

UNIVERSIDAD DE GUADALAJARA
CENTRO UNIVERSITARIO DE CIENCIAS
BIOLOGICAS Y AGROPECUARIAS
COORDINACION DE POSGRADO
DIVISION DE CIENCIAS AGRONOMICAS



**SELECCION DE POBLACIONES DE MAIZ (*Zea mays* L.) PARA AMBIENTES
DE TEMPORAL Y PROPUESTA DE UNA METODOLOGIA DE
HIBRIDACION INTERFAMILIAR DE HERMANOS COMPLETOS**

Florencio Recendiz Hurtado

TESIS

Presentada como requisito parcial
para obtener el grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS

EN

MANEJO DE AREAS DE TEMPORAL

Esta tesis fue realizada bajo la dirección del Comité Particular indicado, ha sido revisada y aprobada por el mismo como requisito parcial para la obtención del grado de :

**MAESTRO EN CIENCIAS
EN
MANEJO DE AREAS DE TEMPORAL**

COMITE PARTICULAR

Director: Dr. M. Abel García Vázquez.

Asesor: Dr. José Ron Parra.

Asesor: M.C. Salvador Mena Munguía

DEDICATORIA

A mis padres : Florencio y Angelina (finada)

A mis hermanos: Olivia
Arnulfo
José
Pedro
Ma. de Jesús
Ma. Luisa
Anatolio
Luis Alberto
Judith

A mi esposa Aurelia Luz

A mis hijos: Asís Jorge
Marco Alejandro
Luis Florencio



AGRADECIMIENTOS

A la Facultad de Agronomía, conformada hoy dentro del Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias como División de Ciencias Agronómicas de la Universidad de Guadalajara, por el apoyo económico recibido para la realización de éste trabajo, así como a su Director y amigo Ing. José Antonio Sandoval Madrigal.

A la Escuela de Graduados por los conocimientos que me ofrecieron durante la estancia para mi preparación.

Al Dr. M. Abel García Vázquez, al Dr. José Ron Parra y al M.C Salvador Mena Munguía por su dirección y constante apoyo en la realización del trabajo y en la aclaración de conceptos.

Al Dr. Fidel Márquez Sánchez, gran persona y amigo por su colaboración.

Agradezco a mi hermano de estudios y trabajo Javier Vásquez Navarro por su entrega desinteresada en la conformación de éste trabajo.

Al Ing. Juan Bojorquez, Ing. Adrián Gómez, M.C. Eduardo Rodríguez y a mis maestros y compañeros de Maestría por sus conocimientos y momentos compartidos.



ÍNDICE

BIBLIOTECA CENTRAL

1. INTRODUCCIÓN	3
2. OBJETIVOS	5
3. HIPÓTESIS	6
4. REVISIÓN DE LITERATURA	7
4.1 Introducción de germoplasma.	7
4.2 Selección	8
4.2.1 Bases teóricas.	9
4.3 Métodos de selección.	12
4.3.1 Selección familiar.	13
4.3.1.1 Selección de familias de Hermanos Completos (HC).	14
4.3.2 Selección Recíproca Recurrente (SRR)	18
4.4 Hibridación interfamiliar.	22
4.5 Respuesta a la selección.	25
4.5.1 Respuesta a la selección familiar	27
4.5.2 Respuesta a la Selección de familias de Hermanos Completos (RSHC)	31
4.5.3 Respuesta a la Selección en Selección Recíproca Recurrente cuando la unidad de evaluación son familias de Hermanos Completos y la unidad de recombinación son familias S ₁	31
5. MATERIALES Y MÉTODOS	34
5.1 Material Genético	34
5.1.1 Prueba de hipótesis.	36
5.2 Diseño experimental	36
5.3 Modelo estadístico	40
5.4 Variables medidas	40
5.5 Localización del experimento	42
5.6 Labores culturales	42
6. MÉTODO DE MEJORAMIENTO	43
6.1 Evaluación e introducción de poblaciones	43
6.2 Formación de híbridos interfamiliares de hermanos completos	43
6.3 Ganancia genética esperada	53

7. RESULTADOS	56
7.1 Análisis de varianza para rendimiento	56
7.2 Análisis de parámetros de estabilidad	61
7.3 Análisis de varianza para floración masculina	65
7.4 Análisis de varianza para floración femenina.	70
7.5 Análisis de varianza para altura de planta.	75
7.6 Análisis de varianza para acame de raíz y acame de tallo ...	80
8. DISCUSIÓN	81
8.1 Evaluación de poblaciones	81
8.2 Metodología propuesta	82
9. CONCLUSIONES	84
10. BIBLIOGRAFÍA	85

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1 Distribución de los valores fenotípicos de una población sujeta a selección. Márquez (1985)	11
Figura 2 Formas de obtener familias de H.C. Márquez (1985)	16
Figura 3 Selección de Hermanos Completos	17
Figura 4 Selección Recíproca Recurrente	19
Figura 5 Representación esquemática de (A) un subgrupo S seleccionado de un grupo básico de entidades y su proporción (B) en una distribución normal. Hallauer y Miranda 1987.	28
Figura 6 Esquema representativo del método de SRR con H. Hallauer y Miranda 1987.	33
Figura 7 Formación de H y sus mestizos	45
Figura 8 Esquema del método propuesto	51
Figura 9 Rendimiento de las variedades evaluadas, las Agujas municipio de Zapopan, Jalisco, 1989.	58
Figura 10 Días a floración masculina. Las agujas, municipio de Zapopán, Jalisco, 1989.	67
Figura 11 Días a floración femenina. Las Agujas, Municipio de Zapopán, Jalisco. 1989.	72
Figura 12 Altura de planta. Las Agujas, Municipio de Zapopán, Jalisco. 1989.	77

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 1 Análisis de varianza para familias evaluadas en bloques al azar. Hallauer y Miranda 1987.	38
Cuadro 2 Formulas para el análisis de varianza de t tratamientos organizados en un diseño de bloque completo de r bloque. Steel y Torrie 1980.	39
Cuadro 3 Esquemas de SRR y características generales. Hallauer y Miranda 1987.	47
Cuadro 4 Esquema de apareamiento entre familias seleccionadas de H Diseño II de Carolina del Norte	49
Cuadro 5 Resumen del método de mejoramiento propuesto	52
Cuadro 6 Análisis de varianza para la variable rendimiento. Las agujas, municipio de Zapopán, Jalisco. 1989.	57
Cuadro 7 Rendimientos ordenados decrecientemente, su media y significancia. Las Agujas municipio de Zapopan, Jalisco. 1989	60
Cuadro 8 Parámetros de estabilidad para rendimiento. CIMMYT 1989.	62
Cuadro 9 Rendimiento promedio (kgs/ha), de las variedades por región y medias generales de rendimiento, días a floración masculina y altura de planta. CIMMYT 1989.	64
Cuadro 10 Análisis de varianza para días a floración masculina . Las Agujas municipio de Zapopán, Jalisco 1989.	66
Cuadro 11 Separación de medias para días a floración masculina. Las Agujas Municipio de Zapopán, Jalisco. 1989.	69
Cuadro 12 Análisis de varianza para el carácter días a floración femenina. Las Agujas Municipio de Zapopán, Jalisco. 1989.	71
Cuadro 13 Separación de medias para días a floración femenina y su significancia estadística. Las agujas Municipio de Zapopán, Jalisco. 1989.	74

Cuadro 14 Análisis de varianza para la variable altura de planta. Las Agujas, municipio de Zapopán, Jalisco. 1989.	76
Cuadro 15 Comparación de medias para la variable altura de planta. Las Agujas, Municipio de Zapopán, Jalisco. 1989.	79



1. INTRODUCCIÓN

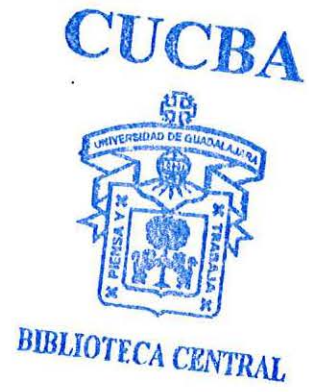
En la República Mexicana, al igual que en muchas partes del mundo, la situación climática es cada vez más incierta, sobre todo el régimen de lluvia, de tal forma que los pronósticos son cada vez más difíciles en cuanto a lo que se espera en el sector agrícola, dado que en el país no se cuenta con un tipo de agricultura avanzada, en el que se puedan controlar algunas de las variables que afectan fuertemente ésta actividad.

Para el caso de el Estado de Jalisco los fenómenos naturales no han tenido una uniformidad en su presentación durante los últimos años. Así el régimen de lluvias, varía considerablemente de una estación a otra, siendo éste el factor que más afecta en un determinado momento la producción de cultivos básicos y más específicamente a el maíz.

Por otro lado, la reducida extensión de tierra dedicada a este cultivo en zonas de riego y los bajos rendimientos que se obtienen en las zonas de temporal, aunados a los precios altos de la semilla, dan paso a la alternativa de variedades e híbridos de maíz que puedan ser obtenidas de una manera más rápida y que económicamente no signifiquen un desembolso fuerte para el agricultor, tal es el caso de variedades de maíz obtenidas por metodología no tradicionales como la hibridación interfamilial.

Este trabajo consta de dos partes siendo la primera una etapa de evaluación y la segunda propone aplicar la **hibridación entre familias de hermanos completos (H.C)**, a partir de materiales introducidos de amplia base genética aplicando **Selección Recíproca Recurrente (S.R.R.)** como metodología de mejoramiento genético, para obtener variedades e híbridos de maíz adaptados a las diferentes zonas subtropicales y temporaleras del Estado de Jalisco.

De esta forma podría solucionarse, en parte, un desembolso económicamente fuerte por parte de los productores de maíz al contar con variedades de bajo costo en la producción de semilla certificada.



2. OBJETIVOS

1. El principal objetivo de éste estudio es el de detectar variedades de maíz de polinización libre, con características de alto rendimiento, de ciclo intermedio, con adaptación a áreas de temporal, para que sirvan como base de programas de mejoramiento genético o sean utilizados por los agricultores de medianos y bajos recursos.

2. Como segundo objetivo, se propone la aplicación del método de mejoramiento de **Selección Recíproca Recurrente** usando como unidad de recombinación **familias de hermanos completos** y como unidad de evaluación familias de **medios hermanos (MH)** para la formación de **híbridos interfamiliares** entre los mejores hermanos completos derivados de cada población.

3. HIPÓTESIS

Las hipótesis bajo las cuales está basado el trabajo se numeran a continuación:

i) En la evaluación de materiales introducidos, es factible detectar aquellos que reúnan las características agronómicas deseables, para el subtrópico temporalero del Estado de Jalisco.

ii). Debido a la diversidad genética de materiales introducidos, cuando menos dos de ellos, servirán como base para un programa de mejoramiento genético, para la formación de híbridos entre familias de hermanos completos aplicando Selección Recíproca Recurrente (SRR).

4. REVISIÓN DE LITERATURA

4.1. Introducción de germoplasma.

Gracen (1986) menciona que el éxito en el mejoramiento de maíz, depende de la identificación y utilización de la variabilidad genética dentro del cultivo, y que el maíz tiene una naturaleza heterocigótica y heterogénea que no solo crece en muchos diferentes ambientes sino que es uno de los cultivos más productivos en cualquier ambiente.

De acuerdo a lo que éste autor señala, es importante tener en cuenta que la identificación de la variabilidad genética, es primordial en la selección de futuros materiales que serán básicos en programas de mejoramiento, por lo que esto tiene que ser considerado en cualquier introducción de nuevos materiales.

Allard (1967) menciona que la introducción de plantas se puede considerar como un método de mejora de plantas mediante el cual se puede a llegar a obtener variedades comerciales y que también mediante ésta forma se han obtenido infinidad de variedades de cultivos diferentes para ser comercializadas.

Jugenheimer (1981) señala que se necesitan poblaciones fuente de amplia base genética para cada zona geográfica. El objetivo principal es hacer más efectivo el uso de la parte aditiva de la varianza genética que existe en poblaciones varietales y en variedades sintéticas, antes de capitalizar los efectos de la dominancia y de la epistásis en combinaciones híbridas específicas.

Jugenheimer (1981) considera tres aspectos que maximizan el papel de las poblaciones fuente:

1. La conservación y el mejoramiento de los caracteres que contribuyen al valor adaptativo de las poblaciones.

2. La verificación de las poblaciones fuente respecto a cambios en valor adaptativo y heterosis.

3. La búsqueda de nuevos patrones heteróticos.

Por su parte **Hallauer y Miranda (1987)** señalan que en programas conducidos sobre mejoramiento de poblaciones con poblaciones exóticas y semiexóticas, han sido poco efectivos y señala también a otros autores que han utilizado la introducción de germoplasma exótico y semiexótico para varios objetivos como son: derivación de líneas, fuente de resistencia a insectos y enfermedades. Sugiere también que el germoplasma exótico debería ser incluido en poblaciones adaptadas o usadas directamente en un amplio rango de objetivos en programas de mejoramiento.

4.2 Selección

La selección puede ser definida como la forma de separar individuos, poblaciones, familias, etc., que tengan características deseables a los propósitos definidos.

Mettler y Gregg (1972) define que la selección es la transmisión desigual de genes a las sucesivas generaciones por genotípos diferentes.



Robles (1986) reconoce dos tipos de selección: la natural y la artificial, de tal forma que el proceso de selección natural o artificial fue el primer método para el mejoramiento de las especies sin conocer bases genéticas.

Márquez (1985) señala que cuando se hace selección en genotécnia vegetal, se aprovechan los efectos aditivos tanto intralocus como interloci para mejorar las poblaciones, y señala también que depende del método de selección a utilizarse para poder cuantificar la ganancia genética, y la respuesta a la selección.

Falconer (1977) señala que la selección sirve para cambiar las propiedades genéticas de las poblaciones y también que existen dos formas que el mejorador puede utilizar para cambiar dichas propiedades, éstas son : a través de la selección de los individuos que van a usarse como progenitores, y la segunda, la forma en que aparean dichos progenitores.

4.2.1 Bases teóricas.

Falconer (1977) señala que el efecto teórico de la selección es cambiar la frecuencia génica, y señala también que se debe a tres etapas principales: a través de la selección artificial entre los adultos de las generaciones; la segunda a través de las diferencias naturales de fertilidad y también entre los adultos de dicha generación; y la tercera a través de las diferencias naturales de viabilidad entre los individuos de la generación filial.

Lo que sucede a una población cada vez que se toma un individuo está explicado por las bases teóricas de la selección y están basadas en lo que se conoce como : **Presión de Selección (p)**, **Diferencial de selección (D)** y la **Respuesta a la Selección (R)**(**Márquez 1985**).

En donde :

p = porcentaje de individuos seleccionados y corresponden a éstos la porción de la población simbolizada, zona anchurada bajo la curva normal y el eje de abscisas (*f* en éste caso) ver la figura 1.

D = Desviación con respecto a μ_t de la media de individuos seleccionados μ_s .

R = Esta es la desviación con respecto a μ_t de la media de la progenie μ_H de los individuos seleccionados. Por la influencia de los efectos génicos no aditivos y del medio ambiente, generalmente $R < D$.

