

# UNIVERSIDAD DE GUADALAJARA

---

ESCUELA DE AGRICULTURA



ESTIMACION DE LA VARIANZA GENETICA ADITIVA EN LA POBLACION DE MAIZ (*Sea Mayz L.*) TUXPEÑO CICLOS 0, 11 y 16 DE SELECCION DE HERMANOS COMPLETOS PARA RENDIMIENTO Y ALTURA DE PLANTA.

**TESIS PROFESIONAL**

QUE PARA OBTENER EL TITULO DE

**INGENIERO AGRONOMO**

CON ORIENTACION EN FITOTECNIA.

P R E S E N T A:

**SIXTO MERCADO ACEVES**

Guadalajara, Jal., Junio de 1984.

Las Agujas, Mpio. de Zapopan, Jal. 26 de Noviembre 1982

ING. LEONEL GONZALEZ JAUREGUI  
DIRECTOR DE LA ESCUELA DE AGRICULTURA  
DE LA UNIVERSIDAD DE GUADALAJARA

Habiendo sido revisada la Tesis del

PASANTE SIXTO MERCADO ACEVES

Titulada: " ESTIMACION DE LA VARIANZA GENETICA ADITIVA EN LA POBLACION DE MAIZ ( Zea mays L) TUXPEÑO CICLO 0, 11 Y 16 DE SELECCION DE HERMANOS COMPLETOS PARA RENDIMIENTO Y ALTURA DE PLANTA."

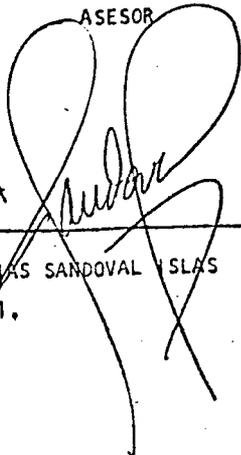
Damos nuestra aprobacion para la --

Impresion de la misma

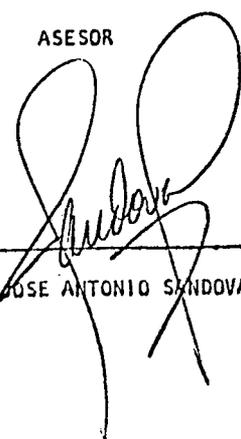
DIRECTOR

  
\_\_\_\_\_  
ING. SALVADOR MEÑA MUNGUIA

ASESOR

PA  
  
\_\_\_\_\_  
ING. ELIAS SANDOVAL SLAS  
eml.

ASESOR

  
\_\_\_\_\_  
ING. JOSE ANTONIO SANDOVAL MADRIGAL

## DEDICATORIAS

### A MIS PADRES:

A quienes todo les debo,  
con cariño:

SIXTO MERCADO y  
MARIA LUISA ACEVES

A la compañera de mi vida, que  
siempre me ha alentado y apoya  
do, CLAUDIA PATRICIA, con mu--  
cho amor.

### A MIS HERMANOS:

Arturo, Raúl, Susana,  
Juan Pablo, Miguel An  
gel, Ma Luisa y Luis  
Alberto, esperando --  
que sea un estímulo -  
para seguir adelante.

### A LAS FAMILIAS:

Mercado, Aceves y Fernández.

## A G R A D E C I M I E N T O S

A LA ESCUELA DE AGRICULTURA DE LA  
UNIVERSIDAD DE GUADLAJARA:

Por la formación académica que me  
dió en sus aulas.

A todos y cada uno de mis compa  
ñeros del grupo estudiantes, me  
joradores de maíz (EMMA) pues -  
sin ellos no se hubiera realizad  
do este trabajo.

Al Ing. SALVADOR MENA MUNGUÍA:

Por su dirección, apoyo y suge  
rencias sobre este tema de te-  
sis.

Al Ing. ANTONIO SANDOVAL MADRIGAL:

Por toda su cooperación y sugeren  
cias sobre el trabajo.

Al Ing. MARIO ABEL GARCIA VAZQUEZ:

Por su ayuda recibida y su  
amistad.

A NORTHROP KING Y CIA.:

Por su ayuda y apoyo en la realiz  
ación de la presente tesis.

# C O N T E N I D O

## --- LISTA DE CUADROS Y GRAFICAS.

--- RESUMEN. . . . .	1
1. INTRODUCCION . . . . .	3
2. HIPOTESIS Y OBJETIVOS. . . . .	6
3. REVISION DE LITERATURA . . . . .	7
3.1. Varianza . . . . .	7
3.2. Tipos de varianza . . . . .	8
3.2.1. Varianza Fenotípica. . . . .	9
3.2.2. Varianza Genética. . . . .	11
3.2.2.1. Varianza Genética	
Aditiva. . . . .	12
3.2.2.2. Varianza Genética de	
Dominancia . . . . .	15
3.2.2.3. Varianza Genética	
Epistática . . . . .	16
3.3. Heredabilidad. . . . .	16
3.4. Estimación de Covarianza Genética . . .	18
3.4.1. Importancia . . . . .	18
3.4.2. Métodos de Estimación. . . . .	20
3.4.3. Resultados de la Aplicación	
del Diseño I en maíz. . . . .	23
4. MATERIALES Y METODOS. . . . .	28
4.1. Descripción del Ambiente . . . . .	28

4.2. Material Genético. . . . .	29
4.2.1. Descripción de la Raza Tuxpeño. . .	30
4.3. Diseño I. . . . .	33
4.4. Obtención y Evaluación del Material Genético del Diseño I . . . . .	40
5. RESULTADOS . . . . .	42
6. DISCUSION . . . . .	45
7. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES. . . . .	49
8. BIBLIOGRAFIA . . . . .	51

## LISTA DE CUADROS Y GRAFICAS

- CUADRO 1 Análisis de varianza Diseño I
- Cuadro 2 Análisis de varianza para rendimiento y al  
tura de planta para el ciclo original (Co)
- Cuadro 3 Análisis de varianza para rendimiento y al  
tura de planta para el ciclo 11
- Cuadro 4 Análisis de varianza para rendimiento y al  
tura de planta para el ciclo 16
- Cuadro 5 Cuadrados medios y coeficientes de varia--  
ción del análisis del diseño I para los --  
tres ciclos de selección de la variedad --  
tuxpeño.
- Cuadro 6 Resumen de componentes de varianza, hereda  
bilidad y media del caracter en los tres -  
ciclos de selección de la variedad tuxpeño.
- Cuadro 7 Varianzas aditivas para rendimiento y altu  
ra de planta en porcentajes en los ciclos  
0, 11 y 16 de la variedad tuxpeño.

- GRAFICA 1 El origen del tuxpeño.
- GRAFICA 2 Comparación de la varianza aditiva para rendimiento de grano, ciclos 0, 11 y 16 de la variedad tuxpeño.
- GRAFICA 3 Comparación de varianza aditiva para altura de planta, ciclos 0, 11 y 16 de la variedad tuxpeño.
- GRAFICA 4 Comportamiento: varianza aditiva para - diferentes grados de dominancia.

## RESUMEN

La estimación de los componentes de varianza genética ha sido de suma importancia, ya que a partir del conocimiento de la proporción que existe de varianza aditiva o varianza de dominancia en una población, se puede escoger el método de mejoramiento que va a ser más eficiente en cambiar la media del caracter con que se está trabajando, lo cual, puede ser mediante selección o hibridación. En el presente trabajo se presenta la estimación de los componentes de la varianza genética mediante el diseño de apareamiento I de Carolina Tuxpeño en sus tres ciclos ( 0, 11 y 16 ) de selección para rendimiento y altura de planta, con el objeto de conocer en qué proporción se ha reducido la varianza aditiva, por lo anterior, se plantea la hipótesis de que ha sido disminuida hasta llegar a cero en dichos caracteres. En los resultados se puede apreciar una disminución de la varianza genética aditiva para rendimientos del 89.57 % y para altura de planta de un 67 % acentuándose más del ciclo 11 al 16. Debido a que probablemente se encontró una frecuencia genética en la población original para rendimiento de  $p = 0.5$  y para altura de planta  $p = 0.5$ . El experimento indica --

que si ha habido una reducción de la varianza aditiva, sin llegar a ser igual a cero, lo que sugiere utilizar al ciclo 16 para programas de hibridación.

