

QUINTO CICLO DE SELECCION RECURRENTE DE
HERMANOS COMPLETOS CON PEDIGRI EN LA
POBLACION DE MAIZ TROPICAL COMPLEJO-24

CARLOS ALEJANDRO TUCUCH CAUICH

T E S I S

PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRO EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO

Universidad Autónoma Agraria
"ANTONIO NARRO"



BIBLIOTECA

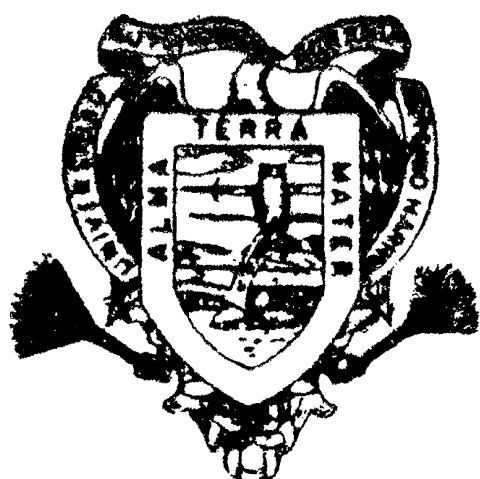
Universidad Autónoma Agraria

Antonio Narro

PROGRAMA DE GRADUADOS

Buenavista. Saltillo, Coah.

DICIEMBRE DE 1996



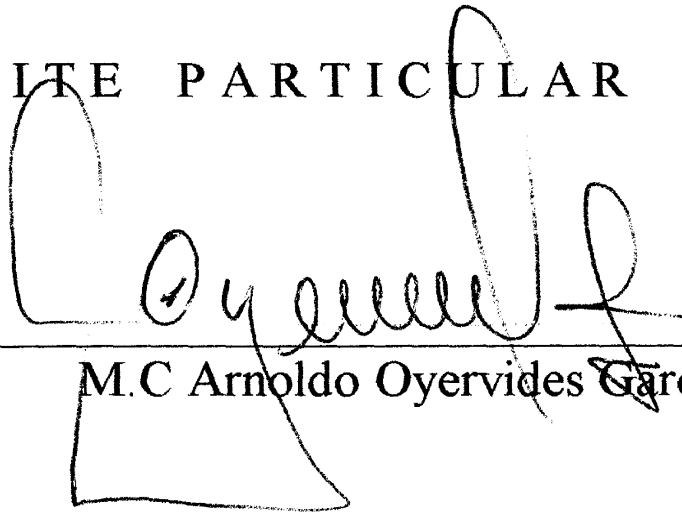
Tesis elaborada bajo la supervisión del comité particular de asesoría y aprobada

como requisito parcial para optar el grado:

MAESTRO EN CIENCIAS
EN FITOMEJORAMIENTO

COMITE PARTICULAR

Asesor principal:



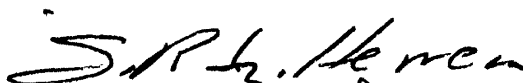
M.C. Arnoldo Oyervides García

Asesor:



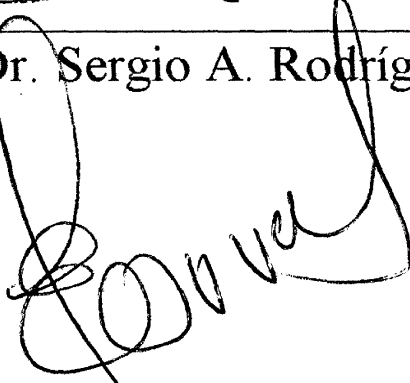
M.C. Humberto de León Castillo

Asesor:



Dr. Sergio A. Rodríguez Herrera

Asesor:



M.C. Emilio Padrón Corral



Dr. Jesús M. Fuentes Rodríguez.
Subdirector/de Postgrado

DEDICATORIA

A mis padres **Mateo Tucuch Kantún Y Juana María Cauich de Tucuch:**

Por el apoyo económico y moral que supieron darme y por que me inyectaron el deseo de continuar con mi preparación profesional.

A mi esposa **Nidia Chablé Canché:**

Por que con su compañía y amor supo alentarme en los momentos de tensión durante mis estudios.

A mi hijo **Carlos Gamaliel Tucuch Chablé:**

Quien sin saberlo, ha despertado en mi el deseo de superarme profesionalmente.

A Mis hermanos:

Rafael, Martín, Gilda, Luisa, Margarita, Norma y Patricia.

A mis sobrinos

A mi Alma Mater

AGRADECIMIENTOS

A **DIOS** *todo poderoso* por que me dio la suficiente capacidad para la culminación de mis estudios y porque me sustentó y suplió todas mis necesidades ,
con la diestra de su justicia.

Al Ing. M.C. Arnoldo Oyervides García, por sus valiosas aportaciones al presente trabajo de investigación, por sus sugerencias tan atinadas que mucho sirvieron para engrandecer la calidad de este trabajo, por su gran calidad humana y profesional.

Al Ing. M.C. Humberto de León Castillo quien mostró siempre un gran interés por mi formación profesional, por sus valiosas sugerencias y comentarios ya que sin su ayuda no hubiera sido posible realizar este trabajo de investigación.

Al Dr. Sergio A. Rodríguez Herrera por su gran amistad y su valiosa ayuda, al facilitarme el equipo necesario para correr los análisis estadísticos, así como por sus comentarios y sugerencias durante la realización del presente trabajo.

Al M.C. Emilio Padrón Corral por su asesoría en los análisis estadísticos, por sus aportaciones y sugerencias al presente trabajo.

RECONOCIMIENTO

Al Ing. Jorge Salomón Azar García Gobernador del Estado de Campeche por la ayuda económica proporcionada durante mis estudios de maestría, sin la cual no hubiera sido posible la realización de la misma.

Al Lic. Ignacio Costilla Rodríguez Delegado de la Secretaría de Desarrollo Social en Campeche, ya que gracias a sus gestiones hizo posible que se me otorgara la ayuda económica por parte del Gobierno del Estado, por su gran calidad humana y profesional.

INDICE DE CONTENIDO

	Página
INDICE DE CUADROS.....	ix
INTRODUCCION.....	1
Hipótesis.....	3
Ojetivos.....	3
Metas.....	3
REVISION DE LITERATURA.....	5
Método de selección recurrente o cíclico.....	5
Pasos de la selección recurrente.....	7
Métodos de selección recurrente.....	8
Selección recurrente de familias de hermanos completos.....	11
Pasos de la selección recurrente de hermanos completos..	11
Selección recurrente de familias de hermanos completos con pedigrí.....	16
Parámetros genéticos.....	18
MATERIALES Y METODOS.....	21
Material genético.....	21
Metodología de la selección recurrente de hermanos completos con pedigrí.....	21

Características de las localidades.....	23
Características del experimento.....	24
Toma de datos.....	24
Análisis estadístico.....	28
Ajuste del peso seco.....	28
Análisis de varianza.....	30
Recombinación del material seleccionado.....	36
Aptitud combinatoria general.....	37
Aptitud combinatoria específica.....	37
Diferencial de selección.....	38
RESULTADOS	39
Análisis de varianza y parámetros genéticos.....	39
Selección de familias de hermanos completos en base a la aptitud combinatoria general (ACG).....	42
Selección de familias de hermanos completos en base a la aptitud combinatoria específica (ACE).....	43
Diferencial de selección y ganancia genética esperada.....	44
Programación de la recombinación.....	45
DISCUSION.....	49
CONCLUSIONES.....	55
RESUMEN.....	57
LITERATURA CITADA.....	59
APENDICE.....	64

INDICE DE CUADROS

	Página
3.1. Características de las parcelas experimentales.....	25
3.2. Análisis de varianza individual para un diseño de bloques incompletos.....	32
3.3. Análisis de varianza combinado para un diseño de bloques incompletos.....	33
4.1. Parámetros genéticos estimados a partir del análisis de varianza combinado de las localidades de Ursulo Galván, Ver; y Rinconada, Ver; 1995- 1996.....	40
4.2. Familias con los valores más altos de prepotencia y ACG para rendimiento, tomando medias de las localidades de Ursulo Galván Ver; y Rinconada, Ver; 1995-1996.....	43
4.3. Concentración de familias con los valores más altos de ACE para rendimiento tomando medias de las localidades de Ursulo, Galván Ver; y Rinconada Ver; 1995-1996.....	44
4.4. Diferencial de selección y ganancia genética esperada en la población de maíz tropical, complejo-24 en su quinto ciclo de selección.....	47
4.5. Dialélico parcial de las 30 familias seleccionadas para su recombinación.....	48

COMPENDIO

QUINTO CICLO DE SELECCION RECURRENTE DE HERMANOS COMPLETOS CON PEDIGRI EN LA POBLACION DE MAIZ TROPICAL COMPLEJO-24

POR

CARLOS ALEJANDRO TUCUCH CAUICH

MAESTRIA

FITOMEJORAMIENTO

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA. DICIEMBRE, 1996

Ing. MC. Arnoldo Oyervides García -Asesor-

Palabras claves: selección recurrente, hermanos completos, aptitud combinatoria general.

El maíz es la principal especie cultivada en México, cubriendo alrededor del 51 por ciento del área total cultivada, y constituye la dieta alimenticia principal de los Mexicanos, por lo que tiene gran importancia agrícola, económica y social. La selección recurrente de familias de hermanos completos es un método sobresaliente de mejoramiento intrapoblacional usado en maíz (*Zea mays* L.) para seleccionar familias con características agronómicas deseables.

Este estudio fue conducido para evaluar el cuarto ciclo de selección recurrente de hermanos completos con pedigrí en la población de maíz tropical complejo-24, así como formar el quinto ciclo de selección.

Las hipótesis que se establecieron fueron: existe variabilidad genética, en la población de maíz tropical Complejo-24, en su cuarto ciclo de selección, por lo que es posible continuar con la selección y la metodología de selección recurrente de familias de hermanos completos con pedigrí, es efectiva para seleccionar familias con buena aptitud combinatoria. Los objetivos planteados fueron: efectuar la selección de las mejores familias de hermanos completos, que formarán el quinto ciclo de selección con pedigrí, identificar las familias con los valores más altos de aptitud combinatoria para programas inmediatos de hibridación, estimar la ganancia genética de la población, en su cuarto ciclo (C_4) de selección. estimar la variabilidad genética de la población, Pool-24 en el cuarto ciclo de selección.

De acuerdo a los resultados se encontró que existe suficiente variabilidad entre familias de hermanos completos del C_4 para efectuar la selección y avanzar un ciclo más en la población de maíz tropical Complejo-24, existe variabilidad genética, en la población de maíz tropical Complejo-24, en su cuarto ciclo de selección, por lo que es posible continuar con la selección, se identificaron 15 familias con los mejores efectos de aptitud combinatoria general, las cuales serán fuente para derivar líneas con alta probabilidad de generar híbridos y sintéticos a mediano plazo, a través de las ganancias realizadas se puede afirmar que el método de selección recurrente de familias de hermanos completos con pedigrí, fue efectivo para capitalizar genes deseables, con los que se obtuvo plantas con menor altura de mazorca,

mayor resistencia al acame de raíz y tallo, menor porcentaje de mazorcas podridas y presencia

de *Fusarium*, así como plantas más rendidoras.

ABSTRAC

FIFTH CYCLE OF FULL-SIB RECURRENT SELECTION WITH PEDIGREE IN
TROPICAL MAIZE POPULATION POOL-24

BY

CARLOS ALEJANDRO TUCUCH CAUICH

MASTER OF SCIENCE

PLANT BREEDING

UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, DECEMBER, 1996

Ing. MC Arnoldo Oyervides García -Advisor-

Key Words: recurrent selection, full-sib, general combining ability

The maize is the main species cultivated in Mexico, grown in the 51 percent of the total cultivated area, and constitute the main food of the mexican, and it is therefore of great agricultural, economic and social importancel. Full-sib recurrent selection with pedigree is one oustanding method intrapopulation improvement used in maize (*Zea mays* l.), to select families with desirable agronomic features. This study was conducted to evaluate the fourth cycle of Full-Sib recurrent selection with pedigree in tropical maize population, Pool-24 as

soon as form the fifth cycle of selection. The following hypothesis were established: genetic variation is still existing in the tropical maize population Pool-24 in his fourth cycle of recurrent selection, it si therefore to possible, continue with the selection, and the methodology of Full-sib recurrent selection with pedigree is effective to select families with a good combining ability. The objectives for this work were the selection of the best Full-sib, which whould form the fifth cycle of selection with pedigree; identify the families with the highest values of combining ability for inmediate programs of hibridation; estimate the genetics gain of the population in the fourth cycle of selection, and to estimate the genetic variation of the population Pool-24 in the fourth cycle of selection.

Results show a plenty enough variation into Full-Sib of the fourth cycle to carry out the selection and advance on cycle more in the tropical maize population Pool-24, genetic variation is still existing in the tropical maize population Pool-24 in his fourth cycle of recurrent selection, it is therefore to possible, continue with the selection, fiftee Full-Sib has a good general combining ability efects, wich will be source to derive potential lines with high probability to generate superior hybrids or to form a synthetic variety in a short time period. Because of the genetic gain achieved it si evident that the Full-Sib method of recurrent selection with pedigree, was effective to capitalize desirable genes, wich were useful to obtain, shorter plants, more resistant stalk and root londging, less percent of ear rot and Fusarium infection and high yielding plants.

