

# **INDICES DE SELECCIÓN PARA PRODUCCIÓN Y CALIDAD FORRAJERA EN MAIZ QPM**

**CARLOS ALEJANDRO TUCUCH CAUICH**

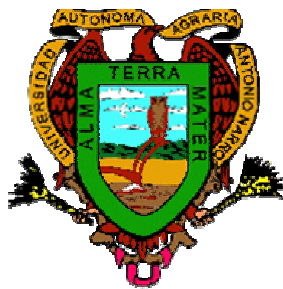
**TESIS**

**Presentada como Requisito Parcial para**

**Obtener el Grado de:**

**DOCTOR EN CIENCIAS**

**EN FITOMEJORAMIENTO**



**Universidad Autónoma Agraria**

**“Antonio Narro”**

**Programa de Graduados**

**Buenavista, Saltillo, Coahuila, México**

**Noviembre de 2006**

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA  
ANTONIO NARRO  
SUBDIRECCIÓN DE POSTGRADO**

**INDICES DE SELECCIÓN PARA PRODUCCIÓN  
Y CALIDAD FORRAJERA EN MAIZ QPM**

**TESIS**

**POR**

**CARLOS ALEJANDRO TUCUCH CAUICH**

**Elaborada bajo la supervisión del comité particular de asesoría y aprobada  
Como requisito parcial para obtener el grado de:**

**DOCTOR EN CIENCIAS  
EN FITOMEJORAMIENTO**

**COMITÉ PARTICULAR**

---

**Asesor Principal: Dr. Sergio A. Rodríguez Herrera**

---

**Asesor: Dr. Hugo S. Córdova Orellana.**

---

**Asesor: Dr. Alejandro J. Lozano del Río**

---

**Asesor: Dr. Alfonso López Benítez**

---

**Asesor: Dr. Fernando Borrego Escalante**

---

**Asesor: Dr. Mariano Mendoza Elos.**

---

**Dr. Jerónimo Landeros Flores  
Subdirector de Postgrado**

**Buenvista, Saltillo, Coahuila, México.**

**Noviembre de 2006**

## AGRADECIMIENTOS

**A DIOS TODOPODEROSO CREADOR DEL CIELO Y DE LA TIERRA, DE LO VISIBLE E INVISIBLE, A ESE SER SUPREMO DUEÑO DE TODA CIENCIA QUE SUPLIÓ TODAS MIS NECESIDADES CON LA DIESTRA DE SU JUSTICIA Y ME DIO LA SUFICIENTE CAPACIDAD PARA ALCANZAR EL MÁXIMO GRADO ACADÉMICO QUE TODO PROFESIONISTA DESEA ALCANZAR.**

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), por el apoyo económico otorgado durante el transcurso de mi programa doctoral. Al Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) por el material genético proporcionado para el presente trabajo de investigación. A la Universidad Autónoma Agraria “Antonio Narro” por darme la oportunidad de alcanzar el máximo grado académico que todo profesional anhela alcanzar.

Al departamento de fitomejoramiento; a todo el personal académico y administrativo del Programa de Fitomejoramiento.

Al Dr. Sergio A. Rodríguez Herrera por su asesoría y acertada conducción en el presente trabajo de Tesis y a los doctores: Dr. Hugo S. Córdova Orellana, Dr. Alejandro J. Lozano del Río, Dr. Alfonso López Benítez, Dr. Fernando Borrego Escalante, y al Dr. Mariano Mendoza Elos, por sus aportaciones y sugerencias que mucho sirvieron para enriquecer mi trabajo de investigación.

Al Dr. Humberto Reyes Valdés, ya que en forma desinteresada aportó mucho al presente trabajo de investigación, facilitando el programa para correr los índices de selección, por sus atinadas sugerencias y recomendaciones, por su calidad humana y profesional.

Al Dr. Alfredo De La Rosa Loera por sus sugerencias y facilidades prestadas para correr los análisis estadísticos, por su gran amistad.

## **DEDICATORIA**

### **A MI ESPOSA: Nidia**

Quien siempre me apoyó en los momentos difíciles y siempre estuvo alentándome e inyectando ánimos, quien siempre ha compartido los momentos alegres y difíciles de mi vida.

### **A MIS HIJOS: Carlos Gamaliel, Ezri Alejandro y Aliel Uriel.**

A mis pequeños traviesos, que con sus ocurrencias hacían menos difíciles los momentos de tensión, a ellos que sin saberlo pusieron en mí el deseo de superación.

### **A MIS PADRES: Mateo y Juana**

Por sus ejemplos y consejos, quienes siempre me inculcaron deseos de superación.

### **A MIS HERMANOS: Rafael, Martín, Gilda Luisa, Margarita, Norma y Patricia.**

A mis compañeros de generación Margarito y Ada con quienes compartí momentos inolvidables durante mi programa doctoral.

**COMPENDIO****INDICES DE SELECCIÓN PARA PRODUCCIÓN  
Y CALIDAD FORRAJERA EN MAIZ QPM****POR****CARLOS ALEJANDRO TUCUCH CAUICH****DOCTORADO EN****EN FITOMEJORAMIENTO****UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO****BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MEXICO, NOVIEMBRE, 2006****Dr. Sergio A. Rodríguez Herrera-Asesor-**

**Palabras claves:** *Zea mays* L., índice de selección, correlación genética, correlación fenotípica, ganancia genética, eficiencia relativa.