## 1.- INTRODUCCION

Desde que las Leyes de Mendel fueron redescubiertas, muchos investigadores comenzaron a interesarse por estos nuevos conocimientos que abrían un nuevo camino para la investigación. Esto encaminó a nuevos descubrimientos acerca de la herencia y la variación, lo cual, condujo a nuevos adelantos, llegando a la conclusión que no solo existían genes que podían dar una característica, si no que había también otros genes, los cuales, contribuían para la formulación de caracteres importantes, llegándose así a entender el tipo de herencia cuantitativa.

A partir de 1920, se realizaron los primeros estudios que dieron las bases teóricas de este tipo de herencia, la cual, ha permitido la estimación de la varianza genética y las covarianzas, grado de dominancia y otros caracteres que en conjunto reflejan los diferentes grados de acción de los genes, interacciones y relaciones genéticas presentes en una población bajo estudio. De estos resultados los mejoradores pueden tomar las decisiones correctas para escoger un método de mejoramiento y lograr mayor eficiencia en sus progra--

mas.

.La estimación de los componentes de varianza' genética es una base importante en el mejoramiento del maíz y ha sido un vínculo elemental en los estudios de caracteres cuantitativos de importancia económica, tales como; rendimiento de grano, altura de planta, resistencia a altas densidades de población, etc.

La variación genética de dichos caracteres -- cuantitativos es la materia prima, en la cual, el mejorador trabaja y por consecuencia, requiere de la información precisa en las poblaciones que está utilizando. Dicha información puede generarse mediante el uso de Diseños Genéticos que permitan una estimación de los componentes de varianza.

El objetivo del presente estudio es el de estimar y comparar la varianza genética aditiva mediante el diseño I de Carolina del Norte (Comstock y Robinson 1948), en la población Tuxpeño en tres ciclos de selección recurrente de hermanos completos ( 0, 11 y 16 ) - para rendimiento y altura de planta. Se supone que dicha población en su ciclo original ( Co ) cuenta con -

un alto contenido de varianza genética aditiva y mediante este estudio permitirá darse una idea acerca del tipo de acción y como a través de los ciclos de selección ha ido disminuyendo. Por otra parte, en base a los resultados, decidir, si existe varianza aditiva seguirla explotando mediante selección y si la mayor parte de la varianza es no aditiva proponer metodologías que aprovechen la heterosis. Se asume, que el diseño a utilizar para estimar los componentes es de tipo exploratorio, en donde se trata de calcular los componentes de varianza y la heredabilidad.



ESCUELA DE AGRICULTURA  
BIBLIOTECA

## 2.- HIPOTESIS Y OBJETIVOS

La hipótesis en que se basa el presente estudio es la siguiente:

" La varianza aditiva para los caracteres: -- rendimiento de grano y altura de planta en la variedad Tuxpeño, ha sido reducida por efectos de selección a través de los ciclos 0, 11 y 16 hasta llegar a ser igual a cero ".

El objetivo principal del presente trabajo es conocer y comparar la varianza genética aditiva de los tres ciclos en los caracteres de rendimiento de grano y altura de planta mediante el diseño I de Carolina -- del Norte.

### 3.- REVISION DE LITERATURA

#### 3.1. Varianza:

La varianza indica la dispersión de una población mediante el promedio de los cuadrados de las desviaciones ( $d^2$ ) de las observaciones individuales con relación a la media. Gardner ( 1975 ) expresa como varianza, una medida de variación. La varianza de una población ( $\sigma^2$ ) se representa con la siguiente fórmula:

$$\sigma^2 = \frac{(X - \mu)^2}{N}$$

donde:

X = valor observado de cada medida individual tomada en la población.

$\mu$  = media de la población

N = número total de individuos.

La varianza de la población es el valor ideal porque mide a la población verdadera, pero es irreal porque rara vez se conoce la media real de la población ( $\mu$ ). Esta dificultad se puede evitar sustituyendo la media paramétrica con la de la muestra ( $\bar{X}$ ), y

el tamaño de la población ( N ) con el tamaño de la muestra ( n ). En resumen, se indica de la siguiente manera:

$$S^2 = \frac{(X - \bar{X})^2}{n - 1}$$

Como se utiliza (  $\bar{X}$  ) en vez de ( ) en la fórmula, el número de medias independientes se convierte en ( n - 1 ), que se usa en la fórmula para poder utilizar la media de la muestra, se pierde un grado de libertad por la estimación de la media.

### 3.2. Tipos de Varianza:

La varianza es la medida empleada más frecuentemente en la genética estadística, ya que es la más útil para describir la variación de una característica biológica. Existen por lo tanto, datos en los cuales se utiliza la varianza para denominar dispersión de caracteres genéticos tal como sería la altura de planta en una población, determinando su dispersión en los valores observados, los más utilizados son: la varianza fenotípica, la genotípica y la ambiental.

### 3.2.1. Varianza Fenotípica:

Dentro de la variación biológica que se presenta en cualquier especie, no es posible que existan individuos idénticos, o que sean completamente iguales (Darwin, citado por Brewbaker 1967). Las pequeñas diferencias genéticas son difíciles de identificar, medir y valorar. La variación biológica total de un rasgo genético se denomina estadísticamente Varianza Fenotípica ( VF ), (Brewbaker, 1967).

Los componentes de varianza fenotípica o varianza total está dado por la suma de la varianza genética y la varianza ecológica (Falconer, 1964):

$$VF = VG + VE$$

donde:

VF = Varianza Fenotípica

VG = Varianza Genética

VE = Varianza Ecológica

Esté tipo de varianza se expresa en forma lineal y ésta componente se puede determinar para un ca-

racter, por ejemplo, rendimiento (Johanshen, citado -- por Allard, 1967).

$$A = \mu + a + e + (ae)$$

donde:

A = rendimiento

$\mu$  = media de la población

a = efecto genético

e = efecto ambiental

ae = efecto de interacción genético - ambien--  
tal.

Los componentes genéticos y ambientales no -- pueden ser estimados directamente usando las observa-- ciones hechas en la población, pero en ciertas circuns-- tancias pueden ser estimadas en las poblaciones experi-- mentales. La Varianza Ambiental (no genética) se en--- cuentra fuera del alcance del control experimental. La eliminación de la varianza genética, se puede lograr - experimentalmente, ejemplo: en líneas endogámicas o  $F_1$  de una crusa entre dos de tales líneas, proporcionan - individuos con genotipos idénticos, por lo tanto, sin varianza genotípica (Falconer, 1964).

### 3.2.2. Varianza Genética:

La varianza genética es un valor estadístico que mide la variación resultante de loci segregantes en una población. Ya que la variación existe dentro de la varianza genética donde hay valores que se expresan como desviaciones con respecto a la media de la población (Falconer, 1964).

La variación genética tiene por origen la contribución de los genes segregantes y sus interacciones con otros genes. La varianza genética también es una parte de la varianza fenotípica, este tipo de variación también es ocasionada por diferentes factores dado que la varianza genética o genotípica es la suma de dichos factores.

Se reconocen tres componentes de la varianza genética o hereditaria:

- a) Una parte aditiva que describe la diferencia entre homocigotos en un locus cualquiera.

b) Un componente correspondiente a la dominancia que proviene de interacciones de alelos (interacción alélica).

c) Y una epistática asociada con las interacciones entre no alelos (interacción alélica o epistática).

(Fisher, 1918; Wright, 1921).

$$VG = VA + VD + VE$$

donde:

VG = varianza genética

VA = varianza genética aditiva

VD = varianza genética de dominancia

VE = varianza genética epistática

### 3.2.2.1. Varianza Genética Aditiva:

La varianza genética aditiva o varianza de los valores reproductivos, es el componente más importante, ya que es la causa principal del parecido entre parientes. Por lo tanto, es el que determina las propiedades genéticas observables en una población. Ade--

más mide la respuesta a la selección (Falconer, 1964; Brewbaker, 1967). La varianza genética aditiva se usa para cálculos precisos de la heredabilidad ( $h^2$ ) (Falconer, 1964) que es el cociente resultante de dividir la varianza genética aditiva entre la varianza fenotípica. A menudo causa confusión los conceptos de acción génica aditiva y la varianza aditiva. La acción génica aditiva es la acción individual de genes y cuando cada alelo contribuye con igual intensidad en forma lineal a una característica determinada, son efectos aditivos, pero los que manifiestan acción génica aditiva diferencial contribuyen a la varianza genética aditiva, sin embargo, pueden existir loci homocigotos de acción génica aditiva que por no segregar no contribuyen a la varianza genética aditiva (Poey, 1978).