INTRODUCCION

El maíz, es la principal especie cultivada en México cubriendo alrededor del 51 por ciento del área total que se encuentra bajo cultivo, abarca de ocho a 10 millones de hectáreas, de las cuales en el Estado de Veracruz se cultivan aproximadamente 700,000 ha, siendo por lo tanto un cultivo de gran importancia en la región. Existen además otras áreas tropicales, como Chiapas, Campeche, Tabasco, Nayarit, entre otras, en las cuales se siembran alrededor de dos millones de ha, con las que se cubre el 25 por ciento de la superficie nacional. Aun y cuando es una cantidad importante, esta podría ser incrementada, ya que todavía queda superficie disponible, en el trópico húmedo de México, en donde las condiciones climatológicas, durante el ciclo de temporal, pueden hacer rentable, la siembra de maíz.

La producción de maíz constituye la dieta alimenticia principal razón por la cual guarda estrecha vinculación con el desenvolvimiento político, económico y social del país, de ahí la impostergable necesidad de considerar a este cereal, como elemento clave en todo esfuerzo con propósito de desarrollo agrícola nacional.

Para evidenciar su importancia basta mencionar que representa el 30 por ciento del producto agrícola total y el 21 por ciento del producto nacional bruto.

El aumento demográfico es el mayor problema que confronta la humanidad, por lo

que una de las preocupaciones del hombre, es la de conseguir que la producción agrícola aumente al ritmo de las necesidades alimenticias de una población en constante crecimiento, dentro de un mundo de superficie limitada, es por eso, que uno de los objetivos básicos del mejoramiento genético, es el de desarrollar genocultivares con una adaptación amplia, que permita su producción dentro de una gama de ambientes diferentes, por lo que el fitomejorador debe proseguir explorando todas las posibilidades, para lograr aumentar el rendimiento, para satisfacer las necesidades de la población.

La selección recurrente de familias de hermanos completos con pedigrí, es un esquema sobresaliente, que se ha utilizado como método, para seleccionar familias con mejores características agronómicas a partir de las cuales se extraigan líneas progenitoras de nuevos híbridos con las cuales se eleve la producción.

Por lo anteriormente expuesto, en el Instituto Mexicano del Maíz, Dr. Mario E. Castro Gil, con sede en la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, se está trabajando en el mejoramiento genético del maíz tropical Complejo-24, el cual presenta buenas características agronómicas, para desarrollar materiales mejorados, para el área del trópico húmedo.

En el presente trabajo, el cual forma parte de dicho programa de investigación, se trabajó en la obtención del Quinto ciclo (C_5) de selección en la población de maíz tropical Complejo-24, mediante selección recurrente de familias de hermanos completos con pedigrí (SRHCP), para lo cual se plantearon las siguientes hipótesis:

Hipótesis

- Se sigue manteniendo la variabilidad genética, en la población del maíz tropical complejo-24, en su Cuarto Ciclo de selección, por lo que es posible continuar con la selección recurrente de familias de hermanos completos.
- La metodología de selección recurrente de hermanos completos con pedigrí, es efectiva para seleccionar familias con buena aptitud combinatoria general.

Objetivos

- Efectuar la selección de las mejores familias de hermanos completos, que formarán el Quinto Ciclo (C_5) de selección con pedigrí.
- Identificar las familias con los valores más altos de aptitud combinatoria para programas inmediatos de endogamia.
- Estimar la ganancia genética de la población en su Cuarto ciclo (C_4) de selección.

Metas

- Estimar la ganancia genética de la población. Para el Quinto Ciclo (C_5) de

selección

- Estimar el coeficiente de variación genética de la población Complejo-24 en su cuarto ciclo de SRHC con pedigrí.
- Formar el Quinto ciclo (C_5) de selección, con las mejores FHC.
- Formar un sintético, con ocho o 10 familias de hermanos completos, que pueda ser usado, por los agricultores de la región.

REVISION DE LITERATURA

El mejoramiento genético de la plantas se define como el arte y la ciencia que permite explotar la herencia de las plantas (Poehlman, 1983); dicho mejoramiento se practicó desde que el hombre aprendió a seleccionar las mejores plantas, por lo cual la selección se convirtió en el primer método de mejoramiento de los cultivos. A través del mejoramiento genético se ha logrado incrementar el rendimiento de los cultivos así como también grandes adelantos en resistencia a enfermedades, acame, calidad nutritiva y otras características de interés.

El mejoramiento genético en conjunción con los modernos métodos de cultivo, han permitido que la producción de alimentos, abastezca en forma parcial la creciente demanda de una población en constante crecimiento.

Método de Selección Recurrente o Cíclico

El mejoramiento genético tiene como meta principal la identificación de genotipos deseables como progenitores de la siguiente generación, y eliminar los indeseables; por lo tanto, a medida que se realiza la selección en una población, algunos genotipos en particular son favorecidos más que otros, por lo que el equilibrio de Hardy-Weinberg se rompe y las frecuencias génicas empiezan a variar en el sentido de la selección.

La selección recurrente fue sugerida originalmente por Hayes y Garber (1919) y por East y Jones (1920), fue modificado por Jenkins (1940) quien publicó la descripción detallada de este esquema, y por último Gómez *et al.* (1986) hicieron otra modificación al método, que consistió en asignar un pedigrí a las familias seleccionadas.

La selección recurrente en forma general es un esquema cíclico, en el cual se seleccionan fenotípicamente o genotípicamente las plantas que presenten características agronómicas superiores, (las cuales estarán en función de los programas de mejoramiento), y posteriormente estas plantas se entrecruzan para formar una nueva población.

Allard (1967) define a la selección recurrente, como un método de mejoramiento genético, diseñado para concentrar los genes favorables dispersos entre un número de individuos, mediante selección en cada generación, también menciona que la mecánica del método de selección recurrente, donde intervienen caracteres cuantitativos es poco recomendable en el caso de caracteres gobernados por uno o dos pares de genes alelos fácilmente identificados por el fenotipo. La ventaja principal del sistema consiste en la facilidad de retener una gran proporción de los genes favorables, presentes en las progenies seleccionadas y es un método que implica cierto grado de endogamia y de hibridación.

Márquez (1985) menciona que al seleccionar caracteres métricos interesa la variación de los genes de acción aditiva (o genes de efectos aditivos), de manera que por medio de ellas se escojan a los individuos que por su aspecto fenotípico parezcan ser los mejores. Sin embargo, aun cuando no hubiera efecto ambiental alguno, y se tuvieran exclusivamente valores genotípicos, existe otro factor que impide la diferenciación completa

BANCOS DE TESIS

de los genotipos, este es el grado de dominancia que mientras más se acerca a la unidad impedirá más intensamente la diferenciación entre los genotipos AA y Aa.

Fischer et al. (1987) en un estudio por el método de selección recurrente para reducir el número de ramificaciones florales y la densidad del área foliar por arriba de la mazorca, en una población de maíz tropical, reportan significancia por ciclo al analizar los resultados para número de ramas florales, densidad de área foliar sobre mazorca, producción de grano e índice de cosecha.

En un estudio de selección recurrente para altura de planta en maíz tropical realizado por Johnson y Fischer (1980) encontraron en este carácter una H^2 de 0.84, mientras que Lamkey y Hallauer (1987) promediando las estimaciones obtenidas de nueve evaluaciones en 23 ambientes en un total de 900 progenies para mejoramiento de hermanos completos encontraron una H^2 de 0.603 y un C.V.G. de 10.9 por ciento para el carácter rendimiento.

Hallauer y Miranda (1981) sugieren el uso de la selección recurrente en la mejora de una población base por medio del cual se derivan progenies de diversos tipos (líneas, MH, HC etc.) dependiendo del sistema utilizado, recombinando las que en la etapa de evaluación resulten superiores, y que estos pasos reciben un manejo cíclicamente de acuerdo a la experiencia del fitomejorador Allard (1960).

Pasos de la Selección Recurrente

- Formación de las progenies.

- Evaluación de las progenies.
- Recombinación de las progenies seleccionadas para iniciar un nuevo ciclo de selección.

Métodos de Selección Recurrente.

- Selección recurrente intrapoblacional.
 - . Selección masal.
 - . Selección recurrente de hermanos completos.
 - . Selección recurrente de medios hermanos.
 - . Selección de líneas S1 y S2.
 - . Selección por cruces de prueba.

- Selección recurrente interpoblacional.
 - . Selección recíproca recurrente de hermanos completos.
 - . Selección recíproca recurrente de medios hermanos.

Uno de los indicadores más usados para determinar qué método de selección utilizar, es la fórmula general esperada presentada por Allard (1967), Falconer (1983), Hallauer y Miranda (1981).

$$\Delta G = K\sigma_p h^2$$

Donde:

ΔG = Ganancia por ciclo.

K = Diferencial de selección estandarizado.

σ_p =Desviación estandar fenotípica.

h^2 = Heredabilidad en sentido estrecho.

Esta fórmula general se modifica para adaptarse a cada método. Sprague y Eberhart (1977), y Hallauer y Miranda (1981), presentan la fórmula adaptada para cada método de selección recurrente la misma fórmula aunque expresada en diferentes términos es la siguiente (Hallauer, 1985):

$$\Delta G = Sh^2$$

Donde:

S =Diferencial de selección.

h^2 = Heredabilidad.

El mejoramiento poblacional es fundamental y permite el desarrollo de híbridos cada vez mejores. Las mejoras hechas en las poblaciones de maíz a través de diversos esquemas de selección intrapoblacionales e interpoblacionales se pueden explotar favorablemente, al derivar nuevas líneas superiores (CIMMYT, 1983).

El mejoramiento intrapoblacional, antes de la extracción de líneas para el desarrollo de híbridos, ha sido recomendado por algunos mejoradores en programas de mejoramiento de maíz (Lonquist 1949 y Gardner, 1961). Ellos señalan que el principal objetivo es hacer más

efectivo el uso de la porción aditiva de la varianza genética existente en las poblaciones y variedades sintéticas de maíz, antes de capitalizar la de dominancia y los efectos epistáticos en combinaciones híbridas específicas.

La selección para prolificidad en maíz se ha recomendado como un método para incrementar el rendimiento de grano. Coors y Mardones (1989) reportan una evaluación por el método de selección masal en la población "Golden Glow" la cual fue conducida bajo tres diferentes densidades de población y dos niveles de fertilización durante 1985 y 1986. El número de mazorcas por planta incrementó 2.4 y 3.3 por ciento/ciclo respectivamente, lo que corresponde a un incremento en el rendimiento/planta de 2.0 y 3.0 por ciento y a un incremento en el rendimiento/ha de 2.0 y 2.8 por ciento para el año respectivo.

Williams et al. (1989) en un estudio de selección recurrente, hecho en maíz, reportan que existe una relación entre la resistencia a *S. frugiperda* y *D. grandiosella*, encontrándose además, que la ACG es una fuente de variación altamente significativa para la resistencia a los insectos antes mencionados.

Eyherabide y Hallauer (1991) mencionan que la SRR enfatiza la selección para efectos genéticos aditivos y no aditivos, ellos determinaron la contribución de efectos aditivos y de dominancia para la respuesta a la selección y para estimar efectos de la desviación genética después de ocho ciclos de SRRHC (para rendimiento) en maíz en la población BS10 y BS11, ambas poblaciones y sus cruzas correspondientes en los ciclos 0, 2, 4, 6, y 8 fueron evaluados en dos niveles de endogamia ($F=0$ y $F=0.5$) a través de ocho ambientes. Ellos encontraron que la contribución de heterocigotos en la población BS10 C0 y BS11 C) fueron

más importantes que los homocigotos para rendimiento, mientras que la contribución de homocigotos fueron más importantes para las otras características evaluadas. Mencionan también que se detectó heterosis significativa entre las dos poblaciones en el ciclo 0 para rendimiento, la heterosis para rendimiento de las cruzas interpoblacionales se incrementó con la selección y se debe a la acumulación de genes favorables con efectos aditivos y dominantes de ambas poblaciones. Por último menciona que los efectos de desviación genética fueron significativos para rendimiento (BS10 y BS11), días a floración masculina (BS10) y altura de mazorca (BS11).

Selección Recurrente de Familias de Hermanos Completos

Este método se define como un esquema sobresaliente para obtener híbridos de buenos rendimientos a partir de líneas endogámicas de buen comportamiento, ya que con este método se amplía el valor de la población para el uso directo e inmediato de los materiales obtenidos.

Fue inicialmente descrito por Mather (1949) y ha sido uno de los de mayor eficiencia de los utilizados en la selección recurrente.

Pasos de la Selección Recurrente de Hermanos Completos.

- 1ra. Generación

De una población de amplia base genética, se seleccionan 400 plantas

agronómicamente sobresalientes para formar 200 cruza en forma directa y recíproca entre pares de plantas. Al cosechar se juntan las dos mazorcas de cada cruza (directa y recíproca) y se mezcla la semilla, la cual se usará en las evaluaciones.

- 2da. Generación.

Se evalúan las 200 FHC en ensayos de rendimiento y características agronómicas deseables a través de varios ambientes. De estas se seleccionan el 10 por ciento de las mejores familias, se recurre al remanente y se hace un compuesto balanceado de 60 semillas por familia, las cuales se recombinarán en la siguiente generación.

