 (3.6 por ciento ciclo<sup>-1</sup>), y BS21(R) x AG32 (4.7 por ciento ciclo<sup>-1</sup>). Evidentemente, después de tres ciclos de selección, el procedimiento modificado no fue exitoso en mejorar el rendimiento para la cruce de las poblaciones. Los resultados indicaron que la elección del probador endogámico puede ser muy crítico en el procedimiento

modificado, ya que no se establece el tipo de dotación génica que el probador posee.

### Probadores

La aceptación de la prueba de mestizos para evaluar la Aptitud Combinatoria General de líneas de maíz, ocasionó la existencia de diferentes criterios con respecto al tipo de probador que debe utilizarse. Se propuso una variedad de amplia base genética como probador más eficiente. Otros investigadores sugirieron como mejor probador una variedad con alta frecuencia de genes recesivos, y también se compararon probadores relacionados contra probadores no relacionados. Hallauer (1990) indica que no existe información empírica para la elección de probadores pero que es evidente que la cruce entre fuentes no relacionadas expresa mayor heterosis que las líneas estrechamente relacionadas, ya que un probador no relacionado tiene alelos diferentes en loci diferentes que una línea extraída de la misma población. Wright (1980) señala con respecto a utilizar líneas como probador que aun cuando se esperà que el homocigote recesivo sea el mejor probador, no hay forma de obtener tal genotipo con respecto a un carácter de herencia compleja.

Comstock (1979) utilizando la teoría del modelo genético, donde asume equilibrio de ligamiento y no epistasis, pero permite alelos múltiples por gen, encontró que las poblaciones de la SRR son ligeramente superiores, como probadores una de otra, que las líneas endogámicas extraídas de esas poblaciones. Esto contrasta con lo sugerido Russell y Eberhart (1975) acerca de que un probador endogámico debe ser superior. Estos autores basan su propuesta en la evidencia de una varianza genética más grande entre las pruebas de progenie al utilizar líneas endogámicas como probadores. Sin embargo, en los casos en que probadores de estrecha base genética son utilizados en la SRR, las frecuencias alélicas pueden no cambiar en una gran proporción como se espera que suceda cuando las poblaciones recíprocas son utilizadas. Más claramente, si un procedimiento (o probador) es mejor que otro, esto se debe a una mayor tasa en los incrementos en frecuencias de alelos favorables.

Interesados en medir la efectividad del tipo de probador, Russell *et al.* (1992) condujeron tres ciclos de SRR de acuerdo al método original (utilizando como probador la población recíproca) y con el procedimiento modificado (utilizando como probador las líneas endogámicas). La ganancia obtenida por la cruce poblacional con el uso de

las poblaciones como probadores fue altamente significativa (4.9 por ciento ciclo<sup>-1</sup>), mientras que la respuesta con el uso de líneas endogámicas como probadores no fue significativa. Una posible explicación refiere que un probador endogámico fue homocigoto para varios alelos dominantes favorables y, debido a efectos de enmascaramiento, la efectividad de la selección fue reducida.

Menz *et al.* (1997) al comparar la SRR con el procedimiento de SRR Modificado (SRRM), en el cual la Línea 1 es el probador de la población A y la Línea 2 es el probador de la población B, encontró que la tasa directa de respuesta, expresada como porcentaje por ciclo, fue significativamente mayor para el procedimiento de SRR que para el de SRRM [4.5, 1.8, y 2.9 por ciento ciclo<sup>-1</sup> para BS21(R) x BS22(R), H99 x BS22(HI), y AG32 x BS21(HI) respectivamente]. La respuesta indirecta en la cruce de las poblaciones también mostró una respuesta lineal, positiva y significativa. La SRR fue tan eficiente como la SRRM para mejorar el rendimiento de grano de las poblaciones en cruce con las líneas endogámicas. Con las poblaciones incluidas en este estudio y utilizando las líneas endogámicas A632 y H99 como probadores, no hubo evidencia de que la varianza genética entre las cruces de prueba (TC) fuera mayor cuando

se utilizaron líneas endogámicas como probador que cuando se utilizaron las poblaciones. Por lo tanto, se determinó que el procedimiento tradicional de SRR fue más eficiente que la SRRM para mejorar el rendimiento de la cruce de las poblaciones BS21 x BS22.

### Heterosis

La heterosis en maíz es uno de los fenómenos biológicos más ampliamente explotados. Sin embargo, las bases fisiológicas y bioquímicas permanecen aún sin ser explicadas. Stuber (1997) menciona que aunque existe poca información sobre los factores bioquímicos, fisiológicos, moleculares y genéticos incluidos en la expresión de la heterosis, los fitomejoradores pueden continuar utilizando este fenómeno para producir híbridos más productivos. Hallauer (1997) indica que las bases exactas de la heterosis no se han comprendido claramente, debido a la complejidad de interacciones dentro del genotipo y entre el genotipo y el ambiente, y solamente se cuenta con explicaciones generales como acumulación de alelos favorables con dominancia parcial a completa. Pero indica que la heterosis seguirá teniendo un rol importante en el mejoramiento de las plantas aunque el conocimiento de sus bases genéticas sea limitado.

Miranda Filho (1997) señala que desde el punto de vista cuantitativo, la heterosis puede ocurrir cuando hay divergencia genética (diferencia en frecuencias alélicas) entre progenitores y algún nivel de dominancia controlando la característica de interés. Si la dominancia controla una característica, la heterosis puede ser una función de la distribución de las frecuencias alélicas; por lo tanto, la magnitud de la heterosis expresada en la cruce depende de las diferencias en la frecuencia alélica de los progenitores incluidos en la cruce. La máxima heterosis puede ser alcanzada al cruzar líneas completamente contrastantes en sus frecuencias alélicas; por ejemplo, alelos con  $p=0$  en una línea y  $p=1$  en la línea opuesta. Con respecto a la cruce de poblaciones, la única diferencia es que hay un rango en la distribución de la frecuencias alélicas que va de  $0 < p < 1$  para genes que controlan una característica cuantitativa. Las poblaciones compuestas tienen muchos genes con frecuencia de 0.5 y pocos con frecuencias de  $p=0$  y  $p=1$ . Al cruzar estas poblaciones, la heterosis se expresa si una población tiene genes con frecuencias  $p < 0.5$  en el lado izquierdo de la distribución y  $p > 0.5$  en el lado derecho en la población opuesta. Las razas antiguas de maíz probablemente poseen muchos genes en estado absorbente (fijado  $p=1$  o perdido  $p=0$ ) y debe ser la

causa de heterosis relativamente alta al cruzar razas antiguas con locales.

Crossa *et al.* (1987) señala que se han reportado incrementos en el rendimiento cuando se cruzan poblaciones adaptadas con poblaciones exóticas, y esto es debido a efectos heteróticos resultantes de la diversidad genética de las dos poblaciones paternas. Por lo tanto, consideran que es importante determinar en un programa de mejoramiento: a) qué población exótica puede proporcionar las mejores características deseadas; y b) cual cruce exótica x adaptada puede producir un alto efecto de heterosis. Estos efectos de heterosis sirven como una guía de la diversidad genética y proporcionan la base para la formación de fondos genéticos que podrán ser utilizados en un programa de SRR. Por otra parte, es importante identificar materiales superiores en el germoplasma exótico disponible. La población exótica ('Tuxpeño' x 'Antigua Grupo 2') y tres poblaciones adaptadas ['307 Composite', 'NB(S<sub>1</sub>)C-3' y 'NK(S<sub>1</sub>)C-3'] pueden ser combinadas para formar una población de alto rendimiento y puede ser posible sintetizar dos poblaciones útiles para la SRR al agrupar 'Tuxpeño' x 'Antigua Grupo 2', 'NB(S<sub>1</sub>)C-3' y 'NS(FS)LFW-8' en una población y 'NK(S<sub>1</sub>)C-3', 'Krug x Tabloncillo', y '307Composite' en la otra.

Moll *et al.* (1978) indican que existen evidencias que la heterosis se incrementa marcadamente con el mejoramiento de la cruce poblacional, tanto a través de la selección de familias de HC como de la SRR. Jiang *et al.* (1990) compararon los efectos de la selección de familias de HC y de la SRR sobre la heterosis utilizando un modelo de componentes genéticos cuantitativos que incluye efectos aditivos, de dominancia, y aditivos por aditivos ( $\alpha \times \alpha$ ) con un número arbitrario de alelos, que fueron definidos para la población ancestral. De los resultados obtenidos, indican que la contribución de efectos  $\alpha \times \alpha$  fueron tal, que ellos redujeron la heterosis de la selección de HC, pero incrementaron ligeramente la heterosis de la SRR, por lo tanto, se concluyó que la SRR siempre incrementa la heterosis mientras que la selección de HC puede resultar en incrementos o reducción de la heterosis.

### **Análisis Multivariado**

Cuando se tiene una gran cantidad de datos, el apoyo estadístico es de gran importancia, los métodos multivariados son una herramienta útil que permiten reducir la complejidad del problema. En general, una técnica multivariada involucra una muestra de tamaño  $n$  de una

población, para la cual hay  $k$  variables de interés que se miden en cada elemento de la muestra. Manly (1990) señala que los métodos prácticos para efectuar los análisis multivariados fueron desarrollados desde 1930. Sin embargo, la aplicación de estos métodos para un gran número de variables se inició hasta que los equipos de computo estuvieron suficientemente desarrollados.

Gutiérrez (1994) señala que los métodos estadísticos multivariados tienen básicamente un objetivo general: estudiar cómo se relacionan las variables entre si, los individuos entre si, o bien los individuos con las variables. Manly (1990) indica que en los análisis multivariados se trabaja con diferentes variables aleatorias simultáneamente, y cada una es considerada con igual importancia desde el inicio del análisis. Si todas estas variables estudiadas fueran normalmente distribuidas, entonces se asume que la distribución conjunta es normalmente multivariada. Los casos donde la suposición de normalidad son claramente invalidados, pueden superarse efectuando una transformación adecuada de los datos. Un aspecto importante de una distribución normal multivariada es que ésta es definida completamente por un vector de medias y una matriz de covarianza. Cabe señalar que, aun cuando no se encuentre significancia en las pruebas

univariadas, es posible encontrar diferencias significativas en una prueba multivariada. Esto puede ocurrir debido a la acumulación de la evidencia de variables individuales sobre la prueba general. En seguida se describen de manera resumida dos de los métodos aplicables en análisis multivariado.

### **Análisis de componentes principales**

El Análisis de Componentes Principales (CP) es un método multivariado que permite generar una mayor información acerca de los materiales evaluados, y mediante el cual se agrupan líneas o variedades que muestren características similares. Esto facilita al investigador la detección de los grupos más adecuados para cumplir con los requerimientos de rendimiento y características agronómicas que se buscan. Adicionalmente, el análisis de CP permite extraer los componentes lineales que contienen la mayor parte de la información con lo que se facilita la representación gráfica de los datos.

Vidal y Hernández (1992) indican que la técnica de análisis de CP está considerada como una herramienta útil en la investigación agrícola, ya que simplifica el número de variables donde un parámetro, como rendimiento o

calidad, pueden estar determinados por un cierto número de variables. Cienfuegos (1992) menciona que cuando se genera una gran cantidad de variables para la evaluación de datos no todas las variables tienen la misma importancia, pero con el análisis de CP se puede investigar y posteriormente proponer un modelo de regresión que explique la asociación de las variables de mayor peso.

### **Distancia $D^2$ de Mahalanobis**

Para hacer uso óptimo de las colecciones de especímenes en los programas de mejoramiento, se han establecido varios sistemas de clasificación basados sobre las similitudes generales entre las poblaciones. Melchinger (1997) menciona que diferentes resultados teóricos y experimentales se han presentado sobre la relación entre la distancia genética de las líneas o poblaciones paternas y la heterosis. Estos resultados indican que la heterosis se incrementa con la distancia genética entre los progenitores hasta cierto nivel de divergencia, la reducción de la heterosis puede ser ocasionada por combinaciones incompatibles de genes que resultan cuando dos poblaciones paternas altamente divergentes son cruzadas. Vijayakumar *et al.* (1997) señalan que entre los métodos para seleccionar líneas paternas, que incrementen la

eficiencia de la heterosis, se encuentra el estadístico  $D^2$  de Mahalanobis (1936), el cual ha sido utilizado en estudios de diversidad genética para la selección de probables progenitores de híbridos.

Goodman (1967) estudió la divergencia entre 15 razas de maíz, utilizando 16 características morfológicas. De los resultados obtenidos, al aplicar la distancia generalizada de Mahalanobis, el autor indica que éstos fueron consistentes con las distancias actuales determinadas entre las razas, basados en procedimientos taxonómicos convencionales. Chaudhari y Singh (1997) utilizaron el estadístico  $D^2$  de Mahalanobis, para cuantificar la divergencia entre ocho líneas seleccionadas de un total de 55 líneas endogámicas, derivadas de poblaciones de amplia base genética; con los patrones de agrupamiento estimados se formaron cinco grupos, los cuales reflejaron la presencia de diversidad genética entre las líneas endogámicas. También se determinó que la selección de líneas para hibridación debe basarse en la diversidad genética más que en la distribución geográfica. Por lo tanto, el cruzamiento entre líneas seleccionadas de diferentes grupos fue sugerida para producir híbridos donde se busque explotar la heterosis.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Material Genético

El material genético utilizado en la presente investigación se originó de complejos germoplásmicos provenientes del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), los cuales fueron sintetizados por el Instituto Mexicano del Maíz en nuevas poblaciones con base en características de interés (Cuadro 3.1). De cada población se obtuvieron las familias de medio hermanos a través del procedimiento de selección recíproca recurrente (SRR) desarrollado por Comstock *et al.* (1949), formándose dos experimentos.

Cuadro 3.1. Descripción de los complejos germoplásmicos.

Población <sup>1</sup>	Origen <sup>2</sup>	Madurez <sup>3</sup>	Tipo de grano <sup>4</sup>
Experimento I			
Pob. A C1 Sint-2	Tep. 93-94	I	D
x			
Pob. B C1 Sint-2	Tep. 93-94	I	C
Experimento II			
Pob. 43 C1 Sint-2	Tep. 93-94	T	D
x			
Pool 23 C1 Sint-2	Tep. 93-94	T	C

<sup>1</sup>Pob AC<sub>1</sub> Sint-2=(Pob 43 x Pool 20); Pob BC<sub>1</sub> Sint-2=(Pool 19 x Pool 23).

<sup>2</sup>Tep. = Tepalcingo, Morelos Ciclo 93-94.

<sup>3</sup>I= Intermedio, T= Tardío; <sup>4</sup>D= Dentado, C= Cristalino.

**Complejo dentado (CIMMYT, 1993)**

**Pool 20.** Tropical, ciclo intermedio, grano blanco, dentado. La altura de planta se redujo considerablemente y su madurez es más precoz que en la Población 21 (Tuxpeño-1), relacionada genéticamente con ella. Se le mejora para obtener resistencia a enfermedades foliares, acames raíz y tallo, y aumentar cobertura de la mazorca.

**Población 43.** Tropical, ciclo tardío, blanco, dentado. Su base es germoplasma Tuxpeño, de México. Plantas grandes y vigorosas. Se le mejora para obtener resistencia al virus del rayado del maíz en Nigeria.

**Complejo cristalino (CIMMYT, 1993)**

**Pool 19.** Tropical, ciclo intermedio, grano blanco, cristalino. Cerca del 30 por ciento del germoplasma está constituido por materiales de las Filipinas que tienen resistencia al *mildeu* vellosa. También tienen materiales de Cuba, Argentina, Honduras, El Salvador, Colombia, Ecuador, India y Centro y Sur de Estados Unidos. En la actualidad, se trabaja en el mejoramiento de la cobertura de mazorca y la resistencia al barrenador de la caña de azúcar (*Diatraea saccharalis*), así como al acame de raíz y tallo.