Los objetivos de la presente investigación fueron: estudiar índices de selección de caracteres agronómicos y de calidad nutritiva que ayude a seleccionar los materiales que se utilizan en la producción de forraje, determinar el avance genético y la eficiencia relativa de cada uno de los índices, así como la comparación de los diferentes tipos de índices. En esta investigación se evaluaron 28 cruzas directas, productos de un dialélico método IV con ocho líneas de maíz QPM con la finalidad de estimar los efectos de ACG y ACE. El trabajo se estableció en el Rancho Ampuero en Torreón, Coahuila, México, en

los años 2003 y 2004. El diseño experimental utilizado fue bloques completos al azar con dos repeticiones. Los datos de campo se analizaron bajo un análisis combinado con el paquete estadístico SAS. Para el diseño genético se usó el método IV de efectos fijos de Griffing (1956) con el que se analizaron los caracteres agronómicos. Los caracteres agronómicos evaluados fueron: altura de planta (AP), altura de mazorca (AM), rendimiento de forraje verde (RFV), rendimiento de forraje seco (RFS).

Los resultados indican que existe alta variación ( $p < 0.01$ ) entre cruzas, a excepción de AM que no presentó diferencias significativas. Se encontró una correlación genotípica positiva entre RFV y AM y RFS, lo cual indica que estos caracteres pueden servir como indicadores de la potencialidad genética del RFV, es decir, que fueron las variables más importantes en la construcción de los índices de selección. En cuanto a la construcción de índices de selección se encontró que: a) se obtienen mayor eficiencia al combinar caracteres correlacionados con el carácter de interés, b) la inter-correlación entre caracteres, causa decrementos en la eficiencia del índice. La respuesta teórica a la selección, usando índices, fue, mayor que la basada solamente en RFV. Los índices de selección más eficientes, fueron los que tomaron en cuenta el RFV y aquellas variables con más alta correlación genética con RFV y con mayor heredabilidad. Para el caso en donde se le asignaron valores de uno al RFV y cero a las demás variables, el índice seleccionado fue I(1,2,3) el cual incluye en el índice a la AP, AM y RFV con una eficiencia relativa de 1.5659 por ciento y una ganancia genética por ciclo de  $5.5355 \text{ t ha}^{-1}$ , para el caso en donde al índice de selección, se le asignaron valores de ganancia genética deseada a los valores económicos el índice seleccionado fue I(1,2,4) el cual incluye a la AP, AM y al rendimiento de forraje seco con una eficiencia relativa de 5.2349 por ciento y una ganancia genética por ciclo de  $51.7917 \text{ t ha}^{-1}$ , para el caso en donde a los índices de selección, se les asignaron valores de la heredabilidad de los caracteres involucrados, como valores

económicos, el índice seleccionado fue I(1,2,3) el cual incluye a la AP, AM, y al RFV con una eficiencia relativa de 2.4976 por ciento y una ganancia genética por ciclo de 0.6007 t ha<sup>-1</sup>. No fue posible la construcción de los índices de selección para las variables de laboratorio ya que todas las variables dieron varianzas negativas.



**ABSTRACT**

**SELECTION INDICES FOR YIELD AND  
QUALITY FORAGE MAIZE (QPM)**

**BY**

**CARLOS ALEJANDRO TUCUCH CAUICH**

**DOCTORATE**

**IN PLANT BREEDING**

**UNIVERSIDAD AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO**

**BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MEXICO, NOVIEMBRE, 2006**

**Key words:** *Zea mays* L., selection index, genetic correlation, phenotypic correlation, genetic advance, relative efficiency.

The main objectives of this research were to construct selection indices for agronomics traits and nutritive quality, to can select forage materials, the genetic advance, the relative efficiency and compare the different selection indices. The Griffing method IV (1956) was used to get 28 direct crosses with eight QPM lines . The research was established at the Ampuero Ranch of Torreón, Coahuila., Mexico, during 2003 and 2004. A complete randomized blocks experimental design with two replications was used. The agronomics traits were analyzed with the statistic SAS, to the genetic design The Griffing method IV (1956) was used, to annalist the agronomics characteristics and the forage quality.

Agronomics characteristics such as plant height (PH), ear height (EH), green forage yield (GFY), and dry forage yield (DFY) were measured. Result showed significant variation ( $p < 0.01$ ) between the crosses for the evaluated agronomic traits, with exception of ear height (EH) that not showed significant variability. Positive correlations were found between green forage yield (GFY) and ear height (EH) and dry forage yield (DFY), which indicates that this characters were the most important traits in the selection index.. With respect to selection indexes the results indicated: a) The index efficiency increase when correlated characters with the green forage yield (GFY) are present, b) the intercorrelation between characters decreased the index efficiency. The selection for green forage yield (GFY) through the selection index method is suggested as more efficient than the conventional selection method in yield.

The most efficiency indices were those containing the selecting character (yield) and characters correlated with it, and heritability highest values. With respect to selection indexes when the economic weight was one for green forage yield (GFY) and zero for the others characters, the results indicated that the chosen index, in this case, was I(1,2,3) (PH, EH, GFY) and showed a relative efficiency of 1.5659 percent and a genetic advance per cycle of  $5.5355 \text{ t ha}^{-1}$ , with respect to selection indexes when the economic weight was the desired gain, the chosen index, in this case, was I(1,2,4) (PH, EH, DFY) and showed a relative efficiency of 5.2349 percent and a genetic advance per cycle of  $51.7917 \text{ t ha}^{-1}$ , with respect to selection indexes when the economic weight was the heritability, the chosen index, in this case, was I(1,2,3) (PH, EH, GFY) and showed a relative efficiency of 2.4976 percent and a genetic advance per cycle of  $0.6007 \text{ t ha}^{-1}$ .