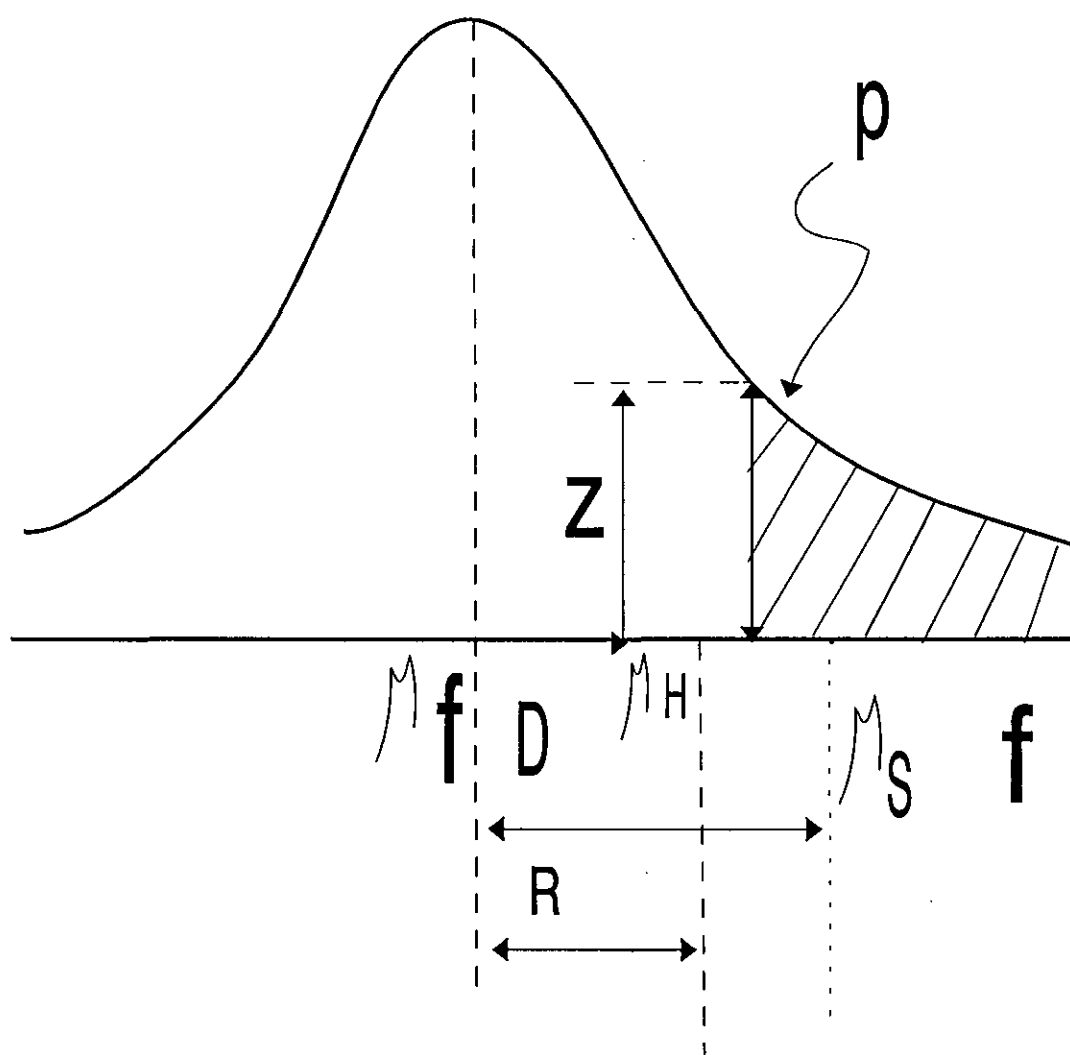
Frecuentemente la presión de selección se expresa como **intensidad de selección (i)**.

Por otra parte **Falconer (1977)** nos señala que las causas através de las cuales las propiedades genéticas de una población pueden ser cambiadas son las siguientes: tamaño de la población, diferencias de fertilidad y viabilidad, y sus sistemas de apareamiento.

Así mismo, cuando se rompen las características de una población en equilibrio **Hardy-Weinberg**, las propiedades de la población pueden ser cambiadas.

Precisamente, en ésta ley se basan los principios de la selección, ya que manipulando las frecuencias génicas y genotípicas, el tamaño de la población, diferencias de fertilidad y viabilidad y los sistemas de apareamiento, será más fácil efectuar cualquier cambio hacia la mejora de las poblaciones sometidas a mejoramiento genético.

Figura 1
Distribución de los valores fenotípicos de una población sujeta a selección.
Márquez (1985)



4.3. Métodos de selección.

Cuando se habla de un método de mejoramiento genético se entiende que éste es un conjunto de técnicas que se basan en la teoría general de uno de los sistemas de selección, y en ciertos supuestos teóricos particulares que lo diferencian de otros métodos dentro de dicho sistema.

Márquez (1985) hace un análisis de las diferentes desviaciones resultantes de los valores fenotípicos de los individuos pertenecientes a una población, de tal forma que tales grupos forman familias y tales individuos y familias dan origen a tipos de selección. Estos tipos de selección en forma resumida son los siguientes:

- Selección individual
- Selección entre familias (selección interfamiliar)
- Selección dentro de familias (Selección intrafamiliar)
- Selección entre y dentro de familias (Selección combinada)

Se puede considerar que éstos son los tipos de selección básicos, pero que de acuerdo a la forma de cruzamiento que se utilice se generan otros tipos de selección que se verán más adelante.

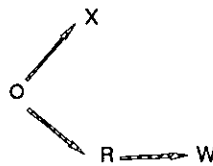
Se puede decir entonces, que la selección puede ser natural, artificial e interpoblacional o intrapoblacional antecediendo a las formas de selección antes mencionadas.

4.3.1. Selección familiar.

Este método conocido también como "selección mazorca por surco", fue puesto en uso en la Estación Experimental de Illinois en 1896 , **Sprague (1977)**. En su forma más simple, el método implica la selección de un número de mazorcas sobre las bases de un criterio de interés y subsecuentemente, la evaluación de los cruzamientos de las plantas generadas por dichas mazorcas con un probador de su progenie.

Este método ha dado buenos resultados para seleccionar alto contenido de aceite, selección para altura de planta y mazorca, días a floración, rendimiento de grano, etc.

Hallauer y Miranda (1987) señalan que el esquema general de la selección familiar, es como sigue: **O** representa plantas progenitoras en la población de referencia. **X** es la unidad de selección **R** es la unidad de recombinación, y **W** representa un individuo en la población mejorada que está genéticamente relacionada a **X** a través de **R** y **O**, esto se puede representar de la siguiente forma:



Normalmente las familias son evaluadas en cruzamientos para seleccionar las mejores bajo un diseño experimental que ayuda a detectar la variación existente entre ellas.

4.3.1.1. Selección de familias de Hermanos Completos (H).

Márquez (1985) señala que los H son la progenie del apareamiento entre dos individuos o cruza planta a planta. La semilla puede derivar de la semilla proveniente de un cruzamiento (el directo) o bien del cruzamiento recíproco, o la mezcla de ambas mazorcas.

Las familias de H se pueden obtener de dos formas. En una los cruzamientos se hacen entre pares de plantas no comprometidos con ninguna otra cruza o cruza planta a planta; en éste caso si hay un total de n plantas, habrá $1/2 n$ cruzas. En la otra se sigue la técnica de polinización llamada cruza en cadena, en la cuál una planta poliniza a otra, ésta poliniza a una tercera, ésta a una cuarta, etc. hasta que la última poliniza a la primera; en éste caso se tienen n cruza, tanto como plantas. Ver figura 2.

A continuación se señala la metodología según **Márquez (1985)**.

Este método consiste principalmente, en formar los H haciendo cruza directas y si es posible, las recíprocas, en el primer paso. Mezclar las mazorcas de la cruza directa y la recíproca.

En el segundo paso, evaluar los H generados, en 4 localidades con dos repeticiones en cada una de ellas, y seleccionar las mejores en base a los promedios de las localidades.

En el tercer paso, hacer un compuesto balanceado con las mejores familias seleccionadas (semilla remanente) sembrarlo y, generar nuevamente H para iniciar el siguiente ciclo de selección. Ver figura 3.

Lonquist (1965) reporta ganancias de 30, 14, y 20 % sobre la variedad Hays Golden utilizando éste método.

CUCBA



BIBLIOTECA CENTRAL

Figura 2
Formas de obtener familias de H.C. Márquez (1985)

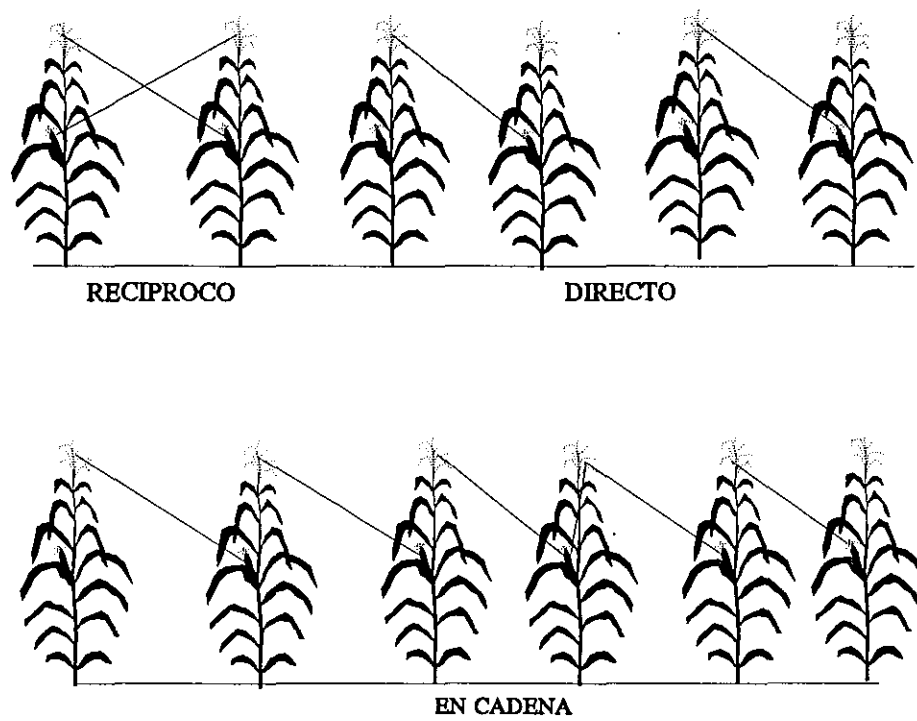
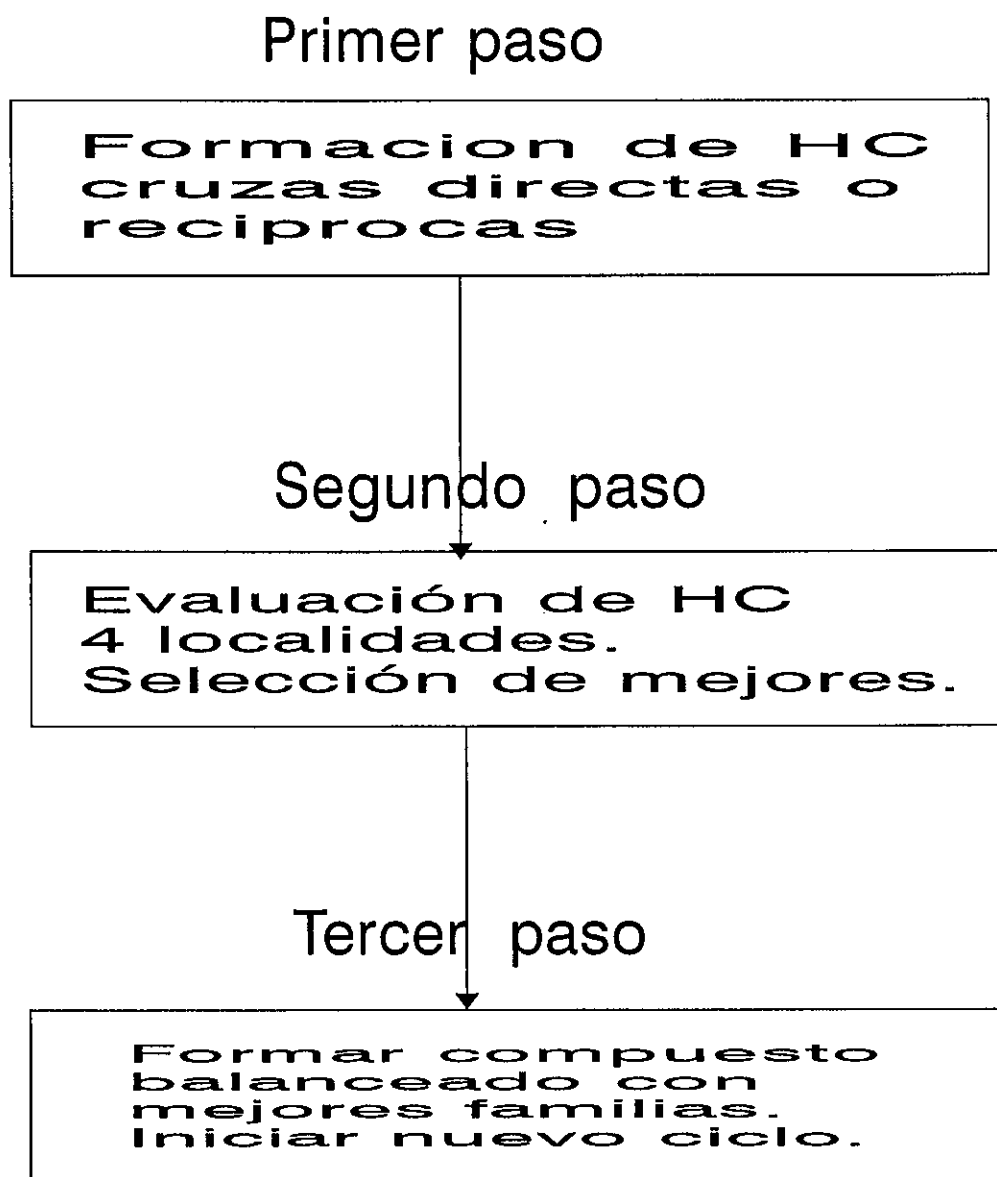


Figura 3
Selección de Hermanos Completos



Otros autores presentan resultados que fueron positivos en el uso de la selección de **H. Malkit (1986), Crossa y Gardner (1989), Sierra et al (1990) y Vallejo (1992)**.

4.3.2 Selección Recíproca Recurrente (SRR).

Comstock, Robinson y Harvey (1949) propusieron éste método de mejora genética, par dar un máximo uso a la aptitud combinatoria específica (ACE), y a la aptitud combinatoria general (ACG).

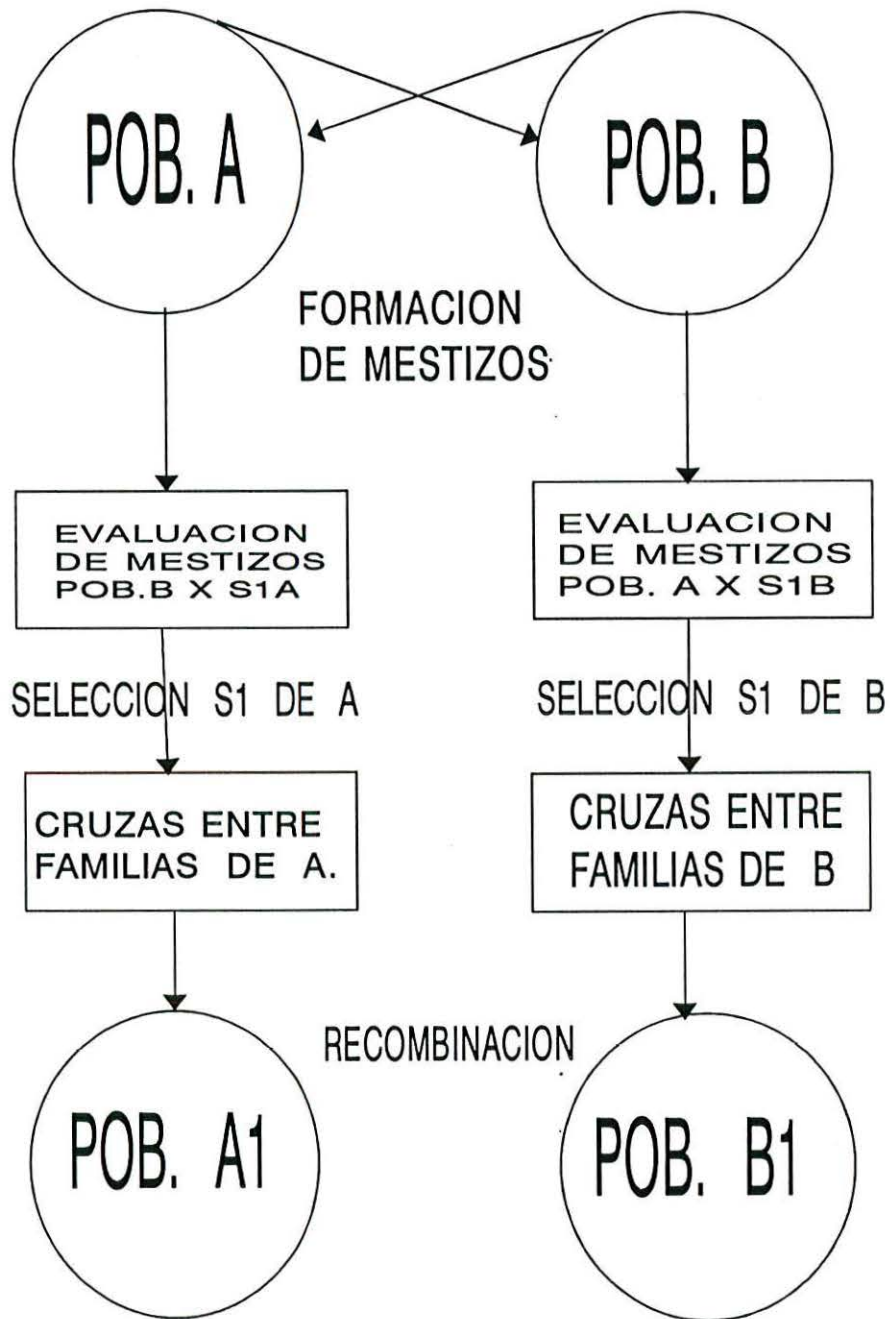
Básicamente la metodología consiste en lo siguiente:

Aprovechar dos poblaciones básicas (**A y B**). Las líneas S_1 derivadas de la población **A** (familias de auto hermanos), se prueban después de cruzarse con plantas de la población **B**,(formando familias de medios hermanos), las líneas S_1 derivadas de **B** se cruzan con la población **A** probándose también. Las líneas seleccionadas dentro de cada población después de la prueba de mestizos, se intercrucan entre sí para formar la población A_1 , con las líneas derivadas de **A**, y la población B_1 con las líneas derivadas de **B**. Ambas poblaciones así obtenidas serán las fuentes para seleccionar nuevas líneas y servirán como probadores en el siguiente ciclo de selección. Ver figura 4.

