

ESTIMACION DE COMPONENTES GENETICOS EN UN
IMPORTANTE PATRON HETEROTICO DE MAIZ
(*Zea mays* L.), BAJO EL DISEÑO II DE
CAROLINA DEL NORTE

SERGIO AMACENDE LEON

TESIS

PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE:

MAESTRO EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO

Universidad Autónoma Agraria
"ANTONIO NARRO"



BIBLIOTECA



Universidad Autónoma Agraria
"Antonio Narro"

PROGRAMA DE GRADUADOS

Buenvista, Saltillo, Coah.

OCTUBRE DEL 2000

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA
ANTONIO NARRO

SUBDIRECCION DE POSTGRADO

ESTIMACIÓN DE COMPONENTES GENÉTICOS EN UN IMPORTANTE
PATRÓN HETERÓTICO DE MAÍZ (*Zea mays L.*), BAJO EL
DISEÑO II DE CAROLINA DEL NORTE

TESIS

POR

SERGIO AMACENDE LEON

Elaborada bajo la supervisión del comité particular de asesoría y aprobada
como requisito parcial para optar el grado de:

**MAESTRO EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO**

COMITE PARTICULAR

Asesor principal:



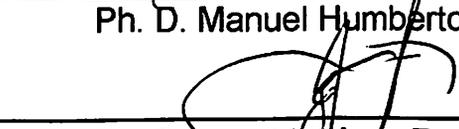
MG. Humberto de León Castillo.

Asesor:



Ph. D. Manuel Humberto Reyes Valdés.

Asesor:

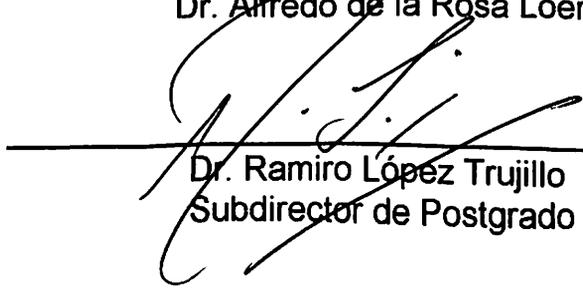


Dr. Gaspar Martínez Zambrano.

Asesor:



Dr. Alfredo de la Rosa Loera.



Dr. Ramiro López Trujillo
Subdirector de Postgrado

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Octubre de 2000.

DEDICATORIA

A MIS PADRES:

Florentino Amacende Acosta (Q.P.D)
Ma. Elena León Lara.

Por su amor, cariño y todos sus sacrificios para hacer de mi un hombre de bien.

A mi esposa Brenda Marcela Jiménez Dávila

A MIS HERMANOS.

Leticia Amacende Vergara.
Carmela Amacende Cabañas.
Ana Delia Amacende León.
Luz Elena Amacende León.
Jorge Amacende Vergara.
Miguel Angel Amacende Cabañas.
Florentino Amacende León.
Florentino Amacende Velázquez.

A MIS SOBRINOS.

Quienes me han brindado su cariño y alegría en todo momento.

A MIS AMIGOS Y COMPAÑEROS DE OTRAS ESPECIALIDADES

A MI "ALMA TERRA MATER"

AGRADECIMIENTOS

Al M.C. Humberto de León Castillo, por sus valiosos conocimientos y apoyo para hacer posible la elaboración de este trabajo de investigación. Mis más sinceros agradecimientos.

Al Ph.D. Humberto Reyes Valdés, por sus valiosos consejos y sugerencias para hacer de esta investigación un trabajo de calidad.

Al Dr. Gaspar Martínez Zambrano, por sus valiosas aportaciones y sugerencias para la revisión de esta investigación.

Al M.C. Alfredo de la Rosa Loera, por su amistad y participación en la revisión de este trabajo.

Al M.C. Silverio García Lara, por su amistad y conocimientos que me ha brindado desinteresadamente con el propósito de intercambiar opiniones científicas.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por su apoyo económico durante mis estudios de Maestría en Fitomejoramiento.

COMPENDIO

**Estimación de componentes genéticos en un patrón heterótico de maíz
(*Zea mays L.*), bajo el diseño II de Carolina del Norte**

POR

SERGIO AMACENDE LEON

MAESTRIA EN

FITOMEJORAMIENTO

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA. Octubre del 2000.

Mc.Humberto de leon Castillo -Asesor-

**Palabras claves: maíz, líneas, híbridos, aptitud combinatoria, progenitores,
cruzas.**

En la presente investigación se evaluaron 66 cruzas formadas en Tepalcingo Morelos provenientes de un de un diseño de apareamiento II de Carolina del Norte donde participaron 6 progenitores de maíz del IMM con

adaptación al bajío mexicano, y 11 hembras del programa de maíz del CIMMYT, con características tropicales la evaluación se realizó en el bajío con los siguientes objetivos: (1) Estimar efectos de aptitud combinatoria general y específica de líneas y cruzas, respectivamente. (2) Evaluar el comportamiento de híbridos de cruzas simples formadas por líneas endocriadas proporcionadas por el CIMMYT y la UAAAN.

El experimento se estableció en mayo de 1997, en la localidad de Celaya, Guanajuato, bajo un diseño de bloques al azar con dos repeticiones por localidad y dos surcos por tratamiento. Se analizaron variables con datos transformados y en algunos casos estos no cumplieron supuestos de normalidad por lo que se determinó usar datos sin transformar para su interpretación de resultados. Se obtuvieron efectos de aptitud combinatoria general y específica de acuerdo con los principios propuestos por Sprague y Tatum (1942).

Los progenitores más prometedores con excelente potencial genético del IMM fueron: M3 (232-10-11), el M5 (43-46-S6) y M1(18-19) y por parte del CIMMYT fueron: H6 (CML-312), H10 (CML-318) y H5 (CML-331). Ambos grupos pueden ser utilizados con bastante posibilidades de éxito en un programa de mejoramiento.

Las cruzas más sobresalientes a través de esta localidad fueron M3xH6, M5xH2, M3xH8, con rendimientos de 17.113, 15.576 y 15.475 tons/ha⁻¹,

respectivamente. Los progenitores de estas mismas cruzas obtuvieron estimados ACG muy favorables los cuales se reflejaron en el comportamiento de los híbridos.

Los resultados indican que los mejores progenitores y cruzas pueden ser usados en programas de mejoramiento de la siguiente manera: 1) En líneas avanzadas se pueden escoger progenitores de acuerdo a los intereses buscados por el investigador, apoyado por el comportamiento de ACG para formar nuevamente poblaciones, híbridos o algún sintético; 2) Las F_2 de las mejores cruzas pueden usarse para derivar nuevas líneas, las cuales se deben utilizar nuevamente en combinaciones híbridas, en formación de sintéticos o alguna variedad. Los híbridos que expresaron alto valor de ACE se pueden evaluarlos nuevamente en diferentes localidades para estimar su potencial de estabilidad genética.

ABSTRACT

Estimation of genetics compounds in a maize heterotic pattern

(*Zea mays L.*), under North Carolina design II

BY

SERGIO AMACENDE LEON

MASTER OF SCIENCE

PLANT BREEDING

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA. October 2000.

MC. Humberto de León Castillo -Advisor-

Key words: maize, lines, hybrids, combining ability, parents, crosses.

In this research were evaluated 66 crosses formed in Tepalcingo, Morelos. The crosses were made using North Carolina design II.

Six maize parents of IMM were adapted to the Mexican Bajío, and 11 maize females lines from CIMMYT had tropical adaptation. The trial evaluation was carried out in the Bajío with the following objectives: (1). Estimating the effects of general and specific combining ability of lines and crosses, respectively. (2) Evaluating the hybrid behavior of simple crosses formed by inbred lines with proportionate CIMMYT and the UAAAN parentage.

The trial was plating at Celaya, Gto., during May, 1999. A random block design was used with two replications and two rows per treatment. The data were analyzed with transformations determining the use of data without transforming and were obtained the effects of the general and the specific combining ability (Sprague and Tatum, 1942).

The most promising parents with the best genetic potential from IMM were M3 (232-10-11), M5 (43-46-S6), M1 (18-19) and from CIMMYT were H6 (CML-312), H10 (CML-318), and H5 (CML-331). Both groups could be used with great possibilities in a breeding program.

The best crosses at this location were M3xH6, M5xH2, M3xH8, with high yields of 17.113, 15.576, 15.475 t/ha⁻¹, respectively. The parents of the same crosses obtained a favorable GCA that were reflected in the hybrid behavior.

The results indicate that the best parents and crosses can be used in a breeding programs in different ways: 1) advanced lines where we can select parents according to the main purpose of the researcher. The behavior of GCA in order to form again new hybrids or synthetics; 2) The F2 lines of the best crosses can be used in order to derive new lines which we can be used again in the formation of hybrids, varieties or synthetics. The hybrids that showed good effects of SCA can be evaluated again at more sites in order to estimate their genetic stability.

INDICE DE CONTENIDO

	Página
INDICE DE CUADROS	viii
INTRODUCCION	1
Objetivos	2
Hipótesis.....	2
REVISION DE LITERATURA.....	3
Heterosis	4
Heredabilidad	4
Diseños Genéticos	8
Diseño Dialélico de Griffing	9
Diseño Dialélico Parcial.....	10
Progenies Biparentales.....	11
Policruzas	11
Diseño de Carolina del Norte.....	11
Diseño I	12
Diseño II	12
Diseño III.....	13
Aptitud Combinatoria General y Específica.....	13
Probadores.....	15
Patrones heteroticos.....	15
MATERIALES Y METODOS	21

	Página
Material genético	21
Metodología.....	22
Descripción del área de estudio	22
Siembra.....	23
Labores Culturales.....	23
Fertilización.....	23
Riegos.....	24
Toma de datos.....	24
Análisis Estadísticos (Dialélico).....	28
Predicción Híbrida	29
Prueba de Normalidad y Homogeneidad.....	31
Estimaciones de Aptitud Combinatoria.....	32
RESULTADOSY DISCUSION	34
CONCLUSIONES.....	66
RESUMEN	67
LITERATURA CITADA.....	69

INDICE DE CUADROS

Cuadro		Página
3.1	Material genético de progenitores macho, todos del IMM.	21
3.2	Material genético de progenitores hembra provenientes del CIMMYT.	21
3.3	Análisis de varianza bajo el diseño II de Carolina del Norte. Todos los efectos son fijos.....	30
4.1	Cuadros medios del análisis de varianza Diseño II de C.N, para rendimiento de grano en ton/ha, y otros caracteres	37
4.2	Cuadros medios del análisis de varianza Diseño II de C.N. Otros caracteres	38
4.3	Cuadro indicativo del comportamiento promedio de líneas del IMM	40
4.4	Cuadro indicativo del comportamiento promedio de líneas de CIMMYT	43
4.5	Estimados de la aptitud combinatoria general (ACG) de 6 líneas endogámicas del IMM.	50
4.6	Estimados de la aptitud combinatoria general (ACG) de 11 líneas endogámicas del CIMMYT.	51
4.7	Interacción genética de progenitores para rendimiento y otros caracteres	59
4.8	Indicativo de la aptitud combinatoria específica (ACE) de 33 cruzas para rendimiento en ton/ha, y otros caracteres.	63
4.9	Representa la Superioridad Genética y Predicción de las 66 cruzas. Mayo de 1997.....	65

INTRODUCCIÓN

El mejoramiento genético del maíz tiene como objetivo principal incrementar el rendimiento, que va a la par con el mejoramiento de una serie de caracteres de interés agronómico, tales como: precocidad, altura de mazorca, resistencia al acame, sanidad de mazorca y la buena cobertura de mazorca, entre otros. Sin embargo, el lograr un nivel aceptable de mejora en cada carácter resulta una tarea poco fácil.

La hibridación en maíz se conoce y se practica ampliamente, persiguiendo como principal objetivo la producción de materiales con alto rendimiento, a un bajo costo y mayor producción por superficie, así como una gran tolerancia a condiciones de estrés. Se sabe que en combinaciones híbridas los que manifiestan mayor heterosis, son aquellos materiales que presentan características contrastantes (Vasal *et al.*, 1992). En el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), se desarrollan investigaciones en maíz; éstas se llevan al cabo en programas y localidades diferentes, evaluando material genético bajo fuerte presión de selección, sometiéndolo a diferentes grados de estrés, tales como; sequía, bajo contenido de nitrógeno, insectos y enfermedades, etc. La finalidad es descartar los materiales poco prometedores y seleccionar los más sobresalientes, para

hacer posteriormente hibridación, combinando líneas de alto potencial agronómico, para rendimiento, resistencia a insectos, enfermedades, además de calidad de grano. Por otra parte, el Instituto Mexicano del Maíz (IMM) realiza investigaciones pensando en plantas ideotipo; se busca encontrar plantas ideales, como: plantas enanas, de raíz profunda, con hojas erectas, y excelente sanidad. En este estudio se combinan dos filosofías de mejoramiento pensando que bajo esta premisa se justifica ampliamente el plan de hibridación ínter institucional.

OBJETIVOS

Los objetivos que se presentan en este estudio son los siguientes:

- * Estimar los efectos de aptitud combinatoria general y específica, de líneas y cruzas respectivamente.
- * Evaluar el comportamiento de los híbridos de cruzas simples, formadas por líneas endocriadas, proporcionadas por las dos instituciones: el CIMMYT y la UAAAN.

HIPOTESIS

Al combinar líneas endogámicas, (UAAAN x CIMMYT), no emparentadas se puede obtener una respuesta favorable en combinaciones híbridadas.

REVISIÓN DE LITERATURA

Los híbridos aparecen por el año 1900, mediante la formación de líneas endocreadas Allard (1960), realizó autofecundaciones, que dieron origen a la formación de líneas puras, que al cruzarlas entre ellas dieron como resultado híbridos simples los que a su vez presentaban excelente apariencia con excelente rendimientos, pero tenían una desventaja: era muy costoso producir semilla híbrida, debido a que las líneas puras producen poco rendimiento.

La importancia de manejar grupos de líneas endogámicas con patrones heteróticos distintos ha permitido desarrollar estrategias de mejoramiento, para aprovechar la manifestación del vigor híbrido vasal *et al.*, (1992).

Jones (1918), realizó las primeras cruzas dobles para contrarrestar los problemas de producción de semilla híbrida. De esta manera se aumentó la producción de semilla de varios cultivos, ya que se contó con una alta fertilización del suelo, y una estrategia de mejoramiento de plantas, bajo presiones de estrés de resistencia a enfermedades y a insectos (Frey, 1971 y Russell, 1974).

HETEROSIS

La heterosis es considerada como un fenómeno genético, donde se expresa al máximo el vigor con respecto a sus progenitores, puede definirse como el incremento en tamaño o vigor de un híbrido, con respecto al promedio de sus progenitores, medido a través de indicadores como: resistencia a insectos y enfermedades, rendimiento, y altura de planta y mazorca (Allard, 1960; Poehlman, 1981).

Las bases genéticas de la heterosis son motivo de polémica, que se puede explicar de dos formas. La teoría de la dominancia supone que el vigor de un híbrido es el resultado de la acción e interacción de factores dominantes de adaptabilidad y crecimiento. Por otro lado, la teoría de la sobredominancia supone que un individuo que es heterocigote produce mayor vigor híbrido (Stanfield, 1978).