**Pool 23.** Tropical, ciclo tardío, grano blanco, cristalino. Está basado sobre selecciones blanco cristalino de cruza entre materiales de México, Colombia, América Central, India, Tailandia y las Filipinas. Tiene plantas relativamente cortas y de excelente rendimiento. Se le mejora para obtener resistencia a la pudrición del tallo, cobertura de mazorca, y acames raíz y tallo.

### **Procedimiento Experimental**

La obtención de familias de MH, de acuerdo al método propuesto por Comstock *et al.* (1949), se llevó a cabo durante el Ciclo A (Otoño-invierno 1993/94) en el Campo Agrícola Experimental "Dr. Mario E. Castro Gil" de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, en Tepalcingo, estado de Morelos. Para ello se tomó una muestra de 200 plantas del complejo cristalino las cuales se autofecundaron ( $S_1$ ) y fueron cruzadas en 1994-95 con plantas del complejo dentado; de igual manera, plantas del complejo dentado se autofecundaron ( $S_1$ ) y se cruzaron con una muestra de plantas del complejo cristalino.

En el ciclo B (P-V 1995) se evaluaron los mestizos en las localidades de Celaya, estado de Guanajuato. y Gómez Palacio, estado de Durango. cuya ubicación geográfica se

proporciona en el Cuadro 3.2. El diseño utilizado fue el de Bloques Completos al Azar con dos repeticiones, estableciéndose cuatro experimentos por localidad. La fórmula de fertilización N-P-K 200-100-00 se aplicó utilizando la dosis de 100-100-00 a la siembra y 100-00-00 en la segunda cultivada. Los ensayos 1 y 2, formado por los mestizos directos y recíprocos del experimento I de SRR. En tanto que los ensayos 3 y 4 fueron constituidos por los mestizos directos y recíprocos del experimento II de SRR. En cada experimento se incluyeron como testigos los híbridos: AN-447, AN-EXP.1, AN-EXP.2. La parcela experimental consistió de un surco por entrada, con una longitud de 4.40 m y una distancia entre surcos de 0.75 m, siendo la distancia entre plantas de 0.22 m, determinándose así una densidad de población de 60 000 plantas ha<sup>-1</sup>.

Cuadro 3.2. Coordenadas y tipo de clima que prevalece en las dos localidades mexicanas de evaluación.

Localidad	Latitud Norte	Longitud Oeste	Altitud (msnm)	Tipo de Clima <sup>1</sup>
Celaya, Guanajuato	20°31'	100°49'	1754	BSlhw(w) (e)g
Gómez Palacio, Durango	25°33'	103°27'	1131	BW(h')hw (e)

<sup>1</sup> BSlhw(w) (e)g = Clima estepario, semicálido.  
BW(h')hw (e) = Clima desértico, cálido.

## Variables dependientes

- ◆ Días a floración masculina (MAS). Número de días transcurridos desde la fecha de siembra al 50 por ciento de las plantas con espiga soltando polen.
  
- ◆ Días a floración femenina (FEM). Número de días transcurridos desde la fecha de siembra al 50 por ciento de plantas con los estigmas expuestos.
  
- ◆ Altura de planta (APL). Se tomó la media de 10 plantas al azar, partiendo de la base de la planta a la punta de la espiga, expresándolo en cm.
  
- ◆ Altura de mazorca (AMZ). Se tomó la media de 10 plantas al azar, midiendo de la base de la planta al nudo donde nace la mazorca principal, (cm).
  
- ◆ Mazorcas podridas (MZP). Expresando en porcentaje el número de mazorcas podridas en relación al número de mazorcas cosechadas.

- ◆ Mazorcas con *Fusarium* (MZF). Se tomaron el número de mazorcas enfermas en relación al número de mazorcas cosechadas y se expresó en por ciento.
- ◆ Rendimiento de mazorca (REN). Se consideró el rendimiento ajustado obtenido del número de plantas cosechadas por parcela expresándolo en  $t\ ha^{-1}$ .

### Análisis Estadístico.

A los datos de campo de variables medidas en porcentaje se aplicó la transformación angular:

$$x' = \text{Arco Seno } (x + 0.5/100)^{1/2}$$

donde:

$x'$  = valor de la variable transformada.

$x$  = por ciento de la variable medida.

Para efectuar el análisis de varianza de rendimiento fue necesario ajustar el peso seco por parcela respecto al número de plantas cosechadas en ella y utilizando el método de covarianza, con un ajuste para una población ideal de 21 plantas por parcela. La variable dependiente fue peso seco y la independiente número de plantas cosechadas; los ajustes fueron hechos por parcela individual utilizando la fórmula:

$$\hat{Y}_{ij} = Y_i - b(x_i - \bar{x})$$

donde:

$\hat{Y}_{ij}$  = peso seco ajustado por regresión.

$Y_i$  = peso seco no ajustado del i-ésimo tratamiento.

$b$  = coeficiente de regresión.

$x_i$  = plantas cosechadas del i-ésimo tratamiento.

$\bar{x}$  = población ideal.

El peso seco no ajustado se multiplicó por el factor de conversión (F.C.) para convertir el rendimiento a toneladas por hectárea al 15.5 por ciento de humedad mediante la siguiente fórmula:

$$F.C. = 10000/APU * 0.845 * 1000$$

donde:

APU = área de parcela útil.

0.845 = constante para obtener 15.5 por ciento de humedad.

1000 = constante para obtener rendimiento en toneladas.

El coeficiente de regresión ( $b$ ) se determinó mediante la siguiente fórmula;

$$b = \frac{\sum[(y - \bar{y})(x - \bar{x})]}{\sum(x - \bar{x})^2}$$

**Análisis de varianza individual**

El análisis de varianza individual se realizó acorde al diseño de bloques al azar, bajo el siguiente modelo estadístico.

$$Y_{ij} = \mu + R_j + M_i + E_{ij}$$

donde:

$$y = 1, 2, \dots, m \text{ (mestizos).}$$

$$j = 1, 2, \dots, r \text{ (repeticiones).}$$

$Y_{ij}$  = Observación del  $i$ -ésimo mestizo en la  $j$ -ésima repetición.

$\mu$  = Media general.

$R_j$  = Efecto del  $j$ -ésimo bloque.

$M_i$  = Efecto del  $i$ -ésimo mestizo.

$E_{ij}$  = Efecto del error experimental.

En el Cuadro 3.3. se presentan las componentes del análisis de varianza individual, considerando a mestizos como efecto aleatorio.

Cuadro 3.3. Componentes del análisis de varianza individual.

Fuentes de variación	g.l.	C.M.	E.C.M.
Repeticiones	( $r-1$ )		
Genotipos <sup>1</sup>	( $g-1$ )		
Mestizos (M)	( $m-1$ )	M4	$\sigma^2_e + r\sigma^2_m$
Testigos (T)	( $t-1$ )	M3	$\sigma^2_e + r\sigma^2_t$
M vs T	1	M2	$\sigma^2_e + r\sigma^2_{m \text{ vs } t}$
Error	( $r-1$ ) ( $g-1$ )	M1	$\sigma^2_e$

<sup>1</sup> G = M + T.

## Análisis de varianza combinado

El análisis de varianza combinado, que conjunta a las localidades de prueba, se realizó de manera correspondiente al diseño de bloques al azar, bajo el siguiente modelo estadístico.

$$Y_{ijk} = \mu + L_k + R_{jk} + M_i + (ML)_{ik} + E_{ijk}$$

donde:

$$i = 1, 2, \dots, m \text{ (mestizos).}$$

$$j = 1, 2, \dots, r \text{ (repeticiones).}$$

$$k = 1, 2, \dots, l \text{ (localidades).}$$

$Y_{ijk}$  = Observación del  $i$ -ésimo mestizo en la  $j$ -ésima repetición en la  $k$ -ésima localidad.

$\mu$  = Media general.

$L_k$  = Efecto de la  $k$ -ésima localidad.

$R_{jk}$  = Efecto de la  $j$ -ésima repetición anidada en la  $k$ -ésima localidad.

$M_i$  = Efecto del  $i$ -ésimo mestizo.

$(ML)_{ik}$  = Efecto de la interacción del  $i$ -ésimo mestizo con la  $k$ -ésima localidad.

$E_{ijk}$  = Error experimental.

En el Cuadro 3.4 se presentan las componentes del análisis de varianza combinado, considerando los mestizos y

localidades como efectos aleatorios, y en el Cuadro 3.5 se presenta el análisis de covarianza combinado.

Cuadro 3.4. Componentes del análisis de varianza combinado.

Fuentes de variación	g.l.	C.M.	E.C.M.
Localidades	(l-1)		
R:L	(r-1) l		
Genotipos <sup>1</sup>	(g-1)		
Mestizos (M)	(m-1)	M8	$\sigma^2_e + r\sigma^2_{ml} + rl\sigma^2_m$
Testigos (T)	(t-1)	M7	$\sigma^2_e + r\sigma^2_{tl} + rl\sigma^2_t$
M vs T	1	M6	$\sigma^2_e + r\sigma^2_{mvst} \times l + rl\sigma^2_{mvst}$
Gen. x Loc.	(g-1) (l-1)	M5	$\sigma^2_e + r\sigma^2_{gl}$
Mest x Loc	(m-1) (l-1)	M4	$\sigma^2_e + r\sigma^2_{ml}$
Test x Loc	(t-1) (l-1)	M3	$\sigma^2_e + r\sigma^2_{tl}$
M vs T x Loc	1 (l-1)	M2	$\sigma^2_e + r\sigma^2_{mvst} \times l$
Error	(r-1) (g-1) l	M1	$\sigma^2_e$

<sup>1</sup> G= M + T.

Cuadro 3.5. Componentes del análisis de covarianza combinado.

Fuentes de variación	g.l.	Productos Cruzados Medios	E.P.C.M.
Localidades	(l-1)		
R:L	(r-1) l		
Genotipos <sup>1</sup>	(g-1)		
Mestizos (M)	(m-1)	M8xM8y	$\sigma_{exy} + r\sigma_{mlxy} + rl\sigma_{mxy}$
Testigos (T)	(t-1)	M7xM7y	$\sigma_{exy} + r\sigma_{tlxy} + rl\sigma_{txy}$
M vs T	1	M6xM6y	$\sigma_{exy} + r\sigma_{mvstxly} + rl\sigma_{mvstxy}$
Gen. x Loc.	(g-1) (l-1)	M5xM5y	$\sigma_{exy} + r\sigma_{glxy}$
Mest x Loc	(m-1) (l-1)	M4xM4y	$\sigma_{exy} + r\sigma_{mlxy}$
Test x Loc	(t-1) (l-1)	M3xM3y	$\sigma_{exy} + r\sigma_{tlxy}$
M vs T x Loc	1 (l-1)	M2xM2y	$\sigma_{exy} + r\sigma_{mvstxly}$
Error	(r-1) (g-1) l	M1xM1y	$\sigma_{exy}$

<sup>1</sup> G= M + T.

## Parámetros genéticos

Los estimadores de los parámetros genéticos en forma combinada se determinaron mediante las siguientes expresiones:

$$\sigma^2_G = M8 - M4/rl$$

$$\sigma^2_{GL} = M4 - M1/r$$

$$\sigma^2_E = M1$$

$$\sigma^2_P = M8/rl$$

$$H^2 = \sigma^2_G / \sigma^2_P$$

donde:

$\sigma^2_G$  = Varianza genética entre familias de medio hermanos.

$\sigma^2_{GL}$  = Varianza de la interacción familia por localidad.

$\sigma^2_E$  = Varianza del error.

$\sigma^2_P$  = Varianza fenotípica entre familias de medio hermanos.

$H^2$  = Grado de determinación genética (heredabilidad en sentido amplio).

Los errores estándar de las estimaciones de los parámetros genéticos se obtuvieron por medio de las fórmulas propuestas por Hallauer y Miranda (1988), como sigue:

$$EE(\sigma^2_G) = \{2/(rl)^2 [(M^2_8/(m-1)+2) + (M^2_4/(m-1)(l-1)+2)]\}^{1/2}$$

$$EE(\sigma^2_{GL}) = \{2/(r)^2 [(M^2_4/(m-1)(l-1)+2) + (M^2_1/(r-1)(m-1)l+2)]\}^{1/2}$$

$$EE(\sigma^2_E) = \{2M^2_1/(r-1)(m-1)l + 2\}^{1/2}$$

$$EE(\sigma^2 P) = \{2/(rl)^2 [M^2 8/(m-1) + 2]\}^{1/2}$$

$$EE(H^2) = EE(\sigma^2 G) / \sigma^2 P$$

En cada análisis y para cada característica se estimó el coeficiente de variación genética (CVG) mediante la fórmula:

$$CVG = [(\sigma^2 G)^{1/2} * 100] / \bar{x}$$

donde:

CVG = Coeficiente de variación genética.

$\sigma^2 G$  = Varianza genética entre familias de medio hermanos.

$\bar{x}$  = Media calculada correspondiente a cada variable.

Las covarianzas genéticas y fenotípicas se estimaron a partir de las esperanzas de los productos cruzados medios del análisis de covarianza; además se estimaron los coeficientes de correlación genético y fenotípicos entre rendimiento y los demás caracteres del análisis combinado, utilizando los componentes de varianza y covarianza.

#### Covarianza genética y fenotípica

$$\sigma_{xy}(G) = (M8xM8y - M4xM4y) / rl \quad \sigma_{xy}(P) = M8xM8y / rl$$

#### Correlaciones genéticas y fenotípicas

$$\gamma_{xy}(G) = \sigma_{xy}(G) / \sigma_x(G) \sigma_y(G) \quad \gamma_{xy}(P) = \sigma_{xy}(P) / \sigma_x(P) \sigma_y(P)$$

La ganancia genética para rendimiento, por ciclo esperada, se determinó por la siguiente ecuación:

$$\Delta G = k_1 \frac{1}{4}\sigma^2_{A_{12}}/\sigma_{P_{12}} + k_2 \frac{1}{4}\sigma^2_{A_{21}}/\sigma_{P_{21}}$$

donde:

$K$  = Coeficiente de selección estandarizado.

$\sigma^2_A$  = Varianza aditiva.

$\sigma_P$  = Desviación estándar fenotípica.

### Prueba $t$

Cuando se comparan dos muestras para ver si existe diferencias significativas, con respecto a una sola variable se puede utilizar el estadístico  $t$ , el cual se define como:

$$t = (\bar{x}_1 - \bar{x}_2) / \{S\sqrt{(1/n_1 + 1/n_2)}\}$$

y observar si éste es significativamente diferente de cero en comparación con la distribución  $t$  con  $n_1 + n_2 - 2$  g.l.

### Análisis de componentes principales

En el análisis de componentes principales (CP) se toman  $p$  variables  $X_1, X_2, \dots, X_p$  con el fin de encontrar combinaciones de ellas para producir índices  $Z_1, Z_2, \dots$

,  $Z_p$  que no están correlacionados. Los pasos en un análisis de componentes principales pueden ser:

- ◆ Codificar las variables  $X_1, X_2, \dots, X_p$  para tener media cero y varianza uno.
- ◆ Calcular la matriz de covarianza  $C$ . Esta es una matriz de correlación si se ha realizado el paso 1.
- ◆ Encontrar los valores eigen  $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_p$  y los correspondientes vectores  $a_1, a_2, \dots, a_p$ . Los coeficientes del  $i$ -ésimo componente principal son dados por  $a_i$  mientras que  $\lambda_i$  es su varianza.
- ◆ Descartar los componentes principales que sólo representan una pequeña proporción de la variación en los datos.

En el análisis de CP los valores eigen son estimados de la matriz de covarianza muestral, la cual es simétrica y de la siguiente forma:

$$C = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & \dots & C_{1p} \\ C_{21} & C_{22} & \dots & C_{2p} \\ \cdot & \cdot & & \cdot \\ \cdot & \cdot & & \cdot \\ C_{p1} & C_{p2} & \dots & C_{pp} \end{bmatrix}$$

Las varianzas de los componentes principales son los valores eigen de la matriz C. De los cuales hay p de éstos, algunos de los cuales pueden ser cero. Asumiendo que los valores eigen son ordenados como  $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_p \geq 0$ , entonces  $\lambda_i$  corresponde al i-ésimo componente principal, y el i-ésimo índice será:

$$Z_i = a_{i1}X_1 + a_{i2}X_2 + \dots + a_{ip}X_p$$

En particular,  $\text{var}(Z_i) = \lambda_i$  y las constantes  $a_1, a_2, \dots, a_p$  son los elementos del correspondiente vector.