## ÍNDICE

	Página
ÍNDICE DE CUADROS.....	xiii
ÍNDICE DE CUADROS EN EL APÉNDICE.....	xiv
I. INTRODUCCIÓN.....	1
Objetivo.....	3
Hipótesis.....	3
II. REVISION DE LITERATURA.....	4
<i>Índices de Selección</i> .....	4
Aptitud Combinatoria.....	8
Componentes de Varianza.....	10
Respuesta Correlacionada.....	12
Caracteres Agronómicos en el Mejoramiento Genético de Maíces Forrajeros.....	14
Maíz de Alta Calidad Proteínica (QPM).....	16
Caracteres Químicos en el Mejoramiento de Maíces forrajeros.....	18
III. MATERIALES Y METODOS.....	22
Área de Estudio.....	22
Clima del Área de Estudio.....	22
Material Genético.....	23
Fecha de Siembra y Labores Culturales.....	23
Toma de Datos.....	24
Variables a Evaluar en Campo.....	24

Fase de Laboratorio.....	25
Variables Evaluadas.....	25
Procedimiento Experimental.....	27
Diseño Experimental.....	28
Análisis Combinado.....	28
Diseño Genético.....	31
Parámetros Genéticos.....	33
Análisis de Correlación.....	35
Índices de Selección.....	37
IV. RESULTADOS Y DISCUSION.....	42
V. CONCLUSIONES.....	71
VI. RESUMEN.....	73
VII. LITERATURA CITADA.....	75
VIII. APENDICE.....	82

## ÍNDICE DE CUADROS

	Página
3.1 Genealogía de las ocho líneas de maíz QPM utilizadas para producir las 28 cruas dialélicas directas.....	23
3.2 Análisis de varianza para el diseño estadístico combinado.....	29
3.3 Esperanzas de cuadrados medios del análisis de varianza combinado.....	30
3.4 Esperanzas de cuadrados medios del análisis de covarianza combinado.....	31
3.5 Estructura del análisis de varianza combinado para el diseño IV de Griffing.....	32
4.1 Cuadrados medios del análisis de varianza combinado para los cuatro caracteres agronómicos en maíz QPM bajo un diseño dialélico método IV.....	45
4.2 Medias de los cuatro caracteres agronómicos de los 28 genotipos evaluados en dos ambientes y dos repeticiones.....	47
4.3 Componentes de varianza en cuatro caracteres agronómicos en maíz forrajero.....	49
4.4 Parámetros genéticos de la población en cuatro caracteres agronómicos en maíz forrajero.....	51
4.5 Correlaciones fenotípicas entre cuatro caracteres en maíz forrajero.....	52
4.6 Correlaciones genotípicas entre cuatro caracteres en maíz forrajero.....	54
4.7 Coeficientes de la variables para los 15 índices de selección, ganancia genética por ciclo ( $\Delta H/K$ ) y sus eficiencias relativas (E,R <sub>i</sub> ), considerando los siguientes valores económicos (0,0,1,0).....	59

4.8	Coeficientes de la variables para los 15 índices de selección, ganancia genética por ciclo ( $\Delta H/K$ ) y sus eficiencias relativas (E,R,), considerando como valor económico la ganancia deseada de cada uno de los caracteres.....	63
4.9	Coeficientes de la variables para los 15 índices de selección, ganancia genética por ciclo ( $\Delta H/K$ ) y sus eficiencias relativas (E,R,), considerando como valor económico la heredabilidad de cada uno de los caracteres.....	68
4.10	Genotipos seleccionados con el índice de selección utilizando los índices de selección con la eficiencia relativa más alta.....	68
4.11	Cuadrados medios del análisis de varianza combinado de caracteres químicos bajo un diseño de bloques al azar.....	70

### INDICE DE CUADROS EN EL APENDICE

	Página
A1 Matriz de varianzas y covarianzas genotípicas de cuatro caracteres agronómicos.....	83
A2 Matriz de varianzas y covarianzas fenotípicas de cuatro caracteres agronómicos.....	83
A3 Cuadrados medios del análisis de varianza combinado para los cuatro caracteres agronómicos en maíz QPM.....	84



## I. INTRODUCCIÓN

El maíz es por tradición un cultivo de suma importancia en nuestro país, tanto para la alimentación humana como animal, aunque en este caso, se utiliza tanto como forraje verde ensilado o simplemente rastrojo, el cual tienen un bajo valor alimenticio. La producción de forrajes es una actividad agrícola esencial para el desarrollo de la ganadería, en particular el cultivo del maíz, ya que por su diversidad genética se adapta a diferentes regiones del país.

El desarrollo de una agricultura forrajera fuerte como alternativa económica para impulsar la ganadería es una necesidad de vital interés para México, por ser la base de la alimentación de la ganadería, es una actividad económica tan fundamental como las cosechas de granos básicos, hortalizas, frutales, textiles y demás cultivos industriales.

La comarca lagunera junto con el Bajío Mexicano son dos de las cuencas lecheras más importantes de nuestro país, en estas regiones, la dieta de los animales la conforman el cultivo forrajero por excelencia. Después de la alfalfa el maíz forrajero es el alimento más importante; y es una alternativa para el mejor aprovechamiento de agua y aliviar la escasez de forraje de la región.