Los autores que propusieron el método, hicieron un estudio teórico comparativo entre éste y otros dos más: el de **Selección basada en la aptitud combinatoria general (SRACG)**, y la **selección recurrente para aptitud combinatoria específica (SRACE)**, métodos 1 y 2 respectivamente. El método 3, fue el de **selección recíproca recurrente (SRR)**.



Figura 4
Selección Recíproca Recurrente



Los métodos se compararon bajo las siguientes suposiciones:

- a) la no interacción de genes no alélicos (epistásis)
- b) no más de dos alelos por locus
- c) estado de equilibrio relativo a la distribución conjunta de genotipos en loci ligados.

Los autores hicieron la comparación de los límites de mejoramiento de los tres métodos, considerando tres situaciones específicas con respecto a la dominancia: si la dominancia es completa $a = 1.0$, si la dominancia es parcial, $a < 1.0$, y para la sobredominancia, $a > 1.0$. En este caso se consideró que a es una medida de dominancia involucrada en la acción de los alelos considerados **B** y **b**.

El valor de los genotipos posibles en un par de genes se simbolizó como sigue:

GENOTIPO	VALOR
BB	2u
Bb	u + au
bb	0

Las conclusiones del análisis efectuado de las comparaciones fueron las siguientes:

1. Cuando $a < 1.0$ el límite de mejoramiento es el mismo para los métodos 1 y 3, pero más bajo para el método 2. El valor $2u$ será alcanzado por éste último método solamente cuando **B** se encuentre presente en el probador y en el material de selección, mientras que puede ser alcanzable por los otros dos métodos, siempre que **B** esté presente en los dos materiales de selección, y el acontecimiento sea esperado más frecuentemente.

2. Cuando $a > 1.0$, el límite de mejoramiento será esencialmente el mismo para los métodos 2 y 3, pero mucho más bajo para el método 1.

3. Cuando $a = 1.0$, no habrá bajo ninguna circunstancia mucha diferencia entre los límites de los tres métodos. El método 1 será un poco menos eficiente si el probador utilizado fuera homocigótico para el alelo dominante en algún número considerable de loci. El método 2 sufriría por comparación , si la diversidad genética no fuera suficiente en el material usado.

Al hacer la comparación de las tasas de mejoramiento en todas las formas que se tomaron en cuenta llegaron a las conclusiones siguientes:

Bajo ninguna circunstancia la **SRR** sería ligeramente inferior al mejor de los otros dos. Sin embargo , sería definitivamente superior a la **SACG** para loci en los cuales hay sobredominancia, o si existiera una situación análoga a la sobredominancia debida al ligamiento; y sería definitivamente superior al método propuesto por Hull para loci en donde hay dominancia parcial.

Los autores concluyen al decir que, en vista de la realidad del ligamiento y la improbabilidad de genes parcialmente dominantes, es de menor importancia en situaciones genéticas reales, hay buena razón para creer que la **SRR** será en la práctica más efectiva que los otros métodos discutidos en el artículo.

Hallauer y Miranda (1987) indican que los esquemas diseñados para mejorar las cruas entre dos poblaciones, son conocidos como **SRR**, y que todos los procedimientos tienen un objetivo: el mejoramiento de las poblaciones por el cambio de las frecuencias génicas en una forma directa y complementaria tal que un amplio rango de tipos diferentes de acción de genes e interacciones puedan ser retenidos en la población cruzada.

Estos mismos autores citan a varios más que encontraron incrementos en rendimientos por ciclo que van desde 0.16 %, hasta 4.3 % mediante la aplicación de éste método de mejoramiento.

Morales, et al (1988) en un trabajo sobre respuesta a la **SRR**, señala que éste esquema ha sido efectivo para mejorar las poblaciones y seleccionar líneas sobresalientes.

Por su parte **Schnell**, citado por **Robinson y Moll (1964)**, ha opinado que la **SRR**, no fue concebida como un procedimiento para la obtención de materiales de uso inmediato en híbridos comerciales, sin embargo es evidente que puede usarse en tal forma y, que ésta posibilidad fue reconocida originalmente cuando se propuso el método.

4.4 Hibridación interfamiliar.

La metodología en forma general consiste primeramente en la formación de familias de cualquier tipo, derivadas de diferente origen, para posteriormente hacer cruzamientos y detectar las familias que mejor combinen en base a evaluaciones en diferentes localidades. Posteriormente se incrementan tanto las familias, así como los híbridos interfamiliares mejores.

Poey, Córdova y Velázquez (1970) describen ciertas premisas que fundamentan la alternativa para la formación de híbridos entre familias. Estas son las siguientes:

1. Existen efectos no aditivos para rendimiento aprovechables en las poblaciones ya mejoradas por Selección Recurrente.

2. La evaluación de familias per se es igual que la de mestizos previamente formados.

3. En el incremento de las familias los cambios que puedan darse de las frecuencias génicas y genotípicas, no alteran negativamente a la expresión rendimiento y otras características de interés.

4. Familias derivadas de poblaciones con buena Aptitud Combinatoria Especifica entre sí, expresarán igual o mejor Aptitud al cruzarse entre sí.

Sánchez y Nakahodo (1984), presentaron un trabajo en el que indican que: "El mejoramiento intrapoblacional generalmente aplicado en la formación de las variedades experimentales de polinización libre se fundamenta en el cruzamiento de medios hermanos que concentra efectos aditivos, seguido o alternado con el cruzamiento de hermanos completos, que concentra además, los efectos no aditivos en cada ciclo de recombinación".

Por lo que respecta al mejoramiento interpoblacional, éstos mismos autores, indican que: "el mejoramiento interpoblacional se viene practicando generalmente en la hibridación intervarietal de aplicación inmediata, como base de una selección recíproca recurrente o en la obtención de híbridos interfamiliares de hermanos completos para aprovechar la divergencia genética expresada en porcentajes aceptables de heterosis".

Señalan también que, la utilización de las mejores familias de hermanos completos dentro de una población, -en vía de desarrollo de una variedad experimental convencional- pueden generar híbridos familiares superiores. Esta alternativa no excluyente, permite ampliar las posibilidades de contar con variedades superiores en plazos relativamente más cortos, que son tan necesarios en los programas de escasos recursos.

En un trabajo efectuado por **Hallauer (1984)** sobre selección recíproca de hermanos completos (SRHC), reporta que los objetivos de la selección recurrente fueron satisfechos: la media de las progenies de H fue mejorada y la variabilidad genética fue mantenida para nueva selección.

Velázquez, Muñoz, et al (1983) realizaron un trabajo de hibridación interfamiliar en el cual la heterosis promedio para cruzas entre familias de diferente fuente resultó de 37 % y para cruzas de la misma fuente fue de 26 %. Se consideró promisorio el uso de las cruzas simples entre familias de hermanos completos, sin la consideración de los aspectos relacionados con la producción de semilla.

Por su parte **Velázquez, Poey y Córdova (1979)**, utilizando familias de H de diferente origen genético para formar híbridos, encontraron que hubo híbridos de H que fueron superiores en un 31 % y un 8 % en rendimiento con relación al promedio de las variedades experimentales y la mejor variedad de donde fueron seleccionados los progenitores respectivamente.

Sánchez y Nakahodo (1984) citan a Blount, Lonquist, y Harland, autores que han empleado y analizado la metodología de cruzas interfamiliares y han concluido que es una metodología práctica y con resultados favorables.

En el trabajo efectuado por los autores mencionados arriba, se dan una serie de conclusiones que hace pensar que realmente ésta metodología es una alternativa de mejoramiento genético del maíz.

4.5 Respuesta a la selección.

La definición de la respuesta a la selección es similar para varios autores, **Márquez (1985)**, **Falconer (1977)**, **Hallauer y Miranda (1987)**, quienes en forma general consideran la respuesta a la selección como la ganancia esperada al seleccionar los fenotipos sobresalientes, cambiando la media de la frecuencia genotípica de la población sometida a mejoramiento.

Por su parte **Mariotti (1986)** llega a la conclusión de que, si el carácter motivo de la selección es acentuada, la determinación genotípica de la expresión del fenotipo y si los efectos determinantes de dicha expresión son preponderantemente aditivos, la selección dirigida provocará un cambio en la media poblacional en la generación siguiente (G_1) a la generación de selección (G_0). Este cambio en la media poblacional que es consecuencia de la selección realizada se denomina respuesta a la selección.

Volviendo a **Hallauer y Miranda (1987)** señalan que, cuando se selecciona un fenotipo superior, por consecuencia se selecciona un genotipo superior, así de alguna manera fenotipo y genotipo están correlacionados con algún carácter, de otra manera la respuesta a la selección sería imposible.

Así mismo, nos señalan que el grado, en el que los valores genotípicos de padres superiores son transmitidos a su progenie dependen de la heredabilidad del carácter seleccionado.

Para entrar al cálculo de la respuesta a la selección es necesario considerar el esquema que se vio en el apartado dedicado a la selección familiar (4.3.1) en donde se indica que **O** representa plantas parientes en la población de referencia u original, **X** es la unidad de selección, **R** es la unidad de recombinación y **W**, representa a un individuo en la población mejorada

que está genéticamente relacionado a X a través de R y O .

A partir de éste esquema se hicieron los cálculos de la respuesta a la selección que se verán posteriormente.

Considerando, solo la relación lineal entre X y W para cada desviación unitaria en X , una respuesta de b_{wx} se espera en W , donde b_{wx} es el coeficiente de regresión lineal de W sobre X o $b_{wx} = \text{Cov}(W,X)/\sigma_x^2$.

El denominador σ_x^2 es la varianza fenotípica de unidad de selección. Denotando la media del grupo seleccionado por X_s , la desviación $(X_s - X)$ es conocida como **diferencial de selección** s .

Entonces la primera fórmula de la respuesta a la selección es la siguiente:

$$\Delta_{\bar{G}} = \frac{s \text{Cov}(W,X)}{\sigma_x^2}$$

El término $\text{Cov}(W,X)$ es un tipo de covarianza entre parientes; en algunos casos, éste puede ser expresado como una función lineal de los componentes de la varianza genética de la población de referencia.

El **diferencial de selección** s , es una medida de las diferencias entre la media de un subgrupo S conteniendo las unidades seleccionadas y la media de un grupo B conteniendo todas las unidades por lo que S está contenido en B . Ver figura 5.

Si las unidades de selección tienen una distribución normal aproximada, puede ser representada en términos de distribución de frecuencia (Ver figura 5), donde $p = S/B$. Si la selección es truncada. El diferencial de selección puede ser expresado en términos de desviación estándar fenotípica ($k = ds / \sigma_x$) y puede ser determinada directamente de las propiedades de la distribución normal, aunque el número de unidades de selección debe ser mayor de cincuenta.

Algunos métodos de mejoramiento involucran más que una unidad de selección, como por ejemplo en el caso de selección entre y dentro de familias. En tales casos hay una ganancia esperada para cada unidad de selección; las ganancias esperadas deberán ser sumadas para dar la ganancia total.

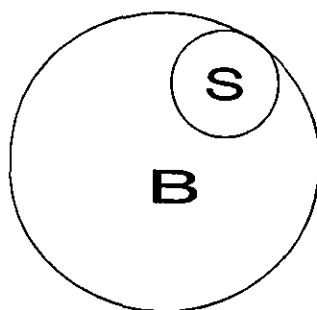
4.5.1 Respuesta a la selección familiar.

Cuando cambia la unidad de selección, entonces también las varianzas cambian, de ésta manera para calcular la respuesta a la selección familiar se explican las características de la selección de éste apartado y el calculo de las varianzas con su respuesta a la selección.

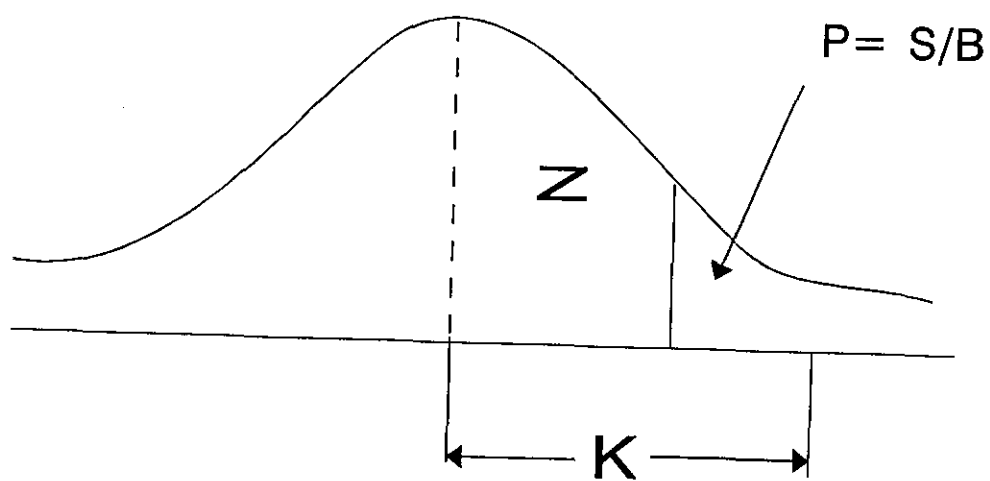
La característica importante de la selección familiar, es que la selección está basada sobre la media de la familia (unidad de selección) la cual es obtenida de ensayos repetidos usualmente conducidos sobre un grupo de ambientes. La media familiar, por lo tanto, se espera presente una varianza fenotípica más pequeña que las plantas individuales. También la interacción genético-ambiental tiene un efecto menos pronunciado sobre los resultados de selección, como puede ser visto en la expresión de varianza fenotípica presentada a continuación. (Hallauer y Miranda 1987).

Figura 5

Representación esquemática de (A) un subgrupo S seleccionado de un grupo básico de entidades y su proporción (B) en una distribución normal. Hallauer y Miranda 1987.



(A)



(B)

El modelo para un valor de familia es:

$$Y_{ijkz} = m + f_i + b_j + E_k + (fE)_{ik} + e_{ij} + S_{ijkz}$$

donde:

m = media

f_i = familias ($i = 1, 2, \dots, p$)

b_j = repeticiones/ambientes ($j = 1, 2, \dots, r$)

E_k = ambientes ($k = 1, 2, \dots, e$)

e_{ij} = error experimental asociado con las parcelas en j 's repeticiones, y

S_{ijkz} = plantas/parcelas ($z = 1, 2, \dots, n$)

Las varianzas fenotípicas entre medias de familias son :

$$\sigma_p^2 = \sigma_f^2 + \frac{\sigma^2}{r} + \frac{\sigma_w^2}{nr}$$

para un ambiente, y

$$\sigma_p^2 = \sigma_f^2 + \frac{\sigma_{fE}^2}{e} + \frac{\sigma_w^2}{ern}$$

para más de un ambiente.