- 3era. Generación

Se siembra el compuesto balanceado para recombinar las familias seleccionadas y formar la población ciclo uno (C_1), para iniciar el segundo ciclo de selección en la siguiente generación.

Una de las desventajas de este método es que se corre el riesgo de caer pronto en la endogamia, ya que se pueden cruzar plantas de la misma familia de hermanos completos, por lo que se ha hecho una modificación a este método que consiste en asignarle un pedigrí a las familias seleccionadas.

Compton y Lonquist (1982) resaltan la eficiencia de la selección recurrente con familias de hermanos completos para mejorar las poblaciones de maíz, ya que el coeficiente de

variación genética aditiva entre familias de hermanos completos es relativamente alto, hacen mención que cuando se recombinan y se forman las nuevas familias, solo dos estaciones de crecimiento son necesarias para complementar un ciclo de selección.

Gómez (1986) al hacer una evaluación de cinco variedades tropicales y cinco subtropicales, por el método de selección recurrente de hermanos completos, reporta que solo dos variedades tropicales y subtropicales mostraron aceptable ACG, y los híbridos varietales mostraron ACE positiva. La depresión por endogamia (DE) promedio fue de 5.2 por ciento y la mayor de 17.84 por ciento. La heterosis promedio sobre el mejor progenitor fue 7.36 y la más alta fue de 16.04 por ciento.

Johnson *et al.* (1986) en un trabajo de selección recurrente aplicado para reducir la altura de planta en una población de maíz tropical durante 15 ciclos, concluyen que se logra la reducción de la planta de 282 cm a 179 cm, o sea un 2.4 por ciento por ciclo, incrementándose de esta manera la densidad de planta en 2.5 por ciento por ciclo, aumentando de 48,000 a 64,000 plantas por hectárea, logrando así un incremento en el rendimiento de 4.4 por ciento por ciclo.

Shivaj *et al.* (1987) en un estudio usando hermanos completos en diferentes ambientes por varios ciclos de selección en poblaciones de maíz tropical, encontraron ganancias altamente significativas por ciclo entre poblaciones y ambientes para rendimientos, días a floración, altura de planta y mazorca, días a madurez, uniformidad de mazorca y prolificidad por planta. Las poblaciones con las cuales trabajaron son Eto Blanco, Antigua República Dominicana, blanco cristalino-I y mezcla amarilla, concluyendo que la selección con hermanos

completos es un método efectivo para mejorar poblaciones de maíz tropical.

Johnson y Geadlman (1989) reportan ganancias de 10.2, 11 y 5.8 por ciento por ciclo respectivamente al evaluar la población denominada As-A, bajo condiciones de riego y temporal por cinco ciclos de selección masal y selección con hermanos completos.

Stromberg y Compton (1989) evaluaron 10 ciclos de selección recurrente en hermanos completos en la variedad Krug de polinización libre en Nebraska, las características estudiadas fueron índice multiplicativo de selección para rendimiento, plantas sin acame y proporción de plantas sin mazorca. Los resultados encontrados mostraron incrementos de 4.4, 1.2, 2.8 y 0.1 por ciento respectivamente. Mencionan también que la humedad del grano en la cosecha disminuyó de 3.0 g kg⁻¹ a 0.3 por ciento, concluyen también que el rendimiento y la resistencia al acame se sigue incrementando a través del décimo ciclo de selección

Pandey *et al.* (1991) usando de cuatro a siete F.H.C. de 10 poblaciones de maíz tropical estudiaron la posibilidad de extraer cultivares de polinización abierta (OPCS) durante un programa de selección recurrente. 40 cultivares experimentales (ECS) fueron desarrollados de las 10 poblaciones, los efectos de selección fueron evaluados en cuatro ambientes para medir el comportamiento y la estabilidad. Ellos reportaron que el porcentaje de superioridad de los ciclos avanzados de ECS sobre el C₀ fue de 9.5 ($p < 0.01$) para rendimiento, -5.1 para altura de planta, -9.6 para altura de mazorca, 5.6 para mazorca por planta, 1.9 para el peso de 1000 semillas. Concluyen que los ECS desarrollados de ciclos avanzados de selección de poblaciones bajo S.R. los rendimientos son muchos más altos ($p < 0.01$) y son más estables ($p < 0.01$ y $p < 0.12$ con ambientes considerados fijos y al azar respectivamente) que aquellos

desarrollados del ciclo original.

Moll (1991) en un trabajo de SRHC para incrementar rendimiento en dos poblaciones de maíz menciona que éste método es efectivo para aumentar la frecuencia de genes favorables. En este trabajo se estimó la respuesta a la selección y los cambios en la varianza genética acumulada durante 16 ciclos, en la población de polinización libre ‘Jarvis Golden Prolific’ y de la población derivada de la generación F2 de la cruce simple NC7 y C121. Las ganancias debida a la selección en el ciclo 1 para la población Jarvis fue a razón de 2.4 por ciento y para la población NC7 xC121 en el mismo ciclo fue de 4.5 por ciento, Menciona también que los ciclos de selección avanzados tuvieron más respuesta al ambiente que la población original. La varianza aditiva se incrementó con la selección en la población Jarvis, pero declinó en la población NC7x C121. La ganancia acumulada fue grande en la población NC7 x C121 sin embargo la varianza genética en esta población fue muy pequeña inicialmente.

Ceballos et al. (1991) en un trabajo de SRHC para resistencia a *Exserohilum turcicum* en ocho poblaciones subtropicales de maíz, evaluaron el progreso obtenido después de cuatro ciclos de SHC en poblaciones provenientes del CIMMYT. Las evaluaciones fueron hechas bajo tres condiciones (infección alta, mediana e intensa) y en dos localidades. Ellos evaluaron la roya de la hoja y la roya común (*Puccinia sorghi*) y concluyeron que existe una alta heredabilidad para la resistencia poligénica a la roya de la hoja, y que la metodología de SRHC S1 empleada fue altamente efectiva en las ocho poblaciones involucradas.

Duque et al. (1994) en un trabajo de selección recurrente de hermanos completos

para determinar la herencia a la tolerancia a suelos ácidos en una población de maíz tropical, estudiaron 256 FHC utilizando un diseño I de Carolina del Norte manejaron 64 machos y cuatro hembras dentro de cada macho, los cuales fueron agrupados en ocho grupos, ellos reportan que a través de los suelos ácidos la varianza genética aditiva fue similar a la varianza de dominancia para rendimiento (0.15 v.s 0.13) pero mucho más grande para altura de planta (47.97 v.s 6.83) y para mazorcas por planta fue de (0.01 v.s 0.00) pero para días a floración fue menor la varianza aditiva que la de dominancia (1.26 v.s 2.98). Mencionan también que la heredabilidad estimada para rendimiento, días a floración, altura de planta y mazorca por planta fue de 36.5+/-19.9 por ciento, 30.9 +/- 19.8 por ciento, 51.5 +/- 19.83 y 40.5 +/- 19.8 por ciento respectivamente. Por otra parte mencionan que de acuerdo a las magnitudes de la varianza aditiva y la interacción varianza por ambiente la $S>R>$ basada en la prueba multiplicativa, sería efectiva para mejorar el rendimiento, días a floración, altura de planta, y mazorcas por planta en suelos ácidos.

Selección Recurrente de Familias de Hermanos Completos con Pedigrí

Esta modificación al método original fue desarrollado por Gómez et al. (1986) y consiste en asignarle a cada familia un pedigrí y de esta manera se planea la recombinación de tal forma que se impida el efecto de endogamia. Este método también permite estimar al mismo tiempo los efectos de Aptitud Combinatoria General de las familias y posteriormente derivar líneas que presenten alto grado de ACG. De León (1987) demostró que la ACG de las familias se hereda a las líneas derivadas de éstas. Debido a que se cuidó que las familias de las que se derivaron las líneas tuvieran el mínimo de parentesco posible, la heterosis de estos híbridos será alta, y tomando en cuenta que las líneas heredaron la buena ACG de las familias

de las cuales se derivaron, existe una probabilidad muy grande de encontrar buenos híbridos.

Robles (1986) menciona que la aptitud combinatoria general es un medio de hacer selección preliminar de un alto número de líneas.

Horner et al. (1976) menciona que por medio de la selección recurrente para aptitud combinatoria específica, es posible incrementar la frecuencia de los genes con efectos aditivos.

Mariaca (1991) hizo la evaluación del segundo ciclo de selección de familias de hermanos completos con pedigrí, en un población denominada Complejo-24 TLWD, y reportó que esta metodología mantiene la variabilidad genética suficiente en la población donde se practique permitiendo de esta forma ganancias a largo y mediano plazo, también reporta un incremento en el rendimiento del 4.7 por ciento por ciclo, así como reducción del acame de raíz (6.3 por ciento), de mazorcas podridas (8.2 por ciento), de mala cobertura (19.2 por ciento) y de mazorcas con *Fusarium* spp (14.8 por ciento).

García (1992) reporta que en el C₃ de selección recurrente de hermanos completos con pedigrí en la población denominada Complejo-24, se logró incrementar el rendimiento en 0.268 Ton/ha por ciclo, así también menciona que se disminuyó el acame de tallo y mazorcas podridas (-2.56 y -4.38 por ciento por ciclo) así también que se observaron ligeras tendencias negativa en acame de raíz, mala cobertura y daño por *Fusarium* spp. Así también hace mención que ya no es posible llevar a cabo la recombinación entre las familias seleccionadas

como lo indica el esquema de hermanos completos con pedigrí; y que esto trae como consecuencia, que este esquema tenga que romperse si se desea seguir haciendo selección y de que se debe inyectar variabilidad y posteriormente derivar familias de hermanos completos y asignar un pedigrí.

Romero (1987) estudió selección recurrente de hermanos completos con pedigrí en una población super enana de maíz, se evaluó el ciclo tres y se formó el ciclo cuatro, menciona que los diferenciales de selección para las características estudiadas fueron favorables, lo cual nos muestra que el método de selección recurrente en familias de hermanos completos con pedigrí es eficiente para mejorar la población base.

Parámetros Genéticos

Robinson y Cockerman (1965) mencionan que dos son los propósitos que se persiguen al estimar los parámetros genéticos:

- Suministrar información sobre la naturaleza de la acción de los genes involucrados en la herencia de los caracteres estudiados.

- Suministrar la base para la evaluación de programas de mejoramiento de la población o posiblemente la información para el desarrollo de nuevos enfoques para el mejoramiento de plantas y animales.

Dudley y Moll (1969) mencionan que la varianza fenotípica es la varianza total

entre fenotipos cuando se desarrollan a través de varios ambientes. La varianza genética total es la parte de la varianza fenotípica que puede ser atribuida a las diferencias genéticas entre genotipos y puede subdividirse aun en varianza genética aditiva, varianza genética de dominancia y varianza genética epistática. La varianza de la interacción genotipo ambiente es la parte de la varianza fenotípica debida a la no coincidencia en el comportamiento relativo de los mismos genotipos en diferentes ambientes. Estos mismos autores mencionan varios aspectos importantes que deben ser considerados por el fitomejorador, los cuales pueden ser abordados por medio de la estimación de los parámetros genéticos los cuales son:

- Si existe suficiente variación genética en la población para permitir el mejoramiento en los caracteres de importancia.
- Qué tan extenso debe evaluarse el material (en términos de años, localidades, repeticiones), para identificar las progenies superiores en las poblaciones.
- Qué material genético de la población, es prometedor como fuente de fitomejoramiento.
- Cuál de los métodos de mejoramiento dará resultados mas efectivos.
- Si el material final más apropiado sea un híbrido, sintético o variedad mejorada.

Uno de los parámetros genéticos de mayor importancia es la heredabilidad en sentido amplio (H^2), la cual se define como la relación de la varianza genética con respecto a la varianza fenotípica; y en sentido estrecho (h^2), que se define como la relación de la varianza genética aditiva con respecto a la varianza fenotípica.

Lamkey y Hallauer (1987) mencionan que la heredabilidad es la fracción del diferencial de selección que se espera ganar en la siguiente generación cuando una selección es practicada con base en una unidad de referencia. El mejor uso de la heredabilidad en mejoramiento genético es la predicción de ganancia por selección.

Otros parámetros útiles, sobre todo en el proceso de desarrollo de híbridos es la aptitud combinatoria general (ACG), que es el comportamiento promedio de un genotipo en una serie de cruzas o sea es lo que un progenitor hereda a su progenie; la aptitud combinatoria específica (ACE) es la desviación del comportamiento de una craza híbrida de lo esperado según las ACG de sus progenitores.

MATERIALES Y METODOS

Material Genético

El material genético que se empleó en el presente estudio, proviene de un complejo, formado por el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), denominado Complejo-24 TLWD (Tropical, Tardío, Blanco, Dentado). Este complejo, está formado principalmente por germoplasma Tuxpeño de México. Tiene algunos materiales de Centroamérica, el Caribe, Colombia y Zaire; posee alta resistencia a la pudrición de tallo y de mazorca, presenta un excelente ideotipo y gran potencial de rendimiento.

Metodología de Selección Recurrente de familias de Hermanos Completos con Pedigrí

El método de selección recurrente de hermanos completos con pedigrí se realiza de la siguiente manera:

- 1ra. Generación

Con el material base se formaron 117 Familias de Hermanos Completos asignándosele un pedigrí a cada una de ellas. Ciclo otoño-invierno 1994 A.

- 2da. Generación

Se evalúan todas las familias en el ciclo 1995 B.