Los forrajes son alimentos baratos, debido al bajo costo de los insumos para su producción, además la capacidad de aprovechamiento directo por los rumiantes, capaces de



utilizar los compuestos simples de los forrajes para transformarlos en productos útiles a hombre, los hace más importantes.

En este trabajo se presenta una estrategia que permite al mejorador capitalizar simultáneamente la expresión de varios caracteres en el proceso de selección, por medio de índices de selección. Se ha realizado investigación para la selección simultánea de caracteres en especies animales y vegetales con éxito. Actualmente se requiere estudiar en el maíz forrajero una metodología para determinar que caracteres deben incluirse en la selección simultánea a fin de mejorar la producción del forraje.

Las metodologías de selección en maíz forrajero hasta ahora empleadas por los fitomejoradores, se basan normalmente en rendimiento y no siempre han conducido al éxito deseado; ello se debe a que este carácter es altamente influido por el medio, razón por la cual comúnmente muestra baja heredabilidad. La respuesta a la selección podría ser más efectiva si se consideran simultáneamente otros caracteres con alta heredabilidad y positivamente correlacionados con el rendimiento.

El índice de selección es el método más eficiente para el mejoramiento en forma simultánea de varias características cuantitativas mediante selección; Así, Smith (1936) fue el primero que sugirió el empleo del concepto de una función discriminante como una forma lógica y sistemática de selección de líneas para mejorar simultáneamente varias características cuantitativas; siendo el objetivo principal del índice de selección maximizar el promedio del valor genético de una población.

Por lo anteriormente expuesto se desarrolló el presente trabajo de investigación sobre ocho líneas de maíz QPM blanco y sus cruzas dialélicas, evaluándose cuatro caracteres agronómicos y seis variables de laboratorio con los siguientes objetivos:

### **OBJETIVO**

1. Estudiar índices de selección de caracteres agronómicos y de calidad nutritiva que ayude a seleccionar los materiales que se utilizan en la producción de forraje, determinar el avance genético y la eficiencia relativa de cada uno de los índices
2. Comparar los diferentes tipos de índices.

### **HIPOTESIS**

Existe una respuesta diferencial entre la eficiencia de los índices de selección en la producción de maíz forrajero.

## II. REVISION DE LITERATURA

### Índices de Selección

El índice de selección es una estrategia que permite al mejorador capitalizar simultáneamente la expresión de varios caracteres en el proceso de selección mediante una ecuación lineal que se construye con base en las varianzas genotípicas y fenotípicas de acuerdo a los principios establecidos por Smith (1936) y Hazel (1943) donde cada unidad de selección presenta un valor genético agregado (H), definido por la siguiente expresión:

$$H = a_1G_1 + a_2G_2 + \dots + a_nG_n$$

Donde  $G_n$  es el valor genotípico o el valor reproductivo para cada carácter y  $a_n$  la ponderación económica correspondiente a cada variable.

Hazel y Lush (1942) al comparar la eficiencia de los métodos de selección: tándem, calificación total y niveles de elección independiente, concluyen que el mejor método es el de calificación total o índices de selección y muestran la pauta a seguir en trabajos similares.

Posteriormente, Hazel (1943) dio las bases genéticas para la construcción y uso de los índices de selección que permiten obtener el máximo avance genético, encontró que la mejor oportunidad de incrementar la ganancia genética mediante la selección

simultánea de varias características dentro de un grupo de individuos, es asegurando una correlación lo más grande posible entre el valor genotípico agregado y el índice de selección.

Smith (1936) y Hazel (1943) establecieron las bases teóricas para la construcción de índices de selección. Harris (1964) indica que un índice de selección involucra, básicamente, la selección indirecta de una variable no observada, por medio de una variable detectable distribuida conjuntamente con la primera.

Robinson *et al.* (1951) y Singh y Chaudary (1979) hicieron una clara y objetiva descripción sobre la construcción de índices de selección, utilizaron varianzas y covarianzas genotípicas y fenotípicas derivadas del análisis de varianza y covarianza, para la construcción de índices de selección en maíz. Hacen notar que el rendimiento es un carácter muy complejo e influenciado altamente por el ambiente; entonces aquellos caracteres que estén correlacionados con dicho carácter, de alta heredabilidad y debidamente ponderados, pueden servir como mejores indicadores de potencialidad genética del rendimiento de las progenies.

Cochran (1951) menciona que no hay regla fija para la construcción del mejor índice de selección. El autor encontró que al eliminar del índice los valores  $X_1$  que no parecen contribuir a la correlación con I, se detectó un efecto favorable en la eficiencia de los índices de selección, debido al aumento de la correlación entre el índice o criterio de selección I y el valor genotípico aditivo del individuo.

Searle (1965) manifiesta que la mejor forma de capitalizar las correlaciones genéticas entre caracteres es construir un índice que combine la información de varios de

ellos. Asimismo, Cunningham (1973) señala que por medio de un índice es posible maximizar la respuesta a la selección para un conjunto de caracteres. Por otro lado Falconer (1980) menciona que se ha demostrado el hecho de que el mejoramiento genético más rápido se espera cuando la selección se aplica simultáneamente a varios caracteres, dando a cada uno de ellos su respectiva ponderación de acuerdo a la importancia económica relativa, la heredabilidad y las correlaciones genotípicas y fenotípicas que existen entre los diferentes caracteres.