Donde:

$$\sigma_f^2$$

Es la varianza genética entre medias de familias para un ambiente.

$$\sigma_{f'}^2$$

Es la varianza genética entre media de familias para más de un ambiente.

$$\sigma_{fE}^2$$

Es la varianza de interacción familias por ambientes.

$$\sigma^2$$

Es la varianza ambiental parcela a parcela (varianza del error) y,

$$\sigma_w^2$$

Es la varianza fenotípica dentro de familias.

En cualquier caso la respuesta esperada de la selección es:

$$\Delta_{\bar{G}} = \frac{kc\sigma_A^2}{\sigma_{\bar{P}}} (1+B_i)$$

En donde:

B_i = una desviación de la varianza genética aditiva y

c = coeficiente de transformación de covarianza entre parientes en componentes de varianza genética.

Los demás términos ya fueron definidos en las anteriores ecuaciones de respuesta a la selección.

4.5.2 Respuesta a la Selección de familias de Hermanos Completos (RSHC).

Según Hallauer y Miranda (1987) bajo éste esquema las unidades de selección **X**, son familias de Hermanos completos evaluados en ensayos repetidos, siendo la semilla remanente de éstos HC la que se usa para recombinar las mejores familias. Si se considera un solo sexo la respuesta a la selección para éste método sería:

$$\Delta_{\bar{G}} = \frac{k \left(\frac{1}{4} \right) \sigma_A^2}{\sigma_{FS}}$$

Donde:

$$\sigma_{FS}$$

es la raíz cuadrada de la varianza fenotípica entre las medias de HC.

Los demás términos han sido descritos anteriormente.

En caso de que se controlaran ambos sexos el 1/4 de la fórmula cambia a 1/2.

4.5.3 Respuesta a la Selección en Selección Recíproca Recurrente cuando la unidad de evaluación son familias de Hermanos Completos y la unidad de recombinación son familias **S₁**.

Por lo que respecta a este tipo de selección Hallauer y Miranda (1981), nos señala que ésta metodología tiene como principal objetivo el mejoramiento de las poblaciones que generan las familias de **HC**.

El esquema general de ésta metodología se puede observar en la figura 6.

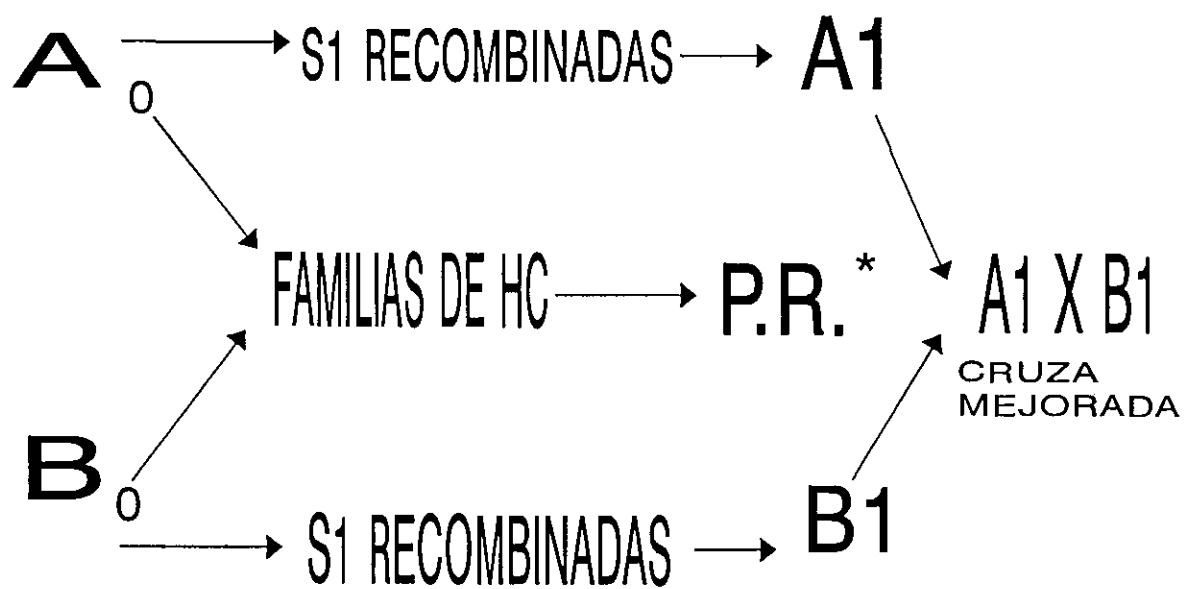
En este caso, como ya se vio en la respuesta a la selección general, se tienen que sumar los efectos de la varianza aditiva, cuando las familias derivadas no provienen de una sola población. Así, en éste tipo de selección, se suma el efecto de cada una de las varianzas aditivas de los promedios de las familias seleccionadas de las poblaciones diferentes. De tal forma que la respuesta a la selección esperada para éste método es la siguiente:

$$\Delta_{\bar{G}} = \frac{k(1/4)(\sigma_{A_{12}}^2 + \sigma_{A_{21}}^2)}{\sigma_F}$$

Esta respuesta es para la población que resulta de la mezcla de las mejores familias de HC seleccionados, ya que si observamos la ecuación anterior, ésta contempla la suma de la varianza genética aditiva entre las familias de HC derivados de cada una de las poblaciones.

Figura 6

Esquema representativo del método de SRR con HC. Hallauer y Miranda 1987.



* PRUEBA DE RENDIMIENTO

5. MATERIALES Y MÉTODOS

5.1 Material Genético.

Los materiales genéticos usados fueron 15 variedades experimentales proporcionados por el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo, pertenecientes a los ensayos internacionales EVT'S 16B de 1989 y como testigos dos variedades comerciales.

Estos materiales tienen una gran diversidad genética y son la fuente de selección. A continuación se presenta una lista de dichos materiales con el número de entrada correspondiente.

- | | |
|----------------------------|--------------------------|
| 3. Dholi (1) 8644. | 15. Tlaltizapán 8244 RE. |
| 1. Miacatlán 8742. | 4. Dholi (2) 8644. |
| 8. Tlaltizapán (1) 8644 HT | 9. Across 8644. |
| 12. Miacatlán 8792. | 17. TB 1059 (testigo). |
| 2. Tlaltizapán 8742. | 16. TB 7201 (testigo). |
| 6. Kaniameshi (1) 8644. | 14. Across 7734 RE. |
| 13. Tlaltizapán 8792. | 7. Tlaltizapán 8644 |
| 10. Miacatlán 8791. | 5. Kaniameshi 8644 |
| 11. Tlaltizapán 8791 | |

Cabe señalar que el nombre de la variedad es primeramente el lugar que pidió se hiciera la recombinación de mejores H C evaluados en ese lugar, dando origen al nombre. Los dos primeros dígitos nos indican el año en que se efectuó la evaluación y los últimos dos, la población de la cual fueron formados los H C.

A continuación se describen el origen y las características principales de las poblaciones de las cuales fueron derivadas las variedades evaluadas (CIMMYT 1982).

Población 34 Blanco Subtropical. Para áreas subtropicales; de amplia base genética, que incluye germoplasma de cristalinos cubanos, ETO, Tuxpeño, dentado de la faja maicera y materiales de India y Nepal. Madurez tardía, grano semidentado, plantas relativamente altas ; alto potencial de rendimiento demostrado en Pakistán y partes de India, Sur de Brasil y regiones Subtropicales de México.

Población 42 ETO Illinois. Generación avanzada de ETO seleccionado con respecto a planta baja con materiales de Illinois. Segrega para resistencia (genes mayores) a *Puccinia polysora* y *H. turcicum*. Las áreas de adaptación son de subtropicales a más frescas.

Población 44 AED Tuxpeño. Generación avanzada del maíz American Early Dent (de Egipto) con material de tuxpeño planta baja. Tiene grano blanco dentado. Es un tanto alto y tardío. Más bien susceptible a las enfermedades foliares, pudrición de la mazorca, etc. pero, bajo condiciones favorables tiene una alta capacidad de rendimiento.

Las siguientes dos poblaciones fueron descritas en 1991 por CIMMYT.

Población 91 (Templado blanco Cristalino). Maíz subtropical de madurez precoz y grano blanco cristalino. Compuesto de materiales procedentes de China, Estados Unidos, Líbano, Pakistán y diversos países europeos. Posee un buen potencial de rendimiento. Se le mejora para obtener tolerancia a la alta densidad y para resistencia a *H. turcicum*, así como al acame de raíz y tallo.

Población 92 (Blanco dentado). Maíz subtropical de madurez precoz y grano blanco dentado. Está constituido por cruces entre materiales blancos cristalinos procedentes de Pakistán y por materiales amarillos cristalinos dentados provenientes de China, México, Guatemala y la faja maicera de Estados Unidos. Posee un buen potencial de rendimiento. Se le mejora para obtener tolerancia a la alta densidad y resistencia a *H. turcicum*, así como al acame de raíz y tallo.

5.1.1 Prueba de hipótesis.

La hipótesis estadística planteada para probar las diferencias que pudieran existir entre los diferentes materiales genéticos utilizados es la siguiente:

$$H_0 : M_1 = M_2 = \dots = M_{17} = 0$$

H_a : por lo menos una es diferente.

La significancia de la variación entre los genotipos, y las repeticiones, se midió utilizando la prueba de F con un nivel de probabilidad del 0.05 %. Para la separación de medias se utilizó la prueba de Tukey para todas las características analizadas.

5.2 Diseño experimental.

El diseño experimental utilizado para la evaluación y selección de las mejores variedades, fue un bloques al azar con 4 repeticiones, cuatro surcos por material y surcos de 5 metros de largo, por 0.75 cms. entre surco y surco. La parcela útil , fueron los dos surcos centrales con un área de 7.5 mts².

Cabe señalar que se incluye un análisis de parámetros de estabilidad de éstas variedades analizado por el **Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT)**, que indican su comportamiento a través de localidades en varias regiones del mundo incluyéndose el experimento sembrado para la realización de éste trabajo.

En el Cuadro 1 se presenta el Análisis de varianza para familias evaluadas en bloques al azar según Hallauer y Miranda 1987 y en el cuadro 2 se presenta las fórmulas para el análisis de varianza de un diseño de bloques completos al azar según Steel y Torrie 1980.

Cuadro 1

Análisis de varianza para familias evaluadas en bloques al azar. Hallauer y Miranda 1987.

	G.L	C.M.	C.M.E.
Repeticiones	r-1		
Familias	p-1	M_1	$\sigma_f^2 + n\sigma^2 + nr\sigma_i^2$
Error	(r-1)(p-1)	M_2	$\sigma_w^2 + n\sigma^2$
Dentro de familias.	pr(n-1)	M_3	σ_w^2

Cuadro 2

Formulas para el análisis de varianza de t tratamientos organizados en un diseño de bloque completo de r bloque. Steel y Torrie 1980.

Fuente de V.	G. L.	Sumas de cuadrados	
		Definición	Operación
Bloques	r-1	$t \sum_j (Y_{.j} - Y_{..})^2$	$\frac{\sum_j Y^2_{.j}}{t} - C$
Tratamientos	t-1	$r \sum_j (Y_{i.} - Y_{..})^2$	$\frac{\sum_i Y^2_{i.}}{r} - C$
Error	(r-1)(t-1)	$\sum_j (Y_{ij} - Y_{.j} - Y_{i.} + Y_{..})^2$	sc(tot)-sc(trat.)- sc(error)
Total	rt-1	$\sum_{i,j} (Y_{ij} - Y_{..})^2$	$\sum_{i,j} Y^2_{ij} - C$

5.3 Modelo estadístico.

El modelo estadístico es una forma matemática de representar un fenómeno y entre más completo sea, el fenómeno quedará más explicado. Para este caso, el modelo utilizado es de forma lineal, y contempla diferentes efectos.

El diseño experimental utilizado, fue un bloques completos al azar cuyo modelo estadístico es según **Cochran y Cox (1978)**, el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + t_i + R_j + E_{ijk} \quad \text{donde:}$$

μ = media general

t_i = efecto de población

R_j = efecto de repeticiones

E_{ijk} = error experimental

para este experimento

$i = 1, \dots, 17$ poblaciones

$j = 1, \dots, 4$ repeticiones

$k = 1$ ambiente

5.4 Variables medidas.

Las variables tomadas en cuenta para detectar la diferencia entre los tratamientos dentro del experimento, fueron las siguientes:

1. Rendimiento de grano. Peso del grano cosechado en la parcela útil en cada repetición, ajustado al 15 % de humedad y llevado a Kg/ha.

2. Días a floración masculina y femenina. Estas fueron tomadas cuando el 50 % de las plantas, se encontraban al 50 % de floración.

3. Número de plantas totales. Se contó dentro de cada parcela útil, el número total de plantas.

4. Número total de mazorcas de cada unidad experimental.

5. Porcentaje de acame de tallo y raíz. Se contaron las plantas con cada tipo de acame y se relacionó al total de plantas para calcular su porcentaje. El acame de tallo se consideró como aquellas plantas que estuvieron dobladas o quebradas por abajo de la mazorca, mientras que el acame de raíz, se consideró a aquellas plantas que tenían una inclinación igual o mayor a los 45° sobre el eje vertical.

6. Altura de planta y mazorca. Se midieron las alturas de 5 plantas por cada parcela y se utilizó el promedio para su análisis.

La altura de planta se tomó a partir de la base del suelo hasta la base de la espiga. La altura de mazorca se tomó de la base del suelo hasta el nudo donde nace la mazorca.

7. Porcentaje de mazorcas podridas. Las mazorcas podridas, se consideró aquellas que tuvieron un 5 % o más de pudrición ya sea en forma conjunta o distribuida en toda la mazorca.

5.5 Localización del experimento.

El ensayo se sembró, en El Campo Experimental de las " Agujas " perteneciente a la entonces Facultad de Agronomía de la Universidad de Guadalajara en el municipio de Zapopan, Jal., ubicado a 20° 41' de latitud Norte y 105° 43' de longitud Oeste , y una altitud de 1,600 mts.

Los suelos predominantes son de textura arenosa, con bajo porcentaje de materia orgánica (1-2 %) y un pH de entre 4 a 5.5.

5.6 Labores culturales.

La preparación del suelo constó de un barbecho y tres pasos de rastra; posteriormente se surcó para sembrar cuando hubiera suficiente humedad en el suelo. En esta ocasión se aplicó todo el fósforo (80 unidades) y la mitad del nitrógeno (80 unidades), más 20 kg/ha. de insecticida para el suelo.

La fecha de siembra fue el día 1 de julio de 1989. Se sembró en forma manual poniendo tres semillas por golpe y posteriormente se aclaró para tener una planta cada 25 cm. aproximadamente y un total de 20 plantas por surco de 5 mts. La fecha de cosecha fue en diciembre 12 de 1989.

A los 30 días después de la siembra se escardó previa fertilización (80 unidades de nitrógeno).

A los 40 días después de la siembra se hizo una aplicación para el gusano cogollero con Nuvacron aplicando 1 lt./ha.

El cultivo no tuvo ataques considerables de plagas de ningún tipo.

6. MÉTODO DE MEJORAMIENTO

La metodología que se propone para el mejoramiento de las variedades y el desarrollo de híbridos interfamiliares consta de dos partes la **evaluación e introducción de poblaciones y la formación de híbridos interfamiliares de hermanos Completos.**

6.1 Evaluación e introducción de poblaciones .

Se inicia el trabajo mediante la evaluación e introducción de materiales cuyas características principales son las siguientes: que sean de diferente origen genético, con variación genética dentro de ellas y que tengan características deseables de acuerdo a los objetivos perseguidos.

Evaluación de la Aptitud Combinatoria de las poblaciones, mediante dialélicos de Griffin método 2, que incluye las cruzas directas posibles poblaciones y las poblaciones progenitoras.