- 3ra. Generación

Evaluada las familias, se aplica el 25 por ciento de presión de selección y se recurre al pedigrí de las seleccionadas para programar la formación de nuevas familias, mediante su recombinación por medio de un dialélico parcial, evitando el cruzamiento de familias emparentadas.

En Tepalcingo Mor. (1981-1982) a partir de 136 Familias de Medios Hermanos provenientes del Complejo-24, se realizaron 240 cruza biparentales, formándose el mismo número de Familias de Hermanos Completos. La progenie de un Compuesto Balanceado de estas 136 FMH, constituyó el Ciclo Cero (Co).

Las 240 FHC formadas, fueron evaluadas por Martínez (1986), quien aplicando una presión de selección del 25 por ciento, seleccionó 60 FHC, las cuales mediante su recombinación por medio de un dialélico parcial, constituyó el Ciclo Uno (C1). Gastelum (1987) toma 266 cruza biparentales (FHC) del dialélico parcial de Martínez (1986), las evalúa y aplica una presión de selección de 20 por ciento, seleccionando 55 FHC, las cuales mediante el dialélico parcial, se recombinaron constituyendo así, el Ciclo Dos (C₂). Mariaca (1991), toma 223 cruza biparentales las evalúa y aplica una presión de selección de 20 por

ciento, selecciona 48 FHC, las cuales mediante un dialélico parcial se recombinan para constituir el ciclo tres (C_3). García (1992), toma 239 cruza biparentales las evalúa y aplica una presión de selección de 25 por ciento, selecciona 60 FHC, las cuales mediante un dialélico parcial se recombinan para constituir el ciclo cuatro (C_4), a la vez se obtuvieron 117 FHC en el ciclo otoño-invierno 1994 A, para iniciar el quinto ciclo de selección.

El material genético utilizado en este estudio son familias de hermanos completos formadas de la recombinación de las seleccionadas por García (1992). A partir de aquí ya no fue posible seguir con el mismo esquema de Hermanos Completos con Pedigrí con que se venía trabajando, por lo que fue necesario romperlo y designar una nueva nomenclatura de las familias, como lo propone Gómez *et al.* (1986).

Características de las Localidades

Las características de las localidades, de acuerdo a la fuente los municipios de Veracruz, 1988, Secretaría de Gobernación son las siguientes:

- Ursulo, Galván, Ver.

Esta localidad se encuentra localizada geográficamente en las coordenadas $19^{\circ} 24' 17''$ Latitud Norte, $102^{\circ} 46' 28''$ Longitud este y 8 MSNM. La temperatura media anual es de 25.8°C y tiene una precipitación media anual de 1017.7 mm, con lluvias abundantes en verano

y principios de otoño, características que clasifica el área como un clima tropical húmedo.

- Rinconada, Ver.

Esta localidad se encuentra localizada geográficamente en las coordenadas $19^{\circ} 19' 43''$ de Latitud Norte y los $102^{\circ} 39' 22''$ de Longitud este. Su altitud promedio es de 194 MSNM. Su clima es cálido regular con una temperatura media anual de 26.5°C con lluvias abundantes de junio a septiembre, siendo muy escasas el resto del año pues se encuentra en la zona semiárida del centro del estado. Su precipitación media anual es de 979.3 mm.

Características del Experimento

En el cuadro 3.1 se observan las características de las parcelas experimentales de las localidades en las cuales se realizó el presente trabajo.

Se sembraron dos semillas por golpe y posteriormente se aclararon a una planta por golpe. Las prácticas de campo incluyeron la preparación del terreno, riegos, fertilización, deshierbes, control de plagas y enfermedades.

Toma de Datos

Las variables que se registraron en cada parcela experimental son las siguientes:

- Altura de la planta. De 10 plantas tomadas al azar, se midieron la altura en cm, desde la base de éstas, hasta donde nace la hoja bandera.

Cuadro 3.1. Características de las parcelas experimentales.

CARACTERISTICAS	MEDIDAS
Longitud de surco	4.62 m
Número de surcos	1
Distancia entre surcos	0.92 m
Distancia entre matas	0.22 m
Matas por surcos	21
Planta por parcela útil	19
Area de la parcela útil	4.18 m ²
Plantas por hectárea	45,454

- .- Altura de Mazorca: A las mismas plantas a las que se les midió la altura, se les tomó la distancia en cm., desde la base hasta el nudo de la mazorca principal.
- Acame de Raíz: El número de plantas con una inclinación igual o mayor a 30° respecto a la vertical, expresado en por ciento.
- Acame de Tallo: El número de plantas con el tallo quebrado debajo de las mazorcas, expresado en por ciento.

- Mazorcas Podridas: El número de mazorcas que presentaron más del 10 por ciento de pudrición.
- Mazorca con Fusarium: El número de mazorcas que presentaron algún daño por Fusarium spp.
- Mala Cobertura: Se tomó antes de la cosecha, se consideró como mala cobertura, cuando las brácteas dejan al descubierto la punta de la mazorca.
- Número de Plantas Cosechadas: El total de plantas que se cosecharon en la parcela útil.
- Número de Mazorcas Cosechadas: Es el total de mazorcas que se obtuvieron de las plantas cosechadas.
- Mazorcas por 100 Plantas: Este dato se obtuvo a partir de la relación de mazorcas por plantas por cien.
- Peso de Campo: Es el peso total de las mazorcas que se cosecharon y que se midió en una báscula de reloj. Se expresó en kilogramos.
- Por ciento de Humedad: En la cosecha se tomó la humedad de una muestra representativa de todas las mazorcas por medio de un aparato portátil con un

decimal de precisión.

- Por ciento de Materia Seca: Se obtuvo por diferencia entre 100 y el por ciento de humedad.
- Peso Seco: Se calcularon multiplicando el por ciento de materia seca por el peso de campo.
- Rendimiento: Se calcularon al 15.5 por ciento de humedad y en ton/ha, al multiplicar el peso seco ajustado por el factor de conversión.

El factor de conversión para expresar el rendimiento en ton/ha al 15.5 por ciento se obtiene de la siguiente fórmula:

$$FC = \frac{10,000 \text{ m}^2 / \text{ha}}{APU \times 0.845 \times 1000 \text{ kg} / \text{ton}}$$

Donde:

FC = Factor de conversión.

APU = Area de la parcela útil.

0.845 = Constante para obtener rendimiento al 15.5 por ciento de humedad.

Análisis Estadístico

Se estableció un diseño de Bloques Incompletos, formándose ocho grupos con 15 familias cada uno de ellos incluyendo un testigo por grupo. Se establecieron dos repeticiones por cada localidad.

Ajuste del Peso Seco

El peso seco se ajustó por regresión, debido a que no fue posible cosechar el mismo número de plantas por parcela útil, este ajuste permite reducir el error derivado de esta causa.

Ecuación de regresión:

$$\hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_{i.} - b(\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{..})$$

Donde:

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

$\bar{Y}_{i.}$ = Media del peso seco del i-ésimo tratamiento.

b = Coeficiente de regresión de Y sobre X.

$\bar{X}_{i.}$ = Media de plantas cosechadas del i-ésimo tratamiento.

$\bar{X}_{..}$ = Media general de plantas cosechadas.

El coeficiente de regresión se obtuvo a través de:

$$b = \frac{\sum XY}{\sum X^2}$$

Donde:

b = Coeficiente de regresión.

XY = Suma de productos de XY.

X² = Suma de productos de X².

El procedimiento para este análisis estadístico, viene detallado por Steel y Torrie (1988).

Las características de porcentaje se transformaron a Arco seno para efectos de análisis de varianza con la siguiente fórmula:

fórmula:

$$Y_{ij} = \text{Arc. Sen} \sqrt{\frac{X_{ij}}{100} + 0.05}$$

Donde:

Y_{ij} = Datos transformados

X_{ij} = Porcentaje

Análisis de Varianza.

Con la intención de probar la hipótesis de que la variabilidad dentro de la población no se redujo a través de los ciclos de selección y que existe suficiente variación para seguir explotándola, se realizó un análisis de varianza individual para cada una de las localidades (cuadro 3.2) y otro combinado para las dos localidades (cuadro 3.3).

El análisis individual para cada localidad se realizó bajo el siguiente modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + \varphi_k + \beta_{j(k)} + \delta_{i(k)} + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:

Y_{ijk} = Valor fenotípico observado de la i -ésima familia de la j -ésima repetición del k -ésimo grupo.

μ = Media general.

φ_k = Efecto del k -ésimo grupo.

$\beta_{j(k)}$ = Efecto de la j -ésima repetición anidada en el k -ésimo grupo

$\delta_{i(k)}$ = Efecto de la i -ésima familia anidada en el k -ésimo grupo.

ε_{ijk} = Efecto del error experimental.

$i = 1, 2, \dots, f$ (familias)

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

$k = 1, 2, \dots, g$ (grupos)

El modelo estadístico para el análisis de varianza combinado es el siguiente:

$$Y_{ijkl} = \mu + \alpha_l + \varphi_k + \alpha\varphi_{lk} + \beta_{j(k)} + \delta_{i(k)} + \alpha\delta_{li(k)} + \varepsilon_{ijkl}$$

Donde:

Y_{ijkl} = Valor fenotípico observado de la i -ésima familia de la j -ésima repetición del k -ésimo grupo de la l -ésima localidad.

μ = Media general.

α_l = Efecto de la l -ésima localidad.

φ_k = Efecto del k -ésimo grupo.

$\alpha\varphi_{lk}$ = Efecto de la interacción del k -ésimo grupo de la l -ésima localidad.

$\beta_{j(k)}$ = Efecto de la j -ésima repetición anidada en el k -ésimo grupo y la l -ésima localidad.

$\delta_{i(k)}$ = Efecto de la i -ésima familia anidada en el k -ésimo grupo.

Cuadro. 3.2. Análisis de varianza individual para un diseño de bloques incompletos

FUENTE DE VARIACION	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADOS MEDIOS	ESPERANZA DE CUADRADOS MEDIOS
GRUPOS	$(g-1)$	$\frac{\sum Y_{.k}^2}{f} - \frac{\sum Y_{..}^2}{fgr}$	M4	$\sigma_e^2 + r\sigma^2 f/g + f\sigma^2 r/g + fr\sigma^2 g$
REPET/GPOS	$(r-1)g$	$\frac{\sum Y_{rk}^2}{f} - \frac{\sum Y_{.k}^2}{f}$	M3	$\sigma_e^2 + f\sigma^2 r/g$
FAM/GPO	$(f-1)g$	$\frac{\sum Y_{rk}^2}{r} - \frac{\sum Y_{.k}^2}{f}$	M2	$\sigma_e^2 + r\sigma^2 f/g$
ERROR EXP.	$(r-1)(f-1)g$	$\sum Y_{rjk}^2 - \frac{\sum Y_{rk}^2}{f} - \frac{\sum Y_{r.k}^2}{r}$	M1	σ_e^2
TOTAL	$fgr-1$	$\sum Y_{rjk}^2 - \frac{\sum Y_{..}^2}{fgr}$		

Cuadro. 3.3. Análisis de varianza combinado para un diseño de bloques incompletos

FUENTE DE VARIACIÓN	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUAD. MED.	ESPERANZA DE CUADRADOS MEDIOS
LOCALIDADES L/L	m-1	$\frac{\sum_{...} l^2}{f_{rg}} - \frac{\sum_{...}^2}{f_{rgm}}$	M7	$\sigma_e^2 + r\sigma^2 mxf/g + f\sigma^2 r/g, m + fr\sigma^2 gxm + fgr\sigma^2 m$
GRUPOS	g-1	$\frac{\sum Y_{..} k^2}{f_{rm}} - \frac{\sum_{...}^2}{f_{rgm}}$	M6	$\sigma_e^2 + r\sigma^2 mxf/g + r\sigma^2 f/g + f\sigma^2 r/g, m + fr\sigma^2 gxm + fmr\sigma^2 g$
GPO. X LOC.	(g-1)(m-1)	$\frac{\sum Y_{..} kl^2}{f_r} - \frac{\sum Y_{...} l^2}{f_{rg}} - \frac{\sum_{..} k^2}{f_{rm}} + \frac{\sum Y_{...}^2}{f_{rgm}}$	M5	$\sigma_e^2 + r\sigma^2 mxf/g + f\sigma^2 r/g, m + fr\sigma^2 gxm$
REP./GPO, LOC.	(r-1)gm	$\frac{\sum Y_{.jkl^2}}{f} - \frac{\sum Y_{..} kl^2}{f_r}$	M4	$\sigma_e^2 + f\sigma^2 r/g, m$
FAMILIAS/GPO.	(f-1)g	$\frac{\sum Y_{i.} k^2}{r_m} - \frac{\sum Y_{..} k^2}{f_{rm}}$	M3	$\sigma_e^2 + r\sigma^2 mxf/g + r\sigma^2 f/g$
LOC.XFAM./GPO.	(m-1)(f-1)g	$\frac{\sum Y_{i.} kl}{r} - \frac{\sum Y_{..} kl^2}{f_r} - \frac{\sum Y_{i.} k^2}{r_m} + \frac{\sum Y_{..} k^2}{f_{rm}}$	M2	$\sigma_e^2 + r\sigma^2 mxf/g$
ERROR EXP.	(f-1)(r-1)gm	$\frac{\sum Y_{ij} kl^2}{r} - \frac{\sum Y_{i.} kl^2}{f} - \frac{\sum Y_{.j} kl^2}{r} + \frac{\sum Y_{i.} kl^2}{r}$	M1	σ_e^2

$\alpha\delta_{li(k)}$ = Efecto de la interacción del l-ésimo ambiente y la i-ésima familia anidada en el k-ésimo grupo.