Hanson y Jonhson (1951), Kemptorne y Nordskog (1959), Williams (1962), Harris (1963), Henderson (1963), Kemptorne (1969) y Pesek y Baker (1970) discutieron, analizaron, ampliaron y determinaron diversas implicaciones sobre la construcción, restricciones, posibles uso y evaluación de la eficiencia relativa de los índices de selección.

Young (1969) realizó un estudio estadístico acerca de los métodos de selección y llegó a la siguiente conclusión relacionada con los índices de selección:

1. En todas las circunstancias, el índice nunca es menos eficiente que los niveles de selección independientes, aunque en algunos casos no es más eficiente.
2. La superioridad del índice aumenta con el número de caracteres utilizados y decrece con el incremento de la intensidad de selección.
3. La superioridad del índice sobre niveles de selección independiente, decrece cuando se incrementa la intensidad de selección.
4. La eficiencia relativa del índice sobre otros métodos es muy afectada por las correlaciones fenotípicas entre caracteres cuando los caracteres son de igual importancia, la eficiencia relativa del índice es alta cuando la correlación fenotípica es baja o negativa. El efecto de la correlación genética es solo aparente cuando los caracteres son de importancia desigual.

5. La eficiencia relativa de los métodos de selección puede cambiar por su uso para propósitos especiales.

Searle (1965) por su parte, mostró que no debe preferirse ningún otro carácter como criterio de selección en lugar del carácter por mejorar, a menos que la heredabilidad del carácter alternativo sea mayor que la proporción directa de la heredabilidad del carácter por mejorar con el coeficientes de determinación de estos.

Oyervides (1979) en un estudio realizado con variedades tropicales de maíz, encontró que los 63 índices de selección obtenidos a partir de todas las combinaciones posibles entre los caracteres estudiados, fueron del 81.2 por ciento a 259 por ciento más eficientes que el índice formado únicamente por el carácter rendimiento.

Legates (1952) presenta un resumen de la metodología y resultados de la aplicación del índice de selección y menciona que hasta esa fecha la eficiencias relativas obtenidas por diversos autores oscilaban entre 2.1 por ciento y el 32.7 por ciento y que en promedio era de esperarse una eficiencia del orden del 10 al 15 por ciento.

Frisch y Melchinger (2001) en un trabajo realizado para la recuperación del genoma de un padre recurrente en maíz, reportan que los índices de selección son efectivos para la disminución del número de marcadores moleculares.

Taba *et al.* (1998) reportan un índice de selección en maíz para mejorar una colección caribeña, considerando al rendimiento, mazorca podrida, por ciento de humedad, plantas erectas, como caracteres importantes en la formación del índice de selección.

Mohammadi *et al.* (2003) mencionan que el conocimiento de las interrelaciones entre rendimiento y los caracteres considerados como componentes de rendimiento podría mejorar la eficiencia de los programas de mejoramiento a través del uso apropiado de índices de selección.

### **Aptitud Combinatoria**

Sprague y Tatum (1942) sugirieron las cruzas posibles (dialélico) y de esta manera establecieron las pruebas de Habilidad Combinatoria General (ACG) Y Habilidad Combinatoria Específica (ACE). Estas pruebas, son métodos simples e indirectos que permiten evaluar y detectar las líneas prometedoras. El término aptitud combinatoria general lo emplearon para designar al comportamiento promedio de una línea en combinaciones híbridas, a través de sus cruzamientos con un conjunto de líneas diferentes; a su vez, el término aptitud combinatoria específica lo emplearon para designar a la desviación que presenta la progenie de una craza determinada con respecto al promedio de su padres.

Entre los métodos más utilizados para estimar ACG y ACE se encuentran los propuestos por Griffing (1956), los cuales son: 1) Método I, que evalúa progenitores y sus cruzas F1 directas y recíprocas, 2) Método II, que evalúa progenitores y cruzas F1 directas, 3) Método III, que evalúa cruzas F1 directas y recíprocas, 4) Método IV, que evalúa cruzas F1 directas.

Márquez (1988) menciona que el término aptitud combinatoria significa la capacidad que tiene un individuo o una población de combinarse con otros, dicha capacidad medida por medio de su progenie. Sin embargo, la aptitud combinatoria general debe de determinarse no en un solo individuo de la población sino en varios, a fin de poder

realizar selección de aquellos que exhiban la aptitud más alta. Menciona también que la aptitud combinatoria general es el desempeño promedio de una línea pura en algunas combinaciones híbridas, proporcionando información sobre que líneas puras deben producir los mejores híbridos cuando se cruzan con muchas otras líneas y la Aptitud Combinatoria Especifica es el desempeño individual de una línea pura en una combinación híbrida específica.

Las estimaciones de ACG y ACE son relativas y dependen del grupo particular de líneas endogámicas incluidas en los híbridos bajo selección, lo cual es un principio importante que es frecuentemente olvidado (Hallauer y Miranda, 1981).