Para éste caso se pueden aprovechar los estudios de heterósis efectuados por el CIMMYT para definir los grupos heteróticos A y B.

6.2 Formación de híbridos interfamiliares de hermanos completos.

Formación de Hermanos Completos (200 familias) en las mejores poblaciones seleccionadas clasificadas como A y B, cruzando pares de plantas en forma recíproca dentro de cada población.

A diferencia del método tradicional de hibridación en donde se utilizan líneas S_3 a S_5 para formar los híbridos, en este trabajo se forman los híbridos con familias de hermanos completos por la mayor facilidad de manejo en campo, ya que las líneas con mayor endogamia son más difíciles de manejar, así mismo, el costo es mayor y probablemente tengan una mayor interacción ambiental por la constitución genética de las líneas. Por otra parte, el trabajar con líneas (S_5), representa mucho mayor tiempo para su obtención y, para éste caso, agravaría los problemas de producción y costo.

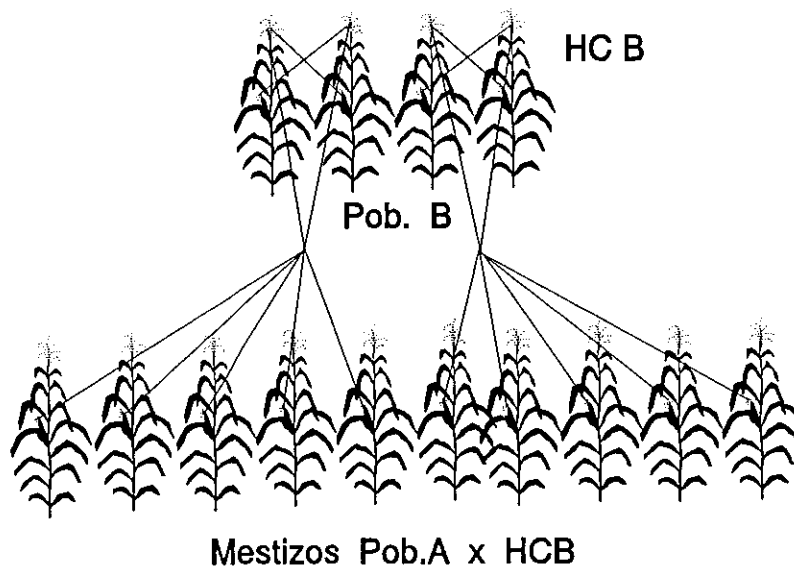
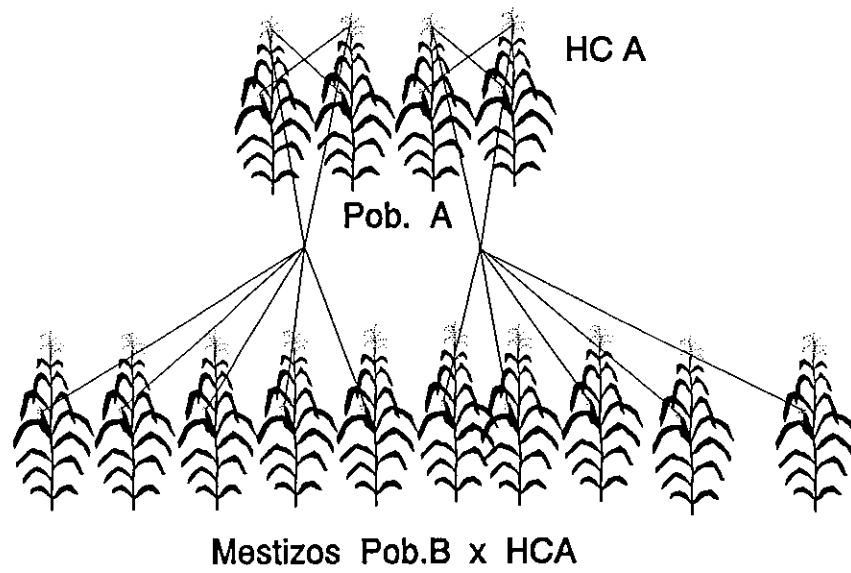
Mezclar el polen de las plantas que se cruzan para formar un HC de A y polinizar cinco plantas de la población B para formar mestizos de medios hermanos y viceversa. En la figura 7 se puede observar la forma gráfica de éste procedimiento.

En la cosecha se mezcla la semilla que resulte de las cruzas recíprocas efectuadas para la formación de HC dentro de cada población, por separado se desgranar, previamente identificadas, las cruzas realizadas entre las plantas de cada población que dieron origen a los mestizos.

Se evalúan los mestizos de medios hermanos obtenidos en el paso anterior en un diseño látice, y al mismo tiempo en lote aparte se siembran los HC de cada población con la semilla mezclada de las cruzas recíprocas, en surcos de 5 mts. para incrementarse por cruzas fraternales ya que éstas familias serán utilizadas para la formación de los híbridos interfamiliares, además de ser la unidad de recombinación para formar las siguientes poblaciones mejoradas A y B.

Los hermanos completos se evalúan para seleccionar los mejores en cada población y se recombinan y forman dos poblaciones nuevas de donde se inicia un nuevo ciclo de selección. Este paso es opcional dado que no es el principal objetivo del método propuesto.

Figura 7
Formación de HC y sus mestizos



La ganancia genética esperada a la selección de éstas poblaciones por separado será la intensidad de selección por $1/2$ de la varianza aditiva, entre la desviación estandar fenotípica de la media entre familias de hermanos completos.

La evaluación de los mestizos debe hacerse en un mínimo de 3 localidades representativas de la distribución y cantidad de lluvia en áreas de temporal del Estado de Jalisco.

En base a la evaluación de los mestizos se selecciona el 10 % de los mejores HC tomando semilla remanente para cada población. Se recombinan dichos HC dando origen a dos nuevas poblaciones A_1 y B_1 . Estas nuevas poblaciones servirán para iniciar un nuevo ciclo de mejoramiento.

Este método tiene como unidad de evaluación el mestizo de medios hermanos y como unidad de recombinación a los HC, siendo esto una modificación al método de selección recíproca recurrente original propuesto por Comstock, Robinson y Harvey (1949), y diferente a los presentados por Hallauer y Miranda (1987), Ver Cuadro 3.

Al pie del Cuadro 3 aparecen los autores que propusieron los diferentes esquemas de SRR citados por Hallauer y Miranda (1987) y se adaptó para sumar el esquema que se propone en éste trabajo.

Cuadro 3

Esquemas de SRR y características generales. Hallauer y Miranda 1987.

ESQUEMAS	UNIDAD DE SELECCIÓN	UNIDAD DE RECOMBINACIÓN	POBLACIONES MEJORADAS A ₁ Y B ₁
1. MEDIOS HERMANOS SRR	MH Y HC	FAMILIAS S ₁	PROGENIES DE S ₁ X S ₁
2. HERMANOS COMPLETOS SRR	HC	FAMILIAS S ₁	PROGENIES DE S ₁ X S ₁
3. MEDIOS HERMANOS MODIFICADOS SRR-1	MH	FAMILIAS DE MH	MEDIOS HERMANOS RECOMBINADOS
4. MEDIOS HERMANOS MODIFICADOS SRR-2	MH	FAMILIAS DE MH	MEDIOS HERMANOS RECOMBINADOS
5. HERMANOS COMPLETOS MODIFICADOS SRR-3	MH	FAMILIAS DE HC	HERMANOS COMPLETOS RECOMBINADOS

Esquema 1: Comstock et al. (1949); esquema 2: Hallauer y Eberhart (1970); esquemas 3 y 4 :Paterniani (1967 y 1973); esquema 5: Método propuesto.

Los mejores HC evaluados a través de sus mestizos se cruzan para formar los híbridos interfamiliares AxB mediante el Diseño II de Carolina del Norte de (Comstock y Robinson 1952) modificado.

Se propone hacer los cruzamientos posibles entre un grupo de HC de una población (A) como machos (m) y otro grupo de HC de la otra población (B) como hembras (h); se tienen pues mh cruzamientos. Cada apareamiento produce un híbrido interfamiliar simple AxB. Ver el Cuadro 4.

Según Hallauer y Miranda (1987) éste diseño permite estimar el parámetro de heterosis ($h_{jj'}$) independientemente y subdividirlo en valores de heterosis promedio (h), la contribución promedio de cada progenitor en todas sus cruzas (h, $h_{j'}$), todo lo cual permite determinar los factores de importancia en la heterosis de cruzas como sería en éste caso. La subdivisión del efecto heterótico responde a la siguiente expresión:

$$h_{jj'} = h + h_j + h_{j'} + s_{jj'}$$

donde:

$h_{jj'}$ = efecto heterótico

h = heterosis promedio

h_j = contribución a la heterosis de los progenitores j y j'

$s_{jj'}$ = heterosis específica debida al cruzamiento de j y j'

Cuadro 4

Esquema de apareamiento entre familias seleccionadas de HC Diseño II de Carolina del Norte

POB. A							
POB. B	HC1	HC 2	HC 3	HC 4	HC 5	...	HC. v
HC 1	CS 11	CS 12	CS 13	CS 14	CS 15	...	CS 1n
HC 2	CS 21	CS 22	CS 23	CS 24	CS 25	...	CS 2n
HC 3	CS 31	CS 32	CS 33	CS 34	CS 35	...	CS 3n
HC 4	CS 41	CS 42	CS 43	CS 44	CS 45	...	CS 4n
HC 5	CS 51	CS 52	CS 53	CS 54	CS 55	...	CS 5n
.
.
.
HC..n	CS n1	CS n2	CS n3	CS n4	CS n5	...	CS nv

Según Hallauer y Miranda (1981) bajo éstos componentes es posible predecir el comportamiento de una cruce utilizando el modelo II de acuerdo a la siguiente expresión:

$$Y_{jj'} = \mu_0 + (v_j + v_{j'}) / 2 + h \quad \text{donde:}$$

μ_0 = media varietal

v_j y $v_{j'}$ = efecto heterótico de la variedad j, j'

h = heterosis promedio.

Se propone evaluar las cruces simples obtenidas en el ciclo anterior entre las familias de HC. Posteriormente se efectúa un dialélico entre las mejores y en base a los resultados que se obtengan, se hacen las predicciones de las mejores cruces dobles y triples mediante el método de predicción B de Jenkins.(Jenkins 1934).

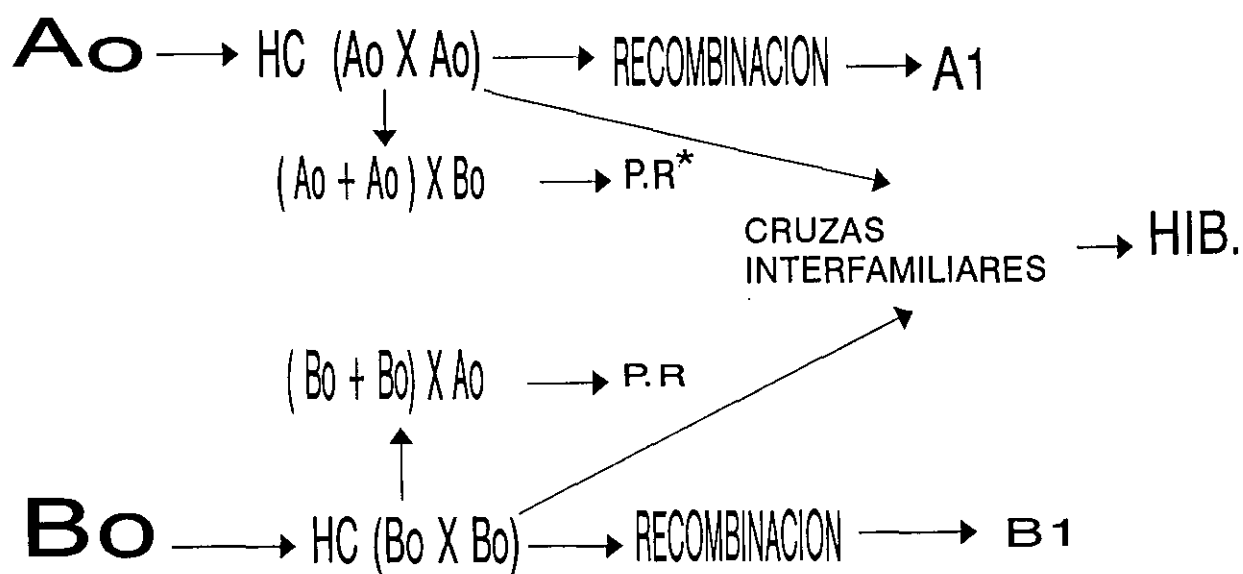
En este paso las mejores cruces simples de H C, pueden ser utilizadas como hembras con líneas élites disponibles. Así mismo cabe la posibilidad de formar híbridos triples usando cruces simples del programa como hembras de las familias de HC seleccionadas en las pruebas de rendimiento de mestizos.

Por otro lado, se pueden seguir autofecundando las familias de HC para generar líneas puras para metas a mediano y largo plazo.

En la Figura 8 se presenta un esquema de la metodología propuesta y en el Cuadro 5 se resumen los ciclos de dicha metodología.

Si se trabajan dos ciclos por año, el tiempo que se requiere para obtener híbridos interfamiliares de hermanos completos bajo esta metodología es de 3 años.

Figura 8
Esquema del método propuesto



* P.R= PRUEBAS DE RENDIMIENTO
HIB= HIBRIDOS

Cuadro 5
Resumen del método de mejoramiento propuesto

CICLO 1	Evaluación y selección de poblaciones originales, así como su incremento.
CICLO 2	Formación de HC en las mejores dos poblaciones evaluadas y formación de mestizos con el polen de los pares de plantas que forman los HC cruzar con la población original recíproca. Incrementar las dos poblaciones.
CICLO 3	Evaluar los mestizos en tres localidades como mínimo y sembrar los HC de cada población para incrementarse.
CICLO 4	Seleccionar el 10 % de los HC mejores en base a la evaluación en el lote de incremento de HC, sembrar y hacer cruzamientos entre familias de diferente origen según el diseño II de Carolina.
CICLO 5	Evaluar las cruza simples entre las familias de HC en tres localidades como mínimo para obtener los mejores híbridos interfamiliares de HC.

OPCIONES CICLOS POSTERIORES: Formación de cruza dobles y triples, continuar autofecundando para formar líneas endogámicas para el programa, iniciar un nuevo ciclo de selección con las nuevas poblaciones.

6.3 Ganancia genética esperada.

La ganancia genética esperada de la metodología propuesta está basada en los cálculos realizados por Márquez (1988), y por Márquez (1995) en una comunicación personal escrita, en el cual detalla la respuesta a la selección de ésta nueva metodología de la manera siguiente:

"La eficiencia esperada en cualquiera de los métodos de hibridación cíclica estará dada por la correlación entre las dos muestras de gametos que participan en los procesos simultáneos de hibridación y generación de líneas endogámicas. Tal correlación se mide por medio de la coascendencia media de las muestras gaméticas".

La ganancia genética esperada a la Selección Recurrente Recíproca con líneas S_1 es la siguiente:

$$R_{SRA} = \frac{i}{2} \left[\frac{pq\alpha_B^2}{\sigma_{MAB}} + \frac{rs\alpha_A^2}{\sigma_{MBA}} \right]$$

en donde:

p = frecuencia génica de los alelos **A** en la población **A**

q = frecuencia génica de los alelos **a** en la población **A**

α = efecto medio del gene favorable

r = Frecuencia génica de los alelos **A** de la población **B**

s = Frecuencia génica de los alelos **a** de la población **B**

σ_{MBA} = Varianza media de la población **B X A**

σ_{MAB} = Varianza media de la población **A X B**

Al usar otro tipo de líneas que no sean S_1 entonces se tienen que hacer ajustes para adaptar ésta fórmula al cálculo de la respuesta como es el caso de éste trabajo.

Los ajustes para este caso se consiguen atendiendo a la eficiencia de la hibridación cíclica usando HC en lugar de líneas S_1 de tal forma que la correlación (coancestrías) de los gametos masculinos que participan en hibridación y endogamia son las siguientes:

Gametos masculinos: Si consideramos la coancestría de un individuo consigo mismo ésta sería igual a $F_{a,n+1}$; para este caso $F_{a,0+1} = F_{a,1} = 1/2$.