HEREDABILIDAD

En genética cuantitativa la herencia de los caracteres se expresa fenotípicamente, como variación continua y gradual. Así, en una población suficiente grande, de individuos segregantes para un carácter como rendimiento, clasificados por su productividad de menor a mayor, observaremos por lo general una curva de distribución normal.

La heredabilidad es un parámetro que expresa la proporción de la varianza total que es atribuible a los efectos promedios de los genes y esto determina en parte el grado del parecido entre parientes. La función más importante de la heredabilidad en el estudio genético de los caracteres métricos, es la expresar la confiabilidad del valor fenotípico, como indicador del valor reproductivo; y es el valor reproductivo de un individuo lo que determina su influencia en la siguiente generación.

En otras palabras, al escoger algunos individuos como progenitores, por sus valores fenotípicos, el éxito en cambiar las características de la población, puede predecirse únicamente a partir del grado de correspondencia, entre los valores fenotípicos y los reproductivos (Becker, 1986; Falconer, 1983; Namkoong, 1979).

La heredabilidad representada por (h^2) es definida como el cociente de la varianza genética aditiva sobre la varianza fenotípica:

$$h^2 = V_a / V_p$$

Otra definición de heredabilidad, es el coeficiente de regresión del valor reproductivo sobre el valor fenotípico (Falconer, 1983).

$$h^2 = B_{AP}$$

Estas dos definiciones corresponden a la heredabilidad en el sentido estrecho, por los tratados de genética estadística. Por otro lado, la heredabilidad en sentido amplio se define como el cociente de la varianza genética total sobre la varianza fenotípica convencionalmente se representa como H^2 (Becker, 1986; Falconer, 1983; Namkoong, 1979), y se le llama también coeficiente de determinación genética.

Sin duda alguna, la heredabilidad no es un parámetro que permanezca constante, ya que depende de la magnitud de los componentes de varianza. Un cambio en cualquiera de estos le afectará. Por lo tanto, los componentes genéticos están influenciados por las frecuencias génicas, los cuales pueden diferir de una población con respecto a otra (Falconer, 1983).

Por otra parte, la varianza ambiental depende de las condiciones de cultivo, manejo y otras características agronómicas. Condiciones más variables reducen la heredabilidad, mientras que, las más uniformes las aumentan. Debe quedar claro, que siempre que se haga referencia a un valor de heredabilidad, éste sólo es aplicable a esa población particular, desarrollada en ese ambiente específico (Falconer 1983).

Comstock y Robinson (1948), dicen que la expresión fenotípica de un carácter, es la suma de un efecto genético y una desviación atribuible al medio ambiente y la interacción entre el genotipo y el medio ambiente

involucrado. Robinson *et al.*, (1951) mencionan que los conocimientos de la heredabilidad de un carácter son importantes para el mejoramiento a través de la selección.

Robinson *et al.*, (1951) describen que la variación presente en poblaciones segregantes de maíz, es atribuible a tres fuentes principales: a) efectos genéticos aditivos; b) efectos no aditivos, debido a dominancia e interacción de genes no alélicos y c) efectos ambientales. Además, citan que el término variación genotípica solamente se usa para referirse a la variación genética aditiva o heredable, la cual es parte de la variación responsable del resultado de la selección. Sin embargo, muchos otros autores incluyen a los efectos de dominancia y epistasis en el término variación genotípica.

Hanson (1963) menciona que el concepto original de heredabilidad intenta describir las diferencias actualmente observadas entre individuos, surgiendo de las diferencias en la composición genética individual entre los resultados que presentan diferentes ambientes.

Duldley y Moll (1969) definen a la heredabilidad en sentido amplio como el cociente de la varianza genética total sobre la varianza genotípica y a heredabilidad en sentido estrecho como el cociente de la varianza genética aditiva sobre la varianza fenotípica; igualmente mencionan dichos autores, que los caracteres con altos valores de heredabilidad pueden ser mejorados

más rápidamente, con menor intensidad de selección que aquellos caracteres con baja heredabilidad.

Márquez (1988) señala que la estimación de la heredabilidad es un parámetro de importancia para el fitomejorador, puesto que con ella se puede predecir el avance genético esperado por selección y escoger métodos de mejoramiento más adaptados a sus objetivos.

DISEÑOS GENÉTICOS

El estudio de la herencia de caracteres cuantitativos implica desarrollar progenies, obtenidas de acuerdo a un patrón de apareamiento, lo que comúnmente se llama diseños genéticos. Existen varios y tienen cierta complejidad estadística, en el grado de formar las progenies considerando la flexibilidad para aplicarlos a diversos cultivos (Hallauer y Miranda, 1981).

Para Cockerham (1963) los diseños genéticos pueden agruparse en diseño de uno, dos, tres o más factores, dependiendo del número de ancestros por progenie, sobre los que se tuvo control. De esta manera, una familia de medios hermanos o una progenie de policruzas, es un diseño de un solo factor ya que hubo control sobre un progenitor.

La selección del diseño genético estará en función de los objetivos de trabajo de investigación. Deberá elegirse el más práctico y sencillo, pero que proporcione la información necesaria. Por ejemplo, si se desea cuantificar nada más la variación genética, un diseño de un factor es suficiente. Si se quisiera estimar en cambio, la varianza aditiva y la varianza de dominancia, sólo se podrá hacer con un diseño de dos o más factores. Si se tratara de estimar la varianza epistática, se debe ocupar un diseño de tres factores o todavía más complejo (Dudley y Moll, 1969).

Diseños Dialélicos de Griffing

Griffing (1956) abordó los conceptos y la teoría estadística relacionada con los diseños dialélicos. De acuerdo a sí participan o no las autofecundaciones y las cruzas recíprocas de la F_1 , y las clasificó en cuatro métodos:

- 1.- Participan todas las cruzas posibles. Comprende las autofecundaciones, cruzas directas F_1 y cruzas recíprocas de las F_1 . Habrán p^2 familias, donde p es el número de progenitores.

- 2.- Incluye sólo autofecundaciones y cruzas directas F_1 . Esto es, tendremos $p(p+1)/2$ número de familias.

- 3.- Comprende cruzas directas F_1 y recíprocas F_1 . Tendríamos $p(p-1)$ número de familias.

- 4.- Sólo participan las cruzas directas F_1 . Habrá $p(p-1)/2$ número de familias.

Los diseños pueden utilizarse en muchas especies de plantas. Su empleo depende en gran parte de la habilidad para realizar los cruzamientos, así como, la cantidad de semilla producida. Su principal desventaja, es que son imprácticos de usar, cuando hay más de 10 a 15 progenitores (Hallauer y Miranda, 1981).

Diseño dialélico parcial

En este diseño se enlistan principalmente varias técnicas de apareamiento cuya finalidad es “muestrear” un grupo de cruzas, del conjunto total de cruzamientos posibles, entre un determinado número de progenitores. La finalidad de desarrollar nuevas metodologías de mejoramiento, ha permitido evitar las limitaciones prácticas, de los dialélicos de Griffing por un lado; y por el otro, la menor precisión que tienen ellos en la estimación de la habilidad combinatoria general (ACG), al exhibir menos grados de libertad ($p-1$) (Martínez, 1983).

Un aspecto importante a mencionar, para los dialélicos de Griffing, con los dialélicos parciales es la condición de simetría: es necesario que cada progenitor intervenga en el mismo número de cruzas. Si esa condición no se cumple, tendremos un diseño desbalanceado (Martínez, 1983).

Progenies biparentales

Es uno de los diseños genéticos más sencillos. Sirve para estimar la varianza genética, pero no proporciona información de la magnitud de la varianza aditiva. El apareamiento se hace, al tomar pares de plantas al azar en la población de referencia y cruzarlas entre sí (Hallauer y Miranda, 1981).

Policruzas

Es un diseño sencillo y fácil de aplicar en especies de polinización cruzada. El procedimiento consiste en tomar una muestra al azar de progenitores de una población de referencia. Frecuentemente se prefiere porque puede manejarse una mayor cantidad de progenitores, por la poca mano de obra requerida para desarrollar las familias de medios hermanos y por su sencillez, además proporciona una estimación de la varianza aditiva solamente. Este diseño se hace cuando los progenitores son sembrados en un lote aislado, bajo un diseño experimental para favorecer la misma oportunidad de entrecruzamientos entre los progenitores (Nguyen *et al.*, 1983).

Diseños de Carolina del Norte

Esta clase de diseños fueron elaborados por Comstock y Robinson (1948) en Carolina del Norte. Según la técnica de apareamiento entre

progenitores, se reconocen tres métodos, cuyas características son las siguientes:

Diseño I. Es también denominado diseño anidado o jerárquico. Bajo este esquema, cada macho es apareado con un grupo de hembras, con restricción que cada hembra sólo participa en una sola cruce. El grupo de progenies de medios hermanos descendientes del mismo macho, se denomina grupo macho (Márquez, 1988). Este diseño permite estimar la varianza aditiva y también la de dominancia (Hallauer y Miranda, 1981)

Diseño II. Mencionado, como diseño factorial o cruzado. Esta técnica de apareamiento consiste principalmente en cruzar un grupo determinado de progenitores machos con un conjunto de hembras, en todas las combinaciones posibles. La única restricción del diseño, es que unos progenitores actúan como machos y otros sólo como hembras. Habrá de notarse la diferencia con los diseños dialélicos, donde los mismos progenitores pueden usarse como hembras y machos a la vez. Este diseño tiene la ventaja de manejar un número grande de cruces con respecto a los dialélicos (Hallauer y Miranda, 1981). Desde el punto de vista genético, la información obtenida del diseño II es similar a la proporcionada por el Diseño I. Con este diseño, se puede hacer inferencia sobre dos estimaciones independientes de la varianza aditiva más la estimación directa de la varianza de dominancia.

Diseño III. Éste diseño fue desarrollado con la finalidad de estimar el grado de dominancia de los genes que controlan los caracteres de una población en estudio. Este apareamiento consiste principalmente en retrocruzar plantas de la F_2 , que son tomadas de la población, las cuales posteriormente se usarán como machos para polinizar a los dos progenitores endogámicos, de las que desciende la F_2 . Y habrá dos pares de progenies retrocruzados, por cada macho de la F_2 utilizado. Este diseño además, tiene la finalidad de estimar la varianza aditiva y la de dominancia (Hallauer y Miranda, 1981; Márquez, 1988).

Aptitud Combinatoria General y Específica

El concepto de la aptitud combinatoria es útil para conocer el comportamiento de líneas endocriadas en cruzas, y para conocer la importancia relativa de los dos tipos de acción de genes involucrados. La información adicional acerca de los efectos del ambiente de prueba sobre la aptitud combinatoria puede guiar al mejorador en la utilización apropiada de estos materiales.

Chávez y López (1987) mencionan que la aptitud combinatoria, es el comportamiento medio de una línea en combinaciones híbridas con otras líneas.

La aptitud combinatoria de líneas endocriadas de maíz, podría estimarse mediante el comportamiento de sus cruzas con un probador común, y esta prueba se puede efectuar en cualquier grado de endogamia de la línea. (Davis, 1927).

La aptitud combinatoria general (ACG) se define como el efecto promedio que una línea imparte a sus cruzas, o dicho de otra manera, lo que una línea hereda a su progenie en promedio de muchas cruzas. Por otro lado, la aptitud combinatoria específica (ACE), muestra la desviación del comportamiento predestinado con base en la Aptitud Combinatoria General.

Márquez (1988) sugirió que la Aptitud Combinatoria significa la capacidad que tiene un individuo o una población de combinarse con otros, midiendo su capacidad basándose en su progenie; este mismo autor menciona que no sólo debe determinarse por un solo individuo de la población, pero sí en varios, con el fin de realizar selección de aquellos que mejor se expresen.

Jugenheimer (1981) propone que la ACG es el desempeño promedio de una línea pura en alguna combinación híbrida, y además proporciona información sobre las líneas con alto grado de endogamia que deben producir los mejores híbridos, mientras que la ACE, es el desempeño, de ciertas combinaciones que son relativamente mejores o peores que aquellas que se esperaría, basándose en el comportamiento medio de las líneas combinadas.

PROBADORES

La aptitud combinatoria general se evalúa mediante el uso de un probador, el cual se cruzan con un grupo de líneas. Los principales tipos de probadores son aquéllos de amplia base genética, probador de reducida base genética, probador emparentado y probador no emparentado.

Cortéz *et al.*, (1985) realizó en un estudio con 8 localidades y evaluaron una serie de cruzas dialélicas entre material tropicales de CIMMYT, de grano blanco poblaciones y pools de madurez intermedia y tardía, el pool 19, 20 de madurez intermedia y 8 fueron de madurez tardía, el pool 23, 24 y las población 21, 22, 29, 32, 43, y la 49. Los resultados indican que la cruce de pool 20 x pob. 49 fue la que mostró una alta significancia positiva de efectos heteróticos.

López (1986), concluye que el mejor probador debe ser una línea que no esté emparentada con las líneas que son seleccionadas.

PATRONES HETERÓTICOS

En investigaciones realizadas en CIMMYT, se han logrado identificar diferentes patrones heteróticos. Beck *et al.*, (1991) determinaron que para materiales blancos, la pob. 42 X la pob. 47 expresan un alto grado de

heterosis. En cuanto a materiales que expresan buen comportamiento en el subtrópico, la pob. 46 combina bien con el pool 30 de material amarillo precoz (Vasal, 1992). En el trópico, lo más sobresaliente es el patrón heterótico entre pob. 21 y la pob. 32, cuyos materiales son la combinación de ETO y Tuxpeño. Por otra parte, también presenta buena combinación la pob 21 con la pob 25 y 39. Las interacciones de material tropical con subtropical, que presentan buena combinación, son la pob.32 X 44, 42 X 42, 43 X 44 y la 22 X 47 (Vasal et al., 1992).

Beck *et al.*, (1991) evaluaron nueve materiales del CIMMYT, con la finalidad de evaluar la interacción entre poblaciones y pooles subtropicales, otra investigación fue la de evaluar el potencial de las poblaciones subtropicales y templadas como fuente de germoplasma exótico para programas de mejoramiento de clima templado; padres y cruza fueron evaluadas en 5 ambientes en México y 11 en los E.U. Se observaron altos efectos de la ACG para rendimiento en las poblaciones 42, 47 y la 34. La cruza que presentó mayor grado de heterosis tuvo un 9.1 por ciento, con base en el progenitor más rendidor, y fue la pob. 42 x 47 con un rendimiento de 7.87 ton/ ha. La población 33 x 45 fue la cruza con mayor ACE para rendimiento en lo que respecta a México. Por otra parte, en los E.U. los rendimientos fueron bajos, debido a problemas de adaptación y siembras tardías; sin embargo, las poblaciones que más se adaptaron fueron las 41 y

42, las cuales pueden ser utilizadas como fuente para formar un programa de mejoramiento de clima templado.