### Distancia generalizada $D^2$ de Mahalanobis

La fórmula cuadrática de la distancia de Mahalanobis puede ser escrita de la siguiente manera:

$$D^2 = (\mu_i - \mu_j)' V^{-1} (\mu_i - \mu_j)$$

donde:

$$\mu_i = \begin{bmatrix} \mu_{1i} \\ \mu_{2i} \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ \mu_{pi} \end{bmatrix}$$

Ahora bien, V inversa es igual a la matriz de covarianza, que es el estimador conjunto de todas las muestras de las variables; por lo tanto, se supone que hay m muestras, con la i-ésima muestra siendo de tamaño  $n_i$ , con una matriz de covarianza  $C_i$ , por lo que es apropiado tomar

$C = \sum (n_i - 1)C_i / \sum (n_i - 1)$  como estimador conjunto de la matriz de covarianza común. Manly (1990) indica que cuando las covarianzas son estimadas con 100 o más grados de libertad existe alta confiabilidad en las estimaciones obtenidas con el estadístico  $D^2$  de Mahalanobis.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados fueron obtenidos de dos experimentos de SRR evaluados en las localidades de Celaya, Gto. y Gómez Palacio, Dgo. Las siete características medidas fueron: rendimiento (REN), mazorcas podridas (MZP), mazorcas con *Fusarium* (MZF), floración masculina (FMA), floración femenina (FFE), altura de planta (APL) y altura de mazorca (AMZ).

### Ensayos

Se detectaron diferencias significativas ( $P < 0.01$ ) entre mestizos de la población PA(B) Exp. I, en las variables evaluadas en Celaya, Gto., excepto para MZP y APL (Cuadro 4.1). La mayoría de estas variables presentaron un comportamiento diferente en Gómez Palacio, Dgo., ya que sólo se detectó significancia en: FMA ( $P < 0.05$ ), APL ( $P < 0.01$ ) y AMZ ( $P < 0.05$ ). Las condiciones ambientales fueron más adversas en la localidad de Gómez Palacio, Dgo., esto se reflejó principalmente en el comportamiento de los

Cuadro 4.1. Cuadrados medios, coeficientes de variación y medias de testigos y mestizos del complejo dentado PA(B) Exp. I, en las localidades Celaya, Gto.; Gómez Palacio, Dgo.; y análisis combinado.

F.V.	g.l.	REN (t ha <sup>-1</sup> )	MZP <sup>d</sup>	MZF <sup>d</sup>	FMA (días)	FFE (días)	APL (cm)	AMZ (cm)
CELAYA, GTO.								
Bloque	1	30.9**	57.2	842.9**	18.1	21.5	2970.7**	1950.3**
Genotipo	159	17.4**	72.2	312.9**	16.8**	16.9**	496.1	298.0**
Mestizos	153	12.2**	72.5	302.7**	16.6**	16.7**	485.5	290.7**
Testigos	5	2.1	57.9	66.4	16.1	16.1	508.3	507.1
M vs T	1	887.6**	101.5	3102.9**	53.6*	54.7*	2045.0*	375.7
Error	159	3.1	57.2	120.7	9.8	9.7	416.5	207.6
Total	319							
Medias de M		7.6	11.3	30.3	74.3	76.2	218.4	123.9
Medias de T		16.4	8.4	13.9	76.4	78.4	231.7	129.6
C.V.		22.1	67.5	36.9	4.2	4.1	9.3	11.6
GÓMEZ PALACIO, DGO.								
Bloque	1	10.5**	301.3**	747.6**	3.6	4.8	2656.5*	2178.8*
Genotipo	159	2.7	81.2	58.3	4.6*	4.5	693.7**	524.7*
Mestizos	153	2.2	80.3	57.3	4.5*	4.3	673.1**	507.4*
Testigos	5	4.3	21.5	97.1	7.0	7.0	1434.0**	1047.3*
M vs T	1	69.9**	521.0**	4.9	14.4*	15.2*	157.7	603.5
Error	159	2.1	73.2	55.9	3.5	3.6	405.7	371.6
Total	319							
Medias de M		7.6	11.0	8.7	63.9	65.9	193.3	103.4
Medias de T		10.1	17.7	9.3	65.0	67.0	197.0	110.7
C.V.		18.9	75.9	86.3	2.9	2.9	10.4	18.6
COMBINADO								
Loc	1	8.5	0.4	70924.9*	17368.1**	17388.9**	103352.6**	66483.6**
B/Loc	2	20.7	179.3	795.2	10.8	13.1	2813.6	2064.6
Genotipo	159	13.1**	80.9	216.6**	11.5**	11.5**	706.9**	508.9**
Mestizos	153	8.7**	82.7*	211.9**	11.3**	11.2**	680.4**	481.6**
Testigos	5	4.9	27.0	114.9	8.6	8.6	1328.2**	1254.4**
M vs T	1	728.1**	81.3	1430.2**	61.8**	63.8**	1669.2*	965.8
LocxGen	159	6.9**	72.5	154.6**	9.9**	9.9**	482.8	313.8
Loc x M	153	5.7**	70.1	148.1**	9.8**	9.8**	478.2	316.2
Loc x T	5	1.4	52.4	48.6	14.4	14.4	614.2	300.0
LocxMvsT	1	229.6**	541.2**	1677.7**	6.2	6.1	533.5	13.4
Error	318	2.6	65.2	88.4	6.6	6.7	411.1	289.6
Total	639							
Medias de M		7.63	11.2	19.5	69.1	71.1	205.8	113.7
Medias de T		13.25	13.0	11.6	70.7	72.7	214.3	120.1
C.V.		20.62	71.9	48.9	3.7	3.6	9.8	14.9

\* Diferencias estadísticas al 5%; \*\* Diferencias estadísticas al 1%.

<sup>d</sup> Datos con transformación angular.

testigos, que presentaron un rendimiento promedio de 16.4 t ha<sup>-1</sup> en Celaya, Gto. mientras que en Gómez Palacio, Dgo. fue de 10.1 t ha<sup>-1</sup>. Con respecto a localidades, se presentaron diferencias significativas ( $P < 0.01$ ) que indican que esta población tuvo menor porcentaje MZF, fue en promedio 10 días más precoz y presentó menor APL y AMZ en Gómez Palacio, Dgo. La interacción Loc x MvsT fue significativa ( $P < 0.01$ ) observándose que los testigos fueron más afectados en REN y MZP que los mestizos en Gómez Palacio, Dgo., mientras que el porcentaje MZF fue más alto para mestizos en Celaya, Gto.

Al comparar los mestizos con los testigos (M vs T) se observó que, en promedio para las dos localidades, los mestizos fueron más precoces ( $P < 0.01$ ) y tuvieron menor APL ( $P < 0.05$ ) que los testigos, aunque presentaron menor rendimiento y mayor porcentaje de MZF ( $P < 0.01$ ).

La población PB(A) Exp. I (Cuadro 4.2), también presentó un comportamiento inconsistente con respecto a la significancia en las variables evaluadas en las dos localidades. De nuevo se observó que el rendimiento de los testigos se redujo en Gómez Palacio, Dgo., y el porcentaje de MZF fue más alto para mestizos en Celaya, Gto. Estas

Cuadro 4.2. Cuadrados medios, coeficientes de variación y medias de testigos y mestizos del complejo cristalino PB(A) Exp. I, en localidades Celaya, Gto.; Gómez Palacio, Dgo.; y análisis combinado.

F.V.	gl	REN (t ha <sup>-1</sup> )	MZP <sup>d</sup>	MZF <sup>d</sup>	FMA (días)	FFE (días)	APL (cm)	AMZ (cm)
<b>CELAYA, GTO.</b>								
Bloque	1	0.6	17.9	0.2	111.3**	113.7**	54729.6*	14060.4**
Genotipo	168	23.9**	62.6	393.9**	9.8*	9.7	518.6	261.6
Mestizos	163	20.2**	64.0	395.6**	10.0*	9.9*	516.1	263.2
Testigos	4	1.7	8.5	16.6	2.7	2.7	283.8	200.0
M vs T	1	709.2**	41.9	1635.7**	0.1	0.1	1873.1*	245.6
Error	168	3.0	60.4	143.3	7.6	7.6	405.1	270.2
Total	337							
Medias de M		7.5	11.1	29.4	75.7	77.7	223.1	124.9
Medias de T		16.0	9.0	16.4	75.7	77.7	237.0	130.0
C.V.		22.5	70.3	41.2	3.6	3.6	9.0	13.1
<b>GÓMEZ PALACIO, DGO.</b>								
Bloque	1	6.2	45.1	1452.3**	20.4*	19.4*	526.9	436.3
Genotipo	168	3.4*	95.1*	56.8	5.6	5.8*	586.2*	528.5**
Mestizos	163	3.1	96.8*	57.7**	5.7	5.9*	561.5*	510.2**
Testigos	4	1.0**	17.9	23.2	0.4	0.4	102.5	125.0
M vs T	1	64.2**	128.8	36.2	1.9	1.8	6553.8**	5115.8**
Error	168	2.6	68.8	63.2	4.5	4.5	413.9	318.8
Total	337							
Medias de M		7.9	15.6	9.4	64.0	66.0	196.0	104.5
Medias de T		10.5	19.3	7.4	63.6	65.6	222.0	127.5
C.V.		20.3	52.7	85.5	3.3	3.2	10.3	16.9
<b>COMBINADO</b>								
Loc	1	12.1	3722.2**	65857.3*	23045.6**	23115.7**	120809.7	66921.7
B/Loc	2	3.4	31.5	726.2	65.7	66.5	27628.2	7248.3
Genotipo	168	16.8**	85.9*	252.9**	9.0**	9.1**	625.7**	435.8**
Mestizos	163	13.6**	87.9*	253.4**	9.2**	9.4**	591.7*	423.8*
Testigos	4	2.5	24.3	27.1	1.8	1.8	239.4	84.4
M vs T	1	600.2**	11.9	1079.4**	1.0	0.9	7717.2**	3801.5**
LocxGen	168	10.5**	71.8	197.8**	6.4	6.4	479.1	354.3
Loc x M	163	9.8**	72.9	199.9**	6.5	6.5	485.9	349.6
Loc x T	4	0.3	2.1	12.7	1.2	1.2	146.9	240.6
LocxMvsT	1	179.3**	158.7	592.5*	0.9	0.8	709.7	1559.8*
Error	336	2.8	64.6	103.2	6.0	6.0	409.5	294.5
Total	675							
Medias de M		7.71	13.4	19.4	69.9	71.9	209.6	114.8
Medias de T		13.27	14.2	11.9	69.7	71.7	229.5	128.8
C.V.		21.41	59.9	52.9	3.5	3.4	9.6	14.9

\* Diferencias estadísticas al 5%; \*\* Diferencias estadísticas al 1%.

<sup>d</sup> Datos con transformación angular.

variables presentaron, además, diferencias altamente significativas en la interacción Loc x MvsT ( $P < 0.01$ ). Los mestizos presentaron, en promedio, mayor porcentaje de MZP ( $P < 0.01$ ), fueron aproximadamente 10 días más precoces ( $P < 0.01$ ) y tuvieron menor APL y AMZ, en Gómez Palacio, Dgo. En general el comportamiento de la población PB(A) fue muy similar al de la población PA(B) excepto que la población PB(A) presentó mayor porcentaje de MZP.

Con respecto al contraste M vs T se observó que los mestizos presentaron menor promedio en REN ( $P < 0.01$ ) y mayor porcentaje de MZF ( $P < 0.01$ ) que los testigos. En este experimento los mestizos no mostraron mayor precocidad que los testigos pero si presentaron menor APL y AMZ ( $P < 0.01$ ).

Las poblaciones: P43(23) Exp. II, y Pool 23(43) Exp. II presentaron promedios altos en rendimiento (8.6 y 8.4 t ha<sup>-1</sup>, Cuadros 4.3 y 4.4, respectivamente) en Gómez Palacio, Dgo., superando incluso al obtenido en Celaya, Gto. Con respecto a los testigos, su rendimiento cambio de aproximadamente 14 t ha<sup>-1</sup> en Celaya, Gto. a 9.5 t ha<sup>-1</sup> en Gómez Palacio, Dgo. Por lo tanto, se observaron diferencias significativas ( $P < 0.01$ ) para la interacción Loc x MvsT en los dos experimentos. El promedio de MZF fue más alto en la

Cuadro 4.3. Cuadrados medios, coeficientes de variación y medias de testigos y mestizos del complejo dentado P43(23) Exp. II, en las localidades Celaya, Gto.; Gómez Palacio, Dgo.; y análisis combinado.

F.V.	gl	REN (t ha <sup>-1</sup> )	MZP <sup>a</sup>	MZF <sup>d</sup>	FMA (días)	FFE (días)	APL (cm)	AMZ (cm)
CELAYA, GTO.								
Bloque	1	55.5**	252.9	1095.4*	239.4**	241.3**	46.7	308.8
Genotipo	138	30.0**	82.2	533.3**	12.0	12.0	824.2**	294.2
Mestizos	134	27.7**	83.0	536.4**	11.9	11.9	761.7**	287.4
Testigos	3	6.6	71.8	15.1	8.5	8.5	436.5	304.2
M vs T	1	411.1**	8.9	1671.2**	40.6*	40.5*	10365.5**	1174.4*
Error	138	4.8	77.8	191.4	9.3	9.3	491.0	252.4
Total	277							
Medias de M		6.8	10.6	31.6	81.0	83.0	209.1	116.5
Medias de T		14.1	11.7	16.9	78.8	80.8	245.6	128.8
C.V.		31.0	82.9	44.4	3.8	3.7	10.5	13.6
GÓMEZ PALACIO, DGO.								
Bloque	1	0.7	15.0	3.9	11.3*	12.9*	492.5	991.5
Genotipo	138	3.5	73.6	36.7	3.3*	3.4*	702.1**	524.1
Mestizos	134	3.5**	71.2	36.7	3.4*	3.5*	697.8**	530.8
Testigos	3	2.1*	55.8	50.9	1.5	1.5	794.8	344.8
M vs T	1	13.4*	451.2*	1.0	0.1	0.1	998.8	160.3
Error	138	2.3	80.9	35.3	2.3	2.3	392.8	417.9
Total	277							
Medias de M		8.6	17.4	7.6	64.7	66.7	200.5	107.3
Medias de T		9.9	25.0	7.9	64.6	66.6	211.9	111.9
C.V.		17.8	51.1	77.9	2.3	2.3	9.9	19.0
COMBINADO								
Loc	1	336.7	6768.5*	76939.3**	36712.8**	36794.1**	11990.5*	12139.6*
B/Loc	2	28.1	133.9	549.7	125.4	125.9	269.6	650.1
Genotipo	138	19.7**	78.9	301.6**	9.1**	9.5**	958.5**	485.9*
Mestizos	134	17.9**	77.5	304.0**	9.1**	9.5**	913.7**	490.2*
Testigos	3	6.6	72.4	28.9	2.2	2.2	312.5	93.2
M vs T	1	286.5**	293.8	794.7**	22.1	21.6	8899.8**	1101.2
LocxGen	138	13.9**	76.8	268.4**	6.3	6.2	567.9	332.3
Loc x M	134	13.2**	76.6	268.9**	6.1	6.1	545.9	328.0
Loc x T	3	2.1	55.2	37.1	7.7	7.7	918.8	555.7
LocxMvsT	1	138.1**	166.4	877.6**	18.6	18.9	2464.5*	233.5
Error	276	3.5	79.4	113.3	5.8	5.9	441.9	335.1
Total	555							
Medias de M		7.69	14.0	19.6	72.9	74.9	204.8	111.9
Medias de T		11.98	18.4	12.4	71.7	73.7	228.8	120.3
C.V.		24.09	63.0	54.9	3.3	3.2	10.2	16.3

\* Diferencias estadísticas al 5%; \*\* Diferencias estadísticas al 1%.