Vergara *et al.* (2002), en un trabajo realizado para estimar los efectos de la Aptitud Combinatoria General (ACG) y específica (ACE) de ocho líneas blancas tropicales con calidad proteica (QPM) y determinar el valor relativo para forraje de híbridos QPM. Menciona que de acuerdo a los resultados, las líneas CML144 (0.602, 11.21 t/ha), CML147 (0.550, 1.47 t/ha), CML159 (0.097, 1.81 t/ha), CLQ-6203 (0.397, 0.990 t/ha) y CML148 (-0.435, 2.89 t/ha) tuvieron los mejores efectos de ACG para rendimiento de grano y forraje, respectivamente. Las cruzas CML173 x CML144 (7.24, 1.237 t/ha), CLQ-6203 x CML159 (7.51, 0.867 t/ha) y CML147 x CML144 (7.83, 0.528 t/ha) se ubicaron en los tres primeros lugares para rendimiento de grano y tuvieron los mejores efectos de ACE. Sin embargo, para forraje, CML146 x CML159 (61.42, 13.33 t/ha), CML148 x CML173 (58.00, 11.08 t/ha) y CML148 x CML144 (71.50, 7.58 t/ha), registraron alto rendimiento de forraje verde así como los efectos más altos de ACE, además de buen rendimiento de grano. Estos primeros resultados de híbridos tropicales blancos QPM muestran la posibilidad de desarrollar simultáneamente nuevos híbridos con alto potencial de rendimiento de grano y forraje.



Molina y García (1996) señalan que cuando se emplean líneas de alta y baja ACG como probadoras de líneas autofecundadas de maíz, aquellas con baja ACG se muestran como mejores probadoras de las líneas que finalmente se definen como de alta ACG.

Bhatnagar et al. (2004) reportan rendimientos importantes, así como efectos altamente significativos de Aptitud Combinatoria Especifica, al cruzar híbridos de maíces QPM de diferentes programas de mejoramiento lo cual representaría una gran ayuda para el desarrollo de grupos heteróticos, para desarrollar híbridos y para la introgresión de germoplasma.

Betrán *et al.* (2003) mencionan que Habilidad Combinatoria Especifica presentó las correlaciones más fuertes con la distancia genética, así también mencionan que el ambiente afecto significativamente las correlaciones entre las características evaluadas del maíz forrajero, con valores mas bajos de distancia genética en condiciones más estresantes.

### **Componentes de Varianza**

Los componentes de varianza son por definición valores positivos, a pesar de esto, las estimaciones de varianza pueden ser negativas, pudiendo deberse esto a un inadecuado modelo genético para estimar la varianza epistática, muestra inadecuada (número pequeño), e inadecuada técnica experimental como por ejemplo, competencia entre progenitores (Searle, 1971).

Cortés (1977) menciona que las covarianzas entre parientes son de gran importancia en el mejoramiento genético de las plantas, al menos por dos razones:

1. En la mayoría de los casos las covarianzas entre parientes pueden ser expresadas en términos de componentes de varianza genética de la población original a ser mejorada, ya que la varianza entre familias puede en algunos casos ser expresada como funciones lineales de covarianzas entre parientes, permitiendo la estimación de los componentes de varianza genética, usando los apropiados diseños experimentales y de apareamiento.

2. El proceso genético de la selección depende básicamente del grado de parentesco (covarianza de parientes) entre la unidad de selección (individuos o familias) y los individuos descendientes de los progenitores seleccionados.

Hallauer (1980) menciona que las estimaciones de los componentes de varianza son estadísticos útiles al mejorador para determinar: 1) La magnitud relativa de la varianza fenotípica debida a efectos genéticos, 2) La proporción relativa de la varianza genética total, atribuida a efectos genéticos aditivos, 3) La respuesta esperada a la selección.

Betanzos (1976) estimó la varianza de siete caracteres en plantas, usando un modelo fenotípico que incluyó los efectos genéticos, genético-ambiental, de competencia y error experimental.

Mode y Robinson (1959) mencionan que el concepto de varianza genética puede extenderse a covarianza genética. Bajo la asunción de que los genes pueden actuar en forma pleiotrópica, se manifestó que la covarianza genética puede ser dividida exactamente en la misma forma que la varianza, y concluyen en que si el mecanismo genético causa una asociación lineal entre dos caracteres, puede deberse a la pleiotropía, y al ligamiento o a ambos.

Seiler y Campbell (2004) encontraron diferencias genotípicas altamente significativas en los tratamientos evaluados, y concluyen que la magnitud de los componentes de varianzas genotípica indican que una proporción substancial del total de la variación fue debida a los genotipos, indicando esto la posibilidad de mejoramiento por medio de selección e hibridación.

Edwards y Lamkey (2003) estimaron componentes de varianzas en sub poblaciones de maíz y concluyen que la varianza genética predicha inicialmente aumenta, pero luego sufre una disminución durante el proceso de selección, también mencionan que la varianza genética aditiva del rendimiento disminuyó ligeramente, mencionan que estos resultados proveen un modelo de predicción, de la deriva genética, que no conducirá a reducciones lineales de la varianza genética y de la varianza genética aditiva como típicamente se espera.

### **Respuesta Correlacionada**

Smith y Hazel (1943), Robinson *et al.* (1951) y Lerner (1958) mencionan que cuando un carácter está correlacionado con otros caracteres, la selección en algunos de éstos puede producir cambios en el carácter de interés. Por lo tanto, siendo el rendimiento un carácter poligénico, cabe suponer que este correlacionado con otros caracteres de la planta.

Mode y Robinson (1959) definieron a la correlación genética como una medida de la comunidad de genes que gobiernan la determinación conjunta de dos caracteres, en donde la pleiotropía y/o ligamiento son los responsables del grado de asociación. Asimismo, estos autores establecieron la metodología para estimar correlaciones genéticas

a partir de componentes de varianzas y covarianzas genéticas deducidas de un diseño experimental.