Un estudio se realizó para determinar heterosis y aptitud combinatoria de material subtropical de QPM (Calidad Proteínica de Maíz) de germoplasma de CIMMYT para la formación de híbridos. Un total de 6 materiales se agrupan y 4 pools de QPM para hacer 10 patrones y 45 cruzas se probaron en diferentes ambientes en México y 3 en los Estados Unidos. Los resultados mostraron diferencias significativas ($P < 0.01$) entre entradas, patrones y cruzas, para rendimiento de grano, tiempo a floración, altura de mazorca y plantas, además de la dureza del endospermo. Los efectos de la aptitud combinatoria general (ACG) fueron significativamente mayores que cero para todos los rasgos, mientras que para la aptitud combinatoria específica, los resultados fueron diferentes ($P > 0.05$). La Pob. 68 de QPM fue la de más alto rendimiento en ambientes mexicanos; pero el Pool 31 de QPM fue el de mayor producción en los ambientes de los E.U. Las mejores cruzas de alto rendimiento fueron el Pool 32 QPM x Pob. 68 QPM, en ambientes mexicanos y el Pool 29 QPM x Pob. 70 QPM, en ambientes de los E.U. Dentro de ambientes mexicanos la Pob. 68 y Pool 32 QPM (entre blancos) y la población 69 y Pool 31 presentaron el mismo tipo y forma de grano que en los E.U. La agrupación de genes precoces, Pool 27 QPM y Pool 29 QPM, y pob 70 QPM, fue la mejor combinación para rendimiento de grano, Vasal *et al.*, (1993).

Carrillo y De la Peña (1994) demostraron que la existencia del Patrón Heterótico dentado x cristalino de dos grupos de cruza simples de maíz (dentado y cristalino), y trabajaron para determinar cuáles de éstas se muestran como las mejores, para posteriormente, efectuar la formación de un grupo de cruza dobles. Los resultados indicaron que, dentro del grupo de cruza simples como líneas dentadas, se distinguieron 5, que se mantuvieron en primer lugar en rendimiento, con ciclos intermedios tardíos, altura promedio de 2.12 m y altura de 1.30 m; en tanto que las cruza simples sólo destacaron cuatro con un ciclo vegetativo intermedio.

Córdova y Mickelson (1995) señalan que la selección apropiada del germoplasma, constituye la mitad del éxito en un programa para formar híbridos, así mismo, menciona que la elección de una fuente de germoplasma apropiada implica tener el conocimiento del patrón heterótico a que pertenece. Mickelson *et al.*, (1995) mencionan que los patrones heteróticos utilizados actualmente son Tuxpeño y ETO en la región subtropical de México y América del Sur; Reid Yellow Dent y Lancaster Sure Crop en el clima templado de los Estados Unidos de Norteamérica; Salisbury White y Southern Cross en el sur de Africa, y AED (dentado precoz americano) y Tep-5 (Tepalcingo 5) en Egipto.

Córdova *et al.*, (1997) evaluaron 12 líneas élite S5 del grupo heterótico "A", y 11 del grupo "B", derivadas del ciclo uno de selección recíproca recurrente del patrón heterótico mencionado anteriormente (SIW), que fueron

cruzadas de acuerdo al Diseño II de Carolina del Norte. Las 132 cruzas más tres testigos, fueron evaluadas en 6 localidades del ambiente subtropical de México: Celaya, Guanajuato, Tlajomulco, Jalisco, Aguascalientes, Aguascalientes; Cd. Obregón, Sonora; Tlaltizapan, Morelos y Ameca, Jalisco. Los tratamientos fueron arreglados en un diseño experimental alfa látice con dos repeticiones y un surco de 5 metros de largo como parcela útil. El manejo de los ensayos (prácticas culturales, fertilización y control de plagas) fueron de acuerdo a las necesidades y recomendaciones de cada localidad. Las variables consideradas incluyeron: rendimiento, días a floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca, acame de raíz y de tallo, mazorcas podridas, aspecto de planta y mazorca, además las principales enfermedades. El análisis de varianza y estimados de aptitud combinatoria por localidad y a través de localidades, fueron obtenidos para la variable rendimiento de grano y pudrición de tallo por fusarium. Los resultados muestran 10 cruzas simples a través de localidades, las cuales rindieron por más del 1 tonelada que el testigo comercial A-7545. El promedio de las 10 mejores cruzas simples fue de 11.1 tons/ha en comparación con 9.9 tons/ha del mejor testigo. Las mejores cruzas tuvieron menos del 5 por ciento de mazorcas podridas. El testigo experimental (CML 78 x CML 321), en el cual la línea CML 321 es derivada de la población 502, rindiendo 10.1 tons/ha; los estimados de la aptitud combinatoria general para las líneas, y la aptitud combinatoria específica para las cruzas, fueron altamente significativos así como también la interacción de éstos con localidades. Las líneas hermanas L-22 y L-23 de la población 502, estuvieron

asociadas con los estimados de la aptitud combinatoria general (1.27 y 1.07 respectivamente) y estuvieron involucradas en siete de las mejores diez cruzas. La población 501, las líneas L-10, L-5, y L-12, expresaron los estimados más altos de Aptitud Combinatoria General (0.87, 0.69 y 0.67 tons/ha respectivamente). Las líneas con alta aptitud combinatoria general para rendimiento, también mostraron baja aptitud combinatoria general para pudriciones de tallo por fusarium. Las mejores cruzas fueron L-1 x L-15 y L-9 x L-17 con estimados de aptitud combinatoria específica de 1.35, 1.26 tons/ha.

MATERIALES Y METODOS

Material genético.

Para realizar este estudio se requirió semilla de ambos institutos IMM y CIMMYT. En los cuadros 3.1 y 3.2 se enlistan el material genético utilizado.

Cuadro 3.1 Material genético de progenitores macho, todos del IMM.

LÍNEA	PORTE	ENDOGAMIA
255-18-19-A.	Enana	S ₈
AN 7 R55	Normal	S ₈
232-10-11-1-A	Enana	S ₈
P22 S3-5	Normal	S ₈
43-46-2-3-2-A	Normal	S ₈
P2437-2-1-6A	Normal	S ₈

Cuadro 3.2 Material genético de progenitores hembra, provenientes del CIMMYT.

LÍNEA	GENEALOGIA	ENDOGAMIA
CML-247	(P24F119*F54)-6-4-1-1-BB-f	S ₆
CML-254	Tuxp.Seq.149-2-BBB-##-1-BB-f	S ₉
CML-258	Pob.21C5 HC218-2-3-B-###-B-1-BBB-f	S ₉
CML-264	Pob.21 C5 HC219-3-1-B-##-8-1-3-BBB-f	S ₉
CML-311	S89500 F2-2-2-2-B*5	S ₈
CML-312	S89500 F2-2-2-1-1-B*5	S ₉
CML-314	P600 C0 F14-2-1-2-B*4	S ₇
CML-315	P500 Co F246-4-1-2-2-B*3	S ₇
CML-317	P47 C4 F90-1-2-B*4	S ₆
CML-318	87[B810(66)S3/G24S2]-B-8-1-1-3-B*4	S ₉
CML-322	89[L-LMBR17]-B-5-3-1-4-B*4	S ₉

Metodología

Se realizaron los cruzamientos de líneas mediante la estrategia de apareamiento diseño II de Carolina del Norte en la localidad de Tepalcingo Morelos. Las 66 cruzas obtenidas se evaluaron en el bajío bajo un diseño de bloque al azar en una localidad con dos repeticiones.

Descripción del área de estudio

La evaluación de las cruzas se realizó en Celaya, Guanajuato, durante el ciclo primavera - verano de 1997. Esta localidad cuenta con favorables atributos, como buena calidad de suelo y clima benigno, a esta región se le considera una localidad representativa de la región del bajío mexicano, importante en el área agropecuaria. Además se ha utilizado como una área para un sinnúmero de evaluaciones en lo que se refiere al cultivo del maíz, cuya finalidad es aportar una alternativa más favorable al agricultor de dicha región. Celaya presenta una ubicación geográfica situada a 20°32' latitud Norte; 100°49' Longitud Oeste, con altura de 1754 msnm. Las condiciones climatológicas que predominan en esta región, son de una temperatura media anual de 20.6°C con una precipitación pluvial anual de 597.3 mm.

Siembra

La siembra se efectuó de acuerdo con la fecha establecida regionalmente, en mayo de 1997. El diseño utilizado, fue en bloques al azar con dos repeticiones. La parcela experimental en esta localidad fue de dos surcos de 3.8 m de longitud por 0.75 m de ancho, dando una área de parcela útil de 5.98 m² con 21 plantas por surco. La siembra se realizó manualmente con sembradores de hierro manuales, depositando dos semillas por golpe, para posteriormente aclarar a una planta por mata y así asegurar al número óptimo de plantas por parcela.

Labores Culturales

Las Labores Culturales de esta localidad se realizaron durante todo el ciclo vegetativo del cultivo y en el momento oportuno, dando prioridad en las primeras etapas de desarrollo de la planta de tal manera que se mantuvo libre de malezas.

Fertilización

La fórmula de Fertilización aplicada (N-P-K) fue 180-90-00, la cual se distribuyó en dos partes: la primera al momento de la siembra (90-90-00), y la

segunda en el primer cultivo. Se usó urea como fuente de nitrógeno, y superfosfato triple como fuentes de fósforo.

Riegos

El número de riegos fue variable, sujetándose a la precipitación pluvial y en su caso se aplicó agua rodada durante el desarrollo vegetativo en función de los requerimientos del cultivo.

Toma de datos

Para el desarrollo de este estudio, se cuantificaron las siguientes variables:

*Días a Floración Masculina (FM). Expresado como el número de días transcurridos desde la fecha de siembra hasta alcanzar el 50 % de las plantas con antesis (Emisión de polen para floración masculina) presentes en la parcela experimental.

*Días a Floración Femenina (FF). Se contempla en este caso, el número de días transcurridos desde la fecha de siembra hasta alcanzar el 50 % de las plantas de la parcela experimental con estigmas receptivos.

***Altura de Planta (AP).** La longitud se midió en centímetros, desde la base del tallo hasta la base de la espiga o la hoja bandera, de una muestra de 10 plantas tomadas al azar por cada parcela experimental.

***Altura de Mazorca (AM).** Se midió en centímetros y la medición va desde la base del tallo, hasta el primer nudo de inserción de la mazorca principal, de un muestreo de 10 plantas de cada parcela experimental.

***Acame de Raíz (AR).** Este dato se expresa en porcentaje basándose en el número de plantas de la parcela experimental y con relación a las plantas que muestran una inclinación mayor a los 30 grados con respecto a la vertical de las plantas.

***Acame de Tallo (AT).** El acame de tallo se terminó basándose en el número de plantas presentes con el tallo quebrado por debajo de la mazorca principal, tomadas del total de plantas de la parcela, expresándose este en porcentaje.

***Mala Cobertura (MC).** Porcentaje de plantas presentes en la parcela experimental, con el número de mazorcas no cubiertas totalmente por las brácteas "totomoxtle", en relación con el total de las mazorcas cosechada de la parcela útil.

*Mazorcas Podridas (MP). Se expresa en porcentaje considerando podridas, aquellas mazorcas que tuvieron más de un 10 por ciento de granos podridos.

*Aspecto de Mazorca (AM). Escala 1 a 5 (1 muy buena, 5 muy mala), considerando para esta calificación la apreciación visual conjunta de daño por insecto o enfermedades, tamaño de la mazorca y uniformidad de la misma.

*Número de Plantas Cosechadas (NPC). Total de plantas cosechadas en la parcela útil.

*Número de Mazorcas Cosechadas (NMC). Total de mazorcas cosechadas en la parcela útil.

*Peso de Campo (PC). Se registra pesando el total de mazorcas cosechadas en kilogramos por parcela.

*Por ciento de Humedad (HUM). Se tomaron 5 mazorcas al azar, a las cuales se les desgranaron hileras, para completar 250 gr aproximadamente, tomándose una lectura directa por un aparato que determina la humedad del grano, STEINLITE modelo G, hace esta medición al momento de la cosecha.

*Rendimiento de Grano (REND). El rendimiento de grano expresado en ton/ha al 15.5 % de humedad se determinó mediante la siguiente ecuación.

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

Para obtener este carácter se multiplicó el peso seco de la mazorca de cada parcela por el factor de conversión a toneladas por hectáreas.

Donde:

FC = Factor de conversión para expresar el rendimiento en toneladas por hectáreas de mazorca al 15.5 por ciento de humedad.

APU = Área de parcela útil. Es el producto de la distancia entre surcos por la distancia entre plantas por el número correcto de plantas por parcela útil.

0.845 = Constante para obtener el rendimiento en kilogramos por hectárea al 15.5 por ciento de humedad.

1000 = Coeficiente para obtener el rendimiento.

Posteriormente ya obtenido el rendimiento en ton/ha correcto, se procedió a realizar los análisis de varianza correspondientes.

Análisis Estadístico

Para las estimaciones de los componentes de la varianza genética, se utilizó el Diseño II de Carolina del Norte, propuesto por Comstock y Robinson (1948), dividiéndose en 6 grupos de machos con 11 hembras. Este diseño hace posible cruzamientos entre un grupo de individuos macho (m) y un grupo de individuos hembras (h) resultando en total de descendientes (hm). Así, cada apareamiento produce una familia de hermanos completos y el grupo de cruza tienen un progenitor en común que constituye una familia de medios hermanos.

Una ventaja de usar este diseño es que nos permite incluir mayor número de progenitores, aprovechando mejor los recursos, ya que en los dialélicos no es posible. Además se pueden estimar dos varianzas aditivas (σ^2_a) y se puede estimar σ^2_M y σ^2_H .

En este caso, no se calcularon los parámetros σ^2_a , σ^2_m , σ^2_h , σ^2_d porque no se puede hacer inferencia sobre la población de estudio, ya que partimos de líneas endogámicas seleccionadas. Pero se calcula la Heredabilidad en sentido amplio con la finalidad de calcular el coeficiente de determinación genética de los híbridos generados a través de cruza.

Este coeficiente de determinación genética nos va ayuda a predecir la superioridad en rendimiento de grano de los híbridos en la siguiente generación (Van Vleck, 1993;). La predicción se llevó al cabo mediante la siguiente fórmula.

$$P = H^2 (R - \bar{X}) + \bar{X}$$

$H^2 (R - \bar{X})$ = Superioridad del híbrido.

H^2 = Coeficiente de determinación genética.

R = Media de rendimiento de la crusa.

\bar{X} = Media general de las cruzas.

El modelo lineal que sigue el Diseño II de Carolina del Norte es el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + M_i + H_j + \phi_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

donde:

$i = 1, 2, \dots, m$ (machos) .

$j = 1, 2, \dots, h$ (hembras)

$k = 1, 2, \dots, r$ (repeticiones)

Y_{ijk} = Observación de cruzamiento entre el i -ésimo macho y la j -ésima hembra en la k -ésima repetición.

μ = Media general.

M_i = Efecto del i -ésimo macho.

H_j = Efecto de la j -ésima hembra.

ϕ_{ij} = Efecto de la interacción de i -ésimo macho con la j -ésima hembra.

ε_{ijk} = Error experimental asociado con la ij -ésima cruza en la k -ésima repetición

Para los diferentes caracteres estudiados se realizó un análisis de varianza para la localidad de Celaya, Gto con base en el Diseño II de Carolina del Norte.

Cuadro 3.3 Análisis de varianza bajo el diseño II de Carolina del Norte. Todos los efectos son hijos.