<sup>d</sup> Datos con transformación angular.

Cuadro 4.4. Cuadrados medios, coeficientes de variación y medias de testigos y mestizos del complejo cristalino Pool 23(43) Exp. II, en las localidades Celaya, Gto.; Gómez Palacio, Dgo.; y análisis combinado.

		REN	MZP <sup>d</sup>	MZF <sup>d</sup>	FMA	FFE	APL	
AMZ	gl	(t ha <sup>-1</sup> )			(días)	(días)	(cm)	
F.V.								
(cm)								
CELAYA, GTO.								
Bloque	1	11.0*	6.9	8.6	43.1	41.4	460.9	645.6
Genotipo	115	16.5**	46.0**	135.5*	17.6**	17.6**	558.9*	318.2*
Mestizos	112	13.8**	43.2**	135.3*	16.6*	16.6*	559.2*	318.5*
Testigos	2	6.4	178.0**	201.4	8.7	8.7	179.2	104.2
M vs T	1	338.0**	96.6	29.6	146.5**	146.5**	1284.5	717.3
Error	115	2.8	29.7	99.2	11.9	12.1	400.5	227.2
Total	231							
Medias de M		7.1	7.3	16.6	80.7	82.7	213.5	108.1
Medias de T		14.7	11.4	18.9	75.7	77.7	228.3	119.2
C.V.		22.9	73.5	59.7	4.3	4.2	9.4	13.9
GÓMEZ PALACIO, DGO.								
Bloque	1	0.1	0.1	339.8**	7.3*	6.2*	1405.4	5064.9**
Genotipo	115	3.3**	64.1	47.2	2.7**	2.5**	637.8**	467.6
Mestizos	112	3.1**	64.2	47.7	2.8**	2.6**	643.3**	447.6
Testigos	2	9.2**	16.9	34.6	1.2	1.2	623.2	1804.2**
M vs T	1	2.8	141.1	17.6	0.8	0.7	45.7	35.7
Error	115	2.0	65.6	47.8	1.3	1.2	411.8	369.9
Total	231							
Medias de M		8.4	10.7	8.2	65.5	67.5	198.4	101.7
Medias de T		9.1	15.6	6.5	65.2	67.2	201.2	104.2
C.V.		16.8	74.6	84.9	1.8	1.7	10.2	18.9
COMBINADO								
Loc	1	146.5*	1367.9**	8479.2*	26175.1**	26220.1**	27683.3*	5078.1
B/Loc	2	5.5	3.5	174.2	25.2	23.8	933.1	2855.2
Genotipo	115	10.7**	60.3	109.2**	12.4**	12.4**	651.2**	476.5**
Mestizos	112	9.1**	57.4	108.9**	11.9**	11.9**	648.2**	467.9**
Testigos	2	5.6	135.9	182.6	7.6	7.6	690.8	933.3*
M vs t	1	201.2**	235.6*	0.8	84.3**	83.9**	907.3	536.6
LocxGen	115	9.0**	49.8	73.5	7.9	7.7	545.5*	309.3
Loc x M	112	7.9**	50.1	74.1	7.5	7.3	554.3*	298.3
Loc x T	2	9.9*	58.9	53.5	2.3	2.3	111.6	975.0*
LocxMvsT	1	139.6**	2.1	46.4	62.9**	63.3**	422.9	216.5
Error	230	2.4	47.6	73.5	6.7	6.7	406.1	298.5
Total	463							
Medias de M		7.78	9.0	12.4	73.1	75.1	205.9	104.9
Medias de T		11.92	13.5	12.7	70.4	72.4	214.8	111.7
C.V.		19.69	75.6	69.0	3.5	3.4	9.8	16.5

\* Diferencias estadísticas al 5%; \*\* Diferencias estadísticas al 1%.

<sup>d</sup> Datos con transformación angular.

localidad de Celaya, Gto., principalmente para los mestizos de la población P43(23). Mientras que el porcentaje de MZP fue más alto para testigos en Gómez Palacio, Dgo. Ambas poblaciones de mestizos fueron aproximadamente 15 días más precoces y presentaron menor APL y AMZ en la localidad de Gómez Palacio, Dgo.

El contraste M vs T indica que la población P43(23) presentó menor REN y APL que los testigos, y los superó en porcentaje de MZF. La población Pool 23(43) también presentó menor rendimiento que los testigos, y con respecto a días a madurez fue más tardía que los testigos.

El comportamiento de los testigos en la localidad de Celaya, Gto. fue muy similar, pero en la localidad de Gómez Palacio, Dgo. se presentaron diferencias altamente significativas entre testigos para la variable REN.

En Celaya, Gto. los testigos promediaron mayor rendimiento que los mestizos, pero en Gómez Palacio, Dgo. sólo se detectaron diferencias altamente significativas para el contraste M vs T, en los ensayos del Exp. I. Con respecto a los ensayos del Exp. II, sólo se detectó significancia en la población P43(23). Por lo tanto, la

diferencia en rendimiento entre testigos y mestizos del Exp. II fue menor.

De manera general se observa que los ensayos evaluados en la localidad de Gómez Palacio, Dgo. presentaron mayor precocidad que en Celaya, Gto. Simmonds (1987) indica que una ganancia de 5 a 6 días en madurez en maíz, reduce la altura de planta, el rendimiento y componentes del rendimiento. Este comportamiento se observó en la reducción del REN de los testigos, y en la disminución de días a madurez, y altura de planta de mestizos y testigos. Con respecto al REN de los mestizos: P 43(23) y Pool 23(43) del Exp. II, éste tendió a incrementarse en la localidad de Gómez Palacio, Dgo. Esta cualidad positiva de la población 43 en el ambiente de Gómez Palacio, Dgo. podría ser un efecto del mejoramiento a la tolerancia a la sequía que se ha efectuado en esta población (CIMMYT, 1986).

Otras variables que fueron afectadas por el cambio ambiental fue el porcentaje de MZP y MZF. Un ambiente adverso puede incrementar o disminuir la resistencia total hacia las enfermedades. Cultivos adaptados a climas cálidos tropicales y subtropicales, como el maíz, a menudo muestran mayor resistencia a las enfermedades a temperaturas de 30-35 °C, pero muestran pérdidas progresivas de la resistencia

a temperaturas más bajas (Christiansen y Lewis, 1987). Este puede ser el caso con respecto al menor porcentaje de MZF detectado en Gómez Palacio, Dgo. Lo contrario se observó para el porcentaje de MZP, el cual se incrementó en esta localidad. Christiansen y Lewis (1987) indican que la resistencia a ciertos patógenos casi siempre se abate con altas temperaturas (30-45°C). *Macrophomina phaseoli* causante de la pudrición carbonosa del maíz y otros cultivos, es un ejemplo clásico de este tipo de patógenos.

*Fusarium moniliforme*, se presenta en todas las regiones geográficas; sin embargo, el daño causado en los cultivos dependerá de las condiciones bióticas y abióticas que puedan favorecerlo. En áreas calientes y secas su daño es más evidente cuando las plantas están cerca de la floración, en cambio *Fusarium graminearum* (estado perfecto *Gibberella zeae*) prevalece en áreas húmedas, templadas o frías. Este es uno de los agentes de pudrición de tallos potencialmente más severos (De León, 1984).

Avendaño (1997) indica que *Fusarium moniliforme* (Sheld) [estado perfecto *Gibberella fujikuroi*] está ampliamente distribuido en las zonas maiceras de México. La zona de mayor incidencia de este patógeno es la zona del Bajío (que comprende los estados de Jalisco, Michoacán,

Querétaro y Guanajuato) así como el norte de Tamaulipas. Castro (1997) señala que en el Instituto Mexicano del Maíz se ha aislado *F. moniliforme* de granos y tallos de maíz en los campos experimentales de Celaya, Gto., Torreón, Coah., Ursulo Galván, Ver., y Tepalcingo, Morelos.

Las variables porcentaje de MZP y MZF presentaron coeficientes de variación altos en los análisis individuales y combinados. Por lo general, estas características son muy afectadas por las condiciones ambientales, y además son variables de clasificación sujetas a la apreciación del observador. Por otra parte, los datos expresados en porcentajes no siguen una distribución normal, y a pesar de ser transformados (arco seno) no siempre se consigue forzar datos hacia una distribución normal. Otras variables que por lo general presentan altos coeficientes de variación son: por ciento de acame de planta y de raíz. Rodríguez y Hallauer (1991) reportan valores de C.V. para estas variables de 33.9 y 198.3 por ciento, respectivamente.

Finalmente, se puede observar que aunque los testigos presentaron mayor promedio en REN y menor porcentaje de MZF, algunas poblaciones de mestizos presentaron

características sobresalientes como menor porcentaje de MZP, mayor precocidad y menor APL y AMZ.

### Promedios de Mestizos con Alto Rendimiento

Los mestizos más sobresalientes en rendimiento de la población PA(B) Exp. I se presentan en el Cuadro 4.5. Al aplicar la prueba de Tukey al 5 por ciento de probabilidad, se observa que 26 mestizos quedaron incluidos en el rango de los testigos con rendimientos que van de 9.03 a 13.18 t ha<sup>-1</sup>. En el Cuadro 4.6, los 32 mestizos de la población PB(A) Exp. I, quedaron dentro del rango de los testigos y presentaron rendimientos que van de 9.64 a 11.24 t ha<sup>-1</sup>. La media general de la población PA(B)  $\bar{x} = 7.8$  (que comprende el promedio de los mestizos y testigos) fue superada por 63 mestizos que presentaron rendimientos entre 7.87 y 13.18 t ha<sup>-1</sup>. En la población PB(A) 75 mestizos se situaron arriba de la media general ( $\bar{x} = 7.9$ ) con rendimientos entre 7.91 y 11.24 t ha<sup>-1</sup>.

Cuadro 4.5. Promedios de los mejores mestizos del complejo dentado PA(B) Exp.I, con respecto a rendimiento en el análisis combinado.

Entrada	REN (t ha <sup>-1</sup> )	MZP (%)	MZF (%)	FMA (días)	FFE (días)	APL (cm)	AMZ (cm)
AN-447 <sup>t</sup>	14.12	8	11	72	74	230	134
48	13.18	0	6	70	72	210	111
AN-EXP1 <sup>t</sup>	12.93	6	1	70	72	213	116
AN-EXP2 <sup>t</sup>	12.70	6	5	71	73	201	112
23	12.52	1	6	70	72	263	149
28	10.78	1	2	68	70	211	98
116	10.76	1	13	67	69	206	116
78	10.69	6	5	70	72	219	121
6	10.20	3	5	68	70	225	120
106	9.98	0	2	68	70	193	105
13	9.95	0	8	69	71	214	118
33	9.82	0	4	70	72	205	114
51	9.82	4	12	70	72	195	111
79	9.79	1	4	67	69	209	108
58	9.72	1	11	69	71	199	101
147	9.70	5	5	69	71	198	109
82	9.65	9	3	69	71	204	107
109	9.65	0	2	67	69	230	125
100	9.55	10	14	67	69	199	109
126	9.49	7	11	68	70	214	129
3	9.44	1	6	68	70	193	99
113	9.40	3	3	68	70	201	109
145	9.37	2	3	69	71	211	119
31	9.20	5	9	69	71	218	125
93	9.19	7	15	69	71	221	131
103	9.13	5	14	67	69	250	144
76	9.13	3	7	69	71	221	117
114	9.04	3	13	66	68	210	123
99	9.03	6	5	68	70	200	120
125	8.97	1	12	68	70	210	119
98	8.91	2	4	67	69	213	116
134	8.91	5	9	68	70	194	95
112	8.83	1	7	67	69	208	118
25	8.83	1	3	67	69	206	120
57	8.82	6	5	69	71	220	120
$\bar{x}$ General	7.8	5	15	69	71	206	114
Tukey(0.05)	5.2	21.7	39.1	8.3	8.3	65.2	54.7

<sup>t</sup> Testigos.

Cuadro 4.6. Promedios de los mejores mestizos del complejo cristalino PB(A) Exp. I, con respecto a rendimiento en el análisis combinado.

Entrada	REN (t ha <sup>-1</sup> )	MZP (%)	MZF (%)	FMA (días)	FFE (días)	APL (cm)	AMZ (cm)
AN-447 <sup>t</sup>	13.59	9	7	70	72	237	134
AN-EXP1 <sup>t</sup>	13.37	7	4	70	72	227	126
AN-EXP2 <sup>t</sup>	12.45	5	5	70	72	221	126
21	11.24	4	10	69	71	216	118
129	11.16	0	5	69	71	234	135
58	11.06	7	6	71	73	224	121
57	11.05	0	3	70	72	213	121
114	10.99	9	6	69	71	219	133
4	10.94	3	6	68	70	200	108
147	10.81	1	10	69	71	219	113
34	10.75	8	14	72	74	229	131
24	10.57	5	2	69	71	204	116
142	10.56	12	6	67	69	213	108
51	10.56	5	7	69	71	208	111
120	10.52	7	3	69	71	213	116
82	10.37	3	6	69	71	206	109
151	10.35	4	9	69	71	206	101
128	10.28	6	8	68	70	218	109
145	10.25	12	11	68	70	200	108
35	10.14	0	12	71	73	203	110
101	10.08	5	3	69	71	209	119
80	10.07	6	7	71	73	231	129
2	10.07	8	5	71	73	225	113
134	10.03	9	5	70	72	223	120
74	9.99	4	8	72	74	225	123
59	9.86	1	5	70	72	200	111
25	9.83	4	4	70	72	208	123
116	9.77	1	15	68	70	205	106
161	9.77	4	8	71	73	215	124
15	9.72	5	2	70	72	219	133
41	9.72	0	4	69	71	204	119
163	9.71	3	6	69	71	219	100
44	9.64	3	3	73	75	228	129
66	9.60	2	6	70	72	205	111
72	9.55	3	6	69	71	205	113
$\bar{x}$ General	7.9	7	15	70	72	210	115
Tukey(0.05)	5.45	23.1	40.8	7.9	7.9	65.4	55.5

<sup>t</sup> Testigos.

En la población P43(23) Exp. II (Cuadro 4.7), se observa que varios mestizos superaron en rendimiento a la mayoría de los testigos, y presentaron valores que van de 9.67 a 13.37 t ha<sup>-1</sup>. En los mestizos de la población Pool 23(43) (Cuadro 4.8) también se cuenta con mestizos que superaron a uno de los testigos y presentaron rendimientos que van de 8.38 a 11.98 t ha<sup>-1</sup>. Al aplicar la prueba de Tukey al 5% de probabilidad se determinó que ambos grupos de mestizos son estadísticamente similares a los testigos y que presentaron además valores bajos de MZP y MZF. Con respecto a la media general, se encontró que 65 mestizos de la población P43(23) superaron a la media ( $\bar{x} = 7.8$ ) con un rango de valores de 7.82 a 13.37 t ha<sup>-1</sup>. En tanto que la media ( $\bar{x} = 7.9$ ) de la población Pool 23(43) fue superada por 45 mestizos que presentaron rendimientos de 7.92 a 11.98 t ha<sup>-1</sup>. A diferencia de las dos poblaciones del Exp. I, aquí sí hubo mestizos que superaron a los promedios de los testigos, con un comportamiento muy competitivo en Gómez Palacio, Dgo.

Se puede determinar de estos resultados, que en los cuatro complejos germoplásmicos se cuenta con mestizos que presentan buen comportamiento con respecto a la mayoría de

Cuadro 4.7. Promedios de los mejores mestizos del complejo dentado P43(23) Exp. II, con respecto a rendimiento en el análisis combinado.