Gametos femeninos: Si la coancestría de un individuo con su hermano completo es igual a $F_{b,n+1}$, para este caso $F_{b,0+1} = F_{b,1} = 1/4$.

De esta forma la correlación promedio o coancestría promedio para este caso sería igual a:

$$\text{Corr.} = 1/3 (F_{a,n+1} + 2 F_{b,n+1})$$

donde a, significa autofecundación;

b significa cruza fraternal planta a planta;

n significa el número de generación;

F es el coeficiente de endogamia.

Las correlaciones son de la generación n de endogamia para el caso de éste ajuste.

De tal forma que si $n = 0$ y substituyendo en la fórmula anterior se tiene que:

$$\text{Corr.} = 1/3 (F_{a,1} + 2 F_{b,1}) = 1/3 (1/2 + 2 \cdot 1/4) = 1/3$$

Si al usar líneas S_1 su correlación entre machos y hembras es $F_{a,1} = 1/2$ por lo tanto la eficiencia usando HC es de $(1/3)/(1/2) = 2/3 = 0.666$ o lo que es lo mismo 0.666

Así de ésta manera podemos hacer el ajuste a la formula inicial de la respuesta a la Selección Recíproca Recurrente al substituir el $i/2$ por el de $i/3$. De tal forma que la respuesta a la selección de la Selección Recurrente Recíproca de Hermanos Completos modificada para éste trabajo queda como sigue:

$$SRRHC = \frac{i}{3} \left[\frac{pq\alpha_B^2}{\sigma_{MAB}} + \frac{rs\alpha_A^2}{\sigma_{MBA}} \right] //$$

Donde i es igual a la intensidad de selección y los demás términos ya fueron explicados.

7. RESULTADOS

7.1 Análisis de varianza para rendimiento.

En el Cuadro 6 se presenta el análisis de varianza para la variable rendimiento, y en la Figura 9 el rendimiento de las variedades.

Hubo diferencia altamente significativa para los tratamientos, no así para las repeticiones. Esto indica que existieron diferencias en cuanto al rendimiento presentado por las variedades, es decir, que la variación genética entre los fenotipos existe y fue diferente de cero. Así la hipótesis $M_0 = M_1 = M_2 \dots = M_{17}$ se rechaza aceptándose la hipótesis alternativa, que nos indica que cuando menos una media fue diferente.

Por lo que a las repeticiones corresponde, se puede decir que el terreno fue uniforme u homogéneo por lo que no influyó en las diferencias presentadas entre los bloques

En cuanto al coeficiente de variación fue de 20.41 % y podría considerarse aceptable dado que el ensayo fue conducido de temporal.

Cuadro 6
Análisis de varianza para la variable rendimiento. Las agujas, municipio de Zapopan, Jalisco. 1989.

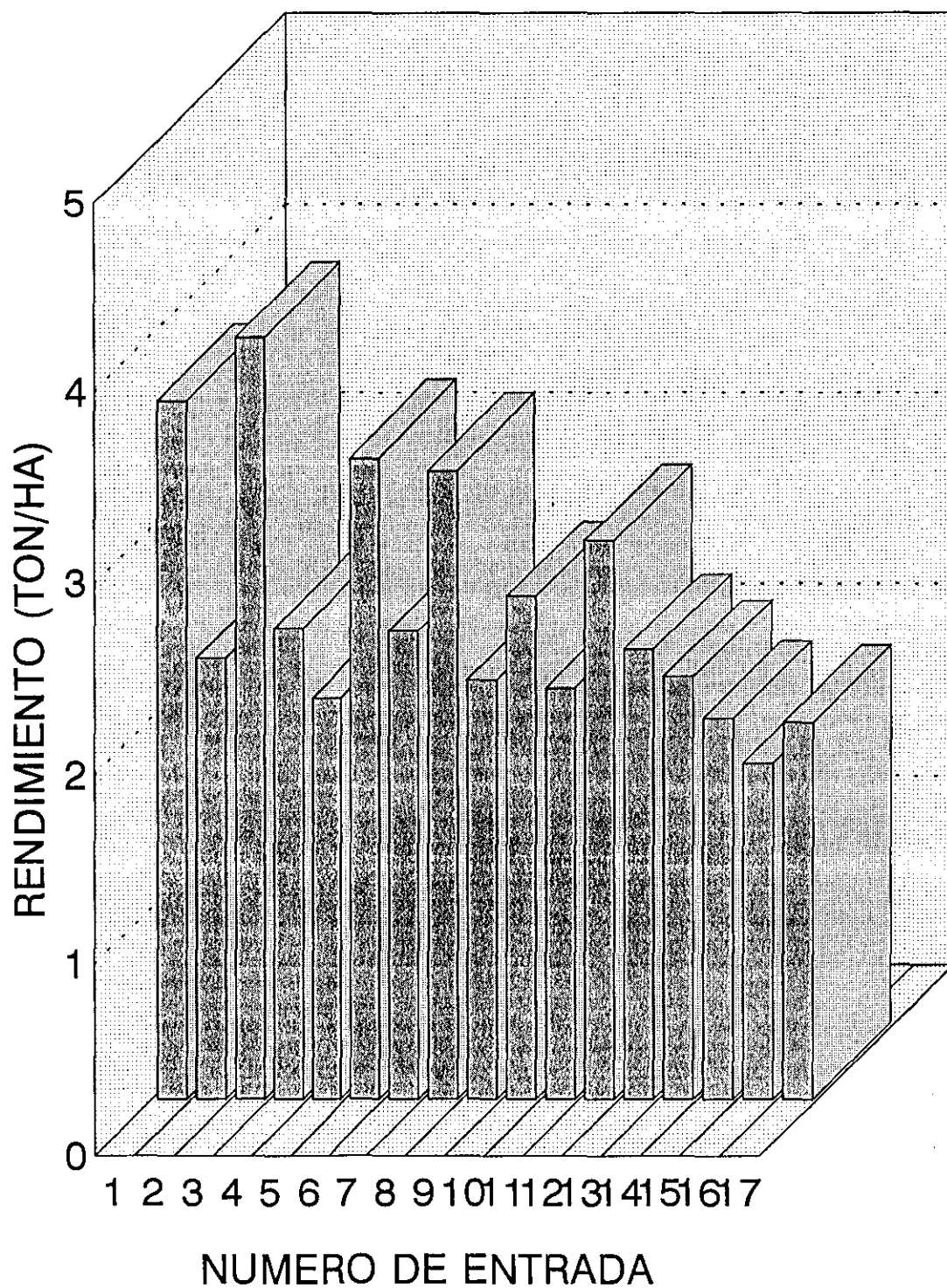
Fuentes de variación	G.L	S C.	C.M.	F.C
Tratamientos	16	2.6581350	1661334	6.003**
Repeticiones	3	346752	115584	0.4177NS
Error Experimental	48	1.3281980	276708	
Totales	67	4.0210080		

** Significativo al nivel 0.01 de probabilidad

NS = No significativo

C.V = 20.41 %

Figura 9
Rendimiento de las variedades evaluadas, las Agujas municipio de Zapopan, Jalisco, 1989.



En el Cuadro 7 se presentan los rendimientos promedio de los tratamientos ordenados decrecientemente, y la separación de medias de Tukey al 0.05 % de probabilidad.

En este cuadro los tratamientos señalados con la misma letra significa que son iguales estadísticamente, mientras que los que tienen letras diferentes, son diferentes entre sí.

Los tratamientos con las entradas 3= Dholi (1) 8644, 1 = Miacatlán 8742, 6= Kaniameshi (1) 8644, y 8= Tlaltizapán (1) 8644HT, 12 = Miacatlán 8792 y 10= Miacatlán 8791 son iguales entre si, diferentes y mejores que los demás con respecto al carácter rendimiento.

Cuadro 7

Rendimientos ordenados decrecientemente, su media y significancia. Las Agujas municipio de Zapopan, Jalisco. 1989

ENTRADA	VARIETADES	RENDI- MIENTO Kg/Ha.	
3	DHOLI (1) 8644	3984	a*
1	MIACATLAN 8742	3654	ab
6	KANIAMESHI (1) 8644	3367	abc
8	TLALTIZAPAN (1)8644 HT	3301	abcd
12	MIACATLAN 8792	2933	abcd
10	MIACATLAN 8791	2634	abcde
4	DHOLI (2) 8644	2461	bcde
7	TLALTIZAPAN 8644	2450	bcde
13	TLALTIZAPAN 8792	2350	bcde
2	TLALTIZAPAN 8742	2302	bcde
14	ACROSS 7734	2208	bcde
9	ACROSS 8644	2190	cde
11	TLALTIZAPAN 8791	2147	cde
5	KANIAMESHI 8644	2096	de
15	TLALTIZAPAN 8244 RE	1994	de
17	TB 1059	1971	de
16	TB 7201	1763	e

DMS = 1357

* Rendimientos con la misma letra son estadísticamente iguales y rendimientos con diferente letra son diferentes al nivel 0.05 de probabilidad.

7.2 Análisis de parámetros de estabilidad.

Por lo que respecta al análisis de los parámetros de estabilidad efectuados por el CIMMYT, en el Cuadro 8 se presentan los resultados y su interpretación de acuerdo a **Carballo y Márquez (1972)**.

Según **Carballo y Márquez (1972)** cuando $b > 1$ se espera que la variedad tenga rendimiento alto en ambientes favorables y bajo en ambientes desfavorables, por lo que se considera variedad no estable, pero si el valor del cuadrado medio de las desviaciones de regresión es igual a cero entonces es consistente, y si es mayor que cero entonces se considera inconsistente. La interpretación de la inconsistencia se aplica a las demás situaciones de b que se presentan a continuación.

Cuando $b = 1$, se considera que es una variedad que rinde bien tanto en ambientes buenos como en ambientes malos, y que es una variedad estable.

Cuando $b < 1$ se considera que es una variedad que responde bien en ambientes desfavorables.

Cuadro 8**Parámetros de estabilidad para rendimiento. CIMMYT 1989.**

Entrada	Media	b	MSd	E	N. E.	C	Inc.
3	5914	1.18	NS		X	X	
5	5784	1.15	**		X		X
4	5743	1.19	NS		X	X	
7	5630	1.20	NS		X	X	
6	5565	1.21	**		X		X
8	5564	1.15	*		X	X	
15	5453	1.01	*	X			X
1	5391	1.07	NS	X		X	
9	5375	1.09	**	X			X
2	5175	1.19	NS		X	X	
14	5054	1.04	NS	X		X	
10	4049	0.63	**		X		X
12	4044	0.68	**		X		X
13	3881	0.60	**		X		X
11	3828	0.60	**		X		X

NS = no significativo al nivel de 0.05 de probabilidad.

* = Significativo al nivel 0.05 de probabilidad.

** = Altamente significativo al nivel de 0.01 de probabilidad.

E = Estable

N.E. = No Estable

C = Consistente

Inc. = Inconsistente

C
F
d

De acuerdo a los resultados del Cuadro 8, hubo dos variedades que fueron estables e inconsistentes (entradas 9 y 15), dos estables y consistentes (entradas 1 y 14), cinco son inestables y consistentes (entradas 2,3,4,7,8,) y las últimas 6 fueron inestables e inconsistentes (entradas 5,6,10,11,12,y 13).

En el cuadro 9 se presentan resultados del análisis combinado por región para rendimiento y através de regiones para rendimiento, días a floración y altura de planta.

La variedad más rendidora, entrada 3, através de todas las regiones tuvo una floración de 62 días, lo que la hace aceptable para siembras de temporal en Jalisco.

Por lo que se refiere al coeficiente de variación en la región II perteneciente a América Central, Norte América y El Caribe, se observa que tienen un valor de 20 %, aceptable si las condiciones en que fueron sembrados los ensayos fueron de temporal.

7.3 Análisis de varianza para floración masculina.

En el Cuadro 10 se presentan los resultados del análisis de varianza para días a floración masculina y en la figura 10 las medias por entradas.

Existió una diferencia altamente significativa para los tratamientos en cuanto a su floración masculina, no ocurriendo así para las repeticiones, dado que los valores de F calculados no rebasaron los de F tabulada.

Esto indica que existió una variación entre poblaciones evaluadas debido a su contenido genético para días a floración, por lo que la hipótesis nula se rechaza dado que las medias de tratamientos fueron diferentes.

Cuadro 10

Análisis de varianza para días a floración masculina . Las Agujas municipio de Zapopan, Jalisco 1989.

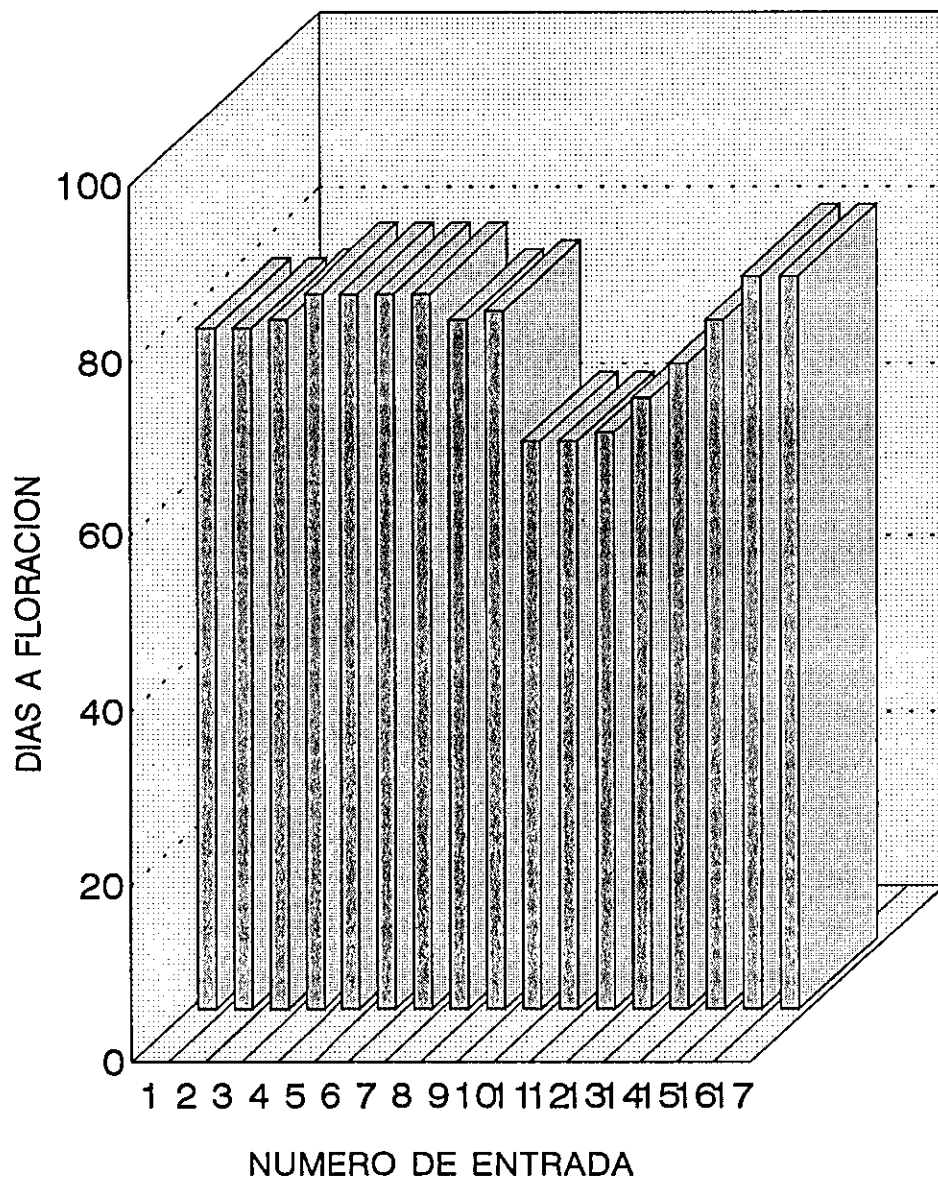
F.V.	G.L	S.C	C.M.	F.C.	F.T 0.05%
REP.	3	19.17647	6.39216	0.54	2.84
TRAT.	16	2812.0588	175.75368	14.91	1.92**
ERROR	48	565.82352	11.787990		
TOT	67				

C.V = 4.46 % MEDIA = 76.88

R² = 0.8334 DESV. EST. = 3.43

Figura 10

Días a floración masculina. Las agujas, municipio de Zapopan, Jalisco, 1989.