ε_{ijkl} = Efecto del error experimental.

$i = 1, 2, \dots, f$ (familias)

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

$k = 1, 2, \dots, j$ (grupos)

$l = 1, 2, \dots, m$ (localidades)

También se obtuvo para las familias analizadas la diferencia mínima significativa (DMS)

la fórmula es la siguiente:

$$DMS = t_{0.05/2, g.l.\varepsilon\varepsilon} \sqrt{\frac{2CM_{\varepsilon\varepsilon}}{rl}}$$

$t_{0.05/2, g.l.\varepsilon\varepsilon}$ = Constante de tablas

$CM_{\varepsilon\varepsilon}$ = Cuadrado medio del error experimental

r = Repetición

l = Localidad

Utilizando los cuadrados medios de los análisis de varianza combinado, se calcularon algunos parámetros genéticos: varianza genética, varianza fenotípica, coeficiente de variación genética, ganancia genética esperada y heredabilidad en sentido amplio y estrecho.

Lo anterior fue calculado mediante:

$$\sigma^2 g = \frac{M_3 - M_2}{rl}$$

$$C.V.G = \frac{\sqrt{\sigma^2 g}}{X}$$

$$H^2 = \frac{\sigma^2 g}{\sigma^2 p}$$

$$\Delta G = K \delta_p h^2$$

$$\sigma^2 p = \frac{\sigma^2 e}{rl} + \frac{\sigma^2 ge}{r} + \sigma^2 g$$

$$h^2 = \frac{2\sigma^2 A}{\frac{\sigma^2 e}{rm} + \frac{2\sigma^2 AE + 4\sigma^2 DE}{m} + 2\sigma^2 A + 4\sigma^2 D}$$

Donde:

$\sigma^2 g$ = Varianza Genética.

$\sigma^2 p$ = Varianza Fenotípica.

C.V.G. = Coeficiente de Variación Genética.

C.V.G.= Coeficiente de Variación Genética.

H^2 = Heredabilidad en sentido amplio.

h^2 = Heredabilidad en sentido estricto

M_2 = Cuadrado Medio de Loc. x Fam/Gpo.

M_3 = Cuadrado Medio de Fam/Gpo.

r = Repeticiones.

l = Localidades.

$\bar{X}..$ = Media general.

ΔG = Ganancia por ciclo

K = Diferencial de selección estandarizado.

δ_p = Desviación estándar fenotípica. ✓

σ^2_{ge} = Varianza de la interacción genético - ambiental. ✓

σ^2_e = Varianza del error experimental. ✓

σ^2_A = Varianza aditiva

σ^2_D = Varianza de dominancia

σ^2_{AE} = Varianza de interacción aditiva-ambiente.

σ^2_{DE} = varianza de la interacción dominancia-ambiente.

Recombinación del Material Seleccionado

Las familias seleccionadas se recombinaron por medio de un cuadro de un dialélico parcial que consiste en un cuadro de doble entrada donde se identifican las familias procurando que cada familia se cruce al menos con 12 de familias diferentes o sea que no

tengan ancestros en común para evitar efectos de endogamia, la ventaja de llevar el pedigrí de las familias es que en la evaluación o cosecha es posible estimar los efectos de habilidad combinatoria general (ACG) de cada familia involucrada en el proceso de selección medido este parámetro como el comportamiento promedio que exhibe cada familia a través de las diferentes cruzas en que interviene.

Aptitud Combinatoria General

Dado que la estructura de los cruzamientos es en forma de un dialélico parcial, fue posible determinar la aptitud combinatoria general (ACG) de cada progenitor de hermano completo.

Después de obtenerlas media de rendimiento a través de las localidades se acomodaron conforme al patrón de cruzamientos, obteniendo la prepotencia al sumar toda las medias de cruzamientos de ese progenitor y dividir entre el número de cruzas cuidando que la frecuencia de participación de las familias sea mayor de tres, para que las estimaciones no estén sesgadas. La ACG se determinó restando la media general de todas las cruzas a cada media particular del progenitor. Finalmente las familias progenitoras de mas alta ACG también fueron seleccionadas para someterla a endogamia y derivar líneas que formarán los sintéticos.

Aptitud Combinatoria Específica

La aptitud combinatoria específica, es el resultado del efecto conjunto de dos familias en particular, la cual se obtiene a través de la desviación del rendimiento de la craza con respecto a la media general, mas la ACG de los progenitores.

Diferencial de Selección

Es la diferencia que se observa entre la media de las familias seleccionadas y la media general de la población.

RESULTADOS

Análisis de Varianza y Parámetros Genéticos

En el cuadro 4.1. se encuentran concentrados los cuadrados medios del análisis de varianza combinado, así como parámetros genéticos. Puede observarse primeramente para la fuente de variación localidad, diferencias altamente significativas, para todas las características en estudio, a excepción de mazorcas podridas y acame de raíz, que no mostraron significancia. En lo que respecta a la fuente de variación grupos; existen diferencias significativas para altura de planta y diferencias altamente significativas para altura de mazorca, acame de raíz y tallo, para fusarium y para rendimiento. Se observa también para el caso de la interacción localidad x grupo que, existen diferencias significativas para acame de raíz y fusarium y diferencias altamente significativas, para altura de mazorca, acame de tallo y rendimiento. En cuanto a lo que respecta a la fuente de variación rep/grupos, localidad existen diferencias significativas para mala cobertura y diferencias altamente significativas, para altura de mazorca, fusarium y rendimiento. Para el caso de familias/grupo también se observan diferencias significativas para altura de planta, mala cobertura y fusarium, y diferencias altamente significativas para rendimiento y altura de mazorca, y por último se puede observar que en la interacción loc x fam/grupo, existen diferencias significativas para las características, altura de mazorca, fusarium y rendimiento.

Cuadro 4.1. Análisis de varianza y parámetros genéticos estimados en las localidades de Ursulo Galván Ver; y Rinconada, Ver; 1995-1996.

F.V	G.L	Alt. Pta cm	Alt. Maz. cm	Ac. Raíz	Ac. Tallo	Maz. Pod.	Mala Cob.	Fusarium	Ren Ton/ha 15.50%
LOCALIDAD	1	31444.21**	3768.80**	23.55ns	21214.83**	44.95ns	661.29**	8080.36**	1.23**
GRUPOS	7	1515.49*	1755.75**	156.81**	1947.68**	23.05ns	42.47ns	116.03**	0.784**
LOC X GPO	7	424.51ns	532.17**	78.10*	820.35**	24.93ns	17.23ns	85.35*	0.33**
REP/GPO,LOC	16	1471.29	728.62**	48.17ns	156.05ns	15.71ns	49.05*	132.08**	0.368**
FAM/GPO	112	856.96*	355.72**	46.86ns	193.27ns	16.29ns	39.55*	44.69*	0.155**
LOC X FAM/GPO	112	578.06ns	235.56*	47.013ns	161.78ns	13.85ns	24.67ns	45.59*	0.115*
ERROR	224	595.24	186.07	39.08	163.49	14.59	28.035	33.05	0.078
C.V. %		10.65	10.48	17.82	90.74	11.59	15.88	15.59	8.05
D.M.S		29.15	16.31	7.47	15.27	4.56	6.32	6.87	0.33
C.V.G. % 1		2.88	4.12		39.82	2.37	5.78		2.71
h^2		0.179	0.189		0.194	0.133	0.183		0.182
H^2		0.332	0.296		0.44	0.156	0.411		0.208

*Significancia al nivel de probabilidad del 0.05

** Significancia al nivel de probabilidad del 0.01

ns No significancia

1 Coeficiente de variación genética

Se observa que el coeficiente de variación para todos los caracteres a excepción de acame de tallo, fue menor de 18 por ciento, altura de planta (10.65 por ciento), altura de mazorca (10.48 por ciento), Acame de raíz (17.82 por ciento), Mazorcas podridas (11.59 por ciento), Mala cobertura (15.88 por ciento), Fusarium (15.59 por ciento) y Rendimiento (8.05 por ciento).

El coeficiente de variación genética, es un indicador del grado de variabilidad debido a la inferencia genética, este parámetro resulta de gran utilidad en programas de selección recurrente, ya que proporciona información sobre la cantidad de variación con que cuenta el fitomejorador, así como monitorear la disminución de la variación genética a través de los ciclos de selección, se observan los siguientes porcentaje del coeficiente de variabilidad genética para las características altura de planta (2.88 por ciento), altura de mazorca (4.12 por ciento), acame da tallo (39.82 por ciento), mazorcas podridas (2.37 por ciento), mala cobertura (5.78 por ciento), y rendimiento (2.71 por ciento).

El conocimiento de la h^2 es de gran importancia dentro del mejoramiento de plantas debido a que si existe baja h^2 es más difícil el mejoramiento genético.

Se estimó la heredabilidad en sentido estrecho (h^2), altura de planta, altura de mazorca, acame de tallo, mazorcas podridas y rendimiento (0.303, 0.301, 0.179, 0.189, 0.194, 0.133, 0.183, 0.182), se observa que a excepción de flor masculina y femenina, todas las características presentan baja heredabilidad.

03417

BANCO DE TESIS

La heredabilidad en sentido amplio (H^2) también se estimó para las características en cuestión siendo altura de planta (0.331), altura de mazorca (0.296), acame de tallo (0.440), mazorcas podridas(0.156), mala cobertura (0.441) y rendimiento (0.200), estos resultados se encuentran por debajo a los reportados por García (1992) altura de planta (0.615), altura de mazorca (0.6), rendimiento (0.572).

Cabe destacar que la ganancia esperada fue calculada con la heredabilidad en sentido estrecho (h^2) para contar con estimaciones de ganancias más precisas.

Selección de Familias de Hermanos Completos en Base a la Aptitud Combinatoria General (ACG)

Como se había dicho anteriormente, el método de SRHCP permite identificar las familias seleccionadas procurando que cada familia se cruce al menos con siete familias diferentes, esta modificación nos permite estimar la ACG de cada familia.

Entre las ventajas del método de selección recurrente de familias de hermanos completos con pedigrí, es que permite la estimación de las prepotencias de las familias seleccionadas en un ciclo n para formar el ciclo $n+1$ y con ello poder utilizar las mejores familias seleccionadas como fuentes derivadoras de líneas. Otra ventaja de éste método de mejoramiento, es que permite la estimación de la frecuencia de participación de las familias en las diferentes cruza en que participan.

En el cuadro 4.2. se presentan las mejores 15 familias, en cuanto a sus prepotencias

para rendimiento y su ACG, se hace mención de la frecuencia de participación de las familias, debido a la importancia que esto tiene, ya que se puede estimar con sesgo la ACG cuando el promedio es obtenido a través de pocas observaciones; De León y Reyes (1991) mencionan que la estimación de esta característica es confiable, cuando una familia haya participado al menos en cinco cruces diferentes.

Cuadro. 4.2 Familias con los valores más altos de prepotencia y ACG para rendimiento, tomando medias de las localidades de Ursulo, Galván Ver; y Rinconada Ver; 1995-1996.

FAMILIA	GENEALOGIA	REND. PROM.	MED. GRAL..	A.C.G.	FREC. PARTICIP
2718	Pool 24 C4 2718 FHC	3.847	3.681	0.166	8
2719	Pool 24 C4 2719 FHC	3.804		0.123	10
2707	Pool 24 C4 2707 FHC	3.750		0.069	9
2716	Pool 24 C4 2716 FHC	3.730		0.051	11
2720	Pool 24 C4 2720 FHC	3.728		0.047	9
2712	Pool 24 C4 2712 FHC	3.723		0.042	8
2715	Pool 24 C4 2715 FHC	3.717		0.036	7
2723	Pool 24 C4 2723 FHC	3.715		0.034	8
2706	Pool 24 C4 2706 FHC	3.710		0.029	11
2726	Pool 24 C4 2726 FHC	3.706		0.025	8
2727	Pool 24 C4 2727 FHC	3.705		0.021	8
2722	Pool 24 C4 2722 FHC	3.702		0.021	10
2714	Pool 24 C4 2714 FHC	3.701		0.02	10
2710	Pool 24 C4 2710 FHC	3.695		0.014	10
2724	Pool 24 C4 2724 FHC	3.682		0.001	4

Selección de Familias de Hermanos Completos en Base a la Aptitud Combinatoria
Específica (ACE)

En el cuadro 4.3. se encuentran las familias que muestran los valores más altos de ACE, se observa que son ocho las familias que muestran valores aceptables de aptitud

combinatoria específica siendo la familia 2706 x 2707 la que muestra el valor más alto de ACE (0.401) , por otra parte se observa que la familia 2719 x 2723 muestra el menor valor de ACE (0.242)

Cuadro 4.3. Concentración de familias con los valores más altos de ACE para rendimiento tomando medias de las localidades de Ursulo, Galván Ver; y Rinconada Ver; 1995-1996.