Entrada	REN (t ha <sup>-1</sup> )	MZP (%)	MZF (%)	FMA (días)	FFE (días)	APL (cm)	AMZ (cm)
86	13.37	7	5	72	74	209	115
AN-EXP1 <sup>t</sup>	13.35	9	8	72	74	228	118
4	12.88	4	2	73	75	215	114
99	12.76	7	5	71	73	199	110
66	12.41	3	3	73	75	230	131
114	11.76	10	9	74	76	208	114
AN-447 <sup>t</sup>	11.73	16	6	72	74	235	123
2	11.63	4	5	71	73	210	106
26	11.45	3	9	74	76	223	126
33	11.25	0	2	72	74	189	104
AN-EXP2 <sup>t</sup>	11.13	7	6	73	75	218	119
45	10.93	6	8	72	74	205	120
25	10.79	6	2	72	74	210	113
65	10.72	6	1	71	73	231	111
77	10.64	1	1	70	72	216	105
34	10.46	5	6	71	73	224	126
106	10.29	2	4	74	76	201	105
63	10.21	4	8	70	72	190	103
46	10.20	6	4	73	75	203	116
93	10.06	8	5	72	73	190	90
36	10.02	4	5	72	74	200	105
59	9.93	3	6	73	75	233	128
123	9.89	6	6	70	72	216	110
102	9.88	5	9	72	74	208	109
14	9.86	3	9	71	73	214	115
97	9.84	4	9	72	74	213	103
6	9.78	11	8	73	75	223	118
41	9.76	6	3	75	77	243	133
119	9.75	13	5	74	76	211	120
51	9.73	10	7	74	76	213	125
74	9.71	6	7	71	73	186	101
127	9.71	5	6	73	75	199	99
140	9.71	5	3	75	77	205	106
9	9.67	4	5	72	74	229	121
55	9.55	10	11	71	73	214	115
$\bar{x}$ General	7.8	8	16	73	75	206	112
Tukey(0.05)	5.98	26.9	42.6	7.7	7.7	66.8	58.2

<sup>t</sup> Testigos.

Cuadro 4.8. Promedios de los mejores mestizos del complejo cristalino Pool 23(43) Exp. II, con respecto a rendimiento en el análisis combinado.

Entrada	REN (t ha <sup>-1</sup> )	MZP (%)	MZF <sup>t</sup> (%)	FMA (días)	FFE (días)	APL (cm)	AMZ (cm)
AN-447 <sup>t</sup>	12.78	11	13	72	74	228	125
AN-EXP1 <sup>t</sup>	12.42	3	1	70	72	216	115
83	11.98	0	1	73	75	226	104
50	11.63	6	0	72	74	206	100
25	11.45	5	0	73	75	221	103
1	11.03	5	7	71	73	210	108
35	10.88	0	2	72	74	205	108
49	10.82	4	2	74	76	220	115
2	10.71	0	5	70	72	210	115
AN-EXP2 <sup>t</sup>	10.57	7	6	70	72	201	95
73	10.27	2	3	74	76	231	114
37	10.18	4	3	71	73	206	103
100	10.14	1	7	72	74	192	97
11	9.83	2	1	71	73	213	107
108	9.80	0	2	73	75	203	89
47	9.76	2	5	75	77	213	109
93	9.73	3	3	72	74	208	110
69	9.68	10	5	72	74	209	104
51	9.49	4	6	70	72	206	106
23	9.37	2	3	73	75	209	99
48	9.28	5	2	74	76	228	118
12	9.14	6	8	71	73	203	105
107	9.03	4	10	72	74	204	94
34	8.99	3	1	74	76	222	136
62	8.97	4	8	73	75	220	118
20	8.85	3	4	70	72	186	93
86	8.80	1	7	72	74	191	91
65	8.78	0	5	71	73	213	108
57	8.77	4	5	72	74	196	90
66	8.74	2	0	73	75	219	99
42	8.72	7	7	72	74	224	99
10	8.71	2	8	74	76	223	115
53	8.50	0	9	73	75	215	106
98	8.43	0	12	72	74	201	93
22	8.38	4	2	74	75	215	115
$\bar{x}$ General	7.9	4	7	73	75	206	105
Tukey(0.05)	4.87	17.3	26.2	8.1	8.1	63.2	54.2

<sup>t</sup> Testigos.

las características evaluadas, lo que permite seleccionar líneas adecuadas para su recombinación y así obtener el material básico con buen rendimiento y adaptabilidad para el siguiente ciclo de selección.

### Comparación Entre Poblaciones

La prueba de  $t$  se utilizó para comparar las cuatro poblaciones de mestizos. En el Cuadro 4.9 se observa que la población PA(B) presentó menor porcentaje de MZP, mayor precocidad y menor APL que la población PB(A), aunque la diferencia entre estas dos poblaciones fue relativamente pequeña, el alto número de mestizos que participó en la prueba [154 y 164 de la población PA(B) y PB(A), respectivamente] permitió que se obtuvieran valores significativos. Con respecto a diferencias entre poblaciones de mestizos del Exp. II, se observa que la población Pool 23(43) presentó menor porcentaje de MZP, MZF y AMZ que la población P43(23). Por lo tanto, se puede considerar que la población Pool 23(43), junto con la población PA(B) fueron las más sobresalientes. También se puede señalar entre las principales diferencias entre mestizos del Exp. I y Exp. II, que los del Exp. II fueron más tardíos que los del Exp. I ( $P < 0.01$ ).

Cuadro 4.9. Comparación de los valores medios entre los mestizos directos y recíprocos utilizando la prueba de *t* para las variables evaluadas en los análisis combinados.

Mestizos	REN (t ha <sup>-1</sup> )	MZP <sup>d</sup>	MZF <sup>d</sup>	FMA (días)	FFE (días)	APL (cm)	AMZ (cm)
Experimento I							
PA(B)	7.63	11	20	69	71	206	114
<i>vs</i>							
PB(A)	7.71	13	19	70	72	210	115
Significancia	ns	**	ns	**	**	**	ns
Experimento II							
P43(23)	7.69	14	20	73	75	205	112
<i>vs</i>							
Pool 23(43)	7.78	9	12	73	75	206	105
Significancia	ns	**	**	ns	ns	ns	**

<sup>d</sup> Datos con transformación angular.

Al comparar la población PA(B) con los mestizos del Exp. II (Cuadro 4.10) esta población también presentó menor porcentaje MZP y fue más precoz que la población P43(23). La población Pool 23(43) fue la única población con menor porcentaje de MZP, MZF y AMZ que la población PA(B), pero con respecto a días a madurez, la población PA(B) fue la más precoz de las cuatro poblaciones.

Cuadro 4.10. Comparación de los valores medios entre los mestizos directos de PA(B) del Exp. I contra los mestizos directos y recíprocos del Exp. II utilizando la prueba de *t* para las variables evaluadas en los análisis combinados.

Mestizos	REN (t/ha <sup>-1</sup> )	MZP <sup>d</sup>	MZF <sup>d</sup>	FMA (días)	FFE (días)	APL (cm)	AMZ (cm)
PA(B)	7.63	11	20	69	71	206	114
<i>vs</i> P43(23)	7.69	14	20	73	75	205	112
Pool 23(43)	7.78	9	12	73	75	206	105
Significancia	ns	**	ns	**	**	ns	ns
Significancia	ns	**	**	**	**	ns	**

<sup>d</sup> Datos con transformación angular.

Al comparar la población PB(A) con los mestizos del Exp. II (Cuadro 4.11), ésta mostró mayor precocidad, APL y AMZ que las otras dos poblaciones de mestizos; además, tuvo mayor porcentaje de MZP y MZF que la población Pool 23(43). Por otra parte se puede considerar que de las cuatro poblaciones de mestizos la población PB(A) presentó la mayor APL y AMZ.

Algunas de las poblaciones evaluadas por Cortez *et al.* (1985), que se incluyen en el presente experimento, presentaron un comportamiento similar con respecto a características evaluadas en la prueba de mestizos. La población Pool 20 fue la más precoz de 10 poblaciones

utilizadas en el experimento de Medias Generacionales. Esta población se recombinó con la P43 para formar la PA (Pool 20 x P43), la cual presentó la mayor precocidad en la evaluación de mestizos. La población Pool 19 mostró la mayor altura de planta; esta población se recombinó con Pool 23 para formar la PB (Pool 19 x Pool 23). El Pool 23 presentó menor altura de mazorca, tanto en el experimento de Medias Generacionales, como en la evaluación de los mestizos.

Cuadro 4.11. Comparación de los valores medios entre los mestizos recíprocos de PB(A) del Exp. I contra los mestizos directos y recíprocos del Exp. II utilizando la prueba de  $t$  para las variables evaluadas en los análisis combinados.

Mestizos	REN (t ha <sup>-1</sup> )	MZP <sup>d</sup>	MZF <sup>d</sup>	FMA (días)	FFE (días)	APL (cm)	AMZ (cm)
PB(A)	7.71	13	19	70	72	210	115
<i>vs</i>							
P43(23)	7.69	14	20	73	75	205	112
Pool 23(43)	7.78	9	12	73	75	206	105
Significancia	ns	ns	ns	**	**	**	*
Significancia	ns	**	**	**	**	**	**

<sup>a</sup> Datos con transformación angular.

### Parámetros Genéticos

En la estimación de los parámetros genéticos se observaron valores reducidos de error estándar para la  $\sigma_p^2$

en las cuatro poblaciones de mestizos. Se observó también que en las variables evaluadas, las poblaciones que presentaron valores reducidos de  $\sigma^2G$ , fueron las que presentaron el valor más alto de error estándar. En los Cuadros 4.12 y 4.13, se observa con respecto a REN, que a medida que se incrementa el valor del error estándar de la  $\sigma^2G$ , se redujo el valor de  $H^2$ . Por lo tanto, el valor más alto de  $H^2$  se estimó para la población PA(B) y el más bajo para el Pool 23(43).

Cuadro 4.12. Varianza genética y fenotípica, heredabilidad en sentido amplio y coeficiente de variación genética para los mestizos del Experimento I.

	REN	MZP	MZF	FMA	FFE	APL	AMZ
<b>Complejo dentado PA(B)</b>							
$\sigma^2G$	0.76 (0.29) <sup>s</sup>	3.14 (3.07)	15.96 (7.34)	0.36 (0.42)	0.37 (0.42)	50.54 (23.61)	41.35 (16.36)
$\sigma^2P$	2.18 (0.24)	20.68 (2.34)	53.00 (6.02)	2.82 (0.32)	2.81 (0.31)	170.09 (19.32)	120.40 (13.67)
$H^2$	0.35 (0.13)	0.15 (0.14)	0.30 (0.13)	0.13 (0.15)	0.13 (0.15)	0.30 (0.13)	0.34 (0.13)
CVG	11.43	15.87	20.49	0.87	0.85	3.45	5.66
<b>Complejo cristalino PB(A)</b>							
$\sigma^2G$	0.96 (0.46) <sup>s</sup>	3.74 (3.14)	13.37 (8.88)	0.68 (0.31)	0.71 (0.31)	26.45 (21.07)	18.53 (15.12)
$\sigma^2P$	3.40 (0.37)	21.98 (2.42)	63.36 (6.97)	2.31 (0.25)	2.34 (0.25)	147.92 (16.28)	105.94 (11.66)
$H^2$	0.28 (0.13)	0.17 (0.14)	0.21 (0.14)	0.29 (0.13)	0.30 (0.13)	0.18 (0.14)	0.18 (0.14)
CVG	12.68	14.46	18.86	1.18	1.17	2.45	3.75

<sup>s</sup> (Error estándar).

Cuadro 4.13. Varianza genética y fenotípica, heredabilidad en sentido amplio y coeficiente de variación genética para los mestizos del Experimento II.

	REN	MZP	MZF	FMA	FFE	APL	AMZ
<b>Complejo dentado P43(23)</b>							
$\sigma^2G$	1.18 (0.67) <sup>s</sup>	0.23 (3.30)	8.76 (12.3)	0.75 (0.33)	0.77 (0.33)	91.95 (32.26)	40.54 (17.88)
$\sigma^2P$	4.49 (0.54)	19.39 (2.35)	76.02 (9.21)	2.29 (0.27)	2.31 (0.28)	228.42 (27.69)	122.55 (14.86)
$H^2$	0.26 (0.15)	0.01 (0.17)	0.12 (0.16)	0.33 (0.14)	0.34 (0.14)	0.40 (0.14)	0.33 (0.14)
CVG	14.14	3.39	15.11	1.19	1.18	4.68	5.69
<b>Complejo cristalino Pool 23(43)</b>							
$\sigma^2G$	0.31 (0.39) <sup>s</sup>	1.83 (2.52)	8.71 (4.36)	1.11 (0.46)	1.15 (0.46)	23.48 (28.24)	42.40 (18.37)
$\sigma^2P$	2.28 (0.30)	14.36 (1.90)	27.23 (3.60)	2.97 (0.39)	2.97 (0.39)	162.05 (21.46)	116.96 (15.49)
$H^2$	0.14 (0.17)	0.13 (0.17)	0.32 (0.16)	0.37 (0.15)	0.39 (0.15)	0.15 (0.17)	0.36 (0.15)
CVG	7.18	15.03	23.79	1.44	1.43	2.35	6.21

<sup>s</sup> (Error estándar).

Por otra parte, en las poblaciones que presentaron altos valores de  $\sigma^2G$ , el error estándar fue menor a la mitad del valor de la  $\sigma^2G$ . Así, se puede observar que la población PA(B) fue sobresaliente en cuanto a REN y MZF; la población Pool 23(43) en: MZF, FMA, FFE y AMZ; y la población P43(23) en APL. Estas poblaciones también registraron los valores más altos de  $H^2$  y los valores más altos de CVG; tal variación permite que en ciclos posteriores se efectúe la selección en estas características, que son importantes en el mejoramiento del maíz.

Para la variable MZP se estimaron altos valores de error estándar en las cuatro poblaciones, principalmente en la población P43(23), la que mostró el más bajo valor de  $\sigma^2g$  y el más alto error estándar. Además, esta población fue la que presentó el más alto promedio de MZP (Cuadro 4.9). Con respecto a MZF, esta población también presentó el más alto error estándar y el más bajo valor de  $H^2$ .

La ganancia genética estimada para rendimiento mediante la Selección Recíproca Recurrente fue mayor en las poblaciones de madurez intermedia del Exp. I,  $\Delta G= 1.637$  t  $ha^{-1}$  que para las poblaciones de madurez tardía del Exp. II,  $\Delta G= 1.146$  t  $ha^{-1}$ , esto debido principalmente a que las poblaciones de madurez intermedia poseen una base genética más amplia. Menz y Hallauer (1998) reportan un valor similar de  $\Delta G= 1.42$  t  $ha^{-1}$  para el programa de SRR iniciado con las poblaciones BS28 y BS29. La media de rendimiento en el complejo cristalino PB(A) Exp. I ( $\bar{x}= 7.71$ ) y en el complejo cristalino Pool 23(43) Exp. II ( $\bar{x}= 7.78$ ) fueron más altas que la de los complejos dentados (Cuadro 4.9), pero la heredabilidad fue más alta en los complejos dentados PA(B) Exp. I (35 por ciento) y P43(23) Exp. II (26 por ciento) (Cuadros 4.12 y 4.13 respectivamente), por lo

tanto, se considera que estos mestizos contribuyeron más a la ganancia genética estimada.

### Correlaciones Genéticas y Fenotípicas

Las correlaciones genéticas y fenotípicas del Exp. I se presentan en el Cuadro 4.14. Las poblaciones PA(B) y PB(A) exhibieron una tendencia similar con respecto a los dos tipos de correlaciones. De los valores más significativos, destaca la correlación positiva entre días a FMA y FFE, APL y AMZ, y MZF con MZP. La variable REN presentó una alta correlación negativa con MZF. Las correlaciones genéticas de la población PA(B), fueron de magnitud semejante a las fenotípicas. En la población PB(A) algunas correlaciones genéticas negativas fueron nominativamente más altas que las fenotípicas.