La varianza genética aditiva depende de frecuencias génicas, y ésta será máxima cuando la frecuencia de los alelos segregantes sea 0.5 y nula cuando sea igual a cero o a uno (Falconer, 1964). Por esa razón, el proceso de autofecundación, al aumentar la homocigosidad tiende a reducir la varianza genética aditiva (Poey, 1978; Allard, 1960). Por lo tanto, cada par de alelos que tenga efectos cuantitativos diferen-

tes contribuyen con la varianza genética aditiva.

Así, el concepto de varianza genética aditiva no implica la suposición de acción génica aditiva, y la existencia de varianza aditiva no es ninguna indicación de que cualquiera de los genes actúan aditivamente.

La existencia de más de dos alelos en un lo-cus no introduce ningún principio nuevo. Las expresiones para las varianzas aditiva y dominante las genera Kempthorne, (mencionado por Falconer, 1964). El locus -contribuye con varianza aditiva producida por los efectos medios de sus varios alelos y la varianza dominante se presenta debido a la existencia de las desviaciones dominantes.

La varianza aditiva que se presenta debida a la acción de todos los loci, es en conjunto la suma de las varianzas aditivas y atribuibles a cada locus separadamente, y la varianza es, similarmente, la suma de las diferentes contribuciones (Falconer, 1964).

### 3.2.2.2. Varianza Genética de Dominancia.

La varianza de dominancia o no aditiva, es -- también componente de la varianza genética total; expresa estadísticamente las desviaciones que un híbrido heterocigótico tiene con respecto al punto medio entre sus padres homocigóticos (Brewbaker, 1967).

La varianza genética de dominancia se define como la varianza de las diferencias entre los valores genotípicos y los reproductivos (Falconer, 1964). Además, la dominancia suministra la base más importante de la heterosis y de la dispersión por el intracruza-- miento, por ejemplo: los estudios del maíz en el campo indican que hay un gran componente de dominancia en la transmisión hereditaria de la producción de granos, el diámetro de las mazorcas y la longitud de éstas, puede observarse que la varianza genética es enteramente adi tiva para rasgos genéticos como la altura de planta y la longitud de mazorca. Debe hacerse notar que conclusiones como ésta se aplican a las poblaciones segregan tes que han sido medidas (Brewbaker, 1967).

### 3.2.2.3. Varianza Genética Epistática.

También llamada varianza de interacción, ya que son interacciones genéticas no alélicas que complican el análisis de la herencia cuantitativa, y su participación es difícil de evaluar. Sin embargo, la cantidad de varianza aportada por la interacción es usualmente bastante pequeña y que el hecho de ignorarla, no es probable que cause un error serio (Falconer, 1964; Brwebaker, 1967). La varianza de interacción no-alélica es una epistasis estadística y no siempre genética (Falconer, 1964).

### 3.3.Heredabilidad:

La heredabilidad constituye un componente de la fórmula de respuesta a la selección junto con la intensidad de selección y la varianza fenotípica.

El término heredabilidad expresa la porción genética que hay en el total de la varianza fenotípica en sentido amplio. Por lo general, esta relación se expresa en porcentaje. Cuando no hay varianza ecológica, la heredabilidad es de 100%, por lo tanto, al aumentar

el componente ecológico de la varianza disminuye la heredabilidad. (Brewbaker, 1967).

También determina el grado de parecido entre parientes (De la Loma, 1975; Falconer, 1964). Así la heredabilidad en el estudio genético de los caracteres métricos, expresa la confiabilidad del valor fenotípico como indicación del valor reproductivo.

Cuando se sabe el grado de heredabilidad de una característica, es posible predecir el progreso que se puede esperar en una generación de selección.

El coeficiente de heredabilidad no es una constante si no tan solo un indicador de la proporción de varianza causada por diferencias en los efectos aditivos de genes en una determinada población y en un momento dado (Gardner, 1975).

Mediante la heredabilidad únicamente pueden medirse en los individuos sus valores fenotípicos, pero el valor reproductivo es el que determina su influencia en la siguiente generación. Por lo cual, el éxito de selección dependerá del grado de corresponden

cia entre los valores fenotípicos y los valores genotípicos o reproductivos. (Paterson, 1968).

La heredabilidad se puede expresar en dos sentidos: amplio ( $H^2$ ) y estricto ( $h^2$ ), en donde el sentido amplio es la relación entre la varianza genética - la varianza fenotípica, y en el sentido estricto como la relación de la varianza genética aditiva y la varianza fenotípica (Brewbaker, 1967) (Gardner, 1975).

$$\text{Sentido amplio } H^2 = \frac{VG}{VF}$$

$$\text{Sentido estricto } h^2 = \frac{VGA}{VF}$$

donde:

VG = varianza genética

VF = varianza fenotípica

VGA = varianza genética aditiva



ESCUELA DE AGRICULTURA  
BIBLIOTECA

### 3.4. Estimación de la Varianza Genética.

#### 3.4.1. Importancia:

La estimación de los componentes de la va

rianza genética, tiene gran importancia y aplicaciones en la genotecnia de caracteres cuantitativos, ya que dan la pauta a seguir en la selección del mejor método de mejoramiento.

Comstock y Robinson (1951), Robinson y Cockerham (1965), mencionan los propósitos para estimar los parámetros genéticos:

- a) Suministrar la información sobre la naturaleza de la acción de los genes involucrados en la herencia de los caracteres en investigación.
- b) Dar la base para la evaluación de planes de mejoramiento de poblaciones o nuevos enfoques para el mejoramiento de plantas y animales.

Russell (1971), comenta que existe una relativa importancia en el conocimiento de las diferentes varianzas genéticas para así saber la acción de los genes que afectan el rendimiento y otros caracteres de maíz; y que también es importante porque permite pla-

near programas eficientes de mejoramiento; pero es necesario usar algún método de apareamiento que detecte diferentes clases de epistasis, la cual, adiciona información útil en el estudio completo del complemento genético.

#### 3.4.2. Métodos de Estimación:

A partir de las bases dadas por Fisher (1918) sobre el estudio de caracteres cuantitativos, Immer y Tendin (1932), desarrollaron fórmulas para estimar las contribuciones de un factor simple a varios estadísticos, presentando un esquema para definir los efectos de aditividad y dominancia.

Mather (1949) aplicó las fórmulas desarrolladas por Fisher, haciendo estimaciones de aditividad y dominancia en varios experimentos de estudios de caracteres cuantitativos.

Comstock y Robinson (1948) haciendo uso de los conceptos genéticos de Fisher (1918) y Wright (1921) desarrollaron dos sistemas de apareamiento para usar la información de familias de medios hermanos y hermanos completos, en los cuales, se estima la Varianza Ge

nética Aditiva ( $V_a$ ) y la Varianza Genética de Dominancia ( $V_d$ ), y a dichos esquemas se les conoce como diseños I y II de Carolina del Norte. En los anteriores diseños, se supone ausencia de ligamiento, efectos maternos y Epistasis.

Diseño I. En este diseño son importantes las esperanzas de cuadrados medios entre machos ( $G^2_m$ ) y las componentes o esperanzas de cuadrados medios de la hembra dentro de machos ( $G^2_{h/m}$ ), a partir de los cuales, se estima la Varianza Genética Aditiva y la Varianza Genética de Dominancia, para un coeficiente de endogamia ( $F$ ) igual a cero.

$$G^2_A = 4 G^2_m$$

$$G^2_D = 4 (G^2_{h/m} - G^2_m)$$

donde:

$G^2_A$  = Varianza genética aditiva

$G^2_D$  = Varianza genética de Dominancia

$G^2_m$  = Varianza de machos

$G^2_{h/m}$  = Varianza de hembras dentro de machos.

Diseño II. Son de importancia la componente -

de Varianza de Macho, la componente de varianza entre hembras ( $G^2_h$ ) y la componente de interacción hembra por macho, a partir de las cuales, y bajo la suposición de  $F = 0$ .

$$G^2_A = 4 G^2_m = 4 G^2_h$$

$$G^2_D = 4 G_{hm}$$

Diseño III. Son de importancia de componentes de varianza entre machos y la componente de interacción macho por línea ( $G^2_{ml}$ ), a partir de las cuales y considerando que  $F = 0$ .

Griffing (1956 a, 1956 b) haciendo uso de los conceptos de aptitud combinatoria general y aptitud combinatoria específica y considerando el tipo de cruzamiento que intervienen en el sistema dialélico, desarrolló los siguientes métodos de análisis dialélico.