En el Cuadro 11 se presenta la comparación de medias por la prueba de Tukey al 0.05 % de probabilidad. El valor de la diferencia mínima significativa (DMS) con ésta prueba fue de 8.86 al 0.05 % de probabilidad.

En el mismo cuadro se pueden observar que existieron 4 grupos que difieren estadísticamente entre si, el primer grupo tiene 12 materiales, siendo el rango de floración de 78-84 días, resaltando las entradas 16 y 17 como los materiales mas tardíos correspondientes a los testigos. El segundo grupo lo conformaron 11 materiales siendo su rango de floración desde los 74 días hasta los 82, dentro de este grupo se encuentran las poblaciones con numero de entrada 3 y 1 **Dholi (1) 8644** y **Miacatlán 8742** respectivamente, que fueron de las mas rendidoras con una floración intermedia, por lo que serán dos de las poblaciones consideradas para su aprovechamiento a nivel local.

Un tercer grupo tuvo 4 materiales iguales entre ellos, y finalmente, otro grupo de 4 materiales más precoces.

Cuadro 11

Separación de medias para días a floración masculina. Las Agujas Municipio de Zapopan, Jalisco. 1989.

ENTRADA	DÍAS
16	84 a
17	84 a
7	82 ab
6	82 ab
5	82 ab
4	82 ab
9	80 ab
8	79 ab
3	79 ab
15	79 ab
2	78 abc
1	78 abc
14	74 bc
13	70 cd
12	66 d
11	65 d
10	65 d

$DMS_{0.05} = 8.86$ t de Tukey 0.05 = 5.16

7.4 Análisis de varianza para floración femenina.

En el Cuadro 12 se presentan los resultados del análisis de varianza para floración femenina y en la Figura 11 las medias de entradas para el mismo carácter.

El valor de F calculada, fué mayor que el de F tabulada al 0.05 de probabilidad, lo que indica que existió una diferencia significativa para ésta característica. Cosa que no ocurrió para repeticiones lo cual indica que las condiciones ambientales en el sitio experimental fueron homogéneas.

Como los valores de las medias de tratamientos fueron diferentes la hipótesis nula se rechaza y se acepta la hipótesis alternativa.

Cuadro 12

**Análisis de varianza para el carácter días a floración femenina. Las Agujas
Municipio de Zapopan, Jalisco. 1989.**

F.V.	G.L	S.C	C.M.	F.C	F.T 0.05%
REP.	3	5.52941	1.84314	0.13	2.84NS
TRAT.	16	3133.617	195.8511	13.81	1.92**
ERROR	48	680.9705	14.18688		
TOTAL	67				

C V = 4.78 %

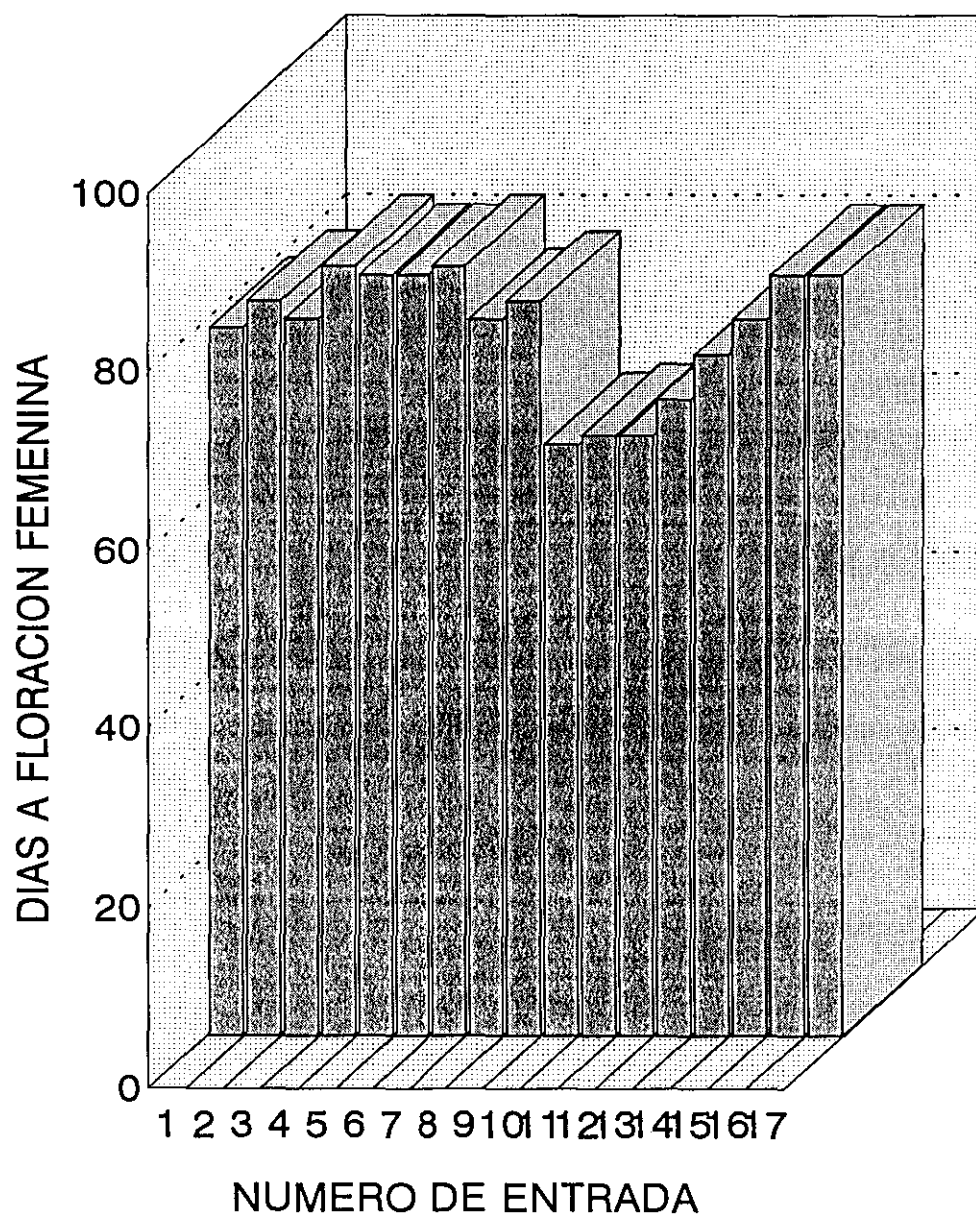
MEDIA FLORACIÓN FEMENINA = 78.70

R² = 0.8217

DESV. EST. = 3.7665

Figura 11

Días a floración femenina. Las agujas, Municipio de Zapopan, Jalisco. 1989.



Para éste caso el coeficiente de variación (CV), tuvo un valor de 4.78 %, que es un valor muy bajo, y nos indica que hubo un buen control del error experimental para éste carácter.

En el Cuadro 13 se presentan las medias de floración femenina con la prueba Tukey al 0.05 % de probabilidad. El valor de la diferencia mínima significativa fue de 9.71 para ésta característica.

Se definen cinco grupos que difieren estadísticamente entre sí; el primer grupo lo conforman 12 materiales, cuyo rango de floración va de los 79 hasta los 86 días, siendo los más tardíos las entradas 7 y 4. El segundo grupo lo conforman 11 materiales, conteniendo este las entradas 1 y 3 que pudieran ser seleccionadas para posteriores programas de mejoramiento. Este segundo grupo se puede considerar como intermedios.

El tercer grupo esta conformado por 6 materiales que pueden considerarse como intermedios-precoces. Los dos últimos grupos lo conforman cuatro materiales cada uno de ellos considerándose estos los más precoces.

En el grupo intermedio se encuentran las variedades más rendidoras que incluyen las entradas 1 y 3.

Cuadro 13

Separación de medias para días a floración femenina y su significancia estadística. Las agujas Municipio de Zapopan, Jalisco. 1989.

ENTRADA	DÍAS
7	86 a
4	86 a
16	85 ab
17	85 ab
6	85 ab
5	85 ab
9	82 ab
2	82 ab
3	80 abc
15	80 abc
8	80 abc
1	79 abc
14	76 bcd
13	71 cde
12	67 de
11	67 de
10	66 e

$$DMS_{0.05} = 9.71 \quad t \text{ de Tukey } 0.05 = 5.1$$

7.5 Análisis de varianza para altura de planta.

Los resultados obtenidos en el análisis de varianza para altura de planta, se presentan en el Cuadro 14, y las medias por entrada en la Figura 12.

Hubo diferencias altamente significativas para tratamientos y repeticiones .

La diferencia detectada entre tratamientos se debe principalmente a las diferencias genéticas entre las poblaciones . Por lo que respecta a las diferencias entre las repeticiones indica que las condiciones ambientales no fueron homogéneas en el sitio experimental.

Las poblaciones mostraron alturas de planta aceptables.

La entrada 1 se ubicó dentro del grupo de las más altas con 2.27 Mts y la entrada 3 en el segundo grupo con 2.21 Mts. de altura.

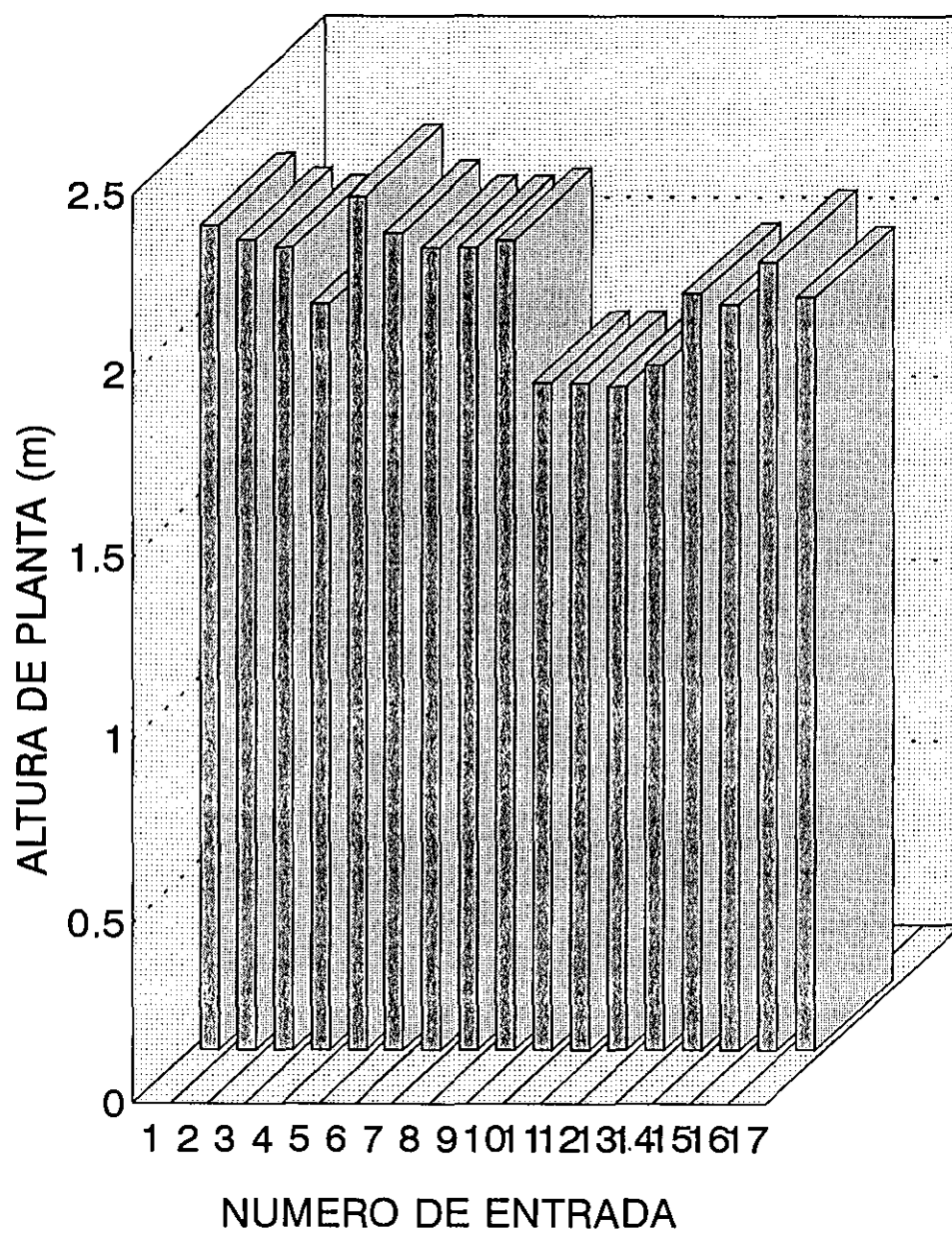
Cuadro 14

Análisis de varianza para la variable altura de planta. Las Agujas, municipio de Zapopan, Jalisco. 1989.

F.V	G.L.	S.C.	C.M.	F.C.	F.T. 0.05 %
TRAT.	16	1.8426470	0.1151654	6.53	1.92 **
REP.	3	0.5151102	0.1717034	9.73	2.84 **
ERROR	48	0.8467647	0.0176409		
TOTAL	67	3.2045220			
		C.V = 6.30 %	MEDIA = 2.10 m		
		R ² = 0.7357	DESV. EST. = 0.132819		

Figura 12

Altura de planta. Las agujas municipio de Zapopan, Jalisco. 1989.



En el cuadro 15 se presenta la separación de medias con la prueba de Tukey al 0.05 % de probabilidad para altura de planta. Existe un primer grupo formado por 13 variedades que son iguales estadísticamente siendo éstas las más altas. Posteriormente otro grupo formado por nueve entradas mas bajo, luego otro de 8 y finalmente otro más de 8 que fueron las más bajas.

Las variedades de las entradas 1 y 3 se encuentran en el primer y segundo grupo, con alturas de 2.27 y 2.21 m, respectivamente.

Cuadro 15

Comparación de medias para la variable altura de planta. Las Agujas, Municipio de Zapopan, Jalisco. 1989.

ENTRADA	ALTURA (m)
5	2.35 a
1	2.27 a
6	2.25 a
2	2.23 a
9	2.23 a
8	2.21 ab
3	2.21 ab
7	2.21 ab
16	2.17 abc
14	2.08 abcd
17	2.07 abcd
4	2.05 abcd
15	2.05 abcd
13	1.88 bcd
10	1.83 cd
11	1.83 cd
12	1.82 d

$$DMS_{0.05} = 0.34275 \quad t \text{ de Tukey } 0.05 = 5.16$$

7.6. Análisis de varianza para acame de raíz y acame de tallo.

Los resultados del análisis de varianza para acame tanto de raíz como de tallo, no fueron significativos estadísticamente al igual que para número de plantas totales y número de mazorcas totales.

Los datos de campo de todas las características analizadas por tratamiento y repetición se encuentran en los cuadros 1a, 2a, 3a y 4a del apéndice.

8. DISCUSIÓN

8.1 Evaluación de poblaciones.

Por lo que se pudo observar en los resultados obtenidos, es importante considerar que la inclusión de materiales exóticos es benéfica dado que existe tal divergencia genética, que más de algún material en base a su comportamiento puede ser seleccionado para futuros proyectos de investigación. Así lo demostraron los resultados obtenidos en éste trabajo.

Los materiales más sobresalientes Dholi (1) 8644 y Miacatlán 8742 difieren entre si en su constitución genética de acuerdo a las descripciones hechas por el CIMMYT, lo que los hace aceptables para programas de mejoramiento interpoblacional y fueron seleccionados en base a su mayor rendimiento (3984 y 3654 kg./ha. respectivamente) y a las características de tipo agronómico deseables como fueron la floración (79 y 78 días) intermedia y altura de planta (2.21 y 2.27 m, respectivamente). Estos resultados fueron con respecto a la localidad de evaluación de Nextipac, Jalisco.

Con lo que respecta a los parámetros de estabilidad, la variedad Dholi (1) 8644 ocupó también el primer lugar en rendimiento mientras que la Miacatlán 8742 ocupó el octavo lugar, pero es el inmediato superior en cuanto a rendimiento y a la diversidad genética de los demás materiales. Esto pudo haberse debido principalmente a lo ya señalado en párrafos anteriores.