Las poblaciones P43(23) y Pool 23(43) del Exp. II (Cuadro 4.15) también presentaron valores altos de correlación fenotípica entre las mismas variables que las poblaciones del Exp. I. Excepto que la población Pool 23(43) presentó el más bajo valor de correlación negativa entre MZF y REN ( $r=-0.37^{**}$ ) y la variable MZP presentó correlaciones reducidas y no significativas con REN

Cuadro 4.14. Correlaciones genéticas y fenotípicas arriba y abajo de la diagonal, respectivamente, para los mestizos del Experimento I.

	REN	MZP	MZF	FMA	FFE	APL	AMZ
<b>Complejo dentado PA(B)</b>							
REN		-0.37	-0.64	-0.18	-0.18	0.63	0.26
MZP	-0.31**		0.16	-0.15	-0.22	-0.13	0.28
MZF	-0.65**	0.38**		0.31	0.28	-0.40	-0.29
FMA	-0.24*	0.11	0.20*		0.99	0.07	0.50
FFE	-0.24*	0.12	0.20*	1.00**		0.10	0.48
APL	0.25*	-0.01	-0.19	-0.14	-0.13		0.76
AMZ	0.08	0.06	-0.09	-0.04	-0.03	0.72**	
<b>Complejo cristalino PB(A)</b>							
REN		-0.10	-0.84	-1.70	0.01	0.46	0.48
MZP	-0.35**		0.44	0.48	0.42	0.34	0.15
MZF	-0.71**	0.40**		-0.08	-0.14	-0.06	-0.34
FMA	-0.25*	0.22*	0.15		1.00	0.42	0.89
FFE	-0.25*	0.22*	0.14	1.00**		0.45	0.90
APL	0.25*	-0.01	-0.11	0.04	0.04		0.84
AMZ	0.21*	-0.02	-0.12	0.13	0.13	0.70**	

\* Diferencias al 5%; \*\* Diferencias al 1%.

Cuadro 4.15. Correlaciones genéticas y fenotípicas arriba y abajo de la diagonal, respectivamente, para los mestizos del Experimento II.

	REN	MZP	MZF	FMA	FFE	APL	AMZ
<b>Complejo dentado P43(23)</b>							
REN		-1.84	-0.66	-0.69	-0.68	0.12	-0.08
MZP	-0.37**		-0.26	1.93	1.71	0.69	1.49
MZF	-0.69**	0.38**		1.12	1.05	-0.12	0.54
FMA	-0.41**	0.17	0.26**		1.00	0.33	0.94
FFE	-0.41**	0.17	0.25*	1.00**		0.33	0.92
APL	0.33**	-0.05	-0.22*	-0.02	-0.01		0.76
AMZ	0.18	0.04	-0.05	0.16	0.17	0.70**	
<b>Complejo cristalino Pool 23(43)</b>							
REN		-1.09	-2.60	-0.45	-0.43	0.29	-0.32
MZP	-0.18		-0.04	0.87	0.84	-0.38	0.05
MZF	-0.37**	0.19		-0.30	-0.30	-1.15	-0.57
FMA	-0.37**	0.15	0.01		1.00	1.31	0.65
FFE	-0.37**	0.14	0.01	1.00**		1.27	0.65
APL	0.32**	-0.01	-0.32**	0.13	0.13		0.98
AMZ	0.12	0.08	-0.21*	0.15	0.15	0.72**	

\* Diferencias al 5%; \*\* Diferencias al 1%.

( $r=-0.18$ ) y MZF ( $r=0.19$ ). Este comportamiento se debe principalmente a que la población Pool 23(43) presentó los promedios más bajos de MZP y MZF de las cuatro poblaciones de mestizos (Cuadro 4.9).

La presencia de correlaciones negativas (genéticas y fenotípicas) obtenidas entre REN con MZP, MZF, FMA y FFE, tanto en los complejos dentados como cristalinos, es una condición que pudiera favorecer la selección ya que al elegir los mestizos más rendidores, indirectamente se seleccionan materiales más precoces y con menor porcentaje de MZP y MZF.

Las correlaciones genéticas y fenotípicas entre REN y APL fueron positivas en las cuatro poblaciones de mestizos, aunque de baja magnitud. Con respecto a AMZ, sólo se presentó una correlación genética negativa entre REN y AMZ, que correspondió a la población Pool 23(43).

En el programa de mejoramiento del maíz del CIMMYT (1986) la reducción en la altura de planta de maíz, lejos de perjudicar otras características convenientes, mejoró la capacidad de la población de responder a densidades mayores de plantas (la densidad que dio por resultado el máximo rendimiento de grano aumentó de 48,000 a 65,000 plantas por

hectárea) y disminuyó la esterilidad. En gran parte como resultado de dichas mejoras, el potencial de rendimiento de grano a la densidad de plantas óptima se incrementó a un ritmo de 4.4 por ciento por ciclo, en tanto que el tiempo de madurez disminuyó menos de 0.5 por ciento cada ciclo. El incremento del rendimiento se observó en las localidades donde se llevaron a cabo las pruebas, una de ellas (cerca de Ciudad Obregón, Sonora, México) es en extremo calurosa y no muy productiva en cuanto al maíz, lo cual indica que la reducción en la altura de la planta hizo posible cierta mejora en la resistencia al estrés calórico.

El incremento en el potencial de rendimiento fue acompañado por ajustes convenientes en el desempeño de la planta de maíz. El más importante fue que, a medida que la población se acortaba, las plantas comenzaron a asignar una proporción más pequeña de materia seca total al tallo y a la cubierta, y una cantidad mayor al desarrollo de florecillas y granos. Ese cambio en el distribución fue suficiente para elevar el índice de cosecha de 0.30 a 0.45 (en comparación con un índice de 0.50 a 0.55 del germoplasma templado).

Con respecto a los valores de correlación obtenidos, la mayor parte de las correlaciones fenotípicas

significativas correspondieron a las genotípicas en magnitud y dirección; sin embargo, en las poblaciones P43(23) y Pool 23(43) se presentaron correlaciones genéticas que tuvieron valores más altos que las fenotípicas, incluso se presentaron valores superiores a la unidad, principalmente donde intervienen las variables MZP y MZF, las cuales también presentaron un alto error estándar en la  $\sigma^2_G$  estimada (Cuadro 4.13). Weng y Quinones (1969) señalan que estos valores de correlación pueden ser debidos a alguna falta de ajuste de los datos a las suposiciones del análisis de varianza o a errores de muestreo en las estimaciones de varianzas y covarianzas.

### **Análisis de Componentes Principales**

Las variables sobre las cuales se realizó el análisis de Componentes Principales (CP) fueron: REN, MZP, MZF, FMA, FFE y AMZ. En el Cuadro 4.16 se presentan los valores propios (eigen) para los mestizos de la población PA(B) Exp. I, en el cual puede observarse que los primeros tres Componentes Principales son suficientes para explicar el 81.2 por ciento de la variabilidad de los datos. De los elementos del vector propio asociados al primer Componente Principal (CP1) se observa que las variables FMA (0.477), FFE (0.476) y REN (-0.428), son las que más influyen sobre

este componente; se presentó además un comportamiento opuesto entre las variables REN, APL, AMZ y las variables MZP, MZF, FMA y FFE. La variable AMZ (-0.657) proporciona información sobre el CP2 y las variables MZF (0.465) y MZP (0.463) aparecen explicadas por el CP3.

Cuadro 4.16. Elementos del vector propio asociados a los primeros tres componentes principales de los mestizos del complejo dentado PA(B) Exp. I.

Característica agronómica	Vectores propios		
	CP1	CP2	CP3
REN	-0.428	-0.022	-0.403
MZP	0.247	-0.147	0.463
MZF	0.413	0.010	0.465
FMA	0.477	-0.300	-0.423
FFE	0.476	-0.307	-0.419
APL	-0.302	-0.602	0.141
AMZ	-0.198	-0.657	0.178
Valor propio	2.567	1.640	1.477
Variación explicada	36.671	23.431	21.099
Variación explicada acumulada	36.671	60.101	81.200

Las poblaciones PB(A) Exp. I, y P43(23) Exp. II presentaron un comportamiento similar al de PA(B), con respecto a los tres primeros Componentes Principales (Cuadros 4.17 y 4.18, respectivamente). En estas poblaciones también se observa que estos tres componentes explicaron más del 80 por ciento de la variabilidad de los datos. Las variables REN, APL y AMZ presentaron un comportamiento opuesto a MZP, MZF, FMA y FFE. Las variables

Cuadro 4.17. Elementos del vector propio asociados a los primeros tres componentes principales de los mestizos del complejo cristalino PB(A) Exp. I.

Característica agronómica	Vectores propios		
	CP1	CP2	CP3
REN	0.469	-0.244	0.263
MZP	-0.358	0.029	-0.356
MZF	-0.424	0.210	-0.459
FMA	-0.474	-0.358	0.374
FFE	-0.471	-0.358	0.381
APL	0.134	-0.546	-0.427
AMZ	0.088	-0.584	-0.356
Valor propio	2.544	1.937	1.253
Variación explicada	36.348	27.671	17.897
Variación explicada acumulada	36.348	64.019	81.916

Cuadro 4.18. Elementos del vector propio asociados a los primeros tres componentes principales de los mestizos del complejo dentado P43(23) Exp. II.

Característica agronómica	Vectores propios		
	CP1	CP2	CP3
REN	-0.494	0.186	-0.198
MZP	0.292	-0.031	0.556
MZF	0.421	-0.157	0.419
FMA	0.475	0.322	-0.385
FFE	0.476	0.330	-0.376
APL	-0.197	0.578	0.308
AMZ	-0.047	0.626	0.303
Valor propio	2.711	1.875	1.194
Variación explicada	38.728	26.788	17.051
Variación explicada acumulada	38.728	65.516	82.567

REN, FMA y FFE fueron más importantes para el CP1, y AMZ para el CP2. Con respecto al CP3, la variable MZF influyó más en la población PB(A), y MZP en la población P43(23). En el caso de la población Pool 23(43) Exp. II, los tres primeros CP explicaron el 78.17 por ciento de la variabilidad de los datos (Cuadro 4.19). En esta población, a diferencia de las otras poblaciones, REN presentó un comportamiento opuesto a APL y AMZ en el CP1. La variable APL presentó mayor influencia que AMZ en el CP2. Finalmente se observa que MZP tuvo mayor influencia sobre el CP3.

Cuadro 4.19. Elementos del vector propio asociados a los primeros tres componentes principales de los mestizos del complejo cristalino Pool23(43) Exp. II.

Característica agronómica	Vectores propios		
	CP1	CP2	CP3
REN	0.352	0.388	-0.111
MZP	-0.185	-0.100	0.733
MZF	-0.078	-0.432	0.425
FMA	-0.631	0.022	-0.226
FFE	-0.628	0.019	-0.237
APL	-0.118	0.605	0.205
AMZ	-0.171	0.535	0.346
Valor propio	2.299	2.073	1.100
Variación explicada	32.847	29.616	15.709
Variación explicada acumulada	32.847	62.463	78.172

Del análisis de componentes principales de los mestizos directos y recíprocos del Exp. I se puede determinar que el CP1 separó a los mestizos de la población

PA(B) en dos grandes grupos, ubicando a los de mayor precocidad y rendimiento en el extremo izquierdo (-) del CP1, y los de menor rendimiento y más tardíos en el extremo opuesto (+) (Figura 4.1). El CP2 separó a los mestizos de acuerdo a la altura de planta y de mazorca ubicando a los de menor altura en la parte superior (+) del CP2 y a los de mayor altura en la parte inferior (-). Con respecto a los mestizos de la población PB(A) se observó un comportamiento similar al complejo dentado excepto que los mestizos de mayor precocidad y rendimiento se ubican en el extremo derecho (+) del CP1 y los de menor rendimiento y más tardíos en el extremo izquierdo (-) (Figura 4.2).

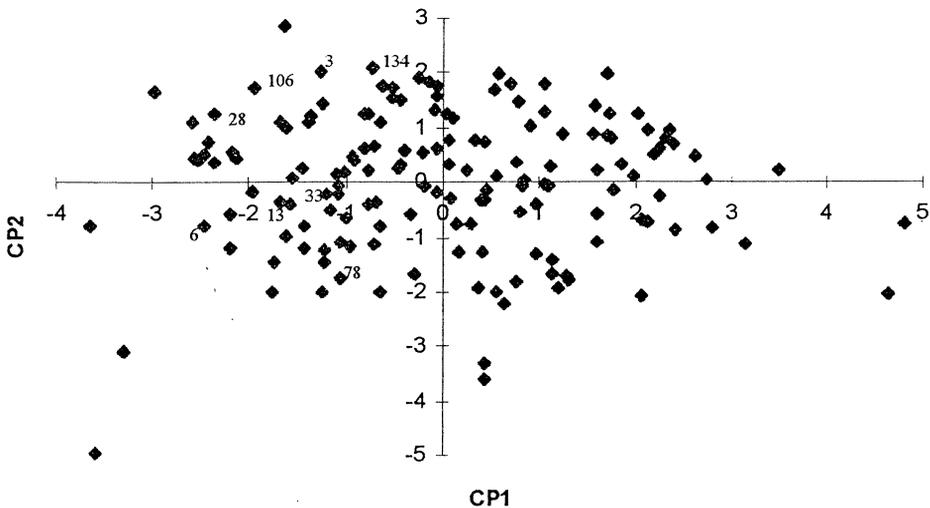


Figura 4.1. Distribución de los 154 mestizos del complejo dentado PA(B) Exp. I, sobre el primer (CP1) y segundo (CP2) Componente Principal.

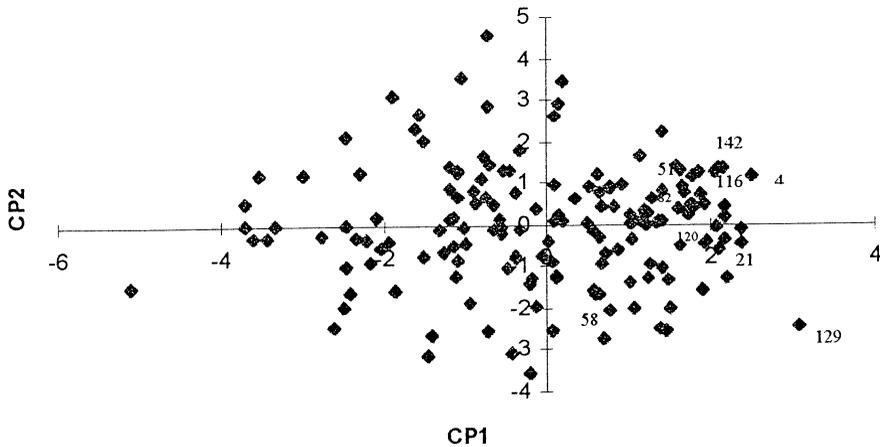


Figura 4.2. Distribución de los 164 mestizos del complejo cristalino PB(A) Exp. I, sobre el primer (CP1) y segundo (CP2) Componente Principal.