F.V	G.L	SC	CM	ECM
M	(m-1)	$\frac{\sum_{i=1}^m Y_{i..}^2}{kr} - \frac{Y_{...}^2}{rhm}$	M5	$\sigma_e^2 + rh\sigma_M^2$
H	(h-1)	$\frac{\sum_{j=1}^h Y_{.j}^2}{mr} - \frac{Y_{...}^2}{rhm}$	M4	$\sigma_e^2 + rm\sigma_H^2$
HxM	(h-1)(m-1)	$\frac{\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^h Y_{ij}^2}{r} - \left(\frac{\sum_{i=1}^m Y_{i..}^2}{rh} + \frac{\sum_{j=1}^h Y_{.j}^2}{rm} - \frac{Y_{...}^2}{rhm} \right)$	M3	$\sigma_e^2 + r\sigma_{HM}^2$
Rep	(r-1)	$\frac{\sum_{k=1}^r Y_{..k}^2}{mh} - \frac{Y_{...}^2}{rhm}$	M2	$\sigma_e^2 + hm\sigma_R^2$
Error	(r-1)hm-1	$SCT - (SCM + SCH + SCR + SCV)$	M1	σ_e^2
Total	rhm-1	$\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^h \sum_{k=1}^r Y_{ijk}^2 - \frac{Y_{...}^2}{rhm}$		

Prueba de Normalidad y Homogeneidad

Para el análisis de varianza en este experimento, se corrió pruebas de Homogeneidad y de Normalidad, con la finalidad de ver el comportamiento de varianzas y ver si se cumplen algunos de los supuestos del modelo genético lineal utilizado (homogeneidad y normalidad de varianzas) mediante el paquete estadístico M-STAT.

Para establecer la normalidad se usaron como auxiliares las pruebas de Kurtosis y coeficientes de sesgo. También se juzgó gráficamente la normalidad por medio de histogramas de frecuencias. Paquete estadístico M-STAT.

Se realizaron transformaciones en aquellas variables que no presentaron datos con distribución normal; sobre todo aquellas variables medidas en porcentajes (por ciento de acame de raíz, por ciento acame de tallo, por ciento acame de plantas, y por ciento de mazorcas con fusarium). La prueba de homogeneidad de varianzas (prueba de Bartlett), es importante para comparar las varianzas de un número arbitrario de poblaciones (Said y Zárate, 1986).

Esta prueba se puede realizar rápidamente mediante los diseños estadísticos que proporciona el paquete MS-STAT. La prueba fue necesaria para comprobar los supuestos del análisis de varianza.

Estimaciones de aptitud combinatoria

Utilizando los datos de la localidad de Celaya, Gto, se estimaron los efectos de la aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) para los dos grupos de líneas (CIMMYT - NARRO), y sus cruzas respectivamente y para cada variable, de acuerdo con los principios propuestos por Sprague y Tatum (1942).

$$g_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}$$

$$g_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$$

$$s_{ij} = Y_{ij} - g_i - g_j + \bar{Y}_{..}$$

donde :

g_i, g_j y s_{ij} = Las ACG y ACE respectivamente para los i - machos, j - hembras y sus cruzas.

$\bar{Y}_{i.}$ y $\bar{Y}_{.j}$ = Las medias de los machos y hembras respectivamente. Y_{ij}

representa el valor observado para la cruce $i \times j$; y la $\bar{Y}_{..}$ es la media de todas las $i \times j$ cruzas.

La significancia estadística de la diferencia entre las ACGs de las líneas se evaluó mediante la prueba de t o diferencia mínima significativa, como indica Chaudhary y Singh (1979).

$$DMS \alpha = EE \times t(\alpha/2, glee)$$

donde:

DMS α = Diferencia mínima significativa a una probabilidad α

EE = Error estándar para la comparación de medias el cual con m machos, h hembras y r repeticiones equivale a lo siguiente.

$$EE = \sqrt{\frac{2CMEE}{rm}} \text{ para ACG de hembras}$$

$$EE = \sqrt{\frac{2CMEE}{rh}} \text{ para ACG de machos.}$$

$t(\alpha/2, glee)$ = Valor de las tablas, apropiado a los grados de libertad del error experimental a una probabilidad α .

De esta forma se estimaron y probaron los efectos de la aptitud combinatoria para las variables de este estudio.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En este capítulo se presentan resultados obtenidos por el análisis de varianza individual para cada uno de los caracteres y es importante mencionar que los datos en este estudio se sometieron a una serie de pruebas (homogeneidad de varianza y pruebas de distribución normal) con el propósito de cumplir los supuestos del modelo en el análisis empleado. De las once variables analizadas, se procedió a hacer el ajuste correspondiente con transformaciones de arco seno y logaritmo natural y se encontró que acame de raíz, acame de tallo, plantas con presencia de fusarium, mala cobertura, sanidad de mazorcas (mazorcas podridas), y mazorcas con presencia de fusarium, sus datos tuvieron resultados con heterogeneidad de varianzas además no siguieron una distribución normal sin embargo fueron de gran utilidad para seleccionar materiales que fueron sobresalientes. En los cinco caracteres restantes rendimiento, floración masculina y femenina, altura de planta y mazorca, los datos no mostraron problema alguno para ser analizados lo cual permite observar eficazmente el comportamiento que siguen los progenitores a través de combinaciones híbridas generando progenies con características favorables que son importantes en la selección y formación de buenos híbridos con alto potencial de rendimiento.

Por tal razón, se hace inferencia que los resultados en esta investigación al menos para caracteres evaluados en por ciento las estimaciones no son precisas y confiables para hacer su análisis, pero que sin duda alguna son de gran utilidad para descartar o escogen el mejor material que puede usarse en futuras evaluaciones dependiendo de los objetivos que surjan por el investigador. De esta manera datos transformados que no cumplieron con los supuestos del modelo estadístico no justifican adecuadamente resultados al menos para caracteres medidos en por ciento por lo que en este caso se tomó la decisión de no transformarlos aun cuando estos se analizaron y discutieron.

Es importante recalcar que la heterogeneidad de varianzas en datos trae como consecuencia grandes diferencias, por lo tanto los datos son susceptibles de ser analizados o comparados eficientemente. Cuando no se cumple el supuesto de homogeneidad de varianzas conduce a no poder estimar con precisión componentes genéticos lo cual orilla a no poder hacer inferencia sobre una población, y si fuese el caso de estimarlos estos no podrán ser precisos o en caso alguno sólo serán aproximaciones. De igual forma cuando los datos no se ajusten a una distribución normal y aún si estos se analizan conduce a afectar la validez en las pruebas de significancia (Prueba de F) es decir se distorsionan los niveles de significancia en las pruebas de hipótesis ocasionando aumentar las varianzas de los estimadores. Se sugiere que en futuras evaluaciones se reflexione sobre la forma de medir y analizar estos caracteres, ya que el objetivo principal que siguen los ANVAS es

determinar si la varianza que se observa realmente es de tipo genético, y si esto no ocurre, entonces no pueden ser analizado eficientemente. Es importante conocer las causas de la variación para poder tomar decisiones acertadas y confiables en la selección de germoplasma dentro de programas de mejoramiento y los análisis de varianza de cierta forma permiten observar y separar los efectos de la variación expresada por un número determinado de genotipos que son evaluados.

Análisis de varianza.

Los cuadrados medios del análisis de varianza para caracteres que componen este estudio se presentan en el cuadro 4.1 y 4.2. Representa los cuadrados medios del analisis de varianza del Diseño II de carolina del Nortey muestra el niveles de significancia de los valores de F que son referidos a la probabilidad de 0.01 (**) y 0.05 (*), de tal forma que la significancia estadística para cada fuente de variación indica la diferencia entre los elementos que componen la fuente.

Los coeficientes de variación reportados en el análisis oscilan de 3.01 a 72.25 por ciento perteneciendo los coeficientes bajos a aquellos caracteres que ajustaron sus datos a una distribución normal además de tener homogéneas sus varianzas tales como rendimiento, floración masculina y femenina, altura de planta y de mazorca.

Cuadro 4.1. Cuadrados medios del análisis de varianza Diseño II de C.N, para rendimiento de grano en ton/ha, y otros caracteres.

FV	GL	Rend Ton/ha	F.Masc. (días)	F. Fem. (días)	A.Pta. (cm)	A.Mz. (cm)
Machos	5	24.166**	154.462**	154.462**	1242.576**	1109.826*
Hembras	10	11.991**	55.464**	55.464**	830.455**	614
Hembras x Machos	50	3.676*	13.265*	13.265*	199.409	303.709
Repeticiones	1	19.537**	138.068**	138.068**	366.667*	167.35
Error	65	2.048	7.653	7.653	191.667	355.735
CV		11.84	3.1	3.01	6.21	16.2

*, ** significancia al 0.05 y 0.01 de probabilidad, respectivamente.

Cuadro 4.2. Cuadrados medios del análisis de varianza Diseño II de C.N. Otros caracteres.

FV	GL	Acame raíz %	Acame tallo %	Plantas Fusarium %	Mala cobertura %	Mazorcas Podridas %	Mazorcas Fusarium %
Machos	5	317.146**	9.998	55.982*	247.349**	37.409	0.786
Hembras	10	166.685**	8.571	40.531	214.026**	61.616*	1.329
Hembras x Machos	50	53.643	11.872	24.105*	91.490**	36.646	1.064
Repeticiones	1	404.390**	0.595*	110.532*	155.524*	120.540**	3.777
Error	65	49.799	13.326	21.719	32.951	28.201	1.083
CV		64.89	71.99	72.25	51.74	67.1	24.67

*, ** significancia al 0.05 y 0.01 de probabilidad, respectivamente ite.

Si consideramos la expresión fenotípica de cada progenie resulta comprensible que los caracteres antes descritos son medibles, por lo tanto, se ajustan y se pueden analizar eficientemente. Por otro lado, caracteres que no lograron ajustarse a pruebas anteriormente descritas serán un problema para discutirse, por esa razón, estimados en porcentajes tienden a elevar el coeficiente de variación como fueron los casos: acame de raíz y tallo, plantas con fusarium, mala cobertura, mazorcas podridas y mazorcas con presencia de fusarium ambos caracteres son no paramétricos; pero los coeficientes de variación registrados no son suficientemente grandes, por eso la decisión de no transfórmalos, sin duda tienen gran importancia por su valor estimado a través de la apariencia fenotípica que muestra durante las evaluaciones de materiales en precosecha y durante la cosecha.

Comparación de medias

Al comparar medias de caracteres podemos darnos cuenta que existe grandes diferencias como la fuente machos que presentó diferencias estadísticas altamente significantes ($p < 0.01$) para el carácter rendimiento, lo cual indica la marcada divergencia genética que existe entre machos que al combinarse se espera expresen alto potencial genético en sus cruza. El macho más sobresaliente de los seis que se evaluaron fue el M3 que presentó mayor rendimiento con 13.436 ton/ha seguido de M5 con 12.922 ton/ha.

Cuadro 4.3. Cuadro indicativo del comportamiento promedio de líneas del IMM.

	F. MAS	F. FEM	A.PTA	A.MZ	REND.	A.R	A.T	P.FUS	M.COB.	MZ.P
M1	86.32	88.32	227.96	121.82	12.58	3.41	0.23	0.68	7.73	3.90
M2	86.50	88.50	229.32	120.91	11.62	2.77	1.36	2.55	2.77	2.46
M3	88.86	90.86	227.27	122.50	13.44	0.05	0.64	0.46	9.73	2.18
M4	93.27	91.39	225.68	118.18	11.12	7.46	0.23	3.00	2.77	2.00
M5	90.27	95.27	211.82	109.18	12.92	4.09	0.32	0.77	3.27	1.14
M6	90.73	92.73	214.77	105.91	10.79	2.68	1.05	1.68	5.23	2.73
Media	89.33	91.18	222.80	116.42	12.08	3.41	0.64	1.52	5.25	2.40

El más bajo el M6 con 10.786 ton/ha respectivamente. El cuadro 4.3. representa el comportamiento promedio de 6 líneas usadas como machos del IMM. Tomando en cuenta la importancia que tiene estudiar cada uno de estos caracteres la floración presentó diferencias estadísticas altamente significantes ($p < 0.01$) mostrando intervalos que van desde 86 a 93 días de floración masculina y 88 a 95 días en floración femenina. El M1 fue más precoz con 86 días a floración masculina y 88 días a floración femenina. El M3 fue intermedio tuvo 89 días a floración masculina y 91 días a floración femenina, por último el macho más tardío que fue el M6 que tuvo 91 días a floración masculina y 93 días a floración femenina. La clasificación de progenitores de acuerdo con su comportamiento agronómico para estos caracteres ayudará a determinar una pronta y acertada decisión de seleccionar los mejores materiales que se espera expresen características genéticas favorables sobretodo para la floración, clasificando materiales de acuerdo a su maduración floral llamados precoces, intermedios y tardíos que permitan estar en función de los intereses buscados.

Otra cualidad importante que se debe de tomar en cuenta en la selección de progenitores son la altura de planta y mazorca. Este caso mostró varianzas altamente significantes ($p < 0.01$). Los machos sobresalientes para este carácter fueron el M5 y el M6, y fueron de porte bajo, el primero con 212 centímetros en altura de planta y 109 centímetros en mazorca, el segundo con 215 centímetros en altura de planta y 106 centímetros en mazorca.

El M4 tuvo una altura intermedia con 226 centímetros en altura de planta y 118 centímetros en altura de mazorca y por último el M1, M2 y M3 se comportaron como los más altos. Por otro lado, acame de raíz, tallo, plantas con fusarium, mala cobertura, mazorcas podridas y mazorcas con presencia de fusarium, sólo dos de ellas tuvieron alta significancia estadística, tal caso es de acame de raíz y mala cobertura. El macho que presentó más acame fue el M4 con 7.455 por ciento y el que mostró resistencia al acame fue el M3 que tuvo un valor muy bajo de 0.045 por ciento. Las plantas con mala cobertura indican la calidad de grano que podamos obtener y los machos que tuvieron excelente cobertura fueron el M2 y el M4 con 2.773 por ciento y el de mala cobertura fue el M3 que tuvo 9.727 por ciento. Es importante tomar en cuenta que si deseamos encontrar algún tipo híbrido que impacte a la sociedad del campo, a través de características agronómicas de importancia que satisfaga las necesidades de agricultores y campesinos, es necesario que los progenitores que se utilizan para formar híbridos estén plenamente identificados para lo que se van a usar ya que estos contribuyen con información genética que es valiosa y que se refleja en la progenie. Así pues, si se requiere encontrar algún tipo de material que fuese forrajero se estarían usando los progenitores con más altura, además, si juntáramos otras características como sanidad de forraje, acame de tallo y raíz se estaría en el camino correcto para encontrar material que cumpla con las perspectivas buscadas.

Cuadro 4.4. Cuadro indicativo del comportamiento promedio de líneas de CIMMYT .