Método I. Se incluye los "P" progenitores y sus cruzas posibles en ambos sentidos; es decir, intervienen  $p^2$  genotipos.

Método II. Se incluye "p" progenitores y sus'

cruzas posibles en un solo sentido, es decir, intervienen  $p(p+1)$  genotipos.

Método III. Se incluyen las cruzas posibles - en ambos sentidos pero no los progenitores, es decir, intervienen  $p(p-1)$  genotipos.

Método IV. Solo se incluyen las cruzas en un solo sentido, es decir, intervienen  $p(p-1)/2$  genotipos.

El análisis estadístico de los diseños dialélicos permiten estimar las componentes de varianza de: efectos de Aptitud Combinatoria General y efectos de Aptitud Combinatoria Específica, efectos maternos y Efectos Recíprocos.

#### 3.4.3. Resultados de la Aplicación del Diseño I en maíz.

Comstock y Robinson (1948), en su estudio sobre el grado de dominancia encontraron los siguientes valores para la varianza genética aditiva de 0.0049, -

siendo ésta mayor que la varianza de Dominancia - - -  
(0.0027).

Robinson et al. (1955), trabajando con 3 variedades de maíz encontraron también una mayor magnitud de la Varianza Genética Aditiva sore la de Dominancia hasta en un 50%.

Robertson (1959, mencionado por Estrada, 1977) en un estudio de evaluación de parámetros genéticos, - concluyó que el número óptimo de hembras por macho para valores iguales de los errores standar de las varianzas de machos y hembras era de 4 a 10.

Eberhart, Moll, Robinson y Cocherham (1965), - utilizando dos variedades de maíz (Jarvis e Indian - - Chief) mediante los diseños I y II de Carolina del Norte, encontraron una mayor proporción de Varianza Genética Aditiva, que de Dominancia en los dos diseños, en todos los caracteres que estudiaron con excepción para rendimiento, en el diseño I lo atribuyeron a una sobre estimación de la Varianza de Dominancia para rendimiento.

Stuber, Moll y Hanson (1966), encontraron una igual magnitud tanto para la varianza aditiva, como para la Varianza de Dominancia, en los siguientes caracteres: número de mazorcas, días a floración, altura de planta, longitud de mazorca y una diferencia muy pequeña para rendimiento.

Willians, Penny y Sprague (1968), estudiando el Diseño I, determinaron una mayor proporción de varianza Genética Aditiva que Dominante, así como valores negativos para ésta última.

Márquez y Hallauer (1969), al buscar el número de hembras por macho en el diseño I de Carolina del Norte, encontraron que la proporción óptima fue de 6 a 8 hembras y así obtener valores aceptables en el error estándar de la Varianza de machos y hembras, determinando, que el número de machos utilizados no deberían ser menores de 48, teniendo así un acercamiento más exacto en la estimación de los componentes de varianza Genética para el caracter de rendimiento de grano. Además, concluyeron que la obtención de valores negativos para la estimación de componentes de varianza obtenidos por la manipulación de las esperanzas de cuadrados medios'

del análisis del Diseño I pueden atribuirse a dos causas.

1. Muestra pequeña de la población que puede conducir a grandes desviaciones respecto a los valores esperados.
2. El apareamiento no aleatorio entre los individuos de la población, que puede reducir la varianza Genética de hembras dentro de machos, conduciendo a una subestimación y como consecuencia, se puede llegar a la obtención de valores negativos de varianza Genética de Dominancia.

Sentz (1970), efectuando un trabajo sobre estimación de varianza en variedades sintéticas, determinó que la Varianza Genética Aditiva contribuía en 55 % de la varianza Genética para el carácter de rendimiento.

Stuber (1970) (mencionado por Estrada, 1975), hizo algunas modificaciones a los diseños I y II con la idea de estimar varianzas Genéticas espistáticas, -

encontrando que la epistasis no es importante en la acción genética general de las poblaciones, o bien, que si ella es importante, las metodologías de análisis no son suficientemente efectivas hasta ahora.

Estrada (1977) al utilizar el diseño I, encontró que la varianza aditiva fue mayor que la Dominante, obteniendo valores negativos al determinar la Varianza de Dominancia.

Márquez (1979), al determinar el tamaño de familias de medios hermanos en la estimación de Varianzas Genéticas utilizando el diseño I y graficar los errores estándar, ésta descendió al cambiar de 2 a 4 hembras, así, como al utilizar de 16, 32 y 48 machos, lo cual, observó que prácticamente no existía diferencia. Concluyendo que para caracteres con heredabilidad de alrededor del 20% pueden usarse de 16 a 32 machos cruzados por 4 a 8 hembras por macho, si la prueba es para estimar parámetros Genéticos.

#### 4.- MATERIALES Y METODOS

##### 4.1. Descripción del Ambiente:

El presente trabajo se desarrolla en un solo ambiente, ubicado en la Huerta, Jal., situado a una altura sobre el nivel del mar de 500 mts, con una latitud norte de 19°28' y 104°40' longitud oeste, el clima se clasifica de cálido semi-húmedo con una temperatura media anual de 25.2°C. con un porcentaje de lluvia invernal menor a 5, con una precipitación pluvial entre 1000 - 1200 mm, (SPP, 1980).

El suelo predominante es Cambisol Crómico, -- con suelos secundarios como Regosol Eutrífico y Cambisol Eutrífico, con clase Textural media, encontrándose el lecho rocoso a una profundidad entre 10 y 100 cm. La agricultura que se desarrolla en la región es de temporal (SPP, 1980).

La metodología de cultivo que se empleó, se describe a continuación:

La distancia entre surcos utilizada fue de --

0.85 mts. y una distancia entre plantas de 0.25 mts.,- para una densidad de 45,900 plantas/Ha. Se utilizó la fórmula 160-40-00, para la fertilización, fraccionando la; la mitad del nitrógeno y todo el fósforo al momento de la siembra, y la otra mitad del nitrógeno aplicada durante la primera escarda, junto con el fertilizante, antes de la siembra se aplicó el insecticida para plagas del suelo aplicándose Volatón granulado al 5%. Para el combate de malas hierbas se utilizó Gesaprin - Combi al momento de la siembra y deshierbes manuales - en las escardas. Para plagas del follaje se utilizó Nuvacrón 60 L.E. aplicándose cuando se presentó el 30% - de ataque de la plaga.

#### 4.2. Material Genético:

El material genético utilizado en el presente estudio, estuvo constituido por la raza Tuxpeño en sus ciclos 0, 11 y 16 de selección de hermanos completos - hacia altura de planta baja y rendimiento de grano efectuado en el centro internacional de mejoramiento de maíz y trigo. (CIMMYT).

#### 4.2.1. Descripción de la Raza Tuxpeño:

Planta de porte alto de 3 a 4 mts en su habitat nativo, muy tardío, pubescencia muy ligera, de espiga larga, de numerosas ramificaciones, aproximadamente el 20% de ella secundarias, ramificaciones terciarias' infrecuentes, mazorcas de longitud media y larga, medianamente delgada, cilíndrica; número de hileras 12 a 14, pedúnculo grueso, color en la parte media del brote del olote en el 58% de las mazorcas examinadas. Granos anchos medianamente gruesos, de longitud mediana, con fuerte depresión, endosperma blanco, con dureza mediana; aleurona y pericarpio generalmente sin color, - diámetro de mazorca de 44 a 48 mm; diámetro de olote - de 25 a 28 mm; diámetro de raquis 16 a 17 mm; longitud de grano 12.8 mm. (Wellhausen, Roberts y Hernández, -- 1951).

El nombre se deriva de la ciudad de Tuxpan, - Ver., situada en la llanura costera del Golfo, al norte de la ciudad de Veracruz. Se escogió el nombre debido a que Tuxpan se encuentra aproximadamente en el centro de distribución de la raza. (Wellhausen, Roberts y Hernández, 1951).