Con respecto a la distribución de los 135 mestizos de la población P43(23) Exp. II. se observa que los mestizos 86, 4, 66 y 114, que poseen alto rendimiento y mayor altura de planta y de mazorca, se sitúan en el cuadrante superior izquierdo  $(-, +)$ . El cuadrante inferior izquierdo  $(-, -)$  contiene aquellos mestizos de alto rendimiento, menor altura de planta y de mazorca como son los mestizos 99, 2, 33 y 77 (Figura 4.3). Por otra parte, la distribución de los 113 mestizos de la población Pool 23(43) Exp. II se presenta en la Figura 4.4. En el cuadrante superior izquierdo  $(-, +)$  se sitúan los mestizos 34, 48, 73, 49, 10 y 47, que son más tardíos y de mayor altura de planta y mazorca. Los mestizos 83, 50, 25 y 35 que presentan alto

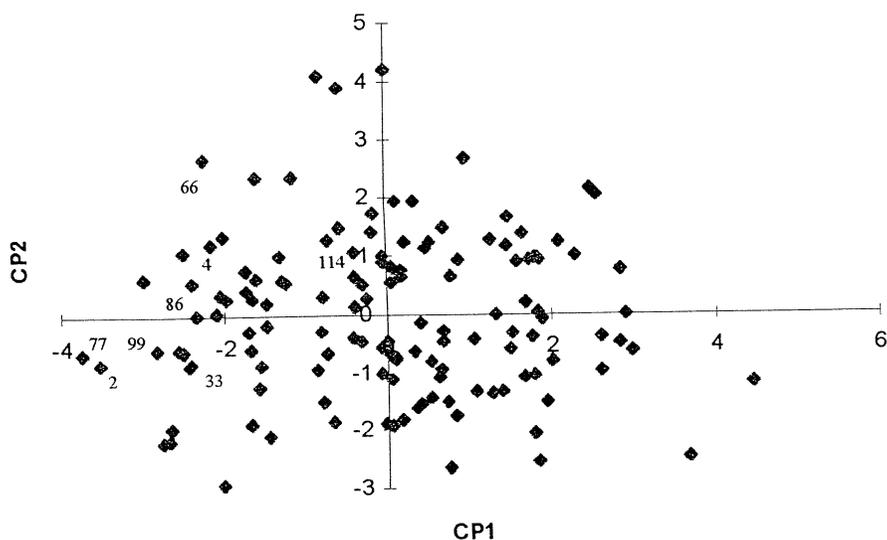


Figura 4.3. Distribución de los 135 mestizos del complejo dentado P43(23) Exp. II, sobre el primer (CP1) y segundo (CP2) Componente Principal.

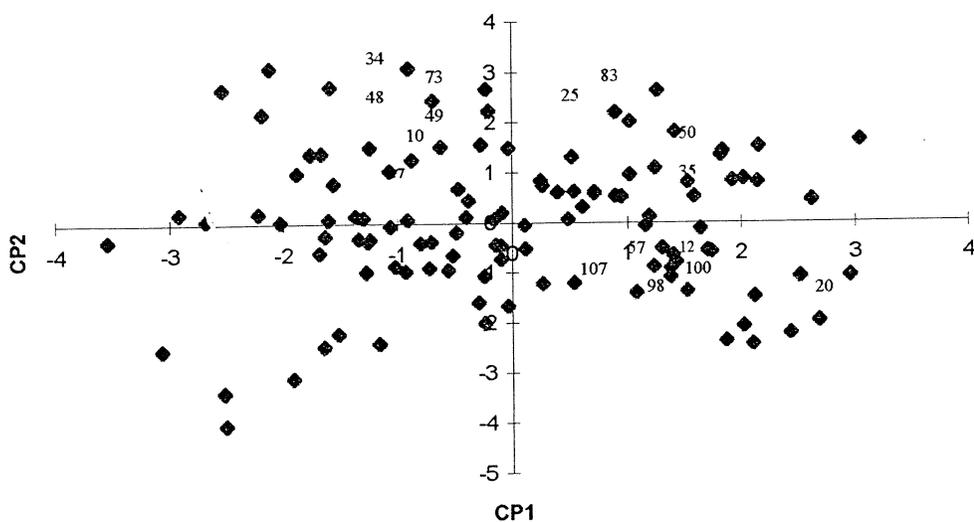


Figura 4.4. Distribución de los 113 mestizos del complejo cristalino Pool 23(43) Exp. II, sobre el primer (CP1) y segundo (CP2) Componente Principal.

rendimiento y alta precocidad se localizan en el cuadrante superior derecho (+,+). Los mestizos con alta precocidad y de menor altura de planta y de mazorca, pero con alto porcentaje de mazorcas con *Fusarium* se sitúan en el cuadrante inferior derecho (+,-) y comprende las entradas 100, 12, 107, 57, 98 y 20. En los Cuadros 4.5 a 4.8 se presentan los promedios de los mestizos considerados en las Figuras 4.1 a 4.4.

En general, se puede determinar del análisis de Componentes Principales que las variables FMA, FFE, y REN presentaron una mayor influencia sobre el CP1 en las cuatro poblaciones de mestizos, teniendo siempre una relación opuesta, es decir que los mestizos con alto rendimiento tienden a ser más precoces (en los Cuadros 4.14 y 4.15 se consigna que REN se correlacionó negativamente con FMA y FFE). El CP2 separó a los mestizos con respecto a APL y AMZ las cuales presentaron un comportamiento opuesto a MZF, indicando que existen mestizos con altos promedios de APL y AMZ que presentaron bajos porcentajes de MZF (MZF se correlacionó negativamente con APL y AMZ). Las variables MZP y MZF son las que tuvieron mayor influencia en el CP3 en las cuatro poblaciones de mestizos y presentaron un comportamiento opuesto a REN, FMA y FFE es decir que de acuerdo a el porcentaje de variabilidad explicado por este

componente, existen mestizos con alto rendimiento y tardíos que presentan bajos porcentajes de MZP y MZF (también se observa en los Cuadro 4.14 y 4.15 que REN se correlacionó negativamente con MZP y MZF). Finalmente, se puede señalar que el Análisis de Componentes Principales fue eficiente para ubicar los diferentes grupos de mestizos conforme a las características evaluadas en cada experimento, lo que permite seleccionar mestizos que presentan características agronómicas deseables.

### Distancia Genética

El estadístico  $D^2$  de Mahalanobis es un método multivariado que nos permite medir la divergencia genética entre poblaciones con base en características múltiples. Estudios experimentales donde se ha trabajado con la distancia generalizada de Mahalanobis, se ha utilizado como unidad experimental básica la parcela o la media del surco (Goodman, 1968). Posteriormente Ramanujam *et al.* (1974), y Jaylal (1994) utilizaron el diseño de Bloques al Azar para eliminar algo de los efectos ambientales. En la presente investigación se utilizan los datos del Análisis Combinado con lo que se toma en cuenta la interacción genotipo-ambiente.

Con el estadístico  $D^2$  de Mahalanobis se estimó la divergencia morfológica entre las cuatro poblaciones utilizando los valores de varianza-covarianza fenotípicos y el vector de medias de las variables evaluadas en cada población. Los resultados indican que se presentó un rango de diversidad de valores de  $D^2$  que variaron de 0.670 a 10.670 (Cuadro 4.20), las poblaciones PA(B) y PB(A) fueron las menos divergentes, presentando una distancia  $D^2= 0.670$ . La mayor divergencia se estimó entre las poblaciones PA(B) y Pool 23(43) con un valor de  $D^2= 10.670$ , seguida de las poblaciones PB(A) y Pool 23(43) con una distancia de  $D^2= 8.389$ .

El método encadenamiento completo (Gutiérrez, 1994) del Análisis de Conglomerados se utilizó para construir el fenograma representado en la Figura 4.5. Los resultados indican que la asociación entre las poblaciones se inicia a valores de  $D^2=0.670$  formando tres grupos [PA(B), PB(A)], [P43(23) ] y [Pool 23(43)]. Al nivel de  $D^2=3.380$  se forman dos grupos [PA(B), PB(A)] y [P43(23), Pool23(43)], y finalmente al nivel de  $D^2= 10.670$  se formó un solo grupo [PA(B), PB(A), P43(23), Pool23(43)]. El nivel de divergencia estimado entre las poblaciones del Experimento II fue mayor que el estimado entre las poblaciones del Experimento I. Se encontró que las variables: AMZ, APL MZP

y MZF (Cuadro 4.9) fueron las que más contribuyeron a la diversidad entre las cuatro poblaciones.

Cuadro 4.20. Distancia  $D^2$  entre las cuatro poblaciones de mestizos para los valores fenotípicos.

	Población			
	PA(B)	PB(A)	P43(23)	Pool 23(43)
PA(B)		0.670	6.930	10.670
PB(A)			4.221	8.389
P43(23)				3.380
Pool 23(43)				

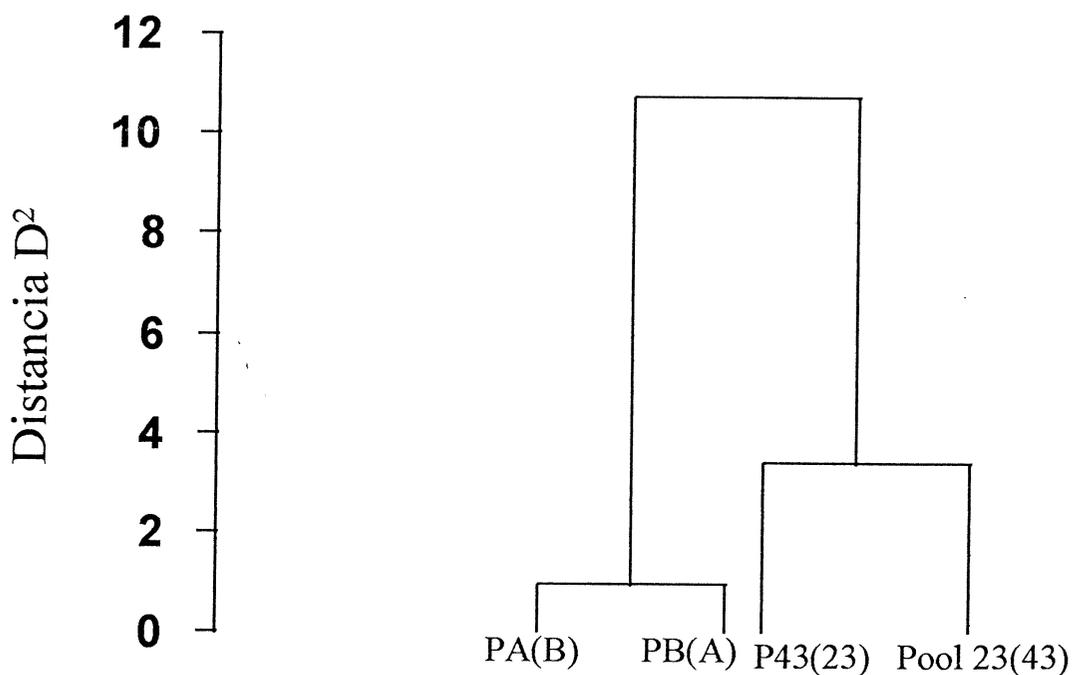


Figura 4.5. Divergencia entre las cuatro poblaciones de mestizos utilizando el estadístico  $D^2$ , cuando se trabaja con valores fenotípicos.

En el Cuadro 4.21 se presenta la distancia  $D^2$  estimada entre las cuatro poblaciones utilizando los valores de varianza-covarianza genotípicos y el vector de medias de las variables evaluadas en cada población de mestizos. Las cuatro poblaciones mostraron un rango de valores de  $D^2$  que variaron de 4.282 a 135.110 indicando que existe gran diversidad en el material genético. De las distancias estimadas en el Cuadro 4.21 se construyó el fenograma ilustrado en la Figura 4.6. En general se observa que se presentó una asociación entre las poblaciones, semejante al obtenido para la matriz de varianza-covarianza fenotípica.

Cortez *et al.* (1985) evaluaron 10 poblaciones de maíz entre las que incluyeron el Pool 23, Pool 19, Pob. 43 y Pool 20, y señalan que la divergencia genética entre las poblaciones puede ser inferido de los patrones heteróticos (h) manifestado en la cruce de las poblaciones. De los resultados obtenidos para rendimiento, indican que se encontró una alta respuesta heterótica en la cruce dentado x cristalino Pool 23 x Pob. 43 (h=15), Pool 20 x Pool 23 (h=12), Pool 19 x Pob. 43 (h=14) y Pool 19 x Pool 20 (h=16). Por lo tanto, señalan que estas poblaciones son genéticamente más diversas que las poblaciones que manifestaron poca o ninguna heterosis. Sin embargo, también

Cuadro 4.21. Distancia  $D^2$  entre las cuatro poblaciones de mestizos para los valores genotípicos.

	Población			
	PA(B)	PB(A)	P43(23)	Pool 23(43)
PA(B)		4.282	56.644	135.110
PB(A)			38.618	116.611
P43(23)				31.780
Pool 23(43)				

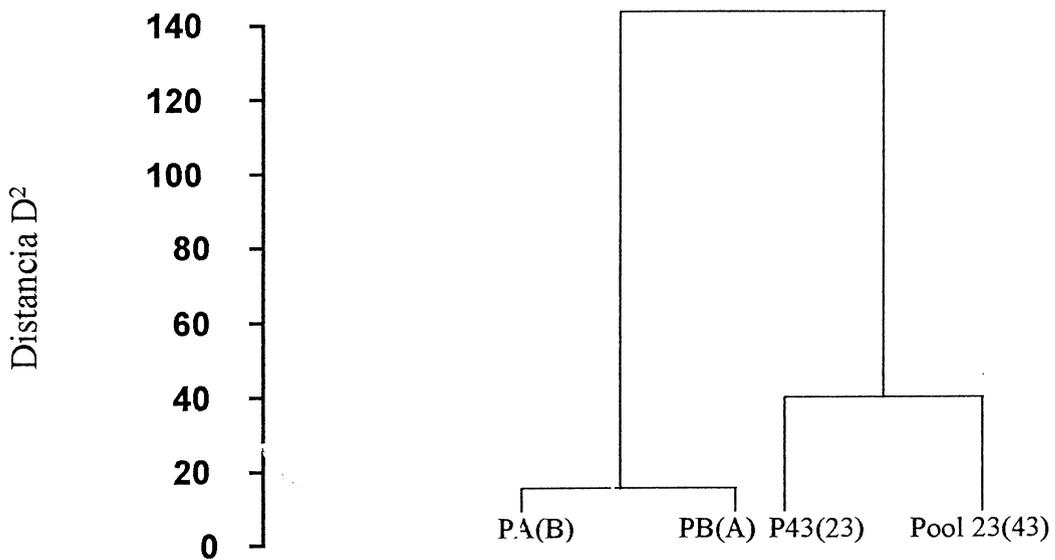


Figura 4.6. Divergencia entre las cuatro poblaciones de mestizos utilizando el estadístico  $D^2$ , cuando se trabaja con valores genotípicos.

indican que algunas cruzas dentado x dentado, y cristalino x cristalino se comportaron positivamente. Cabe señalar que con el estadístico  $D^2$  de Mahalanobis aplicado en este trabajo también se detectó una mayor divergencia genética para el patrón heterótico dentado x cristalino: PA(B) x Pool 23(43) ( $D^2= 135.110$ ); así mismo, se detectó una gran divergencia entre cristalino x cristalino y dentado x dentado, con valores de  $D^2= 116.611$  y  $D^2= 56.644$ , respectivamente. En el Cuadro 4.11 se puede observar que los dos complejos cristalinos difirieron en todas las características excepto en REN. Para los dos complejos dentados se observa en el Cuadro 4.10 que ambos complejos difirieron principalmente en precocidad y en MZP.

En general, se observa una tendencia similar entre la divergencia genética estimada con el estadístico  $D^2$  de Mahalanobis y la divergencia genética que se deduce de los efectos de heterosis estimados por Cortez *et al.* (1985), para las poblaciones Pool 23, Pool 19, Pob. 43 y Pool 20. Basados en los resultados obtenidos, se puede establecer que se presentó una mayor divergencia entre las poblaciones P43(23) y Pool 23(43) del Exp. II, que entre las poblaciones PA(B) y PB(A) del Exp. I, por lo tanto, se espera mayor heterosis en la cruce poblacional del Exp. II. Sin embargo la mayor divergencia se estimó entre las

poblaciones PA(B) y Pool 23(43), las cuales se sugieren para un programa de hibridación ya que exhibieron características sobresalientes y caen en los grupos más divergentes por lo que puede esperarse máximo vigor híbrido en su combinación. Finalmente se señala con respecto a la formación de híbridos, que los híbridos desarrollados de poblaciones mejoradas producen rendimientos más altos. Por lo tanto, la SRR debe ser continuada por más ciclos antes de iniciar la selección de líneas.

## CONCLUSIONES

De acuerdo a los objetivos planteados y a los resultados obtenidos en este trabajo, se llegó a las siguientes conclusiones.