Robertson (1959a, 1959b) indica que la correlación genética entre dos caracteres juega un papel importante en la respuesta correlacionada de la selección y asegura un máximo mejoramiento de los índices de selección al combinar diferentes caracteres.

Sobre la teoría de la respuesta correlacionada, Lerner (1958), señala que se han desarrollado dos postulados: uno sobre bases puramente cualitativas, derivado de la teoría de la herencia poligénica y el otro cuantitativo, apoyado en la teoría de la correlación genética.

Burton y de Vane (1953) mencionan que al usar varianzas y covarianzas genéticas en el cálculo de la correlación, se eliminan en parte los efectos no genéticos.

Goldenberg (1968) considera que la existencia de la correlación genética entre distintos caracteres, constituye un medio para ahorrar tiempo y esfuerzo en el mejoramiento genético de las plantas.

En un trabajo realizado para estimar parámetros genéticos, para optimizar los programas de mejoramiento, Presterl *et al.* (2003) concluyeron que la eficiencia del mejoramiento del rendimiento del maíz a través de selección indirecta fue del 70 por ciento comparada con la selección directa.

Caslera *et al.* (2005) mencionan que la correlación entre el rendimiento del forraje en pasto y la fibra detergente neutral (FDN) fue de 0.99 para los padres y de 0.77 para las 21 cruas, describen también que los cambios en las correlaciones a través de las

generaciones sugieren que una parte de la correlación genética entre rendimiento del forraje y fibra detergente neutra (FDN) esta regulada por efectos de ligamiento.

Cox y Cherney (2001) mencionan que los híbridos Brown Midrib tienen alta fibra detergente neutro (FDN), y que esta altamente correlacionada con la digestibilidad *in Vitro*, mencionan además que los híbridos Brown Midrib tienen rendimientos variables y costos de la semilla muy altos. El desarrollo de híbridos de Brown Midrib y de híbridos exuberantes con mayor índice de cosecha pueden ser unos híbridos excelentes para forrajes.

### **Caracteres Agronómicos en el Mejoramiento Genético de Maíces Forrajeros**

Núñez (1993) menciona que la densidad de plantas y su arreglo topológico en el campo, son las principales prácticas agronómicas para obtener una intercepción eficiente en la radiación solar. Se determinó que la producción de materia seca de híbridos de maíz en diferentes arquetipos, se incrementó en forma lineal al aumentar en forma la densidad hasta 115 mil plantas/Ha. La reducción de grano, al incrementar la densidad de plantas después del IAF (Índice de área foliar) óptima, se debe a la presencia de plantas sin llenado de grano y a la reducción del peso de las mazorcas, lo cual se atribuye al esfuerzo de las plantas por la competencia que se establece entre ellas.

Rodríguez (1985) concluye que los caracteres agronómicos más estrechamente relacionados con el rendimiento de maíz fueron; altura de planta, altura de mazorca, número de hojas y en mayor efecto días a floración masculina, días a floración femenina y mazorcas por cien plantas.

Los maíces forrajeros usados son seleccionados por su capacidad de producción de materia seca, y poco interés en la calidad nutritiva (Núñez *et al.* 1999; Peña *et al.* 2002). Algunos híbridos en uso presentan las características consideradas como forrajeras en el pasado, como son porte alto y mucho forraje; ya que años atrás los mejoradores consideraban que el rendimiento y la calidad del forraje estaban determinados por el rendimiento de grano y por la proporción de materia seca del grano por encima de los componentes (Torrecillas y Bertoia, 2000).

Cox *et al.* (2006) mencionan beneficios considerables al utilizar hileras dobles de 0.19 m con hileras centrales de 0.76 m, ya que reduce los costos de aplicación de los herbicidas, por otra parte mencionan que el contenido de materia seca producida en hileras reducidas (0.38 m) es de 326 g kg<sup>-1</sup> contra 314 g kg<sup>-1</sup> reportada en el caso de las hileras dobles, aumentando la probabilidad de cosechar antes de las heladas.

Saseendran (2005) menciona que los híbridos forrajeros de maduración tardía reducen su rendimientos en comparación con los híbridos precoces cuando se retrasa la fecha de siembra.

Widdicombe y Thelen (2002) en un trabajo donde evaluaron tres densidades de siembra (64200, 79000, y 88900 plantas ha<sup>-1</sup>) concluyeron que no existe interacción entre los híbridos evaluados y la densidad de siembra, por lo que concluyen que los híbridos forrajeros estudiados fueron similares en las tres densidades evaluadas.

Brégard (2001) menciona que el análisis de componente principales, demostró que las diferencias encontradas en el rendimiento de materia seca del forraje, es debido a

las diferencias del rendimiento total de biomasa de materia seca y no únicamente a los cambios de la biomasa causado por retoños y raíces.

Moreno-González *et al.* (2000) mencionan que los híbridos de maíz forrajeros deben ser desarrollados del patrón heterótico liso por dentado, y que las estrategias de mejoramiento deberían incluir la característica digestibilidad de materia orgánica para ambas líneas e híbridos debido a que genes recesivos favorables podrían estar involucrados en esta característica.

Lee *et al.* (2003) mencionan que la estabilidad del rendimiento de grano del maíz puede ser mejorada por selección recurrente seleccionando solamente por comportamiento promedio a través de ambientes múltiples

### **Maíz de Alta Calidad Proteínica (QPM).**

Núñez (1999) menciona que por lo general los híbridos forrajeros son seleccionados solamente por su capacidad productora de materia seca y poco interés se ha puesto en mejorar su calidad nutritiva. La selección de híbridos es fundamental para mejorar esta situación; existe suficiente evidencia de las diferencias entre híbridos en cuanto a su contenido de proteína, fibra y digestibilidad de la materia seca.