HEMBRA	F.MAS	F.FEM	APTA	AMZ	REND	A.T	A.T	P.FUS	M.COB.	MZ.P	MZ.FUS
H1	91.50	91.50	227.50	120.88	11.17	5.75	1.75	1.42	15.50	1.67	0.00
H2	91.08	91.08	224.58	121.67	12.38	1.83	0.42	0.92	0.83	1.75	0.25
H3	92.58	92.58	226.25	125.00	11.21	7.83	0.00	0.00	3.17	3.92	0.00
H4	90.92	90.92	229.17	112.67	12.32	5.42	0.00	0.42	8.58	1.75	0.00
H5	89.33	89.33	235.00	120.42	12.88	8.25	0.58	0.00	6.17	1.00	0.00
H6	87.58	87.58	218.75	107.50	13.58	0.58	1.25	2.00	4.08	5.92	0.50
H7	89.25	89.25	205.83	114.17	11.13	2.50	0.50	1.75	0.58	0.83	0.00
H8	89.42	89.42	216.67	111.25	11.51	2.50	0.58	4.42	4.00	3.92	0.00
H9	86.75	86.75	226.25	120.83	12.64	8.92	0.92	1.42	6.08	1.58	0.08
H10	85.67	85.67	227.50	123.33	13.46	9.17	0.00	2.08	5.67	1.75	0.00
H11	87.83	87.83	234.33	102.42	10.69	3.08	1.00	2.33	3.08	2.38	0.00
Media	89.27	89.27	224.71	116.38	12.09	5.08	0.64	1.52	5.25	2.41	0.08

Las líneas que participaron como hembras del CIMMYT. Se comprobó que las 11 evaluadas tuvieron diferencias estadísticas altamente significativas ($p < 0.01$). Para el carácter rendimiento las hembras mostraron una variación que osciló de 10.692 a 13.579 ton/ha, favoreciendo a H6 y la H10 quienes presentaron máximos rendimientos con 13.579 y 13.456 ton/ha respectivamente. Hembras que sobrepasan la media general de 12.01 ton/ha fueron la H5, con 12.883 y la H9, con 12.635 ton/ha. El cuadro 4.4. Indicativo del comportamiento promedio de 11 líneas de CIMMYT.

Para floración masculina y femenina ambos muestran diferencias estadísticas altamente significativas, razón por la cual ciertas líneas tienen comportamiento diferente respecto de otras en maduración, y la línea mejor ante la precocidad fue la H10 que tuvo 86 días a floración masculina y 88 días a floración femenina. La H5 fue intermedia con 89 días a floración masculina y 91 días para floración femenina, y por último la tardía fue la H3 que tuvo 93 días en floración masculina y 95 días para floración femenina. La importancia de ésta clasificación da la oportunidad de seleccionar materiales precoces para formar híbridos con alto potencial para aquellas regiones donde la disponibilidad de agua es escasa o existe una limitante climática; así, como materiales de ciclos tardíos para las regiones donde el factor agua se encuentra bien distribuido o bien aquéllos que cuentan con un sistema de riego eficiente, por lo cual estos materiales traen consigo buenos rendimientos debido al tiempo prolongado que permanece el cultivo en el terreno

absorbiendo y aprovechando mejor los nutrientes. En altura de plantas y mazorca, sólo el primer caso mostró diferencias altamente significativas ($p < 0.01$), y la H7 tuvo 206 centímetros que la hizo ser de porte más bajo y la H5 fue la más alta con 235 centímetros. Conocer el porte de los materiales como progenitores pueden jugar un papel importante en la agricultura debido a que los materiales que se formen sean de porte bajo y da la oportunidad de aumentar la densidad de población por unidad de superficie para aumentar la productividad por superficie. Por otro lado, materiales de porte alto tienen doble propósito cuando se utilizan para rendimiento de grano y como forraje. Los caracteres acame de raíz y mala cobertura mostraron diferencias altamente significativas ($p < 0.01$). La H10, H9, y la H5 fueron las que presentaron el mayor porcentaje de acame de raíz con 9.2, 8.9 y 8.2 por ciento y la H6 fue más tolerante con 0.6 por ciento. Por último considerando la cobertura, la H1 fue la que tuvo mayor porcentaje con 15.5 por ciento. La H7 y H2 fueron las de mejor cobertura y mostraron bajos porcentajes, el primero con 0.6 y el segundo con 0.8 respectivamente; el resto de los caracteres no tuvieron porcentajes altos que pudieran aparentemente mermar el rendimiento de grano.

La interacción hembras x macho, permite de cualquier forma monitorear el comportamiento de las combinaciones híbridas y los resultados estarán en función de las diferencias genéticas que expresen los progenitores cuando se combinan teniendo excelentes, buenas, o malas progenies. La interacción hembras y machos tuvo diferencias estadísticas sólo significativas

($p < 0.05 > 0.01$). Para rendimiento la cruz (3x6) formó una F1 excelente y se le atribuye que sus progenitores expresaron buenos efectos génicos cuando se combinaron lo que era de esperarse alto rendimiento de 17.113 ton/ha. Pero existen cruza como (3x8) donde hay una desigualdad genética, es decir cuando cruzamos progenitor bueno por malo en ACG de tal forma que al combinarlos reflejaron buena interacción expresando alto rendimiento como fue este caso de 15.475 ton/ha. Esto tiene una posible explicación ya que los progenitores siguen cierto comportamiento a través de cruzamientos que son específicos cuando interactúan y forman buenas cruza, esto se debe en gran parte a los efectos aditivos que son heredables en su progenie, cuando esto no ocurre genéticamente entonces puede pensar que los efectos son el producto del ambiente donde se establecieron. Buscar la compatibilidad de materiales es una tarea difícil para el mejorador debido a se tiene que jugar con varios aspectos, los genéticos y los ambientales, por tal razón si se logra controlar los aspectos ambientales con un buen uso de los genéticos sin temor a equivocarse se encontraran interacciones buenas y muy productivas. La interacción genética para rendimiento y otros caracteres pueden verse en el cuadro 4.7 respectivamente.

Para esta fuente la diferencia fue significativa ($p < 0.05 > 0.01$) en los caracteres floración masculina y femenina. La cruz (3x6) nuevamente aparece como la mejor interacción. Si clasificamos las F1 basándose en precocidad estaremos seleccionando un híbrido de 82 días a floración

masculina y 84 días a floración femenina. Por otro lado, las cruza con floraciones intermedias fueron la (3x4) y la (3x2), que tuvieron floraciones semejantes con 90.5 días a floración masculina y 92.5 días a floración femenina respectivamente. Por último la interacción que formó la F1 más tardía fue la (5x3) que tuvo 98.5 días a floración masculina y 100.5 días a floración femenina. La clasificación de estos materiales basándose en precocidad permite escoger el tipo de híbrido que tiene mejor desarrollo y adaptación en regiones con diferentes requerimiento de humedad ya que los más precoces pueden ser preferidos como materiales de temporal, los tardíos para aquellas regiones donde la humedad es abundante y por último los intermedios que tienen cierto impacto en lugares donde la humedad no es abundante pero tampoco escasa.

Otros caracteres que tienen mucho que ver en la selección de materiales son la altura de planta y mazorcas, pero en este caso los resultados no muestran significancia estadística. Sin embargo, caracteres que son medidos en por ciento sólo mala cobertura de mazorca mostró diferencias altamente significativas ($P < 0.01$) con porcentaje del 42 por ciento para la interacción (3x1) que fue la más dañada comparada con otras que tuvieron porcentajes no muy altos como la (5x1), (6x4) y la (3x5) con 24.5, 22.5 y 20.5 por ciento.

La fuente repeticiones, también mostró diferencias estadísticas altamente significativas ($P < 0.01$). Esto puede atribuirse a que el suelo y la

fertilidad no fueron homogéneos, por lo tanto, el diseño genético empleado se considera eficiente por medir esas diferencias. Para rendimiento, floración masculina y femenina, acame de raíz, y por último sanidad de mazorcas (mazorcas podridas) estos caracteres mostraron diferencias estadísticas. Por otro lado altura de planta, acame de tallo, y plantas con fusarium, solo se muestra significativa. Esto puede ser consecuencia que las F1 que se probaron tuvieron diferentes comportamiento agronómico en el lugar donde se desarrollaron.

Efecto de Aptitud Combinatoria.

Los valores de efectos de Aptitud Combinatoria General para cada carácter con la finalidad de observar el comportamiento genético de las líneas progenitoras de híbridos, el objetivo principal fue observar la relación que existe entre líneas respecto de otras en cuanto a efectos aditivos. Así que, los efectos de aptitud combinatoria general de los caracteres estudiados en ambos grupos de progenitores se presentan en los cuadros 4.5 y 4.6 respectivamente. Los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) para cada carácter se centra en la determinación del comportamiento genético de los progenitores considerando que son efectos fijos los que se determinan por conocer de antemano los materiales que se combinan. De tal modo, que al comparar la secuencia u ordenamiento de los progenitores, según su efecto de ACG será el comportamiento de la descendencia híbrida, de manera que se

observa que los efectos genéticos no son los mismos; por lo tanto, cada grupo de progenitores que aparecen con altos rendimientos tienden a exhibir valores altos de ACG y viceversa.

Examinando detenidamente el comportamiento de los progenitores basándose en el criterio antes mencionado se encontró que los rangos estimados de los valores de ACG varían de acuerdo a los progenitores, mostrando que los progenitores empleados como machos tuvieron una variación que osciló entre (-1.297 a 1.353). El M3 fue el más sobresaliente con mas efecto genético para carácter rendimiento (1.353**), además tuvo excelente comportamiento en su estructura para características agronómicas que favorecieron a la floración masculina y femenina con (-0.405) lo cual hizo que su descendencia híbrida fuera precoz, también se vio favorecido con excelente efecto para altura de planta y mazorcas, ya que mostró un efecto de ACG de (-4.497) valor que demuestra la importancia de efectos aditivos que puede heredar y formar progenies de porte intermedio. Un efecto desfavorable que mostró este macho fue para mala cobertura ya que mostró significativo con (4.477*) lo cual indica que heredará descendencia con elevados porcentajes de mala cobertura.

El M5 tuvo buen comportamiento con (0.833**) para rendimiento, y para floración masculinas y femeninas tuvo estimados estadísticos altamente significativos, su efecto de aptitud combinatoria general fue elevado (4.005**)

Cuadro 4.5. Estimados de la Aptitud Combinatoria General (ACG) de 6 líneas endogámicas del IMM.

LINEA	REND.	FM	FF	AP	AM	AR	AT	PFUS	MCOB	MZP	MZFUS
1 18-19	0.493	-2.945	-2.945	-5.197	5.383	-1.667	-0.409	-0.841	2.477	0.689	-0.076
2 AN7 RES	-0.467	-2.765	-2.765	-6.497	4.483	-2.303	0.728	1.022	-2.477	0.053	0.151
3 232-10-11	1.353**	-0.405	-0.405	-4.497	6.083	4.969*	0	-1.068	4.477*	-0.22	-0.076
4 P22 S3-5	-0.907*	0.645	0.645	-2.897	1.783	2.379	-0.409	1.477	-2.477	-0.402	-0.076
5 43-46-S6	0.833	4.005**	4.005**	11.003*	-7.217	-0.985	-0.288	-0.75	-1.977	-1.266	0.06
6 P2437-2-1	-1.297**	1.465	1.465	8.003	-10.517	-2.394	0.409	0.159	-0.023	0.325	0.015
DMS 0.05	0.859	1.66	1.66	8.309	11.317	4.234	2.19	2.796	3.444	3.186	0.624
DMS 0.01	1.175	2.271	2.271	11.367	15.486	5.794	2.997	3.826	4.713	4.36	0.856
E.E	0.452	0.874	0.874	4.372	5.956	2.229	1.153	1.472	1.813	1.677	0.329

***, ** significancia al 0.05 y 0.01 de probabilidad, respectivamente.

Cuadro 4.6. Estimados de la Aptitud Combinatoria General (ACG) de 11 líneas endogámicas del CIMMYT.

LINEA	REND.	FM	FF	AP	AM	AR	AT	PFUS	MCOB	MZP	MZFUS
1 CML-247	-0.917	2.235	2.235	-4.697	-4.383	0.674	1.114	-0.106	10.250**	-0.735	-0.076
2 CML-254	0.293	1.815	1.815	-1.797	-5.283	-3.243	-0.219	-0.606	-4.417	-0.652	0.174
3 CML-258	-0.877	3.315**	3.315**	-3.497	-8.583	2.757	-0.636	-1.523	-2.083	1.515	-0.076
4 CML-264	0.223	1.655	1.655	-6.397	3.717	0.341	-0.636	-1.106	3.333	-0.652	-0.076
5 CML-331	0.793	0.065	0.065	-12.197*	-3.983	3.174	-0.053	-1.523	0.917	-1.402	-0.076
6 CML-312	1.493*	-1.685	-1.685	4.003	8.917	-4.493*	0.614	0.477	-1.167	3.515	0.424
7 CML-314	-0.957	-0.015	-0.015	17.003**	2.217	-2.576	-0.136	0.227	-4.667*	-1.569	-0.076
8 CML-315	-0.577	0.155	0.155	6.103	5.117	-2.576	-0.053	2.894	-1.25	1.515	-0.076
9 CML-317	0.553	-2.515*	-2.515*	-3.497	-4.383	3.841	0.281	-0.106	0.833	-0.819	0.007
10 CML-318	1.373*	-3.595**	-3.595**	-4.697	-6.883	4.091	-0.636	0.56	0.417	-0.652	-0.076
11 CML-322	-1.397*	-1.435	-1.435	9.503	13.517	-1.993	0.364	0.81	-2.167	-0.072	-0.076
DMS 0.05	1.163	2.247	2.247	11.247	15.323	5.733	2.966	3.786	4.663	4.314	0.845
DMS 0.01	1.591	3.075	3.075	15.391	20.968	7.845	4.058	5.181	6.382	5.904	1.159
E.E	0.612	1.183	1.183	4.372	8.065	3.017	1.561	1.993	2.454	2.271	0.445

*, ** significancia al 0.05 y 0.01 de probabilidad, respectivamente.

y favorece a progenies tardías. En altura de planta el valor fue (11.003*) favoreciendo a descendencia alta. Este macho tiene la particularidad de expresar buenos efectos aditivos en caracteres como: acame de raíz, acame de tallo, plantas con buena cobertura, y por último mazorcas sanas ya que los porcentajes de evaluación fueron bajos, y le favorecen ser un macho con excelentes características, las contribuciones de efectos génicos son aditivos y tienen la finalidad de formar buenas combinaciones híbridas lo cual permite implementar líneas endocriadas con potencial y de buena estructura genética.

El M1 tuvo un buen comportamiento en rendimiento, aunque no mostró diferencias estadísticas significativas su efecto es bueno (0.493). Una estimación de (-2.945) valor que favorece a la formación de progenies precoces. El M1 además presentó diferente comportamiento en altura. Es decir, altura de planta se mostró favorable para materiales de porte bajo con un valor de (-5.197) mientras que para altura de mazorca fue lo contrario el valor de ACG favoreció a altura. Otros caracteres como acame de raíz, acame de tallo, sanidad de plantas y mazorcas con fusarium se mostraron satisfactorios, pero no lo fue para buena cobertura y la sanidad de la mazorca.

Puede haber progenitores que generen híbridos sobresalientes con alto potencial agronómico pero estos estarán en función de una buena interacción entre ellos, de lo contrario no se obtendrá un buen aprovechamiento. El M2,

M4, y el M6 tuvieron efectos no satisfactorios al menos para rendimiento, sin embargo; en otros caracteres fueron favorecidos con resultados satisfactorios.