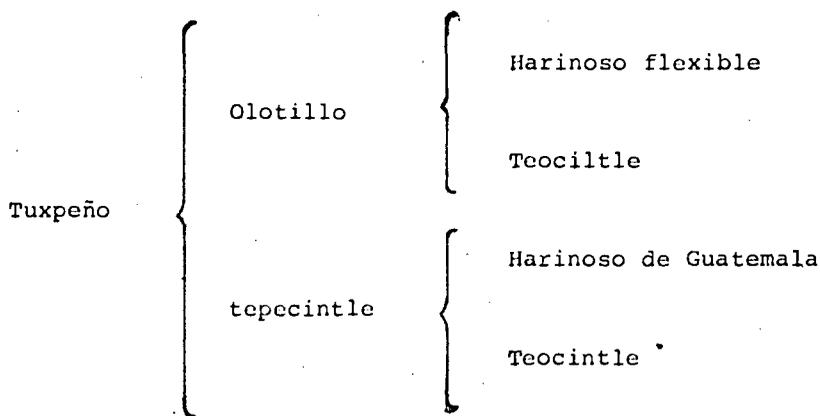
El tuxpeño se cultiva extensamente y es en definitiva la raza más importante de la costa del Golfo de México, desde el nivel del mar hasta los 500 mts de altura.

Los círculos negros en la gráfica 1 muestran su distribución a lo largo de las regiones costeras -- desde Yucatán, hasta el nordeste de México. Prácticamente todo el maíz que se produce actualmente en la -- costa del Golfo, es de la variedad Tuxpeño. Muchas de las variedades del norte de Sonora, Chihuahua y Coahuila, a elevaciones de 500 a 1,000 mts, muestran una -- fuerte influencia genética del tuxpeño. (Wellhausen, - Roberts, y Hernández, 1951).

El Tuxpeño es intermedio entre el olotillo y el tepecintle en gran número de sus caracteres importantes, inclusive, la altura de la planta, número de hojas, índice de venación, diámetro de mazorca, olote y raquis; período vegetativo, frecuencia del color en la parte media del olote y el promedio de nudos cromosómicos. En muchos de sus caracteres se aproxima mucho a uno u otro de sus progenitores supuestos. Algunas de las relaciones de la mazorca con el tuxpeño y sus pro-

genitores, el olotillo y el tepecintle. (Wellhausen, - Roberts y Hernández, 1951).

Parece haber poco motivo para dudar que el -- tuxpeño es básicamente el producto de la hibridación - del olotillo y el tepecintle, razas que tienen zonas - de distribución común. La genealogía es la que se describe en la figura:



Gráfica 1.- EL ORIGEN DEL TUXPEÑO

El maíz tuxpeño es una de las más importantes de todas las razas de maíz, desde el punto de vista de su influencia en las razas modernas agrícolamente pro-

ductivas, tanto en México como de los Estados Unidos.- Ha figurado entre los antecesores de algunas de las razas más productivas y agronómicamente satisfactoria de México, tales como Celaya, Chalqueño y Cónico Norte. - Además, el tuxpeño ha sido la fuente del plasma germinal de los maíces dentados del sur de los Estados Unidos (Wellhausen, Roberts y Hernández, 1951).

En el ciclo invierno de 1973-1974 se inició - en el CIMMYT una serie de experimentos para estudiar - el efecto de varios ciclos de selección sobre la altura de planta y rendimiento, dentro del programa de selección recurrente de hermanos completos. El cual, en los primeros ciclos de selección, se logró reducir la altura original de la planta en alrededor de 62 cm (de 268 cms. a 206 cms), dicha selección se ha continuado durante los ciclos.

#### 4.3. Diseño I:

Se aplicó el diseño propuesto por Comstock y Robinson (1948), mediante el cual, se estiman los componentes de varianza genética, mediante un sistema de apareamiento anidado, el cual, estima efectos aditivos

y dominantes a partir de familias de hermanos completos y medios hermanos.

En el diseño se analizan progenies de un cruzamiento resultantes de aparear al azar  $m$  machos con  $n$  hembras diferentes dentro de una población dada, de cada apareamiento se toman  $K$  progenies que se analizan en  $r$  repeticiones, originando  $mnKr$  unidades experimentales.

El modelo Genético es el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + m_i + h_{ij} + P_{ijk}$$

donde:

$i = 1, 2, \dots, p$  machos

$j = 1, 2, \dots, q$  hembras

$k = 1, 2, \dots, K$  progenies

$Y_{ijk}$  = expresa el caracter de la crucea  $ij$  en la progie  $K$

$\mu$  = la media general de la población

$m_i$  = efecto genético de  $i$ -ésimo macho

$h_{ij}$  = efecto genético de la  $j$ -ésima hembra apareada al  $i$ -ésimo macho.

$P_{ijk}$  = efecto aleatorio inherente a la  $k$ -ésima observación de la  $ij$ -ésima crucea.

En el modelo anterior, se consideran que no existe epistasis, ni efectos maternos; la población se encuentra en equilibrio genético, sin efectos de ligamiento y que los progenitores tienen una endogamia - igual a cero ( $F = 0$ ).

La forma general del análisis de varianza se presenta en el siguiente cuadro.

CUADRO 1. Análisis de Varianza Diseño I

Fuente de variación.	G.L.	C.M.	E(C.M.)
Machos	$m-1$	$M_1$	$G^2 + K G_p^2 + r K G_h^2/m + K G_m^2$
Hembras en machos	$m(n-1)$	$M_2$	$G^2 + K G_p^2 + r K G_h^2/n$
Repeticiones en hembras en machos	$mn(r-1)$	$M_3$	$G^2 + K G_p^2$
Dentro de parcela	$mnr(k-1)$	$M_4$	$G^2$
Total	$mnrk-1$		

En el análisis de varianza, los componentes de  $G^2_m$  y  $G^2_{h(m)}$  son los más importantes, ya que la varianza de machos ( $G^2_m$ ), nos expresa la varianza entre familias de medios hermanos, la cual, e-

quivalo a la covarianza de medios hermanos (COV (MH)) a partir de la cual, se estima la varianza Genética Aditiva ( $\sigma^2_A$ ).

La componente de varianza de hembras dentro de machos ( $\sigma^2_{h(m)}$ ), expresa la varianza entre familias de hermanos completos, equivalente a la covarianza entre hermanos completos (COV (HC)), menos la varianza de machos, por medio de la cual, nos da como resultado el cálculo de la Varianza Genética Dominante ( $\sigma^2_D$ ).

Las relaciones anteriores vienen de los cálculos siguientes:

$$\text{COV (MH)} = \frac{1+F}{4} \sigma^2_A$$

donde:

F = coeficiente de endogamia

$\sigma^2_A$  = Varianza Genética Aditiva

En el diseño se considera endogamia igual a cero, por lo tanto, la fórmula es como sigue:

$$\text{COV (MH)} = \frac{1}{4} \sigma^2_A \dots \dots \dots (1)$$

Del modelo genético se observa:

$$\text{COV (MH)} = \text{COV} (G_{ijk}, G_{ij'k})$$

donde:

$G_{ijk}$  ;  $G_{ij'k}$  son dos plantas

$$\text{COV (MH)} = E (M_i + H_{ij} + P_{ijk}) (M_i + H_{ij'} + P_{ij'k})$$

$$\text{COV (MH)} = E (M^2_i)$$

$$\text{COV (MH)} = G^2_m \dots \dots \dots (2)$$

Relacionando la ecuación (1) y (2), obtenemos  
la Varianza Aditiva:

$$G^2_A = 4 G^2_m \dots \dots \dots (3)$$

Para obtener la Varianza de Dominancia se siguen los siguientes razonamientos:

Del modelo genético se obtiene:

$$\text{COV (HC)} = \text{COV} (G_{ijk}, G_{ijk'})$$

donde:

$G_{ijk}$  ;  $G_{ijk'}$  son dos plantas.

$$\text{COV}(\text{HC}) = E (M_i + H_{ij} + P_{ijk}) (M_i + H_{ij} + P_{ijk})$$

$$\text{COV}(\text{HC}) = E (M_i^2) + E (H_{ij}^2)$$

$$\text{COV}(\text{HC}) = G^2_m + G^2_{h/m} \dots \dots \dots (4)$$

Para obtener la  $G^2_{h/m}$ , se utiliza la fórmula anterior:

$$\begin{aligned} G^2_{h/m} &= \text{COV}(\text{HC}) - G^2_m \\ &= \frac{1}{2} G^2_A + \frac{1}{4} G^2_D - \frac{1}{4} G^2_A \end{aligned}$$

si  $F = 0$

$$G^2_{h/m} = 1/4 G^2_A + 1/4 G^2_D \dots \dots \dots (5)$$

$$G^2_D = 4 (G^2_{h/m} - G^2_m) \dots \dots \dots (6)$$

La estimación de  $G^2_{h/m}$  y de  $G^2_m$ , se obtiene del análisis de varianza como sigue:

$$G^2_m = \frac{M_1 - M_2}{rh}$$

$$G^2_{h/m} = \frac{M_2 - M_3}{r}$$

La varianza dentro de parcelas ( $\sigma^2_w$ ) ( $M_4$ ) no se puede estimar si no se toman medidas individuales - en cada progenie ni tampoco la  $\sigma^2$  directamente ( $\sigma^2 =$  varianza del error). Sin embargo, Márquez (1975), en su trabajo para estimar varianzas, determinó que usando el número óptimo de plantas para representar a una variedad de maíz, la relación entre  $\sigma^2_w$  y  $\sigma^2$  es de 6 : 1 respectivamente.