CRUZA	REND. DE CRUZA	MEDIA GRAL.	ACG P ₁	ACG P ₂	ACE
2706X2707	4.18	3.681	0.029	0.069	0.401
2718X2720	4.28		0.166	0.047	0.386
2710X2715	4.07		0.014	0.034	0.339
2704X2726	3.98		-0.062	0.025	0.336
2719X2722	4.15		0.123	0.021	0.325
2717X2722	4.06		-0.043	0.021	0.285
2716X2725	4.13		0.051	0.155	0.243
2719X2723	4.08		0.123	0.034	0.242

Diferencial de Selección y Ganancia Genética Esperada

La selección de familias de hermanos completos, se efectuó a partir de sus medias correspondientes a través de ambientes y obtener su media general. El criterio de selección, fue el buen comportamiento agronómico en general, siendo el rendimiento el primer considerado, pero cuantificando el resto de las características, como lo señalan Robinson *et al.*(1951). El diferencial de selección nos permite saber si se está perdiendo o ganando una buena o mala característica y lo deseable es tener diferenciales positivos para rendimiento y negativos para las características restantes.

En base a lo antes mencionado, se presentan en el cuadro A.3. las medias generales

de las familias seleccionadas con el 25 por ciento de presión de selección, estas familias darán origen a la nueva población Complejo -24 (C₅).

En el cuadro 4.4. se encuentran representados los diferenciales de selección, las medias de las características agronómicas, de las familias de hermanos completos seleccionadas, la media general del ciclo cuatro (C₄), y las ganancias esperadas, en los 10 caracteres evaluados de acuerdo al diferencial de selección, se observa que se obtuvieron plantas más precoces, para días a floración masculina y femenina, plantas con menor altura de mazorca, más resistentes al acame de raíz y tallo, más resistentes a la pudrición de mazorca y fusarium y plantas más rendidoras. Por otra parte se observa que la selección no fue favorable para las características altura de planta y mala cobertura ya que hubo un ligero incremento en la altura, así también se observa aumento en el porcentaje en la característica mala cobertura.

En este mismo cuadro 4.4 se observa que la ganancia observada es aceptable para días a floración masculina y femenina, altura de planta y altura de mazorca. En lo que se refiere a acame de tallo, se espera una ganancia para el siguiente ciclo de selección de 6.322 por ciento, para mazorca podrida 2.272 por ciento, para mala cobertura 5.131 por ciento y por último para la característica más importante que es rendimiento se observa un 1.488 por ciento de ganancia para el siguiente ciclo de selección.

Programación de la Recombinación.

A partir de este quinto ciclo de selección, ya no fue posible seguir con el mismo esquema de Hermanos Completos con Pedigrí con que se venía trabajando, ya que son

demasiadas las familias emparentadas, por lo fue necesario romperlo y asignar una nueva nomenclatura a las familias, como lo propone Gómez et al. (1986) por lo que las 30 familias seleccionadas se recombinaron por medio de un dialélico parcial, como se representa en el cuadro 4.5. las cuales se cruzaron 12 veces, con familias que no tuvieran ancestros en común para evitar efectos de endogamia.

Cuadro 4.4 Diferencial de selección y ganancia genética esperada en la población de maíz tropical complejo-24 en su quinto ciclo de selección.

	F. M.	F. H.	Alt. Pta.	Alt. Maz.	Ac.R.	Ac.T.	Maz.Pod.	Fusarium	M.Cob.	Rend. ton/ha
	días	días	cm	cm	%	%	%	%	%	15 %
Ciclo 4	58.252	59.033	229.305	130.367	7.332	23.803	4.372	9.931	5.172	3.681
Seleccionadas	58.183	58.683	229.908	127.358	5.262	16.026	3.625	8.434	6.624	3.982
Difer.De Selección.	-0.069	-0.35	0.603	-3.009	-2.07	-7.777	-0.747	-1.497	1.452	0.301
h^2	0.303	0.301	0.179	0.189		0.194	0.133		0.183	0.182
ΔG Esperada.	-0.021	-0.105	0.107	-0.568		-1.507	-0.099		0.265	0.054
ΔG Esperada %	0.035	0.178	0.046	0.435		6.322	2.272		5.131	1.488

ΔG Ganancia Genética Esperada.

DISCUSION

Las diferencias significativas y altamente significativas encontradas en la fuente de variación localidad, en las distintas características estudiadas, indican que las localidades en las cuales se desarrolló el presente estudio son diferentes, lo cual es deseable ya que de esta manera las diferencias entre las familias se deberá a sus diferencias genéticas.

Las diferencias encontradas en la fuente de variación grupos, se deben a que las condiciones de terreno, microclima, los manejos de cultivo y constitución genética no fueron iguales en cada uno de los grupos.

Por otra parte se observa que los grupos se comportaron de manera diferente en cada localidad, ya que la fuente de variación localidad x grupo indica diferencias significativas y altamente significativas.

Las diferencias significativas y altamente significativas encontradas en la fuente de variación rep/grupo, localidad es deseable por que justifica el diseño utilizado ya que se pudo detectar diferencias en el terreno, reduciendo de esta manera la magnitud del error experimental.

Por otra parte las diferencias significativas y altamente significativas encontradas en la

fuente de variación familias/grupos es un resultado deseable pues indica la existencia de variabilidad genética entre las familias, dentro de los grupos, permitiendo seleccionar las más sobresalientes para su recombinación o sea plantas más rendidoras, más bajas, mazorcas con buena cobertura y más resistentes al fusarium y obtener así el material básico del siguiente ciclo de selección y de esta forma mejorar a la población.

Otro resultado importante es que las familias evaluadas, tuvieron una respuesta diferencial a los ambientes, proporcionados, siendo esto una de las razones de ensayar en varias localidades, ya que de esta manera se puede determinar como el ambiente tiene influencia sobre las familias evaluadas o bien para saber en que grado estas familias pueden amortiguar el efecto del ambiente; para lo cual se recomienda correr un análisis de parámetros de estabilidad para poder determinar y seleccionar a las familias que menos interactúan con el ambiente.

Los bajos coeficientes de variación encontrados en las distintas características evaluadas, indican que el experimento se condujo en forma aceptable y que tanto el diseño experimental como el tamaño de muestra utilizado, fueron los adecuados para la evaluación de este tipo de material genético, estos resultado de coeficientes de variación son similares a los reportados por Gastelum (1987), Mariaca (1991) y García (1992) los cuales evaluaron los ciclos anteriores y predijeron las ganancias genéticas en la misma población. Se observa que para el caso de acame de tallo, el cual fue expresado en porcentaje, el valor de su coeficiente de variación fue alto, (90.74 por ciento), a pesar de que se analizaron transformando los valores originales por arco seno, esto último es atribuido a que los datos expresados en porcentaje siguen una distribución binomial y no obstante que fueron transformados no

siempre se consigue adaptar los datos a la distribución normal, por lo que esta información es un tanto reservada, y debe dársele una interpretación subjetiva. Al respecto Steel y Torrie (1988) mencionan que los datos en porcentaje al transformarse se distribuyen en una forma aproximadamente normal, aunque este resultado no siempre se consigue.

Los coeficientes de variación genética (CVG) encontrados en las características evaluadas son significativamente diferentes a los reportados por García (1992) quien evaluó el ciclo anterior, por lo que se puede afirmar que existe suficiente variabilidad en la población para seguir haciendo selección con buenos resultados. El conocimiento del CVG es de suma importancia ya que es de todos conocido que el éxito de cualquier esquema de mejoramiento depende grandemente de la variabilidad que presente el germoplasma básico.

Como se había comentado en el capítulo de resultados se observa que todas las características de estudio mostraron baja heredabilidad en sentido estrecho, estas cifras pequeñas de h^2 se encuentran subestimadas ya que las condiciones ambientales no fueron favorables al cultivo, y a que las condiciones de cultivo y manejo fueron variables, por lo que la h^2 puede estimarse con mayor precisión, seleccionando terrenos uniformes en todos los sentidos, y dando un manejo adecuado al cultivo.

En lo que se refiere a las 15 familias seleccionadas por sus mejores efectos de ACG se usarán para derivar líneas y formar híbridos en un tiempo relativamente corto, y con mayores probabilidades de ser superiores, De León (1987) menciona que la ACG de las familias, se hereda a las líneas derivadas de éstas. Por otro lado, el pedigrí de las familias, evitó que a lo largo de los cuatro ciclos de selección, se cruzaran familias con progenitores

comunes, y de esta manera se evitó que se acumularan efectos de endogamia, con lo cual se logra que las líneas formadas a partir de las familias seleccionadas, sean genéticamente divergentes y por lo tanto los efectos de heterosis en los híbridos, sean más sobresalientes; al mismo tiempo, la variabilidad de la población no se reduce.

Por otra parte de las 15 familias con los valores más altos de ACG se seleccionaron las mejores ocho familias con las cuales se formará un sintético para que sea usado por los agricultores de la región.

La Aptitud Combinatoria específica, es el resultado del efecto conjunto de dos familias en particular, la cual es medida como la desviación de la media general, más la aptitud combinatoria general de los progenitores involucrados en la cruce como se pudo observar en el cuadro 4.3 son ocho las familias que presentan los valores más altos de ACE tales resultados se tomarán como base para la formación de híbridos dirigidos para los agricultores de la región, basado en que el rendimiento de todas las cruces, rebasa al rendimiento promedio de 3.780 ton/ha, del testigo utilizado en la evaluación.

En el cuadro 4.4. se presentan los diferenciales de selección, las medias de las características agronómicas de las familias de hermanos completos seleccionadas, la media general (C_4), y las ganancias esperadas, en los 10 caracteres evaluados. se puede observar que la selección fue favorable para las características flor macho y hembra, altura de mazorca, acame de raíz y tallo, para mazorcas podridas y fusarium, ya que los diferenciales de selección son negativos para estos caracteres, se deduce que la selección fue efectiva. Cabe señalar que para las características mala cobertura y altura de planta, la selección no fue efectiva para

estos caracteres. En lo que se refiere a la característica de rendimiento la selección también fue efectiva ya que hubo un diferencial de selección de 301 kg, ya que la media de rendimiento de la población fue de 3.681 ton/ha y la media de rendimiento de las 30 familias seleccionadas fue de 3.982 ton/ha, este diferencial de selección aunque no es muy grande, representaría gran diferencia económica en grandes extensiones. En forma general se deduce que el método de SRHCP fue efectivo para identificar y seleccionar a los mejores genotipos de la población.

Cabe mencionar que la media de rendimiento del C₄ (familias seleccionadas por García (1992) en el C₃) que fungió como testigo, fue de 3.780 ton/ha, cifra que está ligeramente por debajo de los rendimientos de las mejores familias seleccionadas en el C₄. Por otra parte, comparando la media del testigo, con la media de todas las familias de la población que forman el C₄, se pudo observar que los resultados tal como se esperaban fueron similares.

En este mismo cuadro, se encuentran las estimaciones de la ganancia esperada o respuesta a la selección, para el quinto ciclo de selección en cada una de las características evaluadas, puede observarse que en forma general los porcentajes de ganancia esperada son bajos en todas las características en las cuales hubo ganancia, cabe resaltar que para el caso de rendimiento que es la principal característica a considerar hubo únicamente un 1.488 por ciento de ganancia esperada para el siguiente ciclo, este resultado es significativamente diferente a lo reportado por García (1992) quien reportó una ganancia para rendimiento de 5.94 por ciento en el ciclo anterior, estos resultados indican que existe variabilidad genética en la población tropical Complejo -24 para seguir haciendo selección con resultados favorables.

Como se observa en el cuadro 4.5 las 30 familias seleccionadas se cruzaron 12 veces

con familias que no tuvieran ancestros en común y de esta manera se formaron un total de

180 Familias de Hermanos Completos que serán evaluados en el siguiente ciclo de selección.

CONCLUSIONES

En base a los resultados obtenidos se puede concluir lo siguiente:

- Existió suficiente variabilidad entre las familias de hermanos completos del C₄ para efectuar la selección y avanzar un ciclo más en la población de maíz tropical Complejo-24.
- Se sigue manteniendo la variabilidad genética de la población tropical complejo-24, por lo que se puede seguir haciendo selección con resultados favorables, aunque es necesario que en ciclos posteriores se tenga un mayor control de las condiciones del terreno, microclima y del manejo del cultivo para contar con estimaciones mas precisas de este parámetro genético.
- Se identificaron quince familias con los mejores efectos de aptitud combinatoria general, las cuales serán fuente para derivar líneas con alta probabilidad de generar híbridos superiores o para formar un sintético para cubrir los objetivos de lograr híbridos y sintéticos a mediano plazo.
- A través de las ganancias realizadas se puede afirmar que el método de Selección Recurrente de Familias de Hermanos Completos con Pedigrí, fue

efectivo para capitalizar genes deseables, con el que se obtuvieron plantas con menor altura de mazorca, mayor resistencia al acame de raíz y tallo, menor porcentaje de mazorcas podridas y de fusarium, así como plantas más rendidoras.

RESUMEN

La producción de maíz constituye la dieta alimenticia principal, razón por la cual guarda estrecha vinculación con el desenvolvimiento político, económico y social del país; de ahí la impostergable necesidad de considerar a este cereal, como elemento clave en todo esfuerzo con propósito de desarrollo agrícola nacional.

La selección recurrente de familias de hermanos completos con pedigrí, es un esquema sobresaliente, que se ha utilizado como método, para seleccionar familias con mejores características agronómicas a partir de las cuales se extraigan líneas progenitoras de nuevos híbridos con las cuales se eleve la producción de maíz.