- ◆ Se presentaron mestizos con buen comportamiento agronómico que superan en varias características a los híbridos testigo, lo que permite seleccionar líneas adecuadas para su recombinación y obtener el material básico para el siguiente ciclo de selección.
- ◆ De acuerdo a los valores de heredabilidad y al error estándar estimado, en cada complejo germoplásmico, es factible obtener una ganancia genética considerable en los siguientes ciclos de selección para los caracteres: FMA, FFE, APL y AMZ en la mayoría de los experimentos y en algunos casos para REN y MZF. Con respecto a los valores obtenidos para el CVG, los caracteres para los cuales se espera mayor avance genético son: MZF, MZP y REN.

- ◆ Las correlaciones negativas, fenotípicas y genotípicas entre REN con MZP, MZF, FMA, FFE favorecen la selección para rendimiento, sin tener efectos adversos sobre la aceptabilidad agronómica en términos de MZP, MZF, FMA y FFE, en las cuatro poblaciones de mestizos.
- ◆ La ganancia genética estimada para rendimiento mediante la SRR fue mayor para las poblaciones PA(B) y PB(A) del Exp. I que para las poblaciones P43(23) y Pool 23(43) del Exp. II.
- ◆ El Análisis de Componentes Principales (ACP) permitió la ordenación de los tratamientos de acuerdo a los tres primeros componentes, los cuales explican más del 80 por ciento de la variación de los datos. En el ACP se determinó que las variables FMA, FFE y REN tuvieron una mayor influencia sobre el CP1. El CP2 separó a los mestizos con respecto a APL y AMZ. Las variables MZP y MZF presentaron mayor influencia sobre el CP3.
- ◆ El estadístico  $D^2$  detectó mayor divergencia genética entre las poblaciones del Exp. II que en las poblaciones del Exp. I; sin embargo, la mayor divergencia se estimó entre las poblaciones PA(B) Exp. I, y Pool 23(43) Exp. II, las cuales se sugieren para un programa de

hibridación, ya que caen en los grupos más divergentes por lo que pueden resultar en un mayor vigor híbrido.

- ◆ Se espera un apreciable mejoramiento en las poblaciones para las principales características agronómicas en los próximos ciclos de SRR. Por lo tanto, la SRR debe ser continuada por más ciclos antes de iniciar la selección de líneas.

## RESUMEN

Las familias de medio hermanos de dos experimentos de SRR fueron evaluados en dos ambientes de la región del Trópico Seco y Bajío Mexicano con el fin de determinar el comportamiento agronómico y heterosis de este germoplasma. El experimento I se formó con las poblaciones de madurez intermedia denominadas Pob. A de grano dentado, y Pob. B de grano cristalino. El experimento II se constituyó con las poblaciones de madurez tardía Pob. 43 de grano dentado, y Pool 23 de grano cristalino. Se utilizó el diseño de Bloques Completos al Azar para evaluar las familias de medio hermanos (mestizos) y se incluyeron como testigos los híbridos: AN-447, AN-EXP.1 y AN-EXP.2, generados por la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro.

La experimentación permitió detectar diferencias significativas y altamente significativas entre mestizos en cada complejo germoplásmico, lo que indica la existencia de variabilidad genética en las poblaciones evaluadas. Asimismo, se obtuvieron mestizos con buen comportamiento agronómico que superan en varias características a los

híbridos testigo, lo que permite seleccionar líneas adecuadas para su recombinación, y obtener así el material básico para el siguiente ciclo de selección. Las estimaciones de heredabilidad en los cuatro grupos de mestizos son consideradas aceptables para las variables FMA, FFE, APL, AMZ y sólo en algunos casos para REN y MZF, por lo que es factible obtener una ganancia genética para estas variables con mayor número de ciclos de selección. Con respecto a los valores obtenidos para el CVG, se espera mayores avances genéticos para las variables MZP, MZF y REN. La correlación entre REN y las variables MZP, MZF, FMA y FFE fueron negativas lo cual es favorable para esta investigación, ya que al seleccionar para incrementar el rendimiento, éstas tenderán a reducirse.

El análisis de Componentes Principales permitió la ordenación de los tratamientos de acuerdo a los valores obtenidos sobre los tres Componentes Principales que explican más del 80 por ciento de la variabilidad de los datos. En forma general, se observó para cada población de mestizos que las variables FMA, FFE y REN presentaron una mayor influencia sobre el CP1 presentando además, un comportamiento opuesto, es decir que de acuerdo al porcentaje de variabilidad explicado por este componente existen mestizos con alto rendimiento que tienden a ser

precoces. El CP2 separó a los mestizos con respecto a APL y AMZ, las cuales mostraron un comportamiento opuesto a MZF, indicando que existe mestizos con altos promedios de APL y AMZ que presentaron bajos porcentajes de MZF. Las variables MZP y MZF, tuvieron mayor influencia sobre el CP3 y presentaron un comportamiento opuesto a REN, FMA y FFE, es decir que de acuerdo al porcentaje de variabilidad explicado por este componente existen mestizos con alto rendimiento y tardíos que presentan bajos porcentajes de MZP y MZF.

La ganancia genética estimada para rendimiento mediante la SRR fue mayor para las poblaciones de madurez intermedia Pob. A y Pob. B ( $\Delta G = 1.637 \text{ t ha}^{-1}$ ) que para las poblaciones de madurez tardía: Pob. 43 y Pool 23 ( $\Delta G = 1.146 \text{ t ha}^{-1}$ ), esto debido principalmente a que las poblaciones de madurez intermedia poseen una base genética más amplia, y que la población Pool 23 de madurez intermedia presentó un valor reducido de  $\sigma^2 G$ , con un alto error estándar. El estadístico  $D^2$  detectó valores de distancia genética de  $D^2 = 4.282$  a  $D^2 = 135.110$  que sugieren que existe un buen nivel de divergencia entre las poblaciones. Los valores de  $D^2$  estimados indican que las poblaciones del Exp. II presentaron una mayor divergencia que las poblaciones del Exp. I, por lo que se espera mayor heterosis para las

poblaciones de madurez tardía. Sin embargo, la mayor divergencia se estimó entre las poblaciones PA(B) Exp. I y Pool 23(43) Exp. II las cuales se sugieren para un programa de hibridación ya que caen en los grupos más divergentes, por lo que deben resultar en un mayor vigor híbrido.

## LITERATURA CITADA

- Avendaño, A.N. 1997. Análisis Micológico de la Semilla de Maíz y Evaluación de Ensayos para Detección de *Fusarium miniliforme* (Sheldon). Tesis Licenciatura. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista, Saltillo, Coah., México. 68 p.
- Bruce, J.S., and K.R. Lamkey. 1993. Interpopulation genetic variance after reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. *Crop Sci.* 33:90-95.
- Castro, A.L. 1997. Identificación de Especies de *Fusarium miniliforme* en Semillas de Maíz de la UAAAN. Tesis Licenciatura. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista, Saltillo, Coah., México. 42 p.
- Chaudhari, L.B., and P.K. Singh. 1997. Genetic diversity and combining ability of inbred lines derived from heterotic maize populations. CIMMYT. 1997. Book of Abstracts. The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops; *An International Symposium*. Mexico, D.F., Mexico. 17-22 de agosto de 1997. p. 150.
- Christiansen, M.N., y F. Lewis. 1987. Mejoramiento de Plantas en Ambientes poco Favorables. Editorial. LIMUSA. México, D.F.
- Cienfuegos, F. 1992. Métodos estadísticos multivariados para evaluar calidad en producción de semillas. Memoria XIV Congreso Nal. de Fitogenética. SOMEFI. Tuxtla Gutiérrez, Chis. 4-8 de octubre de 1992. p. 446.
- CIMMYT. 1993. CIMMYT International Maize Testing Program: 1991 Final Report. Mexico, D.F. pp. 295-316.

- CIMMYT Personal de Maíz. 1986. Mejoramiento de la excelencia: Logros en el mejoramiento con la raza Tuxpeño. CIMMYT, México, D.F. México. 27 p.
- Comstock, R.E. 1979. Inbred lines vs the populations as testers in reciprocal recurrent selection. *Crop Sci.* 19:881-886.
- Comstock, R.E., H.F. Robinson, and P.H. Harvey. 1949. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. *Agron. J.* 41:360-367.
- Cortez, H., A. Rodríguez, M. Gutiérrez, J. Durón, R. Girón, and M. Oyervides. 1985. Evaluation of broad-base improved populations of maize (*Zea mays* L.) I. Cumulative gene effects and heterosis. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Buenavista, Saltillo, Coah., México. 43 p.
- Crossa, J., C.O. Gardner, and R.F. Mumm. 1987. Heterosis among populations of maize (*Zea mays* L.) with different levels of exotic germoplasm. *Theor. Appl. Genet.* 73:445-450.
- De León, C. 1984. Enfermedades del Maíz. Una Guía para su identificación en el campo. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) 3 ra. Edición. 114 p.
- Eyherabide, G.H., and A.R. Hallauer. 1991. Reciprocal full-sib recurrent selection in maize: II. Contributions of additive, dominance, and genetic drift effects. *Crop Sci.* 31:1442-1448.
- Gómez, N., J. Cañedo, y F. Márquez S. 1992. Identificación de progenitores en un programa de selección recíproca recurrente de maíz en el trópico de Guerrero. Memorias del XIV Congreso de Fitogenética. SOMEFI. Tuxtla Gutiérrez, Chis. 4-8 de octubre. de 1992. p. 297.

Goodman, M.M. 1967. The races of maize: I. The use of Mahalanobis' generalized distances to measure morphological similarity. *Fitotecnia Latinoamericana*. 4:1-23.

\* Goodman, M.M. 1968. The races of maize: II. Use of multivariate analysis of variance to measure morphological similarity. *Crop Sci.* 8:693-698.

Gutiérrez, G.P. 1994. Análisis Estadístico Multivariado. Facultad de Ingeniería. Universidad de Guadalajara. Guadalajara, Jalisco, México. p. 2.

Hallauer, A.R. 1990. Methods in developing maize inbreds. *Maydica* 35 :1-16.

Hallauer, A.R. 1997. Heterosis: What have we learned, what have we done, and where are we headed?. CIMMYT. 1997. Book of Abstracts. The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops; *An International Symposium*. Mexico, D.F., Mexico. 17-22 de agosto de 1997. p. 346.

Hallauer, A.R., and J.B. Miranda Filho. 1988. Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press, Ames, Iowa.

Helms, T.C., A.R. Hallauer, and O.S. Smith. 1989. Genetic drift and selection evaluated from recurrent selection programs in maize. *Crop Sci.* 29:602-607.

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

Jaylal. 1994. Genetic divergence in soybean for physiological and yield attributes under rainfed condition. *Indian J. Genet.* 54:418-424.

Jenkins, M.T. 1940. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. *J. Am. Soc. Agron.* 32:55-63.

- Jiang, Ch., C.C. Cockerham, and R.H. Moll. 1990. Intracultivar effects of selection on heterosis. *Crop Sci.* 30:44-49.
- Jones, L.P., W.A. Compton, and C.O. Gardner. 1971. Comparison of full and half-sib reciprocal recurrent selection. *Theor. Appl. Genet.* 41:36-39.
- Keeratinijakal, V., and K. R. Lamkey. 1993. Responses to reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. *Crop Sci.* 33:73-77.
- Landi, P., and E. Frascaroli. 1995. Responses to a modified reciprocal recurrent selection in two maize synthetics. *Crop Sci.* 35:791-797.
- Mahalanobis, P.C. 1936. On the generalized distance in statistics. *Proc. Natl. Inst. Sci. India.* 2:49-55.
- Manly, B.F.J. 1990. *Multivariate Statistical Methods a Primer.* Chapman and Hall. London.
- Martin, J.M., and A.R. Hallauer. 1980. Seven cycles of reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. *Crop Sci.* 20:599-603.
- Melchinger, A.E. 1997. Genetic diversity and heterosis. CIMMYT. 1997. *Book of Abstracts. The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops; An International Symposium.* Mexico, D.F., Mexico. 17-22 de agosto de 1997. p. 54.
- Menz, M.A., A.R. Hallauer, and W.A. Russell. 1997. Comparative response to selection of two reciprocal recurrent procedures in BS21 and BS22 maize populatons. CIMMYT. 1997. *Book of Abstracts. The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops; An International Symposium.* Mexico, D.F., Mexico. 17-22 de agosto de 1997. p. 204.

- Menz, M.A., and A.R. Hallauer. 1998. Reciprocal recurrent selection of two tropical corn populations adapted to Iowa. *Literature Update on Maize*. 4:25.
- Miranda, Filho. J.B. 1997. Inbreeding and heterosis. CIMMYT. 1997. *Book of Abstracts. The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops; An International Symposium*. Mexico, D.F., Mexico. 17-22 de agosto de 1997. p. 12.
- Moll, R.H., and H.F. Robinson. 1966. Observed and expected response in four selection experiments in maize. *Crop Sci*. 6:319-324.
- \_\_\_\_\_, and C.W. Stuber. 1971. Comparisons of response to alternative selection procedures initiated with two populations of maize (*Zea mays* L). *Crop Sci*. 11:706-711.
- \_\_\_\_\_, C.C. Cockerherham, C.W. Stuber, and W.P. Williams. 1978. Selection responses, genetic-environmental interactions, and heterosis with recurrent selection for yield in maize. *Crop Sci*. 18:641-645.
- \_\_\_\_\_, and W.D. Hanson. 1984. Comparisons of effects of intrapopulation vs Interpopulation selection in maize. *Crop Sci*. 24:1047-1052.
- Moreno-González, J., and M. Grossman. 1976. Theoretical modifications of reciprocal recurrent selection. *Genetics*. 84:95-111.
- Pandey, S., and C.O. Gardner. 1992. Recurrent selection in maize. *Adv. in Agron*. 48:25-39.
- Ramanujam, S., A.S. Tiwari, and R.B. Mehra. 1974. Genetic divergence and hybrid performance in Mung Bean. *Theor. Appl. Genet*. 45:211-214.

- Rodríguez, O.A., and A.R. Hallauer. 1991. Variation among full-sib families of corn for different generations of inbreeding. *Crop Sci.* 31:43-47.
- Russell, W.A., D.J. Blackburn, and K.R. Lamkey. 1992. Evaluation of a modified reciprocal recurrent selection procedure for maize improvement. *Maydicá.* 37:61-67.
- Russell, W.A., and S.A. Eberhart. 1975. Hybrid performance of selected maize lines from reciprocal recurrent and testcross selection programs. *Crop Sci.* 15:1-4.
- Sfakianakis, J.N. 1995. Single-cross hybrid development in maize by reciprocal half-sib selection. *Crop Sci.* 35:101-103.
- Simmonds, N.W. 1987. Principles of Crop Improvement. Longman Scientific & Technical. Copublished in the United States with John Wiley & Sons Inc. New York. 408 p.
- Stojsin, D., and L.W. Kannenberg. 1994. Genetic changes associated with different methods of recurrent selection in five maize populations: I. Directly selected traits. *Corp Sci.* 34:1466-1472.
- Stuber, C.W. 1997. The biology and physiology of heterosis. CIMMYT. 1997. Book of Abstracts. The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops; An *International Symposium*. Mexico, D.F., Mexico. 17-22 de agosto de 1997. p. 108.
- Vidal, M. V., y E. Hernández 1992. El método de componentes principales como criterio de selección de genotipos en maíz. Memoria XIV Congreso Nal. de Fitogenética. SOMEFI. Tuxtla Gutiérrez, Chis. 4-8 de octubre de 1992. p. 338.

Vijayakumar, C.H.M., M. Ilyas Ahmed, B.C. Virakathamath, and M.S. Ramesha. 1997. Selection of parents and prediction of heterosis in rice. CIMMYT. 1997. Book of Abstracts. The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops; *An International Symposium*. Mexico, D.F., Mexico. 17-22 de agosto de 1997. p. 18.

Weng, V.K., and F.A. Quinones. 1969. Water requirement in strains of Vine-Mesquite (*Panicum obtusum* H.B.K.). *Crop Sci.* 9:412-415.

Wright, A.J. 1980. The expected efficiencies of half-sib, testcross and  $S_1$  progeny testing methods in single population improvement. *Heredity.* 45:361-376.