Para el cálculo de la varianza genética ( $\sigma^2_G$ ) más la varianza de los factores ambientales se expresa como sigue:

$$\sigma^2_F = \sigma^2_G + \sigma^2_{WE} + \sigma^2$$

donde:

$$\sigma^2_F = \text{varianza fenotípica}$$

$$\sigma^2_{WE} = \text{varianza intra-parcelar.}$$

$$\sigma^2 = \text{varianza inter-parcelar.}$$

$$\sigma^2_F = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_w + \sigma^2.$$

A su vez, conociendo la varianza genética aditiva ( $G^2_A$ ) y la varianza Fenotípica ( $G^2_F$ ), se puede estimar el término de la heredabilidad ( $h^2$ ), en el sentido estrecho para el caracter en estudio.

$$h^2 = \frac{G^2_A}{2 F}$$

$$h^2 = \frac{4 m}{G^2_m + G^2_{h/m} + G^2_W + G^2}$$

#### 4.4. Obtencción y evaluación del material genético del diseño I.

El experimento se llevó a cabo durante tres ciclos agrícolas: 80, 80-81 y 81. De los cuales, los primeros ciclos se utilizaron para obtener las cruzas biparentales y el tercero para la evaluación de ellas.

En los ciclos 11 y 16 de la población Tuxpeño, se utilizaron 32 plantas como machos cruzadas con 5 plantas que actuaron como hembra, resultando 160 familias de hermanos completos y 32 familias de medios hermanos paternos. Para el ciclo 0 u original, única--

mente se alcanzó a recabar 28 plantas usadas como machos cruzadas con 5 plantas hembras dando un total de 140 familias de hermanos completos y 28 familias de medios hermanos paternos.

En el ciclo de verano de 1981, se realizó la evaluación del diseño I de Carolina del Norte, bajo el diseño de bloques incompletos, formado por 2 bloques, cada uno con 4 sets (un total de 8), sembrándose al azar, habiendo dentro de cada set los cruces de 4 machos por 5 hembras con dos repeticiones. Se tomaron los caracteres agronómicos de altura de planta y rendimiento de grano por parcela.

## 5.- RESULTADOS

El análisis de varianza general para rendimiento de grano y altura de planta para el ciclo original ( Co ), se muestra en el cuadro 2. En él se puede observar que existe diferencia altamente significativa para machos y para hembras dentro de machos.

En el cuadro 3, se muestra el análisis de varianza para el ciclo 11 donde se puede notar que existe diferencia altamente significativa hacia machos y hembras dentro de machos para los caracteres tomados, con excepción de hembras dentro de machos para rendimiento, en el cual, no hubo significancia.

En el siguiente cuadro, nos indica el análisis de varianza para el ciclo 16, en el cual, se aprecia diferencias altamente significativas para machos y hembras dentro de machos para rendimiento y altura de planta con excepción de hembras dentro de machos para rendimiento, que muestra únicamente significancia al 5%.

Del análisis de varianza para rendimiento y -

## cuadro 2

Análisis de varianza para rendimiento y altura de planta para el ciclo original (Co).

FV	gl	RENDIMIENTO		ALTURA DE PLANTA	
		SC	CM	SC	CM
Sets	6	3.8235	0.6373	7.3893	1.2316
Rep / sets	7	1.6726	0.2383	0.9305	0.1329
machos / sets	21	14.4207	0.6867**	8.5522	0.4072**
hembras / machos / sets	112	20.0081	0.1786**	4.4400	0.039**
Error	133	13.0429	0.0981	3.345	0.0252
Total	279	52.9678		24.657	

### cuadro 3

Analisis de varianza para rendimiento y altura de planta para el ciclo II.



ESCUELA DE AGRICULTURA  
BIBLIOTECA

F V	gl	RENDIMIENTO		ALTURA DE PLANTA	
		SC	CM	SC	CM
Sets	7	2.2511	0.3220	1.7098	0.1913
Rep/ sets	8	0.6670	0.0834	0.2683	0.0067
machos /sets	24	13.1620	0.5484**	9.070	0.3772**
hembras /machos /sets	128	27.3169	0.2134 N.S.	2.376	0.01856**
Error	152	30.5515	0.2010	1.1723	0.00771
Total	319	73.9484		14.5965	

## cuadro 4

Análisis de varianza para rendimiento y altura de planta  
para el ciclo 16

FV	gl	RENDIMIENTO		ALTURA DE PLANTA	
		SC	CM	SC	CM
Sets	7	3.6217	0.5174	2.3105	0.3301
Rep /sets	8	0.5036	0.063	0.5359	0.0670
machos /sets	24	2.4426	0.1018 **	3.7901	0.1579 **
hembras /machos /sets	128	6.2378	0.0487 *	4.4492	0.0348 **
Error	152	5.4100	0.0356	2.4768	0.0163
Total	319	18.2156		13.5625	

altura de planta para cada uno de los ciclos, se presenta un resumen de los cuadrados medios, junto con -- sus coeficientes de variación, en el cuadro 5 se aprecia dicho coeficiente, los cuales, son en general aceptables.

A partir del cuadro anterior, se procedió a -- calcular las estimaciones de varianza y heredabilidad' que se muestran en el cuadro 6, en donde también se -- presenta la media de los dos caracteres rendimiento de grano por parcela (Kg) y altura de planta (m).

Como una forma de representar la disminución de la varianza genética aditiva, en el cuadro 7, se aprecia que dichos valores, tomando 100% al ciclo original (Co), ya que éste es el que contiene una porción -- superior de este tipo de varianza, para así compararlos con los demás ciclos y observar que existe una disminución de hasta el 89.57% en rendimiento y 67.51% en altura de planta para el ciclo 16.

En la gráfica 2, se hace una comparación de -- varianza aditiva para rendimiento de grano, en el cual, muestra un decremento casi uniforme de dicha varianza

cuadro 5

Cuadrados medios y coeficientes de variacion del  
diseño I para los tres ciclos de  
seleccion de la variedad tuxpeño

F. V.	CUADRADOS MEDIOS						ESPERANZA DE C. M.
	TUX C <sub>0</sub>		TUX C <sub>11</sub>		TUX C <sub>16</sub>		
	RENDI MIENTO	ALTURA PLANTA	RENDI MIENTO	ALTURA PLANTA	RENDI MIENTO	ALTURA PLANTA	
MACHOS	0.6867	0.4072	0.5484	0.3272	0.1018	0.1579	$\sigma^2 + R \frac{\sigma^2}{h/m} + RH \sigma^2_M$
HEMBRAS MACHO	0.1786	0.0396	0.2134	0.21856	0.0487	0.0348	$\sigma^2 + R \frac{\sigma^2}{h/m}$
ERROR	<u>0.0981</u>	<u>0.0252</u>	<u>0.201</u>	<u>0.00771</u>	<u>0.0356</u>	<u>0.0163</u>	$\sigma^2$
C V (%)	<u>16.44</u>	<u>6.04</u>	<u>27.57</u>	<u>3.95</u>	<u>14.24</u>	<u>7.30</u>	

cuadro 6

Resumen de componentes de varianza, heredabilidad y media del caracter en los tres ciclos de seleccion de la variedad tuxpeño.

VARIANZA	C I C L O S					
	C <sub>0</sub>		C <sub>11</sub>		C <sub>16</sub>	
	RENDI MIENTO	ALTURA PLANTA	RENDI MIENTO	ALTURA PLANTA	RENDI MIENTO	ALTURA PLANTA
$\sigma_M^2$	0.051	0.037	0.034	0.036	0.005	0.012
$\sigma_{h_m}^2$	0.040	0.007	0.006	0.006	0.007	0.009
$\sigma_A^2$	0.203	0.147	0.134	0.144	0.021	0.049
$\sigma_D^2$	0.0	0.0	0.0	0.0	0.005	0.0
$\sigma_E^2$	0.098	0.025	0.201	0.008	0.036	0.016
$\sigma_{W^*}^2$	0.589	0.151	1.206	0.046	0.214	0.09
$\sigma_F^2$	0.778	0.220	1.447	0.095	0.261	0.136
H <sup>2</sup>	26,11	66.78	9.26	100.00	8.11	36.30
$\bar{X}$	1.90	2.62	1.63	2.21	1.32	1.74

\* ESTIMADA MULTIPLICANDO LA  $\sigma_E^2$  POR 6

## cuadro 7

varianzas aditivas para rendimiento y altura de planta en porcentaje en los ciclos 0, II y 16 de la — variedad tuxpeño.