Estos materiales seleccionados en base a su media fueron los más rendidores y constituyen una muy buena fuente de germoplasma para futuros proyectos ya que su divergencia genética al final, después de generar buenas líneas, probablemente lleguen también a formar buenos híbridos.

Por lo que se cree pues, que pueden ser buenas poblaciones para continuar la aplicación de la metodología propuesta en este trabajo.

Por lo que respecta a la hipótesis propuesta se puede decir que para la característica de rendimiento, la hipótesis nula se rechazó aceptándose la alternativa dado que estadísticamente se encontró diferencia significativa entre los tratamientos evaluados.

8.2 Metodología propuesta.

La formación de hermanos completos (HC) en lugar de utilizar líneas S_1 que sugiere el método original de Selección Recíproca Recurrente (SRR) obedece a que el incremento de la endogamia es mayor cuando se utilizan autofecundaciones de plantas que la formación de HC entre plantas, por lo que el manejo de plantas S_1 sería más difícil y económicamente más caro por las consecuencias que trae consigo éste tipo de cruzamiento (baja fuerte en el rendimiento de las líneas), y tiende a la deriva genética por efectos de submuestreo al incrementar las líneas en semilla básica.

Si se compara la metodología propuesta contra el método clásico de hibridación, el método clásico utiliza generalmente líneas puras que son más difíciles de mantener y se requiere de mayor tiempo para su obtención.

Los híbridos que se generen con HC no serán tan homogéneos comparados con los que se pudieran generar utilizando líneas de alto nivel de homocigosis, pero los costos en la producción de semilla serían más bajos.

Los mejores HC dentro de cada población serían superiores a la media de la población que les dio origen, y de buena aptitud combinatoria para la formación de híbridos interfamiliares.

Dentro de las premisas que señalan Poey, Córdova y Velázquez (1970) se cree que existen efectos no aditivos para rendimiento aprovechables en las poblaciones ya mejoradas por Selección Recurrente, que serían aprovechados para la formación de híbridos superiores.

Por otra parte con respecto a lo señalado por estos mismos autores en su segunda premisa, que dice que "la evaluación de familias *per se* es igual que la de los mestizos previamente formados", no es posible, dado que en la formación de mestizos interviene un probador para clasificar a las familias en aptitud combinatoria, mientras que en la evaluación *per se* no existe una forma de probar la actuación de las familias puesto que no interviene ningún otro genotipo y debemos recordar que el valor de un genotipo se reconoce por su progenie. Para éste caso el método considera que las familias se evaluarán en cruzamientos o mestizos , que es una manera de saber que familias serían las mejores para el desarrollo de híbridos y conocer su valor genético por su progenie.

Los cruzamientos interfamiliares entre HC permite estimar heterosis promedio y la contribución promedio de cada progenitor en todas sus cruzas.

La ganancia esperada por selección con respecto al método original en donde se utilizan líneas S_1 , no sobrepasa los valores de la eficiencia pero podría compensarse con menor tiempo y menor costo.

Si se considera que al hacer la autofecundación para obtener HC se tiene que esperar un ciclo más para poder hacer los cruzamientos que forman los mestizos, para el método propuesto esto sería una ganancia en tiempo dado que al mismo tiempo que se forman los HC se hacen los cruzamientos para formar mestizos y no hay que esperar un ciclo más.

9. CONCLUSIONES

1. Los fenotipos evaluados resultaron diferentes entre sí con respecto a las variables de rendimiento, floración masculina, floración femenina, y altura de planta, por lo que la selección de las mejores poblaciones fue efectiva. Por lo que la hipótesis nula se rechazó y se aceptó la hipótesis alternativa .
2. Los fenotipos más adecuados según los resultados obtenidos para ser seleccionados resultaron ser **Dholi (1) 8644** y **Miacatlán 8742** que fueron los materiales más rendidores, con diferente constitución genética y alturas de planta y floración adecuadas para materiales de tipo intermedio.
3. Los materiales señalados en el párrafo anterior, debido a su diferente constitución genética y demás características agronómicas, pueden ser empleados en la formación de híbridos de hermanos completos, con la metodología propuesta en éste trabajo.
4. La ganancia genética por selección en la metodología propuesta no resultó tan eficiente como cuando se utilizan líneas S_1 , sin embargo el valor obtenido de 0.666 al hacer la comparación no es tan bajo si se considera el tiempo ganado y el tipo de material que se quiere generar,

10. BIBLIOGRAFÍA

1. **Allard R.W. (1967)**. Principio de la mejora genética de las plantas. Edit. Omega. España.p.33-34.
2. **Carballo C.A. y Márquez S.F. (1972)**. Comparación de Variedades de Maíz del Bajío y la Mesa Central por su Rendimiento y Estabilidad. *Agrociencia* 5(1),129-146.
3. **CIMMYT 1989**. Programa de ensayos internacionales de maíz de CIMMYT informe anual de 1989. El Batán, México.
4. _____ **1991**. Programa de ensayos internacionales de maíz de CIMMYT informe anual de 1991. El Batán, México.
5. **Cochran W.G. y Cox G.M. (1978)**. Diseños experimentales. Editorial Trillas. México. Quinta reimpresión. p.68.
6. **Comstock, R.E., Robinson H.F. y Harvey P.H. (1949)**. A breeding procedure Designed to make maximun use of both general and specific combining ability. *Agronomy Jornal* Vo. 41 p.360-367.
7. **Comstock, R.E. and Robinson H.F.(1952)**. Estimation of average dominance of genes. *Heterosis*. Iowa State University. press, Ames Iowa.
8. **Crossa and Gardner (1989)**. Predicted and realized grain yield responses to full-sib family selection in CIMMYT maize (*Zea mays* L.) populations. *Theoretical and applied genetics*. 77;p.33-38..
9. **Falconer D.S. (1977)**. Introducción a la Genética Cuantitativa. Edit. CECSA. México.p 225-235

10. **Gracen V.E. (1986)** Sources of temperate maize germplasm and potential usefulness in tropical and subtropical environments. *Advances in agronomy*. Vol 39.p.127-172.
11. **Hallauer y Miranda (1987)**. *Quantitative Genetics in Maize breeding*. Iowa State University press/AMES. 3a.ed. U.S.A.p. 1-468.
12. **Hallauer R. A. (1984)**. Reciprocal full-sib selection in maize. *Crop Science*. Vol 24.p. 755-759.
13. **Jenkins M.T. (1934)**. Methods of estimating the performance of double crosses in corn. *Agronomy Journal*. 26: 199-204.
14. **Jugenheimer R.W. (1981)**. *Maíz. Variedades mejoradas, métodos de cultivo, y producción de semillas*. Edit. Limusa. México.p.161-162.
15. **Lonquist J.H. (1965)**. Métodos de selección útiles para el mejoramiento dentro de poblaciones. *Revista de fitotécnia latinoamericana*. Vol 2.p.1-56.
16. **Malkit Singh, Khera A.S., y Dhillon B.S. (1986)**. Direct and correlated response to recurrent full-sib selection for prolificacy in maize. *Crop Science* Vol. 26; 275:278.
17. **Mariotti J.A.(1986)** *Fundamentos de genética biometrica. Aplicaciones al mejoramiento genético vegetal*. Secretaría general de la O.N.U. Programa regional de desarrollo científico y tecnológico. Washington, D.C.p.69-86.
18. **Márquez S.F. (1985)**. *Genotécnia Vegetal. Métodos, Teoría Resultados*. Tomo I. AGT editor, S.A. México. p.1-351.

19. _____ (1988). Genotécnia Vegetal. Métodos, Teoría, Resultados. Tomo II. AGT editor, S.A. México. p. 287.
20. **Mettler y Gregg. (1972)**. Genética de las poblaciones y evolución. Editorial UTEHA .1a. Edición en Español. México. p.103-136.
21. **Morales et al. (1988)**. Respuesta a la selección recíproca recurrente en dos poblaciones de maíz para el trópico seco.1. Ambiente de evaluación : trópico seco bajo.
22. **Poey F., Córdova y Velázquez (1970)**. Método de mejoramiento paralelo para la formación de variedades e híbridos de maíz (zea mays) en base a poblaciones mejoradas. XXV Reunión del PCCMCA. Tegucigalpa Honduras.
23. **Robinson H.F. y Mool R.H. (1964)** .Procedimientos útiles para mejorar el comportamiento de cruces intervarietales. VI reunión latinoamericana de fitotécnia. Lima , Perú.
24. **Robles Sánchez Raúl (1986)**. Genética elemental y fitomejoramiento practico. Edit. Limusa.
25. **Sánchez Campos y Nakaodho Jorge (1984)**. Producción de híbridos interfamiliales dentro de variedades experimentales. XI Reunión de Maiceros de la Zona Andina y II Reunión Latinoamericana de Maíz Palmira, Colombia.México.p.305.
26. **Sierra M.M., et al. (1990)**. Evaluación del progreso de tres ciclos de selección recurrente de hermanos completos en cuatro poblaciones de maíz. XIII Congreso Nacional de Fitogenética. Cd. Juarez Chih. México. Resúmenes. p.252.

27. **Sprague G.F. (1977)**. Corn and Corn Improvement. American Society of Agronomy. U.S.A.
28. **Steel y Torrie (1980)**. Bioestadística. Principios y procedimientos. Segunda edición. Mc. Graw Hill. México. p.191.
29. **Vallejo D.H. (1992)**. Selección recurrente de hermanos completos para porte bajo en la variedad de maíz V-385 E. XIV Congreso Nacional de Fitogenética. Memorias. p.302. Tuxtla, Gutiérrez, Chis. Mex.
30. **Velázquez R., Poey F., y Córdova H.(1979)**. Eficiencia Relativa de la formación de híbridos de maíz en familias de hermanos completos de diferente origen genético. XXV Reunión del PCCMCA. Honduras.
31. ----- (1983). Híbridos simples entre familias de hermanos completos de diferentes poblaciones de maíz (*Zea mays* L). Centro de Genética. Colegio de Posgraduados. Chapingo Edo. de México.

APENDICE

Cuadro 1a
Datos generados de las variables en el ensayo. 1ra. repetición
Las Agujas, Municipio, de Zapopan, Jalisco. 1989.

OBS.	ENT.	DFM.	DFF.	A.P	A.M.	PAT.	PAR	P.C.	% H
1	1	79	79	2.30	1.25	3	2	3.50	16.6
2	2	77	79	2.35	1.30	0	11	2.50	15.2
3	3	79	79	2.25	1.40	0	1	3.20	16.9
4	4	84	87	2.25	1.35	0	8	2.30	16.5
5	5	83	84	2.40	1.30	0	8	2.80	17.2
6	6	83	84	5.55	1.35	0	13	3.00	27.0
7	7	82	84	2.50	1.65	0	14	2.60	18.6
8	8	79	79	2.35	1.35	0	8	2.80	18.8
9	9	79	82	2.40	1.45	0	9	2.60	16.2
10	10	64	65	1.85	0.85	0	14	2.90	12.2
11	11	65	65	1.85	0.90	0	7	2.30	10.6
12	12	65	66	1.80	0.90	0	11	2.20	10.3
13	13	83	86	1.85	1.15	0	5	2.00	14.8
14	14	65	66	2.00	0.90	0	14	2.10	10.2
15	15	76	79	2.10	1.20	0	10	1.40	14.2
16	16	79	80	2.25	1.35	0	7	1.55	14.2
17	17	88	89	2.25	1.35	0	7	1.60	18.0

OBS = OBSERVACION

ENT = ENTRADA

DFM = DÍAS A FLORACION MASCULINA

DFF = DÍAS A FLORACION FEMENINA

AP = ALTURA DE PLANTA

AM = ALTURA DE MAZORCA

PAT = PLANTAS ACAMADAS DE TALLO

PAR = PLANTAS ACAMADAS DE RAÍZ

PC = PESO DE CAMPO

%H = PORCIENTO DE HUMEDAD

Cuadro 2a
Datos Generados de las Variables en el Ensayo. 2a. Repetición. Las Agujas
Municipio, de Zapopan, Jalisco. 1989.

OBS	ENT	DFM	DFE	A P	A M	PAT	PAR	P C	% H
18	10	65	66	1.75	0.65	0	2	2.50	12.2
19	6	82	83	2.15	1.25	0	11	1.70	27.0
20	3	79	79	2.15	1.15	4	3	3.80	16.9
21	1	79	79	2.30	1.20	0	4	4.00	16.6
22	7	83	86	1.90	1.35	0	7	2.20	18.6
23	4	83	86	1.80	1.15	0	11	1.50	16.5
24	17	88	89	2.25	1.35	0	7	1.60	18.0
25	2	79	84	1.95	0.90	0	4	2.40	15.2
26	12	66	68	1.60	0.65	0	10	2.40	10.3
27	14	77	79	1.85	1.15	0	9	1.70	10.2
28	11	65	67	1.75	0.75	0	8	2.30	10.6
29	8	79	79	2.05	1.20	3	4	3.50	18.8
30	15	79	80	1.85	0.95	0	6	2.10	14.2
31	16	89	90	2.10	1.35	0	7	1.60	14.2
32	5	81	84	2.10	1.45	0	11	1.30	17.2
33	9	79	82	2.05	1.20	0	6	1.20	16.2
34	13	65	65	1.75	0.80	0	11	2.20	14.8

Cuadro 3a
Datos Generados de las Variables en el Ensayo. 3a. Repetición.
Las Agujas, Municipio de Zapopan, Jalisco. 1989.

OBS	ENT	DFM	DFE	A P	A M	PAT	PAR	P C	% H
35	7	82	86	2.20	1.30	1	14	2.50	18.6
36	2	78	81	2.35	1.35	0	9	2.20	15.2
37	17	80	80	1.85	1.05	2	6	1.60	18.0
38	9	80	82	2.30	1.30	2	4	1.60	16.2
39	4	79	81	2.10	1.00	1	11	2.20	16.5
40	15	79	80	2.00	1.05	0	5	1.70	14.2
41	13	65	66	1.95	0.90	0	7	3.10	14.8
42	10	65	66	1.85	1.00	0	8	2.10	12.2
43	1	77	79	2.30	1.30	0	3	3.80	16.6
44	11	65	67	2.05	1.05	0	7	2.00	10.6
45	8	79	81	2.20	1.20	2	3	2.70	18.8
46	14	79	79	2.25	1.30	0	0	2.50	10.2
47	3	78	79	2.20	1.30	0	11	3.50	16.9
48	6	82	85	2.30	1.40	1	4	3.10	27.0
49	12	66	68	2.00	0.75	1	7	2.70	10.3
50	5	84	86	2.40	1.30	0	10	2.20	17.2
51	16	89	90	2.05	1.40	0	8	1.00	14.2

Cuadro 4a
Datos generados de las variables en el ensayo. 4a. Repetición.
Las Agujas, Municipio de Zapopan, Jalisco. 1989.

OBS.	ENT	DFM	DFE	A.P.	A.M.	PAT	PAR	P C	% H
52	16	79	80	2.30	1.50	1	6	1.60	14.2
53	13	65	66	2.00	0.85	0	8	2.00	14.8
54	5	80	84	2.50	1.45	3	5	2.00	17.2
55	2	79	83	2.30	1.25	0	3	2.70	15.2
56	10	65	66	1.90	0.80	0	3	1.70	12.2
57	9	80	83	2.20	1.25	1	11	2.00	16.2
58	8	79	79	2.25	1.30	0	12	2.60	18.8
59	15	80	80	2.25	1.30	2	10	2.50	14.2
60	14	77	79	2.25	1.40	3	7	2.20	10.2
61	17	79	81	1.95	1.30	0	5	2.20	18.0
62	12	65	67	1.90	0.90	2	10	2.50	10.3
63	4	82	88	2.05	1.25	0	10	1.60	16.5
64	6	81	87	2.00	1.30	6	7	2.20	27.0
65	3	78	82	2.25	1.20	1	4	4.20	16.9
66	11	65	67	1.70	0.75	4	11	1.40	10.6
67	7	82	86	2.25	1.25	1	9	1.40	18.6
68	1	77	79	2.20	1.20	2	5	2.60	16.6