El comportamiento de progenitores basándose en efectos de ACG determina cuales son los mejores machos y hembras en el cuadro 4.5 se muestra el comportamiento de aptitud combinatoria general de las hembras que participaron por CIMMYT. De las Once que se probaron (CML-247, 254, 258, 264, 331, 312, 314, 315, 317, 318, 322). hubo diferencias estadísticas significantes, ($p < 0.05 > 0.01$) y la H6 destacó como la mejor del grupo con un estimado de ACG con (1.493*) en rendimiento, considerando buena estructura genética de efectos aditivos y mostraron valores de floración masculina y femenina con estimados favorables de ACG con (-1.685) que favorece a precocidad para ambos. Esta hembra presentó valores satisfactorios para la altura de planta y mazorca con (4.003) y (8.917) con tolerancia de acame de raíz y tallo (-4.493*) y (0.614), fue significativo al menos en el primer caso, por lo tanto, tiene la tendencia de aportar tolerancia a acame, sin embargo; otros caracteres como la sanidad de mazorcas con ACG de (3.515) su estimado es alto pero no perjudicial para el rendimiento.

La H10 fue otra que tuvo una ACG de (1.373*) excelente para el carácter rendimiento. Estadísticamente presenta alta significancia en caracteres como floración masculina y femenina mostrando una ACG de (-3.595**) que favorece a la formación de progenies precoces. Valores de altura planta y

mazorca se comportaron satisfactorios y favorables para la formación de plantas con porte bajo debido a que tuvieron una ACG (-4.697) en planta y (-6.883) en mazorca. En cuanto a acame de raíz y de tallo los estimados de ACG fueron diferentes (4.091) para acame de raíz y para tallo (-0.636) lo cual le favorece a la progenie ser susceptible a acame de raíz pero con buena resistencia de tallo.

La H5 tuvo una ACG satisfactoria para rendimiento (0.793) presentando efectos genéticos favorables en algunos caracteres, de tal forma que, altura de planta y mazorcas mostraron buenas características genéticas favorables con (-12.197) y (-3.983) pero en acame de raíz no fue así, ya que su valor fue (3.174) lo cual tiende a poca resistencia. La H9, H2 y la H4 son hembras muy similares en su comportamiento genético para rendimiento con (0.553), (0.593) y (0.223) respectivamente. Sin embargo; la H9 es la mejor para otros caracteres ya que, tuvo una ACG en floración de (-2.515) satisfactoria para la formación de materiales de porte precoz, y otras ACG con valores favorables fue para altura de planta y mazorca (- 3.497) y (-4.383) que hace su formación una descendencia de porte bajo.

De acuerdo con la clasificación de valores en efectos de aptitud combinatoria general que arrojó esta investigación, se dice que la fusión de efectos aditivos depende de la compatibilidad que exista entre ambos progenitores ayudados por la interacción del medio donde se desarrollan

favoreciendo a unos respecto de otros. Por lo tanto, el grupo de machos progenitores que fueron sobresalientes en ACG son M3 (232-10-11), el M5 (43-46-S6) y el M1 (18-19), y por parte de las hembras H6 (CML-312), H10 (CML-318), y la H5 (CML-331), estos pueden ser utilizados con bastantes posibilidades de éxito en un programa de mejoramiento.

Se debe apreciar la importancia de los progenitores basándose en los efectos de ACG sin embargo; debemos de tomar en cuenta la relación que existe entre ellos, si están emparentados o si existe compatibilidad para poder estimar la habilidad combinatoria específica (ACE). De esta manera ver si los efectos que transmiten los progenitores son en realidad de tipo genético. De 66 cruzas que se evaluaron en Celaya, Guanajuato se pudo observar el comportamiento de al menos de 33 combinaciones que están clasificadas en forma descendente al carácter rendimiento, observándose las diferencias entre materiales. Ver el cuadro 4.8. indicativo de la ACE de cruzas para rendimiento y otros caracteres. Se puede juzgar la importancia de estimación al examinar los valores más altos encontrados de ACE, los cuales en algunos casos correspondieron a cruzas cuyos progenitores presentaron alta ACG como la craza M3xH6 que mostró excelentes efectos con estimaciones altas de ACG en ambos padres, lo cual reflejó alta heterosis expresado en rendimiento. Otro caso, cuando los progenitores muestran desventaja entre sí, reflejando efectos de aptitud combinatoria específica elevada, es decir, cuando los efectos de ACG de un progenitor bueno por malo, el resultado es bueno, como la craza

M3xH8 donde ambos progenitores tuvieron una desigualdad genética, formando un híbrido con excelente rendimiento de 15.475 ton/ha. Se dice, que los progenitores están influenciados por efectos de tipo aditivo y que alguno de ellos manifestó el fenómeno de dominancia. Un último caso, así como existen cruzas sobresalientes en un programa de mejoramiento con características deseables y excelentes rendimientos, también existen progenitores con baja o casi nula aportación de efectos aditivos, y no aditivos; que son pobres en su comportamiento, e incapaces de producir descendientes sobresalientes. Por eso cuando los progenitores muestran bajos valores en su constitución genética, su rendimiento es pobre, como lo fue la craza M4xH7 cuyos progenitores presentaron bajo efecto de aptitud combinatoria general lo cual era de esperarse un potencial pobre en rendimiento. Es importante saber el comportamiento de los progenitores que formaran híbridos por que estarán en función del tipo de relación que tengan, del parecido entre ellos, de los efectos aditivos y no aditivo que intervengan pero que al final reflejen su trayectoria rendidora basándose en su comportamiento de ACE.

De acuerdo con la jerarquía de los híbridos en este estudio la craza M3xM6 fue la más sobresaliente de las 66 cruzas que se formaron con un rendimiento en grano de 17.113 ton/ha y se le atribuye a los progenitores por portar y transmitir excelente potencial genético a través de cruzas como lo fue para floración masculina y femenina que tuvo un valor de ACE (-5.182) que produjo una progenie precoz. Otros caracteres que predominaron fueron altura

de planta y mazorca que tuvieron una ACE de (-0.720) y (-6.083) formando una progenie de porte intermedio. Considerando estos caracteres, es importante hacer mención de otros como acame de raíz, acame de tallo, sanidad de plantas a fusarium, buena cobertura y mazorcas sanas a fusarium todos en conjunto colaboraron en la formación para la calidad de grano con estimaciones bajas que fueron el reflejo de un híbrido con excelente potencial.

La segunda mejor craza fue la M5xM2 que tuvo buenos efectos de ACG en ambos progenitores, dando origen a una craza que tuvo una ACE de (2.359) y que reflejó alto rendimiento. De esta craza podemos reafirmar que el resultado fue producto de la aportación genética de ambos progenitores que en algunos casos fueron bajos y expresaron heterosis. Esta combinación también mostró otros caracteres satisfactorios para la formación de material con floraciones de tipo precoz con 95.5 días a floración macho y 97.5 a floración hembra con efecto en ACE de (0.409). El porte de este híbrido fue intermedio con 217.5 cm en planta y 120 cm en mazorca.

La M3 x M8 fue otra combinación con buen potencial de rendimiento de 15.475 ton/ha. El comportamiento genético de ambos progenitores fue diferente debido a que M3 fue el mejor progenitor en ACG y el M8 fué todo lo contrario sin embargo, al combinarse explotaron su potencial heterotico. Al analizar detenidamente el comportamiento de cada craza basándose en su potencial; se encontró que las mejores cruzas fueron aquéllas que presentaron estimados

altos de ACE siendo las siguientes: las 10 mejores fueron 3x6, 5x2, 3x8, 2x10, 3x5, 3x9, 4x6, 5x4, 1x2, 5x6 respectivamente. Considerando las cruzas antes descritas se pudo detectar que el progenitor M3 aparece al menos cuatro ocasiones, lo cual nos indica la estabilidad genética que tiene para formar híbridos sobresalientes.

Una vez observado el comportamiento genético que siguen los progenitores e híbridos a través de los caracteres evaluados, es importante observar el comportamiento que seguirán en futuras evaluaciones. La superioridad del híbrido es otra medida que nos ayuda a estimar la ganancia en rendimiento de los caracteres que se evalúan. La craza M3xH6 fue la más rendidora con una ganancia de 2.227 ton/ha, prediciendo que en el siguiente ciclo esta craza pueda lograr un rendimiento de 14.314 ton/ha. La craza M5xH2, M3xH8, y la M3xH5 fueron las mas prometedoras debido a que tuvieron 1.546, 1.501, 1.262, 1.137 ton/ha, respectivamente. La superioridad genética estimada de las 66 cruzas se puede ver el cuadro 4.9

Cuadro 4.7. Interacción genética de progenitores para rendimiento y otros caracteres.

No.	CRUZA	GENEALOGIA	REND.	F.MASC	F.FEM	A.PTA	A.MAZ
			Ton/ha	Días	Días	cms	cms
			F1	F1	F1	F1	F1
28	3x6	232-10-11x CML 312	17.1	82.0	84.0	222.5	107.5
46	5x2	43-46-S6 x CML 254	15.6	95.5	97.5	217.5	120.0
30	3x8	232-10-11x CML 315	15.5	94.0	96.0	197.5	90.0
21	2x10	AN7 Res x CML 318	14.9	85.0	87.0	237.5	165.0
27	3x5	232-10-11x CML 331	14.7	87.5	89.5	237.5	122.5
31	3x9	232-10-11x CML 317	14.3	88.5	88.0	237.5	120.0
39	4x6	P22 S3-5 x CML 312	14.0	85.5	87.5	222.5	117.5
48	5x4	43-46-S6 x CML 264	14.0	94.0	96.0	212.5	103.5
2	1x2	18-19 x CML 254	13.8	88.5	90.5	237.5	127.5
50	5x6	43-46-S6 x CML 312	13.8	94.5	96.5	215.0	110.0
54	5x10	43-46-S6 x CML 318	13.7	86.5	88.5	215.0	107.5
35	4x2	P22 S3-5 x CML 254	13.6	89.0	91.0	227.5	122.5
26	3x4	232-10-11x CML 264	13.5	90.5	92.5	237.5	115.0
10	1x10	18-19 x CML 318	13.5	83.0	85.0	237.5	127.5
32	3x10	232-10-11x CML 318	13.4	87.0	89.0	237.5	115.0
5	1x5	18-19 x CML 331	13.4	86.5	88.5	220.0	112.5
25	3x3	232-10-11x CML 258	13.4	92.5	94.5	227.5	135.0
53	5x9	43-46-S6 x CML 317	13.4	90.5	92.5	222.5	135.0
8	1x8	18-19 x CML 315	13.3	83.5	85.5	225.0	122.5
64	6x9	P2437-2-1 x CML 317	13.3	85.5	87.5	220.0	112.5
4	1x4	18-19 x CML 264	13.2	86.0	88.0	240.0	135.0
15	2x4	AN7 Res x CML 264	13.2	87.0	89.0	245.0	112.5
17	2x6	AN7 Res x CML 312	13.1	83.0	85.0	230.0	115.0
43	4x10	P22 S3-5 x CML 318	12.9	88.0	90.0	217.5	117.5
7	1x7	18-19 x CML 314	12.8	85.5	87.5	220.0	125.0
60	6x5	P2437-2-1 x CML 331	12.8	92.0	94.0	217.5	117.5
38	4x5	P22 S3-5 x CML 331	12.8	88.5	90.5	252.5	125.0
55	5x11	43-46-S6 x CML 322	12.7	89.0	91.0	202.5	87.5
51	5x7	43-46-S6 x CML 314	12.6	91.5	93.5	175.0	85.0
3	1x3	18-19 x CML 258	12.4	87.0	89.0	237.5	135.0
65	6x10	P2437-2-1 x CML 318	12.3	84.5	86.5	225.0	107.5
24	3x2	232-10-11x CML 254	12.2	90.5	92.5	225.0	132.5
45	5x1	43-46-S6 x CML 247	12.1	97.5	99.5	222.5	115.0
9	1x9	18-19 x CML 317	12.1	84.0	86.0	210.0	112.5
42	4x9	P22 S3-5 x CML 317	12.0	87.0	89.0	230.0	117.5
49	5x5	43-46-S6 x CML 331	12.0	96.0	98.0	227.5	117.5
61	6x6	P2437-2-1 x CML 312	11.9	91.0	93.0	207.5	90.0
12	2x1	AN7 Res x CML 247	11.8	89.5	91.5	227.5	120.0
29	3x7	232-10-11x CML 314	11.8	86.0	90.5	215.0	157.5
18	2x7	AN7 Res x CML 314	11.7	83.5	83.5	202.5	112.5
16	2x5	AN7 Res x CML 331	11.6	85.5	87.5	255.0	127.5
6	1x6	18-19 x CML 312	11.5	89.5	91.5	215.0	105.0
1	1x1	18-19 x CML 247	11.4	90.0	92.0	235.0	125.0
47	5x3	43-46-S6 x CML 258	11.3	98.5	100.5	215.0	110.0
33	3x11	232-10-11x CML 322	11.0	90.0	92.0	230.0	117.5
52	5x8	43-46-S6 x CML 315	11.0	92.5	94.5	205.0	110.0
11	1x11	18-19 x CML 322	11.0	86.0	88.0	230.0	112.5

Cuadro 4.7.....continuación.

			A.RAIZ	A.TALLO	P.FUS	M.COB	M.POD	M.FUS
			%	%	%	%	%	%
	CRUZA	GENEALOGIA	F1	F1	F1	F1	F1	F1
23	3 x 1	232-10-11x CML 247	14.0	4.0	0.0	42.0	0.0	0.0
20	2 x 9	AN7 Res x CML 317	3.5	0.0	0.0	0.0	5.5	0.0
56	6 x 1	P2437-2-1x CML 247	0.0	0.0	2.5	5.5	10.0	0.0
14	2 x 3	AN7 Res x CML 258	5.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
41	4 x 8	P22 S3-5 x CML 315	2.5	0.0	9.5	7.0	4.5	0.0
59	6 x 4	P2437-2-1 x CML 264	9.5	0.0	0.0	22.0	0.0	0.0
13	2 x 2	AN7 Res x CML 254	3.0	0.0	5.5	2.5	0.0	0.0
44	4 x 11	P22 S3-5 x CML 322	5.5	0.0	11.0	3.0	3.0	0.0
62	6 x 7	P2437-2-1 x CML 314	4.0	0.0	0.0	3.5	0.0	0.0
19	2 x 8	AN7 Res x CML 315	0.0	0.0	8.0	5.0	2.5	0.0
34	4 x 1	P22 S3-5 x CML 247	8.0	0.0	2.5	3.0	0.0	0.0
22	2 x 11	AN7 Res x CML 322	0.0	6.0	3.0	3.5	6.0	0.0
58	6 x 3	P2437-2-1 x CML 258	0.0	0.0	0.0	6.5	3.5	0.0
36	4 x 3	P22 S3-5 x CML 258	16.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
37	4 x 4	P22 S3-5 x CML 264	2.5	0.0	2.5	3.0	3.0	0.0
66	6 x 11	P2437-2-1 x CML 322	0.0	0.0	0.0	3.0	0.0	0.0
57	6 x 2	P2437-2-1 x CML 254	0.0	0.0	0.0	0.0	2.5	0.0
63	6 x 8	P2437-2-1 x CML 315	3.0	0.0	3.0	2.5	5.0	0.0
40	4 x 7	P22 S3-5 x CML 314	3.0	0.0	0.0	0.0	5.0	0.0
Promedio			5.1	0.6	1.5	5.3	2.4	0.1

Cuadro 4.7.....continuación.