CICLO	varianza aditiva en porcentaje	
	RENDIMIENTO	ALTURA DE PLANTA
C <sub>0</sub>	100.00	100.00
C <sub>II</sub>	65.94	97.62
C <sub>16</sub>	10.43	33.49

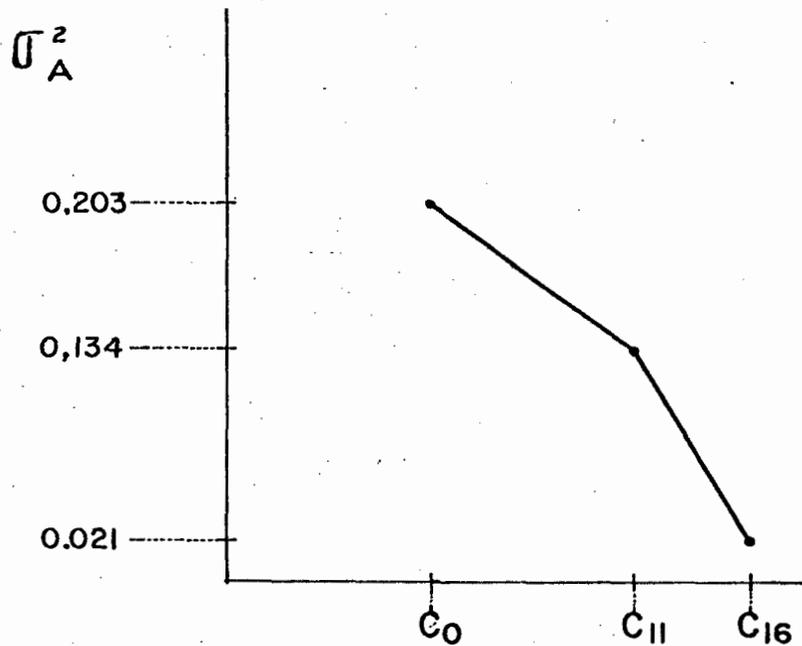
en los tres ciclos, observándose que del ciclo 11 al 16, ocurre una disminución un tanto más acentuada.

En la gráfica 3, se observa mediante la gráfica, el decremento de varianza aditiva para los tres ciclos en cuestión para el carácter de altura de planta, lo cual, se aprecia una disminución más drástica del ciclo 11 al ciclo 16 que del ciclo original (Co) al ciclo 11.

En la gráfica 4, se muestra el comportamiento de la varianza genética aditiva para diferentes grados de dominancia (tomada de Falconer, 1964).

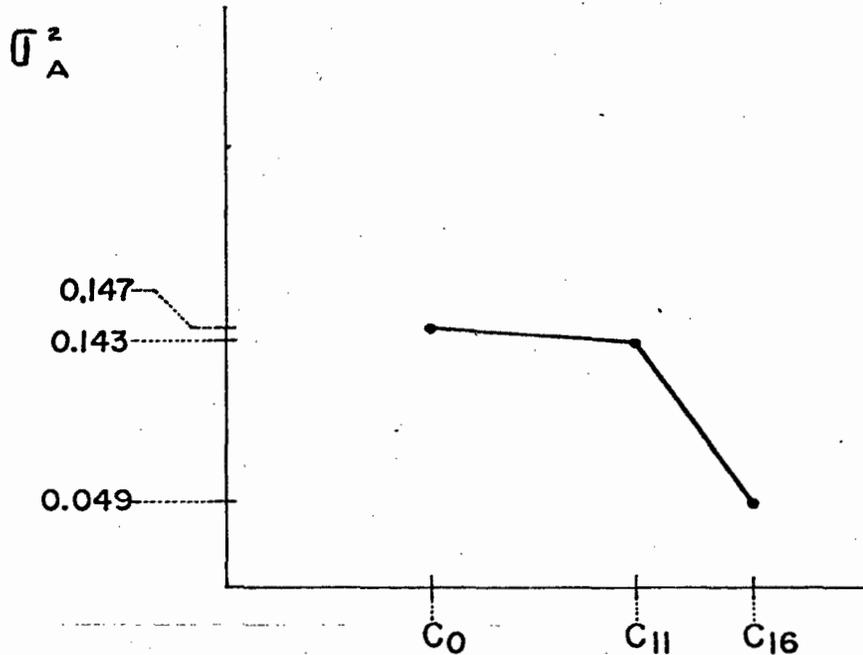
## GRAFICA 2

comparacion de varianza aditiva  
para rendimiento de grano, ciclos  
0, 11 y 16 de la variedad tuxpeño



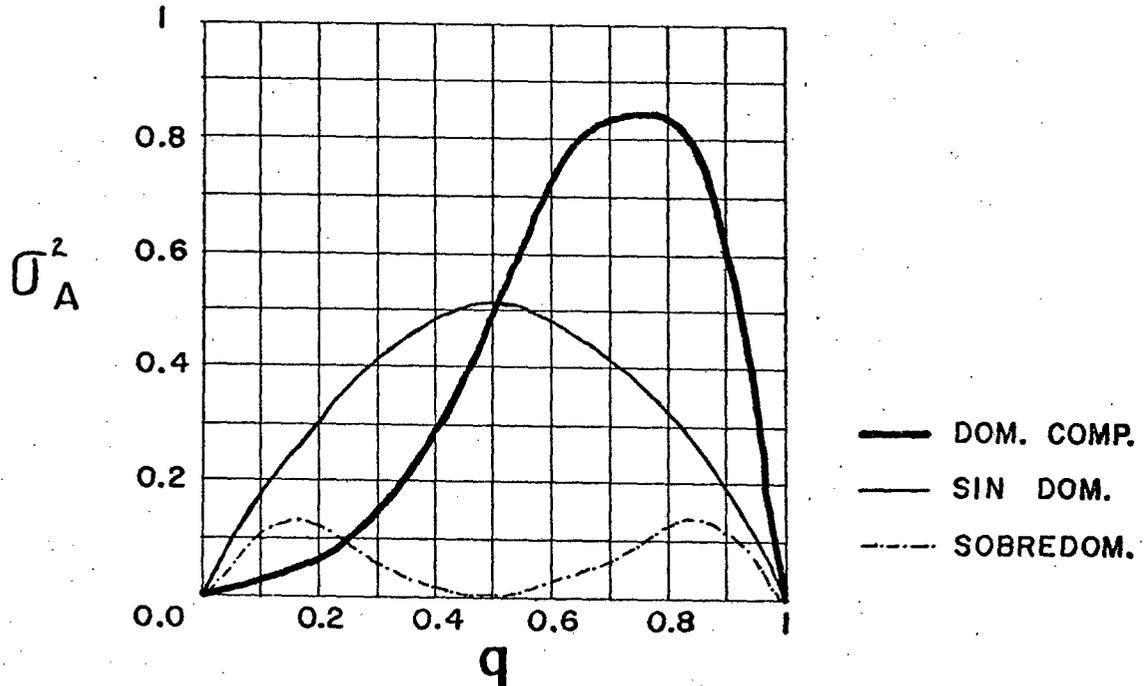
### GRAFICA 3

comparación de varianza aditiva  
para altura de planta, ciclos  
0, 11 y 16, de la variedad tuxpeño



# GRAFICA 4

Comportamiento: varianza  
aditiva para diferentes  
grados de dominancia.



## 6.- DISCUSION.

Como se puede observar en el cuadro 6, se estimó la varianza genética aditiva ( $G^2A$ ) para rendimiento y altura de planta en cada uno de los ciclos (0 11 y 16) en la variedad tuxpeño, se puede decir que -- fue eficiente en esta variedad el diseño I para detectar este tipo de varianza, también se estimó la varianza de dominancia, la cual, fue de cero en los tres ciclos y ambos caracteres con excepción de rendimiento en el ciclo 16 que fue de 0.005 (muy cercana a cero).