Los objetivos del presente trabajo fueron: efectuar la selección de las mejores familias de hermanos completos, que formarán el Quinto ciclo (C_5) de selección con pedigrí, identificar las familias con los valores más altos de aptitud combinatoria para programas inmediatos de endogamia, estimar la ganancia genética de la población en su Cuarto ciclo (C_4) de selección.

La metodología empleada en el presente trabajo fue el siguiente: con el material base se formaron 117 familias de hermanos completos, asignándosele un pedigrí a cada una de ellas, posteriormente se evaluaron todas las familias en el ciclo 1995-B, y por último evaluadas

las familias, se aplica un 25 por ciento de presión de selección y se recurre al pedigrí de las seleccionadas para programar la formación de nuevas familias, mediante su recombinación por medio de un dialélico parcial.

Los resultados encontrados en el presente trabajo son los siguientes:

Existió suficiente variabilidad entre familias de hermanos completos del C₄ para efectuar la selección y avanzar un ciclo más en la población de maíz tropical Complejo-24, se sigue manteniendo la variabilidad genética de la población tropical complejo-24, por lo que se puede seguir haciendo selección con resultados favorables, aunque es necesario que en ciclos posteriores se tenga un mayor control de las condiciones del terreno, microclima y del manejo del cultivo para contar con estimaciones más precisas de este parámetro genético, se identificaron 15 familias con los mejores efectos de aptitud combinatoria general, las cuales serán fuente para derivar líneas con alta probabilidad de generar híbridos y sintéticos a mediano plazo, a través de las ganancias realizadas se puede afirmar que el método de selección recurrente de familias de hermanos completos con pedigrí, fue efectivo para capitalizar genes deseables; con los que se obtuvo plantas con menor altura de mazorca, mayor resistencia al acame de raíz y tallo, menor porcentaje de mazorcas podridas y de fusarium, así como plantas más rendidoras.

LITERATURA CITADA

- Allard, R.W. 1960. Principios de la Mejora Genética de las Plantas. Ediciones Omega. Barcelona.
- Allard, R.W. 1967. Principios de la Mejoría Genética de las Plantas. Editorial Omega, S.A. Casanova-Barcelona.
- Ceballos, H.; J.A. Deutsch and H. Gutiérrez, 1991. Recurrent Selection for Resistance to *Exserohilum turcicum* in Eight subtropical Maize Population. *Crop Sci.* 31:964-971. U.S.A.
- Coors, J.G. and M.C. Mardones. 1989. Twelve Cycles of Selection for Prolificacy in Maize I Direct and Correlated Responses. *Crop. Sci.* 29:269-275. U.S.A.
- CIMMYT. 1983. CIMMYT's maize Program. An Overview International Maize and Wheat Improvement. Center, Mexico.
- Compton, E. A. and J.H. Lonquist. 1982. A Multiplicative Selection Index Applied to Four Cicles of Full-sib Recurrent Selection in Maize. *Crop. Sci.* 22:981-983. U.S.A.
- Dudley, J.N. And R.H. Moll. 1969. Interpretation and Use of Estimates of Heredability and Genetic Variance in Plant Breeding. *Crop. Sci.* 9:257-262. U.S.A.
- Duque-Vargas, J; Pandey, S; Granados, G; Ceballos, and H; Knapp, E. 1994 Inheritance of Tolerance to Soil Acidity in Tropical Maize. *Crop sci.* 34:50-54. U.S.A.
- East , E.M. and D.F. Jones. 1920. Genetic Studies on the Protein Contents of Maize. *Genetics* 5:43-610. U.S.A.
- Eyherabide, G.H., and A:R Hallauer. (1991). Reciprocal Full-sib Recurrent Selection in Maize

Crop sci. 31:1442-1448. U.S.A.

Falconer, D.S. 1983. Compendium of Recurrent Selection Methods and their Application. Crit. Rev. plant. Sci. 3:1-33. U.S.A.

Fischer, K. S., G.O. Edmeades And F.C. Johnson. 1987. Recurrent Selectcion for Reduced Tassel Branch Number and Reduced Leaf Area Density above the Ear in Tropical Maize Population. Crop Sci. 27: 150 - 156. U.S.A.

García H., J.C. 1992. Selección Recurrente de Hermanos Completos con Pedigrí Evaluación del Cuarto Ciclo (C4) en la Población de Maíz Tropical Complejo-24. Tesis de Licenciatura. UAAAN. Saltillo, Coah. México.

Gastelum S.,G. 1987. Selección Recurrente de Hermanos Completos en la Población de Maíz Tropical (*Zea mays* L.) Complejo -24 Obtención del Ciclo Dos en la Modificación del Pedigrí. Tesis Licenciatura. UAAAN. Saltillo, Coah. México. 67 p.

Gardner, C.O. 1961. An Evaluation of Effects of Maize Selection and Seed Irradiation With Thermal Neutrons on Yield of Corn. Crop Sci. 1:241-245. U.S.A.

Gómez G., J. R., H. De León y S. A. Rodríguez. H.1986. Selección Recurrente de Hermanos Completos con Pedigree. Trabajo presentado en el XI Congreso de SOMEFI. Guadalajara, Jal. México.

Gómez M.,N. 1986. Aptitud Combinatoria de Maices Tropicales y Subtropicales en la Región de Transición Baja de Guerrero. Revista Fitotecnia Mexicana. 18:3-19.

Hallauer, A.R. 1985. Compendium of Recurrent Selection Methods and their Aplication. Crit. rev. Plant. Sci. 3:1-33 U.S.A.

Hallauer, A.R. and F.O. Miranda 1981. Cuantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press Ames.U.S.A.

Hayes, H.K. and R.S. Garber. 1919. Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press. U.S.A.

Homer, E. S., M.C. Lutreck, W.E. Champan and F. G. Martin. 1976. Effects of Recurrent

- Selection for Combining Ability With a Single Cross Test in maize. *Crop Sci.* 16:5-8. U.S.A.
- Jenkins, 1940. The Segregation of Genes Affecting yield of Gain in Maize *am. Soc. Agron.* 32:55-63. U.S.A.
- Jhonson, E. C., and Fischer K.L. 1980. Combining Ability (Heterotic patterns) CIMMYT, 8 p. Mexico, D.F.
- Johnson, E.C., K.S. Fischer, C.O. Edmeades And A: F. Palmer. 1986. Recurrent Selection for Reduced Plant Height in Lowland and Tropical Maize. *Crop sci.* 21: 253-260. U.S.A.
- Johnson, S.S. And J.L. Geadelmam 1989. Influence of Water Stres on Grain Yield Response Selection in Maize. *Crop. sci.* 29:558-564. U.S.A.
- Lamkey , K.R. and A.R. Hallauer. 1987. Heredability Estimated From Recurrent Selection Experiments in Maize. *Maydica* 32:61-78. U.S.A.
- León, C. H. De. 1987. Selección Recurrente en Familias de Hermanos Completos con Pedigrí en Maíz (*Zea mays* L.). Tesis de Maestría. UAAAN. Saltillo, México. 60 p.
- León, C. H. De. Y M:H. Reyes, V.1991. Estimación de la Habilidad Combinatoria en Cruzas Simples de Maíz. II Congreso Nacional de Genética. Saltillo, Coah., México.
- Lonnquist, J.H. 1949. The Development and Performance of Synthetic Varieties of Corn. *Agron. Journal* 41:153-156. U.S.A.
- Mariaca P., J. M. F. 1991. Eficiencia de la Selección Recurrente de Familias de Hermanos Completos con Pedigrí. Tesis de Licenciatura. UAAAN. Saltillo, Coah. México. 86 p.
- Márquez S., F. 1985. Genotecnia Vegetal. Método Teoría y Resultado. A. G. T. Editor, S.A. México . Pag. 15-16.
- Martínez, H.L. 1986. Selección Recurrente de Hermanos Completos en la Población de Maíz Tropical (*Zea mays* L.) Complejo-24. I. Estimación de Parámetros Genéticos. Tesis de licenciatura. UAAAN. Saltillo, Coah. méxico. 88 p.

- Mather, K. 1949. Biometrical Genetics. 1st. Edn. Methuen, London.
- Moll, R.H. 1991 Sixteen Cycles of Recurrent Full-sib Family Selection for Grain Weight in Two Maize Populations. *Crop sci.* 31:959-964. U.S.A.
- Pandey, S; S.K. Vasal, and J.A. Deutsch, (1991). Performance of Open-Pollinated Maize Cultivars Selected from 10 Tropical Maize Populations. *Crop sci.* 31:785-290. U.S.A.
- Poehlman, J. M. 1983. Mejoramiento Genético de las Cosechas. Editorial Limusa, México.
- Robinson, H. F. And Cockerham. 1965. Estimación y Significancia de los Parámetros Genéticos. Trad. Por Gutiérrez Gutiérrez. *Fitotecnia Latinoamericana.* 2(1):23-38. U.S.A.
- Robinson, H. F., R.E. Comstock and P.H. Harvey. 1951. Genotypic and Phenotypic Correlations in Corn and Their Implications in Selection. *Agron. Journal.* 43:282-287. U.S.A.
- Romero D., J. L. 1987. Selección Recurrente por Hermanos Completos con Pedigree en una Población Super Enana de Maíz (*Zea mays* L.), Evaluación del C3 y Formación del C4. Tesis de Licenciatura. UAAAN. Buenavista, Saltillo Coahuila.
- Robles S.,R. 1986. Genética Elemental y Fitomejoramiento Práctico. Editorial Limusa. México. Pag. 210-211. U.S.A.
- Shivaj, P.A., O. Diallo, T.M.T. Islam and J. Deutsch. 1987. Response. To Full-Sib Selection in Four Medium Naturity Maize Populations. *Crop sci.* 27:617-622. U.S.A.
- Sprague, G.F. and S.A. Eberhart. 1977. Corn breeding , pp 305-62. In sprague, G.F. (editor), corn and Corn Improvement. Am. Soc. Agron. Madison, Wis.
- Steel, R. G., J. .H. Torrie. 1988. Bioestadística Principios y Procedimientos. Traducido de la Segunda edición del Inglés por Martínez B. mc Graw-Hill / Interamericana de México. méxico. 622
- Stromberg , L.D. and W.A. Comptom. 1989. Ten Cycles of Full-Sib Selection in Maize.

Crop sci. 29:1170-1172. U.S.A.

Williams, W.P., P.M. Buckley and F.M. Davis. 1989. Combining Ability for Resistance in Corn to Fall-Armyworm and Southwestern Corn Borer. Crop. Sci. 29:013-915. U.S.A.

APENDICE

Cuadro A.1 Cuadrados medios del análisis de varianza de la localidad Ursulo Galván, Ver; 1995-1996.

F.V	G.L	Flor Macho	Flor Hemb.	Alt.Pta.	Alt.Maz.	Ac. Raiz	Ac. Tallo	Maz.Pod.	Fusarium	Mal.Cob.	Rend/ha
GRUPOS	7	4.547 **	3.702 **	524.381 *	923.892 **	76.573 **	312.372 **	43.052 **	19.117 ns	40.140 ns	0.114 ns
REP/GPO	8	43.337 **	31.925 **	729.175 *	613.225 **	2.600 **	45.743 ns	17.215 ns	27.702 **	69.273 ns	0.081 ns
FAM/GPO	112	3.166 **	2.823 **	453.993 **	260.280 **	21.47 ns	44.784 ns	16.702 ns	11.561 ns	48.426 ns	0.092 ns
ERROR	112	1.167	1.103	242.558	159.55	16.28	35.521	13.113	9.873	43.98	0.075
C.V %		1.853	1.776	6.57	9.502	11.581	80.03	11.097	9.594	19.224	7.591

* Significancia al nivel de probabilidad de 0.05

** Significancia al nivel de probabilidad de 0.01

ns No significancia

Cuadro A.2 Cuadrados medios de los análisis de varianza para la localidad de Rinconada, Ver, 1995-1996.

F.V	GL	Alt. Pta.	Alt. Maz.	Ac. Raíz	Ac. Tallo	Maz. Pod.	Fusarium	Mal. Cob.	Rend/ha
GRUPOS	7	1415.633 ns	1364.037**	158.438 **	2455.671**	4.933ns	182.273**	19.564ns	1.003**
REP/GPO	8	2213.421 *	844.02 **	53.958 ns	266.362ns	14.214ns	236.463**	28.837*	0.0692**
FAM/GPO	112	981.036 ns	331.013 **	72.409ns	310.271ns	13.449ns	78.723*	15.809ns	0.178**
ERROR	112	947.921	212.59	61.877	291.47	16.073	56.245	12.09	0.099
C.V %		13.942	11.451	22.291	82.322	12.059	18.311	10.815	8.461

* Significancia al nivel de probabilidad de 0.05

** Significancia al nivel de probabilidad de 0.01

ns No significancia

CUADRO A.3 Medias de diez características de 117 FHC y 8 testigos evaluados en las localidades de Ursulo Galván, y Rinconada, Ver, 1995-1996..