No.	CRUZA	GENEALOGIA	A.RAIZ	A.TALLO	P.FUS	M.COB	M.POD	M.FUS
			%	%	%	%	%	%
			F1	F1	F1	F1	F1	F1
28	3 x 6	232-10-11x CML 312	0.0	0.0	0.0	0.0	6.0	0.0
46	5 x 2	43-46-S6 x CML 254	0.0	0.0	0.0	0.0	2.5	1.5
30	3 x 8	232-10-11x CML 315	9.5	0.0	0.0	3.5	5.5	0.0
21	2 x 10	AN7 Res x CML 318	10.5	0.0	0.0	10.0	2.0	0.0
27	3 x 5	232-10-11x CML 331	17.5	0.0	0.0	20.5	0.0	0.0
31	3 x 9	232-10-11x CML 317	12.0	0.0	0.0	12.0	0.0	0.0
39	4 x 6	P22 S3-5 x CML 312	0.0	0.0	0.0	9.5	2.5	0.0
48	5 x 4	43-46-S6 x CML 264	2.5	0.0	0.0	0.0	2.5	0.0
2	1 x 2	18-19 x CML 254	0.0	2.5	0.0	2.5	5.5	0.0
50	5 x 6	43-46-S6 x CML 312	0.0	0.0	0.0	3.5	2.5	0.0
54	5 x 10	43-46-S6 x CML 318	5.0	0.0	5.0	0.0	0.0	0.0
35	4 x 2	P22 S3-5 x CML 254	2.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
26	3 x 4	232-10-11x CML 264	15.0	0.0	0.0	12.0	0.0	0.0
10	1 x 10	18-19 x CML 318	5.0	0.0	2.5	9.5	2.5	0.0
32	3 x 10	232-10-11x CML 318	13.0	0.0	0.0	14.5	6.0	0.0
5	1 x 5	18-19 x CML 331	15.5	0.0	0.0	2.0	2.0	0.0
25	3 x 3	232-10-11x CML 258	5.5	0.0	0.0	2.5	6.5	0.0
53	5 x 9	43-46-S6 x CML 317	18.5	0.0	0.0	3.0	0.0	0.0
8	1 x 8	18-19 x CML 315	0.0	0.0	2.5	6.0	6.0	0.0
64	6 x 9	P2437-2-1 x CML 317	9.5	3.0	6.0	2.0	2.0	0.5
4	1 x 4	18-19 x CML 264	0.0	0.0	0.0	7.0	2.5	0.0
15	2 x 4	AN7 Res x CML 264	3.0	0.0	0.0	7.5	2.5	0.0
17	2 x 6	AN7 Res x CML 312	0.0	2.5	5.0	0.0	8.5	2.5
43	4 x 10	P22 S3-5 x CML 318	21.5	0.0	5.0	0.0	0.0	0.0
7	1 x 7	18-19 x CML 314	0.0	0.0	2.5	0.0	0.0	0.0
60	6 x 5	P2437-2-1 x CML 331	3.5	3.5	0.0	12.5	0.0	0.5
38	4 x 5	P22 S3-5 x CML 331	10.5	0.0	0.0	2.0	4.0	0.0
55	5 x 11	43-46-S6 x CML 322	0.0	0.0	0.0	2.5	5.0	0.0
51	5 x 7	43-46-S6 x CML 314	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
3	1 x 3	18-19 x CML 258	5.0	0.0	0.0	7.5	13.5	0.0
65	6 x 10	P2437-2-1 x CML 318	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
24	3 x 2	232-10-11x CML 254	5.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
45	5 x 1	43-46-S6 x CML 247	4.0	0.0	0.0	24.5	0.0	0.0
9	1 x 9	18-19 x CML 317	0.0	0.0	0.0	16.5	2.0	0.0
42	4 x 9	P22 S3-5 x CML 317	10.0	2.5	2.5	3.0	0.0	0.0
49	5 x 5	43-46-S6 x CML 331	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
61	6 x 6	P2437-2-1 x CML 312	0.0	5.0	7.0	0.0	7.0	0.0
12	2 x 1	AN7 Res x CML 247	2.5	6.5	3.5	2.0	0.0	0.0
29	3 x 7	232-10-11x CML 314	8.0	3.0	5.0	0.0	0.0	0.0
18	2 x 7	AN7 Res x CML 314	0.0	0.0	3.0	0.0	0.0	0.0
16	2 x 5	AN7 Res x CML 331	2.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
6	1 x 6	18-19 x CML 312	3.5	0.0	0.0	11.5	9.0	0.0
1	1 x 1	18-19 x CML 247	6.0	0.0	0.0	16.0	0.0	0.0
47	5 x 3	43-46-S6 x CML 258	15.0	0.0	0.0	2.5	0.0	0.0
33	3 x 11	232-10-11x CML 322	10.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
52	5 x 8	43-46-S6 x CML 315	0.0	3.5	3.5	0.0	0.0	0.0
11	1 x 11	18-19 x CML 322	2.5	0.0	0.0	6.5	0.0	0.0

Cuadro 4.7.....continuación.

No.	CRUZA	GENEALOGIA	REND.	F.MASC	F.FEM	A.PTA	A.MAZ
			Ton/ha	Días	Días	cms	cms
			F1	F1	F1	F1	F1
23	3x1	232-10-11x CML 247	10.9	89.0	91.0	237.5	135.0
20	2x9	AN7 Res x CML 317	10.8	87.5	89.5	237.5	127.5
56	6x1	P2437-2-1x CML 247	10.8	91.0	93.0	210.0	110.0
14	2x3	AN7 Res x CML 258	10.7	92.5	94.5	220.0	120.0
41	4x8	P22 S3-5 x CML 315	10.3	87.5	89.5	227.5	127.5
59	6x4	P2437-2-1 x CML 264	10.3	96.0	98.0	215.0	95.0
13	2x2	AN7 Res x CML 254	10.2	87.0	89.0	222.5	110.0
44	4x11	P22 S3-5 x CML 322	10.2	91.0	93.0	197.5	95.0
62	6x7	P2437-2-1 x CML 314	10.1	90.5	92.5	210.0	92.5
19	2x8	AN7 Res x CML 315	10.0	87.5	89.5	225.0	110.0
34	4x1	P22 S3-5 x CML 247	10.0	92.0	94.0	232.5	120.0
22	2x11	AN7 Res x CML 322	9.8	83.5	85.5	220.0	110.0
58	6x3	P2437-2-1 x CML 258	9.7	92.5	94.5	220.0	120.0
36	4x3	P22 S3-5 x CML 258	9.7	92.5	94.5	237.5	130.0
37	4x4	P22 S3-5 x CML 264	9.6	92.0	94.0	225.0	115.0
66	6x11	P2437-2-1 x CML 322	9.5	87.5	89.5	200.0	95.0
57	6x2	P2437-2-1 x CML 254	8.9	96.0	98.0	217.5	117.5
63	6x8	P2437-2-1 x CML 315	8.9	91.5	93.5	220.0	107.5
40	4x7	P22 S3-5 x CML 314	7.9	96.0	98.0	212.5	112.5
Promedio			12.1	89.3	91.2	222.8	116.4

Cuadro 4.8. Indicativo de la aptitud combinatoria específica (ACE) de 33 cruzas para rendimiento en ton/ha, y otros caracteres.

CRUZA	REND.		F.MASC		F.FEM		A.PTA		A.MAZ	
	Ton/ha		Días		Días		cms		cms	
	F1	ACE	F1	ACE	F1	ACE	F1	ACE	F1	ACE
3x6	17.113	2.185	82.0	-5.182	84.0	-5.182	222.5	-0.720	107.5	-6.083
5x2	15.576	2.359	95.5	0.409	97.5	0.409	217.5	3.902	120.0	5.568
3x8	15.475	2.618	94.0	4.984	96.0	4.984	197.5	-23.637	90.0	-27.333
2x10	14.936	1.945	85.0	2.098	87.0	2.098	237.5	3.485	165.0	37.175
3x5	14.653	0.421	87.5	-1.432	89.5	-1.432	237.5	-1.970	122.5	-4.000
3x9	14.290	0.306	88.5	-0.349	88.0	-0.349	237.5	6.780	120.0	-6.916
4x6	14.040	1.371	85.5	-2.727	87.5	-2.727	222.5	0.871	117.5	8.235
5x4	14.031	0.881	94.0	-0.925	96.0	-0.925	212.5	-5.682	103.5	-1.932
1x2	13.773	0.901	88.5	0.364	90.5	0.364	237.5	7.765	127.5	0.432
5x6	13.759	-0.655	94.5	2.909	96.5	2.909	215.0	7.235	110.0	9.735
5x10	13.660	-0.631	86.5	-3.175	88.5	-3.175	215.0	-1.515	107.5	-8.598
4x2	13.565	2.093	89.0	-2.727	91.0	-2.727	227.5	0.038	122.5	-0.932
3x4	13.519	-0.145	90.5	-0.016	92.5	-0.016	237.5	3.863	115.0	-3.750
1x10	13.484	-0.462	83.0	0.280	85.0	0.280	237.5	4.848	127.5	-1.234
3x10	13.444	-1.361	87.0	1.734	89.0	1.734	232.5	0.530	115.0	-14.416
1x5	13.427	0.054	86.5	0.114	88.5	0.114	220.0	-20.152	112.5	-13.318
3x3	13.396	0.841	92.5	0.318	94.5	0.318	227.5	-3.220	135.0	3.917
5x9	13.368	-0.102	90.5	-0.258	92.5	-0.258	222.5	7.235	135.0	21.402
1x8	13.308	1.310	83.5	-2.970	85.5	-2.970	225.0	3.181	122.5	5.849
6x9	13.264	1.930	85.5	-2.712	87.5	-2.712	220.0	1.780	112.5	2.175
1x4	13.229	0.424	86.0	-1.970	88.0	-1.970	240.0	5.681	135.0	16.932
2x4	13.156	1.306	87.0	-1.152	89.0	-1.152	245.0	9.318	112.5	-4.659
2x6	13.136	0.022	83.0	-1.818	85.0	-1.818	230.0	4.735	115.0	3.008
4x10	12.881	0.335	88.0	1.689	90.0	1.689	217.5	-12.879	117.5	-7.598
1x7	12.804	1.184	85.5	-0.803	87.5	-0.803	220.0	9.015	125.0	5.432
6x5	12.785	1.203	92.0	1.205	94.0	1.205	217.5	-9.470	117.5	7.591
4x5	12.774	0.801	88.5	-1.477	90.5	-1.477	252.5	14.621	125.0	2.818
5x11	12.686	1.159	89.0	-2.841	91.0	-2.841	202.5	0.152	87.5	-8.182
5x7	12.586	0.621	91.5	-1.758	93.5	-1.758	175.0	-19.848	85.0	-21.932
1x3	12.430	0.734	87.0	-2.636	89.0	-2.636	237.5	6.098	135.0	4.599
6x10	12.331	0.176	84.5	-2.629	86.5	-2.629	225.0	5.530	107.5	-5.325
3x2	12.227	-1.504	90.5	-0.182	92.5	-0.182	225.0	-4.053	132.5	4.750
5x1	12.143	0.140	97.5	1.992	99.5	1.992	222.5	5.985	115.0	1.402

Cuadro 4.8.....continuación

CRUZA	REND.		A.RAIZ		A.TALLO		P.FUS		M.COB		M.POD		M.FUS	
	ton/ha		%		%		%		%		%		%	
	F1	ACE	F1	ACE	F1	ACE	F1	ACE	F1	ACE	F1	ACE	F1	ACE
3 x 6	17.113	2.185	0.0	-5.552	0.0	-1.250	0.0	-0.932	0.0	-8.560	6.0	0.303	0.0	-0.424
5 x 2	15.576	2.359	0.0	-0.848	0.0	-0.099	0.0	-0.167	0.0	1.144	2.5	2.016	1.5	1.190
3 x 8	15.475	2.618	9.5	2.031	0.0	-0.583	0.0	-3.349	3.5	-4.977	5.5	1.803	0.0	0.076
2 x 10	14.936	1.945	10.5	3.636	0.0	-0.728	0.0	-3.105	10.0	6.810	2.0	0.197	0.0	-0.151
3 x 5	14.653	0.421	17.5	4.281	0.0	-0.583	0.0	1.068	20.5	9.856	0.0	-0.780	0.0	0.076
3 x 9	14.290	0.306	12.0	-1.886	0.0	-0.917	0.0	-0.349	12.0	1.440	0.0	-1.363	0.0	-0.007
4 x 6	14.040	1.371	0.0	-2.962	0.0	-0.841	0.0	-3.477	9.5	7.894	2.5	-3.015	0.0	-0.424
5 x 4	14.031	0.881	2.5	-1.932	0.0	0.318	0.0	0.333	0.0	-6.606	2.5	2.016	0.0	-0.060
1 x 2	13.773	0.901	0.0	-0.166	2.5	2.492	0.0	-0.076	2.5	-0.810	5.5	2.243	0.0	-0.174
5 x 6	13.759	-0.655	0.0	0.402	0.0	-0.932	0.0	-1.250	3.5	1.394	2.5	-2.151	0.0	-0.560
5 x 10	13.660	-0.631	5.0	-3.182	0.0	0.318	5.0	3.667	0.0	-3.690	0.0	-0.484	0.0	-0.060
4 x 2	13.565	2.093	2.5	-1.712	0.0	-0.008	0.0	-2.394	0.0	1.644	0.0	-1.348	0.0	-0.174
3 x 4	13.519	-0.145	15.0	4.614	0.0	0.000	0.0	0.651	12.0	-1.060	0.0	-1.530	0.0	0.076
1 x 10	13.484	-0.462	5.0	-2.500	0.0	0.409	2.5	1.258	9.5	1.356	2.5	-0.757	0.0	0.076
3 x 10	13.444	-1.361	13.0	-1.136	0.0	0.000	0.0	-1.015	14.5	4.356	6.0	4.470	0.0	0.076
1 x 5	13.427	0.054	15.5	8.917	0.0	-0.174	0.0	0.841	2.0	-6.644	2.0	-0.507	0.0	0.076
3 x 3	13.396	0.841	5.5	-7.302	0.0	0.000	0.0	1.068	2.5	-5.144	6.5	2.803	0.0	0.076
5 x 9	13.368	-0.102	18.5	10.568	0.0	-0.599	0.0	-0.667	3.0	-1.106	0.0	-0.317	0.0	-0.143
1 x 8	13.308	1.310	0.0	-0.833	0.0	-0.174	2.5	-1.076	6.0	-0.477	6.0	0.576	0.0	0.076
6 x 9	13.264	1.930	9.5	2.977	3.0	1.674	6.0	4.424	2.0	-4.060	2.0	0.092	0.5	0.402
1 x 4	13.229	0.424	0.0	-3.750	0.0	0.409	0.0	0.424	7.0	-4.060	2.5	-0.757	0.0	0.076
2 x 4	13.156	1.306	3.0	-0.114	0.0	-0.728	0.0	-1.439	7.5	1.394	2.5	0.697	0.0	-0.151
2 x 6	13.136	0.022	0.0	1.720	2.5	0.522	5.0	1.978	0.0	-1.606	8.5	2.530	2.5	1.849
4 x 10	12.881	0.335	21.5	9.954	0.0	0.409	5.0	1.440	0.0	-3.190	0.0	-1.348	0.0	0.076
1 x 7	12.804	1.184	0.0	-0.833	0.0	-0.091	2.5	1.591	0.0	-3.060	0.0	-2.340	0.0	0.076
6 x 5	12.785	1.203	3.5	-2.356	3.5	2.508	0.0	-0.159	12.5	6.356	0.0	-1.325	0.5	0.485
4 x 5	12.774	0.801	10.5	-0.129	0.0	-0.174	0.0	-1.477	2.0	-1.690	4.0	3.402	0.0	0.076
5 x 11	12.686	1.159	0.0	-2.098	0.0	-0.682	0.0	-1.583	2.5	1.394	5.0	3.933	0.0	-0.060
5 x 7	12.586	0.621	0.0	-1.515	0.0	-0.182	0.0	-1.000	0.0	1.394	0.0	0.433	0.0	-0.060
1 x 3	12.430	0.734	5.0	-1.166	0.0	0.409	0.0	0.841	7.5	1.856	13.5	8.076	0.0	0.076
6 x 10	12.331	0.176	0.0	-6.773	0.0	-0.409	0.0	-2.242	0.0	-5.644	0.0	-2.075	0.0	-0.015
3 x 2	12.227	-1.504	5.5	-1.302	0.0	-0.417	0.0	0.151	0.0	-5.310	0.0	-1.530	0.0	-0.174
5 x 1	12.143	0.140	4.0	-0.765	0.0	-1.432	0.0	-0.667	24.5	10.977	0.0	-0.401	0.0	-0.060

Cuadro 4.9. Representa la Superioridad Genética y Predicción de los 66 cruzas. Mayo de 1997.