Para efectos de calcular la varianza fenotípica, se calculó la varianza dentro de parcelas ( $G^2W$ ) - multiplicando la varianza del error experimental o residual ( $G^2e$ ) por seis, basándose en las estimaciones de Márquez (1975) en donde encuentra una relación de  $G^2W : G^2e$  de seis a uno respectivamente.

Con relación a la hipótesis del trabajo, se puede observar en el cuadro 7 que efectivamente hubo una reducción en la varianza aditiva para ambos caracteres. En el caso de rendimiento de grano bajó a través de once ciclos un 34.06% y del 11 al 16 (cinco ci

culos) bajó más drásticamente, es decir, un 55.51 %.

En el caso de altura de planta, en los primeros once ciclos de selección, la varianza bajó casi en forma imperceptible en un 2.38 %, mientras que del 11 al 16 bajó con una tendencia más clara en un 64.13 %.

Sin embargo, en ninguno de los dos casos la varianza aditiva fue igual a cero, por lo cual, se rechaza la parte de la hipótesis en donde dice: "hasta - llegar a ser cero", (la varianza aditiva por efectos - de selección), pero se acepta la hipótesis en la parte que dice: "la varianza aditiva para los caracteres rendimiento de grano y altura de planta en la variedad -- tuxpeño, ha sido reducida por efectos de selección a - través de los ciclos 0, 11 y 16.

Por otra parte, si se observa la gráfica 2 y se compara con el comportamiento de la varianza aditiva expresada por Falconer (1978), en función de las -- frecuencias génicas (ver gráfica 4) se puede asumir -- que el comportamiento de la varianza aditiva para rendimiento está en el caso sin dominancia o aditividad.- El valor de la varianza de dominancia igual a cero apo

ya esta comparación y el hecho de que la varianza aditiva se haya reducido rápidamente a través de los ciclos de selección, hace pensar que la población inicial tenfa un valor de frecuencia génica  $p$  mayor a 0.5

En el caso de altura de planta, debido a que la varianza de dominancia es prácticamente cero, la varianza aditiva se convierte a la genotfpica, lo cual, - corresponde también al caso de sin dominancia o aditividad expresado por Falconer, y el que la reducción de la varianza aditiva haya sido menor al principio y mayor en los últimos 5 ciclos de selección, hace pensar' que la población inicial se encontraba en un valor de frecuencia génica para altura de planta cercano a  $p = 0.5$  y conforme fue aumentando de valor de  $p$  fue reduciendo lentamente la varianza aditiva.

Finalmente en el cuadro 6, se pueden observar las medias de rendimiento promedio por parcela y altura de planta en cada ciclo y se ve una reducción en ambas medias a través de los ciclos, es decir, que al bajar la altura de planta de la población, bajó también el promedio de rendimiento de grano por planta, lo - - cual, puede ser explicado en base a una correlación po

sitiva entre altura de planta y rendimiento, sin embargo, la selección visual que se efectuó en los 16 ciclos mejoró el fenotipo de las plantas y al bajar la altura de planta y el porcentaje de acame, los rendimientos de los ciclos 11 y 16 son mayores que el ciclo cero en base a kg/ha, ya que hay un mayor porcentaje de plantas con mazorcas y un mayor número de plantas por hectárea.



ESCUELA DE AGRICULTURA  
DE BELOSTICA

## 7.- CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

1. El diseño I de Carolina del Norte fue eficiente para estimar la varianza aditiva ( $G^2A$ ) para los caracteres de rendimiento de grano y altura de planta para cada uno de los ciclos (0,11 y 16) en la variedad tuxpeño.
2. Como lo prueban otros estudios, el diseño I no fue efectivo para detectar la varianza de dominancia -- ( $G^2D$ ), lo cual, puede ser debido a causas que explica Márquez y Hallauer (1970), muestra pequeña de la población y apareamiento no aleatorio.
3. Se sugiere repetir el experimento con una evaluación en varias localidades, con el fin de obtener resultados más satisfactorios en cuanto a tratar de estimar la varianza de dominancia y tomar mediciones intraparcela para poder estimar  $G^2W$ .
4. Al haberse reducido la varianza aditiva durante los ciclos de selección, se recomienda utilizar el ciclo 16 en programas de hibridación.

5. Se propone seguir trabajando con los diseños genéticos, ya que existen otros, en los cuales, se efectúe una comparación entre ellos, para dar una base a otros investigadores de cual es el más efectivo y práctico para detectar los componentes de varianza y así enriquecer los programas de mejoramiento en base a esas estimaciones.

## 8.- BIBLIOGRAFIA

AGUDELO L.C., F.MARQUEZ S. 1975.

Estimación de la heredabilidad por medio de regresión progenie-progenitor, usando componentes de varianza en una población de maíz, en tres densidades de siembra.

Agrociencia 21 : 91 - 100.

ALLARD R. W. 1967.

Principios de la mejora genética de las plantas. Traducción del inglés por J.L.Montoya.

Editorial OMEGA, Barcelona.

BRAUER H. O. 1969.

Fitogenética aplicada. Ed. LIMUSA. México.

BREWBAKER, J.L. 1967.

Genética Agrícola. Traducción del inglés por Dr. H. Sauza, Manuales UTEHA.

BUCIO A. L. 1969.

Interpretación de la varianza fenotípica cuando se consideran efectos genéticos, ambiente-

les e interacción genético-ambiental. Agro---  
ciencia 4 : 29 - 37.

CIMMYT. 1973.

Informe anual. El Batán, México.

COMSTOCK, R.E.; H.F. ROBINSON. 1948.

The components of genetic variance in popula-  
tions of biparental progenies and their use -  
in estimanting the average legree of dominan-  
ce. Biometrics 4 : 254 - 266.

COMSTOCK, R.E.; H.F. ROBINSON. 1951.

Consistency of estimates of variance compo---  
nents. Biometrics 7 : 75-82.

DE LA LOMA J.L. 1975.

Genética general y aplicada. Ed. UTEHA.  
Reimpresión. México.

ESTRADA M.A. 1977.

Selección masal y selección modificada por --  
surco en dos variedades de la raza Zapalote -  
Chico. Tesis de M.C., Colegio Superior de A--

gricultura Tropical, Cárdenas, Tabasco.

FALCONER D.S. 1975.

Introducción a la genética cuantitativa. Traducción del inglés por F. Márquez. Ed. CECSA.

INIA, SAG. 19751.

Gufa técnica para la asistencia técnica agrícola del campo experimental Costa de Jalisco. CIAB.

HALLAUER, ARNEL, R., J.B. MIRANDA. 1980.

Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press.

MARQUEZ S.F., R.A. HALLAUER. 1970.

Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of -- maize. I. grain yield. Crop. Sci. 10 : 357-361

MARQUEZ S.F.; MIRANDA J.B., BETANCOURT V.A. 1977.

Comparación entre la respuesta esperada y la respuesta observada a la selección masal en una variedad de maíz. Chapingo, Nueva Epoca -

Rb. 3 : 17 - 25.

MARQUEZ S.F. 1979.

Tamaño de familias de medios hermanos en la estimación de varianzas genéticas y en la selección de maíz. Fitotecnia 2 : 107 - 118.

ROBINSON H.F., R.E. COMSTOCK, P.H. HARVEY. 1955.

Genetics variances in open pollinated varieties of corn. Genetics 40 : 45 - 60.

ROBINSON H.F., C.C. COCKERHAM. 1965.

Estimación y significado de los parámetros genéticos. Traducción en español por Dr. Gutiérrez. Fitotecnia latinoamericana 2 : 23-38.

SECRETARIA DE PROGRAMACION Y PRESUPUESTO. 1980.

Síntesis Geográfica de Jalisco.

STUBER C.W. 1970.

Estimation of genetic variance using inbred relatives. Crop. Sci. 10 : 129 - 135.

VARGAS S.J. E. 1979.

Efecto de la selección masal en los parámetros

genéticos de la variedad de maíz Zac. 58 y --  
respuesta a diversos métodos de selección. Te  
sis para obtener el grado en Maestro en Cien-  
cias. Colegio de Postgraduados, Chapingo, Mé-  
xico.

WELLHAUSEN, E. J.; L.W. ROBERTS.; E.HERNANDEZ X., EN -  
COLABORACION CON P.C. MANGELSDORF. 1951.

Razas de maíz en México. Oficina de Estudios  
Especiales. SAG. Folleto técnico No. 5. Méxi-  
co.