ENTRADA	F.MACHO	F.HEMBRA	ALT.PTA.	ALT.MAZ.	AC.RAIZ	AC.TALL.	MAZ.POD.	FUSAR.	COBERT.	REND.
	Días	Días	cm	cm	%	%	%	%	%	Ton/ha
<u>108</u>	57.00	57.50	225.25	122.00	5.48	5.96	1.59	7.52	1.59	4.28
<u>116</u>	57.00	56.50	228.50	126.00	6.83	3.83	3.21	9.25	0.00	4.19
<u>52</u>	58.00	59.00	257.75	135.50	0.60	11.29	3.73	12.45	18.94	4.18
<u>114</u>	58.50	58.50	226.75	132.25	6.59	18.60	12.02	9.32	4.71	4.15
<u>105</u>	58.50	60.00	187.25	113.50	1.21	5.07	0.00	11.61	1.70	4.13
<u>115</u>	57.00	58.50	245.50	159.00	7.97	12.87	4.82	3.90	6.72	4.08
<u>78</u>	56.50	59.00	205.25	115.00	11.05	9.66	4.97	12.26	6.26	4.07
<u>107</u>	60.50	61.00	220.00	122.25	3.63	9.00	7.04	12.01	2.87	4.06
<u>84</u>	57.50	58.00	221.00	118.75	6.64	12.39	0.00	8.04	6.24	4.03
<u>88</u>	56.50	57.00	209.50	114.25	2.99	12.90	6.05	5.16	2.87	4.01
<u>83</u>	60.50	61.00	254.75	135.00	4.22	9.66	0.00	3.24	1.59	3.99
<u>43</u>	58.50	59.00	254.00	144.75	5.31	14.63	4.11	3.29	45.63	3.98
<u>14</u>	59.00	60.00	292.00	118.25	6.68	47.71	0.00	9.12	3.69	3.98
<u>125</u>	58.50	61.00	229.25	123.50	10.49	13.22	3.21	3.50	10.90	3.98
<u>104</u>	58.00	59.00	244.75	130.00	2.40	23.28	0.00	1.49	2.87	3.98
<u>98</u>	57.50	59.00	203.00	109.25	5.43	16.96	6.22	4.60	12.68	3.95
<u>103</u>	56.50	56.50	220.50	126.00	1.21	16.31	0.00	3.28	0.00	3.95
<u>123</u>	59.00	59.00	221.75	124.00	7.75	9.02	6.02	4.25	11.65	3.94
<u>97</u>	57.50	59.00	220.75	118.00	6.05	5.42	3.53	11.31	12.40	3.94
<u>110</u>	57.50	57.50	256.00	142.50	4.76	0.00	0.00	6.41	3.38	3.93
<u>77</u>	60.00	57.00	240.00	133.75	1.80	7.11	0.00	5.16	0.00	3.92
<u>112</u>	58.50	59.50	230.00	140.75	11.62	7.40	4.55	12.62	3.50	3.91
<u>66</u>	59.50	60.00	225.75	128.50	4.81	40.62	2.10	10.91	0.00	3.89
<u>13</u>	59.00	59.00	217.00	122.25	6.61	17.21	4.91	10.15	12.57	3.89
<u>16</u>	58.50	58.50	197.25	130.25	7.38	23.31	5.73	5.15	5.52	3.89

Cuadro A.3..... continuación

<u>111</u>	54.50	55.00	207.00	115.25	7.81	6.56	3.27	3.37	8.52	3.87
<u>35</u>	58.50	59.50	254.50	131.50	7.63	13.55	4.33	11.11	6.85	3.87
<u>89</u>	56.50	57.50	233.00	122.50	1.20	18.78	5.33	11.89	6.46	3.87
<u>59</u>	58.50	59.00	237.50	133.25	4.22	25.88	8.31	12.62	4.36	3.87
<u>121</u>	61.00	61.50	236.25	135.75	9.37	20.84	2.87	16.67	0.00	3.87
<u>55</u>	59.00	59.00	234.75	129.25	7.23	49.01	6.48	21.48	1.82	3.86
<u>73</u>	59.50	59.50	220.00	132.25	3.01	13.36	2.13	6.00	6.85	3.86
<u>109</u>	57.50	58.50	229.50	129.50	4.81	15.30	4.80	11.57	3.70	3.83
<u>8</u>	57.50	59.00	204.50	124.75	3.08	40.52	0.00	6.16	4.25	3.83
79	58.00	58.00	219.00	122.50	2.41	19.81	4.60	7.31	7.88	3.83
39	58.50	58.00	235.25	151.50	7.38	46.52	3.39	13.99	0.00	3.81
24	60.00	60.50	236.00	137.00	4.91	22.44	5.58	6.90	4.85	3.81
22	58.50	59.00	228.25	128.50	9.54	23.37	3.22	12.82	6.85	3.80
18	58.50	59.00	243.50	129.25	0.00	30.34	2.71	6.91	1.96	3.78
86	59.50	59.50	243.75	137.00	3.59	2.98	6.74	9.77	7.39	3.78
99	59.00	59.00	219.25	118.50	1.21	2.98	5.55	7.12	11.12	3.77
100	58.00	60.00	212.75	117.75	4.86	2.38	9.65	11.99	16.22	3.77
50	57.50	60.00	217.00	123.25	7.17	22.96	7.47	6.07	3.07	3.77
32	58.50	59.00	231.50	123.25	7.38	46.41	9.24	11.81	4.99	3.76
96	59.50	60.00	220.75	126.50	1.20	14.15	3.21	8.96	0.00	3.75
60	59.00	59.00	259.25	147.75	12.25	45.37	10.25	9.60	1.59	3.75
102	57.00	58.00	218.25	141.25	2.40	25.74	6.82	7.94	10.54	3.73
11	60.00	61.00	251.25	148.50	7.26	12.84	4.82	13.11	0.00	3.72
71	58.00	59.00	224.50	114.75	7.75	14.53	4.41	15.15	8.78	3.72
72	58.00	58.50	225.75	127.75	12.77	12.64	1.82	1.82	6.88	3.71
5	57.50	59.00	219.50	142.25	13.72	14.71	5.87	5.46	3.44	3.71
9	58.00	59.50	228.00	138.75	10.15	38.72	2.91	18.94	15.86	3.71
74	58.00	59.00	224.00	113.50	2.99	9.93	5.33	5.87	7.73	3.71
61	57.00	58.00	235.00	120.25	1.80	42.63	5.35	12.76	6.85	3.70

Cuadro A.3 continuación

106	58.50	59.00	223.50	137.00	9.69	25.72	5.44	8.68	1.05	3.70
113	55.50	58.50	219.75	121.50	6.64	8.34	12.14	10.71	3.47	3.69
76	60.00	59.50	241.50	133.00	8.99	22.85	5.01	6.83	5.60	3.69
2	58.50	58.50	245.00	137.25	6.61	15.82	6.09	13.14	2.69	3.69
48	59.00	60.00	240.25	132.00	6.68	16.47	5.69	11.59	1.10	3.69
69	59.00	59.00	216.00	115.50	7.51	5.97	7.85	6.23	0.00	3.68
10	58.50	58.50	245.00	138.25	4.81	49.93	1.59	10.58	1.27	3.68
44	58.00	59.50	239.00	133.25	2.99	39.18	3.90	12.10	0.00	3.68
64	58.50	60.00	226.25	151.25	4.22	19.59	1.05	9.49	5.41	3.67
54	60.00	60.00	230.50	136.75	8.57	19.42	9.00	8.51	5.13	3.66
101	57.50	58.00	221.00	121.75	4.24	22.71	2.27	7.85	9.64	3.66
75	58.50	59.50	249.75	138.00	6.14	29.26	13.41	21.62	15.87	3.66
80	56.00	60.00	211.50	122.25	2.40	10.76	1.59	4.55	8.75	3.65
1	58.50	58.50	238.50	143.25	6.07	35.97	7.37	11.38	9.60	3.65
85	57.00	59.00	212.50	118.00	8.67	4.32	3.65	3.65	1.49	3.65
62	57.00	57.00	225.75	135.25	9.69	20.05	7.67	15.17	5.23	3.63
120	57.00	58.00	172.75	117.25	5.41	31.81	1.05	8.09	2.87	3.63
91	57.00	58.50	229.25	108.00	3.08	2.38	1.49	3.28	6.04	3.63
67	58.50	59.50	236.50	139.75	0.00	10.95	2.13	6.67	8.91	3.62
12	59.50	59.50	244.75	136.00	6.68	45.17	0.00	8.37	10.45	3.62
65	57.00	58.00	240.25	137.00	4.91	27.41	4.04	12.49	1.70	3.61
25	58.00	59.50	234.25	142.75	9.37	48.13	5.41	13.08	1.59	3.61
15	60.00	61.50	232.25	138.75	12.15	17.69	1.82	12.11	5.40	3.60
117	56.00	58.50	237.25	138.75	5.07	11.50	0.00	8.83	3.05	3.60
81	60.00	61.00	224.50	119.00	9.58	9.09	4.18	10.89	0.00	3.60
23	60.00	61.00	212.50	135.25	11.15	49.61	1.95	9.18	2.30	3.59
30	58.50	59.00	241.00	146.75	6.68	51.44	4.55	7.84	0.93	3.59
124	60.00	61.50	234.75	125.50	8.46	20.37	2.45	7.28	2.35	3.58
92	58.50	59.50	223.75	129.25	0.60	12.18	3.66	7.70	5.41	3.58

Cuadro A.3..... continuación

28	57.50	58.50	221.50	137.25	19.34	22.23	4.08	27.03	1.41	3.57
4	61.00	62.00	223.75	125.50	10.79	25.20	3.56	15.57	0.93	3.57
56	58.00	59.00	216.00	121.50	7.26	28.54	0.90	8.85	3.32	3.57
63	56.50	58.00	223.75	120.25	4.19	35.58	3.97	9.17	19.81	3.57
42	57.50	59.00	202.25	114.00	3.63	53.71	3.69	23.77	5.08	3.56
119	59.00	60.00	237.25	129.25	6.00	24.41	6.36	12.07	9.00	3.56
3	58.50	60.00	227.25	130.50	1.82	37.42	7.09	14.26	5.66	3.56
82	59.00	60.00	226.50	130.50	8.99	16.09	2.89	6.84	0.00	3.54
36	59.00	59.00	238.25	140.25	6.23	40.28	5.78	9.93	18.12	3.54
31	56.50	58.00	239.25	135.00	7.38	5.85	8.67	5.35	6.67	3.54
7	58.00	58.00	222.50	138.75	29.87	24.00	3.13	10.89	1.33	3.54
53	58.50	60.00	235.00	137.25	4.91	57.97	14.39	15.58	2.33	3.54
51	58.50	58.00	226.25	130.00	10.95	38.26	3.72	1.54	3.36	3.52
21	58.00	58.50	240.50	136.00	2.99	43.82	2.30	7.33	0.97	3.51
87	58.50	58.50	223.25	123.75	14.71	9.33	5.92	8.74	5.72	3.51
90	57.50	58.50	218.75	112.50	7.63	35.18	2.71	4.55	2.91	3.51
38	58.00	58.50	221.25	142.50	10.26	40.74	6.66	20.95	9.09	3.50
33	58.50	60.00	237.50	129.50	3.62	31.53	6.24	12.99	1.41	3.50
40	59.50	60.00	241.75	132.25	2.99	42.02	4.68	14.70	2.23	3.49
95	58.00	58.50	218.25	117.75	6.72	13.88	6.85	8.49	6.27	3.48
19	59.00	59.00	224.25	131.75	11.96	40.34	8.51	11.67	7.27	3.48
122	59.50	60.50	238.50	138.25	13.23	34.80	4.39	7.13	1.96	3.47
20	58.50	59.50	222.25	138.75	27.04	30.78	2.71	7.16	4.02	3.45
46	58.50	58.50	227.50	132.25	9.58	45.60	1.15	15.20	3.55	3.45
37	57.50	58.50	222.25	120.50	4.17	50.02	4.02	14.18	1.70	3.45
94	59.00	60.00	214.75	132.50	10.15	25.35	0.81	5.59	4.99	3.44
57	56.00	58.00	231.75	130.00	0.60	33.06	3.60	7.90	3.37	3.44
27	57.00	57.00	242.25	137.50	10.85	12.98	3.64	11.95	4.64	3.43
47	60.50	61.00	232.00	135.75	3.04	23.51	3.66	11.87	0.81	3.42

Cuadro A.3..... continuación

17	58.50	59.50	243.75	142.75	21.90	28.94	1.90	8.29	3.24	3.41
70	57.50	60.00	221.25	122.25	4.76	29.71	5.43	11.72	3.73	3.40
6	59.00	60.00	226.50	144.75	9.95	49.01	9.62	17.63	14.26	3.40
58	58.00	59.00	232.25	128.75	5.43	23.69	9.47	13.94	0.00	3.39
68	59.00	60.00	240.00	128.00	6.15	9.67	2.46	3.64	0.00	3.39
49	59.00	59.50	217.50	118.25	13.13	15.70	2.78	7.58	2.87	3.38
45	57.00	58.00	227.50	132.25	10.36	38.01	6.09	7.21	0.00	3.38
26	59.00	61.00	232.75	141.50	10.12	27.43	0.00	11.16	0.00	3.38
118	58.00	59.50	234.00	130.00	13.85	15.41	1.41	7.19	5.98	3.38
41	56.50	57.50	218.00	127.00	15.69	23.80	5.41	4.83	0.00	3.34
93	57.00	57.50	216.50	123.50	13.12	21.27	5.77	16.29	1.49	3.29
29	58.00	58.00	238.75	136.00	19.63	20.26	4.49	20.30	0.00	3.25
34	60.00	61.00	237.50	169.00	9.22	48.65	1.10	10.40	1.49	3.21

= familias seleccionadas