No. CRUZA	GENEALOGIA	REND	SPH	PRED
28	3x6 232-10-11x CML 312	17.113	2.227	14.314
46	5x2 43-46-S6 x CML 254	15.576	1.546	13.633
30	3x8 232-10-11x CML 315	15.475	1.501	13.588
21	2x10 AN7 Res x CML 318	14.936	1.262	13.349
27	3x5 232-10-11x CML 331	14.653	1.137	13.224
31	3x9 232-10-11x CML 317	14.290	0.976	13.063
39	4x6 P22 S3-5 x CML312	14.040	0.865	12.952
48	5x4 43-46-S6 x CML 264	14.031	0.861	12.948
2	1x2 18-19 x CML 254	13.773	0.747	12.834
50	5x6 43-46-S6 x CML 312	13.759	0.741	12.828
54	5x10 43-46-S6 x CML 318	13.660	0.697	12.784
35	4x2 P22 S3-5 x CML 254	13.565	0.655	12.742
26	3x4 232-10-11x CML 264	13.519	0.634	12.721
10	1x10 18-19 x CML 318	13.484	0.619	12.706
32	3x10 232-10-11x CML 318	13.444	0.601	12.688
5	1x5 18-19 x CML 331	13.427	0.594	12.681
25	3x3 232-10-11x CML 258	13.396	0.580	12.667
53	5x9 43-46-S6 x CML 317	13.368	0.567	12.654
8	1x8 18-19 x CML 315	13.308	0.541	12.628
64	6x9 P2437-2-1 x CML 317	13.264	0.521	12.608
4	1x4 18-19 x CML 264	13.229	0.506	12.593
15	2x4 AN7 Res x CML 264	13.156	0.474	12.561
17	2x6 AN7 Res x CML 312	13.136	0.465	12.552
43	4x10 P22 S3-5 x CML 318	12.881	0.352	12.439
7	1x7 18-19 x CML 314	12.804	0.318	12.405
60	6x5 P2437-2-1 x CML 331	12.785	0.309	12.396
38	4x5 P22 S3-5 x CML 331	12.774	0.304	12.391
55	5x11 43-46-S6 x CML 322	12.686	0.265	12.352
51	5x7 43-46-S6 x CML 314	12.586	0.221	12.308
3	1x3 18-19 x CML 258	12.430	0.152	12.239
65	6x10 P2437-2-1 x CML 318	12.331	0.108	12.195
24	3x2 232-10-11x CML 254	12.227	0.062	12.149
45	5x1 43-46-S6 x CML 247	12.143	0.025	12.112

SP:1 = Superioridad Genética del Híbrido.

Predicc.=Predicción del Híbrido.

media=12.087

No. CRUZA	GENEALOGIA	REND	SPH	PRED
9	1x9 18-19 x CML 317	12.053	-0.015	12.072
42	4x9 P22 S3-5 x CML 317	12.043	-0.019	12.068
49	5x5 43-46-S6 x CML 331	12.032	-0.024	12.063
61	6x6 P2437-2-1 x CML 312	11.932	-0.069	12.018
12	2x1 AN7 Res x CML 247	11.824	-0.117	11.970
29	3x7 232-10-11x CML 314	11.783	-0.135	11.952
18	2x7 AN7 Res x CML 314	11.656	-0.191	11.896
16	2x5 AN7 Res x CML 331	11.625	-0.205	11.882
6	1x6 18-19 x CML 312	11.492	-0.264	11.823
1	1x1 18-19 x CML 247	11.380	-0.313	11.774
47	5x3 43-46-S6 x CML 258	11.299	-0.349	11.738
33	3x11 232-10-11x CML 322	11.020	-0.473	11.614
52	5x8 43-46-S6 x CML 315	10.987	-0.487	11.600
11	1x11 18-19 x CML 322	10.968	-0.496	11.591
23	3x1 232-10-11x CML 247	10.872	-0.538	11.549
20	2x9 AN7 Res x CML 317	10.795	-0.572	11.515
56	6x1 P2437-2-1x CML 247	10.794	-0.573	11.514
14	2x3 AN7 Res x CML 258	10.745	-0.595	11.492
41	4x8 P22 S3-5 x CML-315	10.346	-0.771	11.316
59	6x4 P2437-2-1 x CML 264	10.323	-0.781	11.306
13	2x2 AN7 Res x CML 254	10.203	-0.835	11.252
44	4x11 P22 S3-5 x CML 322	10.150	-0.858	11.229
62	6x7 P2437-2-1 x CML 314	10.091	-0.884	11.203
19	2x8 AN7 Res x CML 315	9.987	-0.930	11.157
34	4x1 P22 S3-5 x CML 247	9.986	-0.931	11.156
22	2x11 AN7 Res x CML 322	9.779	-1.022	11.065
58	6x3 P2437-2-1 x CML 258	9.698	-1.058	11.029
36	4x3 P22 S3-5 x CML 258	9.670	-1.071	11.016
37	4x4 P22 S3-5 x CML 264	9.629	-1.089	10.998
66	6x11 P2437-2-1 x CML 322	9.541	-1.128	10.959
57	6x2 P2437-2-1 x CML 254	8.946	-1.391	10.696
63	6x8 P2437-2-1 x CML 315	8.944	-1.392	10.695
40	4x7 P22 S3-5 x CML 314	7.859	-1.873	10.214

CONCLUSIÓN

Dada la clasificación de los dos grupo de líneas (IMM y CIMMYT) se pudo detectar que existe una amplia variabilidad genética entre líneas y cruzas respectivamente, a través de las características agronómicas estudiadas se determinó que las cruzas con mayor rendimiento pueden resultar de cualquiera de sus combinaciones excepto de aquellas formadas con líneas de bajo por bajo efecto de (ACG).

Los mejores progenitores deben ser usados directamente para la formación de híbridos aprovechando la ventaja de ser líneas endogámicas avanzadas. Por otro lado, la formación de algún sintético. Los híbridos deben ser evaluados nuevamente en otros ambientes para determinar su potencial de estabilidad genética y los mejores deben usarse para la formación de nuevas poblaciones llevando las cruzas a F2 y derivar nuevas líneas para la formación de nuevos materiales de alta productividad.

En este estudio se demuestra la importancia de considerar grupos de líneas que son contrastantes en cuanto a su lugar, manejo y su constitución genética.

RESUMEN

En un programa de fitomejoramiento es importante incorporar líneas con características genéticas contrastantes para poder explotar al máximo las F1 de sus cruzas. En este estudio se utilizaron 17 líneas endogámicas, 6 por parte del IMM con una filosofía diferente de mejoramiento respecto al otro grupo y de características subtropicales y 11 líneas tropicales derivadas de germoplasma de maíz de CIMMYT. Con el objetivo de examinar el comportamiento genético de la aptitud combinatoria específica y general, además de estudiar el comportamiento a través de cruzas. Se estableció esta investigación donde se utilizó un diseño de apareamiento II de Carolina del Norte. Se formaron 66 cruzas posibles misma que se evaluaron en un ensayo de rendimiento en el bajo mexicano. Utilizándose un diseño de bloques al azar con dos repeticiones. Se analizó en un análisis individual para rendimiento con otros caracteres. De acuerdo con los resultados obtenidos, las líneas que se emplearon como machos y que mostraron el valor más alto de ACG fueron el M3=1.353 ton/ha, seguido del M5 =0.833 ton/ha. Por otro lado, la H6=1.493 ton/ha, seguida de la H10=1.373 ton/ha. La mejor craza fue la M3xH6 con un rendimiento de 17.113 ton/ha y una ACE de 2.185 ton/ha. Los resultados demuestran que existen combinaciones de líneas que pueden ser utilizados

con éxito en un programa de mejoramiento considerando el uso de líneas no emparentadas con características contrastantes para el desarrollo de híbridos, y así poder maximizar el comportamiento de las cruzas.

LITERATURA CITADA

Allard, R.W. 1960. Principios de la mejora de las plantas. Editorial Omega, S.A. Barcelona España.

Becker, W. A. 1986. Manual de genética cuantitativa. Primera edición en español. Academic Enterprises. Pullman, WA. USA. 174 p.

✓ Beck, D.L., S. K., Vasal, and J. Crossa. 1991. Heterosis and combining ability among subtropical and temperate intermediate-maturity maize germoplasm. *Crop. Sci.* 31:68-73.

✓ Carrillo, A. A. A. y S. H de la Peña. 1994. Cruzas dentadas y cristalinas como expectativas para el desarrollo de heterosis en maíz. Memorias XV congreso nacional de Fitogenética. Monterrey, N.L., Mex.

Chavez, A. J. L. y López, P. E. 1987. Mejoramiento de plantas II U.A.A.N. Buenavista Saltillo Coah. Mexico.

Chaudhary, B.D. and R.K. Sing. 1979. Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis. 304 p. Kalyani Publishers. Ludhiana, India.

✓ Cockerham, C.C. 1963. Implications of genetics variances in a hybrid breeding program. *Crop. Sci.* 1: 47-52. U.S.A.

Comstock, R. E. and H. F. Robinson. 1948. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics* 4: 254-266. U.S.A.

✓ Cordova, H. R. and H. R. Mickelson. 1995. CIMMYT. Maize program internally managed external review of breeding Strategies and Methodologies. El Batán México. P.6.

Cordova, H. R. 1997. Heterosis and Combining Ability of CIMMYT Subtropical Maize Inbred Lines and their Performance in Hybrid Combinations. Book of Abstracts. Mexico. P. 294

Cortéz, M., A., A.C. Rodriguez., G. Gutierrez., J.T. Durón. Giron. and M.G Oyervides 1985. Evaluation of broad-base improved populations of maize. (Zea mays L.) I. Cumulative gene effects and heterosis Univ. Autónoma "Antonio Narro". Saltillo., Coah. México. 143 p.

Davis, L. R. 1927. Report of the plant breeder. Rep. Puerto Rico Agric. Exp. Stn 1927. pp. 14-15.

Dudley, J. W. And R. H. Moll. 1969. Interpretation and use of estimates of heredability and genetic variances in plant breeding. Crop Sci. (3):257-262.USA.

Falconer, D. S. 1983. Introducción a la genética cuantitativa. Décimo tercera edición. CECSA. México. 430 p.

Frey, K. J. 1971. Improving crop yields trough plant breeding. Amer. Soc. Agron. Spec. Publ. 20:15-58.

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

Hallauer, A. R. and B. J Miranda. 1981. Quantitative genetics in maize breeding. Firt edition. Iowa State University Press. USA. 467 p.

Hanson, W. D. 1963. Heritability. In Hanson, W.D and H.F. Robinson (eds) Statistical genetics and plant breeding. Pub. 982. Nat'l. Acade. Sci.- Nat'l. Res. Council, Washinton, D. C p. 125-139. USA.

Jones, D. F. 1918. The effects of inbreeding and cross-breeding upon development. Connecticut Agrc. Exp. Stn. Bull. 207: 5-100

Jugenheimer, R. W. 1981. Maíz. Variedades mejoradas, metodos de cultivo y producción de semillas. Editorial Limusa. México. D.F.

López, P. E. 1986. Comparación entre diferentes probadores para evaluar líneas de maíz. Universidad Autónoma Agraria "Antonio Narro". Buenavista Saltillo Coah. Folleto de Dibulgación Vol. 1 No. 7.

- Martinez G., A. 1983. Diseños y análisis de experimentos de cruza dialélicas. segunda edición. Colegio de Postgraduados. México. 252 p.
- Márquez, S. F. 1988. Genotecnia Vegetal. Métodos, teoría, resultados. Tomo II. AGT. Editó, S.A. México, D.F. pp 665.
- Mickelson, H. R., M. Bjarnason., H. S. cordóva and K. Pixley. 1995. Combining exotic *per se* performance. Reporte de programa de Maíz de CIMMYT, El Batán , México. P.6.
- Namkoong, G . 1979. Introduction to quantitative genetics in forest. USDA. Forest service. Technical Bulltin No. 1588. USA. 342 p.
- Nguyen, H. T and D. A Sleper. 1983. Theory and application of halfsib mating in forage grass breeding. Theor. Appl. Genet. 64:187-196. USA.
- Robinson, H.F., R. E. Comostock and P. H. Harvey. 1951. Estimate of heretability and the degree of dominance in corn. Agron. J. 41: 353-359. U.S.A.
- Russell, W. A. 1974. Comparative performance for maize hybrids representing different eras of maize breeding. Proc. Ann. Corn Sorghum Res. Conf. 29:81-101.
- Said, I. G., y Zarate de Lara G. P. 1986. Métodos Estadísticos. Edit. Trillas. S.A de C.V. México. 448 p.
- Sprague, GF and L.A Tatum. 1942. General vs specific combining ability in single crosses of corn. J. Am. Soc. Agron. 34:923-932
- Stanfield, D. W. 1978. Teoria y problemas de genética. Libros Mc. Grahaw-Hill. Mexico, D.F.
- Torreón, A. 1997. Agronomía mesoamericana. Revista agropecuaria no 1. PCCMCA. 8(1):26-34.
- Van Dale L. V. 1993. Selection index and Introduction to maxed model methods. Dept. Of animal science. University of Nebraska, Lincoln. 267-269 p. USA.
- Vasal, S. K., G. Srinivasan, G.C. Han, F.C. Gonzalez. 1992. Heterotic patterns eighty-eigh white subtropical CIMMYT maize lines. Maydica. 37:319-327. U.S.A.

Vasal, S. K., Srinivasan, G., Gonzalez, C. F., Beck, D. L., Crossa, 1993.
Heterosis and combining ability of CIMMYT'S quality protein maize
germoplasm II. Subtropical. 33:1. 51-57 pp.

Handwritten notes in the center of the page, including the word "Heterosis" and other illegible scribbles.