Dado (1999) menciona que los maíces denominados de alta calidad proteica contienen mayor cantidad de lisina en el grano, en comparación a los híbridos convencionales. La lisina es un aminoácido identificado como una de las principales limitantes en la alimentación del ganado bovino lechero con alta producción.

Pixley y Bjarnason (1993) en estudios realizados con maíz de alta calidad de proteína QPM, a través de 5 localidades, encontraron que los mejores híbridos en cada experimento fueron mejores que los testigos de maíz con endospermo normal, superándolos en 14 por ciento para rendimiento de grano, 48 por ciento para la concentración de triptófano en grano y 60 por ciento para la concentración de triptófano en proteína. Concluyen que los efectos de acción génica aditiva fueron los responsables de la variación en la concentración de proteína en grano, triptófano en grano y triptófano en proteína y que los efectos de ACE fueron no significativos para calidad de proteína. Además indican que la selección de genotipos para la formación de híbridos o de variedades de polinización libre QPM puede basarse en la ACG para estas características.

En un estudio para evaluar la estabilidad del rendimiento, la modificación del endospermo y la calidad de proteína en un híbrido de maíz de calidad proteínica (QPM), Pixley *et al.* (2002) mencionan que tanto la calidad de proteína y la modificación del endospermo se mantuvieron dentro de los valores esperados para los maíces QPM, y que la concentración de triptófano en la proteína fue la característica mas estable, seguido por la concentración de proteína en el grano, después por los valores de modificación del endospermo y finalmente el rendimiento del grano.

Burgoon (1992) en un trabajo par evaluar los valores nutricionales en los animales menciona, que la diferencia en la digestibilidad entre el maíz normal y el QPM fue pequeño y que esto se debe a la diferencia en el contenido de los aminoácidos de los maíces.

Gibbon *et al.* (2003) mencionan que al extraer la enzima sintasa I en una fracción de proteína soluble de los gránulos de almidón en maíces QPM, se presentan acortamientos



en las ramificaciones de amilopectina y aumento en los gránulos de almidón, así como que en los granos maduros estas alteraciones fueron asociadas con interconexiones entre los gránulos de almidón.

### **Caracteres Químicos en el Mejoramiento de Maíces Forrajeros**

Peña *et al.* (2003) en un trabajo realizado, para determinar la calidad forrajera de la planta sin elote (PSE), elote, y planta completa (PC) de cinco grupos de poblaciones de maíz constituidos por germoplasma de valles altos, tropical subtropical, híbridos F1 y generaciones F2 de híbridos, encontraron que el grupo de poblaciones precoces de valles altos, presentó la mayor calidad forrajera de la PC y de la PSE ( $P < 0.05$ ) con una digestibilidad *in Vitro* (DIV) de 75.4 y 72.0 por ciento respectivamente, comparado con un 71.2 y 64.8 por ciento en promedio de otros grupos. También reportan que en tres de los grupos se detectaron diferencias significativas ( $P < 0.05$ ) entre poblaciones en contenido de fibra detergente neutro (FDN) y ácido (FDA), contenido de lignina (LIG), y DIV; las mayores divergencias se determinaron en la PSE y prácticamente no se observó variación en el elote.

Peña *et al* (2002) evaluaron 5 grupos genéticos que integraron 19 poblaciones y seis híbridos comerciales para identificar poblaciones de maíz con alta calidad forrajera y determinar el grado de asociación entre variables agronómicas y de calidad nutritiva, reportan que las mejores poblaciones en producción y calidad forrajera dentro de grupos fueron: Pob800, Lucio Blanco, Pob 42, ETO IL, CPAB3, P3066W F2; A7597F2 y los híbridos Pantera y AS 900. Así también mencionan que las variables más correlacionadas con la DIV ( $P < 0.01$ ), fueron días al corte, FDN y FDA, con coeficientes de  $-0.74$ ,  $-0.74$ ,

y 0.81 respectivamente, mientras que con producción de leche lo fueron el MST, PROPEL, y FDN con coeficientes de 0.78, 0.84 y 0.55, respectivamente.

Núñez *et al.* (2001) en un experimento realizado para evaluar híbridos de maíz con alta digestibilidad reportan que existe una tendencia de que los híbridos precoces tuvieran menores rendimientos de materia seca por hectárea que los híbridos de ciclo intermedio. Reportan también que la digestibilidad *in Vitro* se correlacionó negativamente con días a la cosecha de los híbridos ( $r^2=0.64$ ). Reportan que la digestibilidad *in Vitro* se relaciona con las concentraciones de fibras ácido detergente ( $r^2=0.62$ ), independientemente del tipo de híbrido de maíz.

Núñez *et al.* (2003) en un trabajo realizado para determinar características agronómicas y químicas para elegir un maíz híbrido para forraje y realizar ecuaciones relacionadas con su valor energético reportan que para obtener forrajes con alto valor energético ( $> 1.5$  mcal/kgde MS de ENI) se requiere utilizar híbridos de maíz que tengan al menos 54 por ciento de mazorca y menos de 50 por ciento de fibra detergente neutra, sólo con esta fibra ( $r^2=0.77$ ) se obtuvo una ecuación satisfactoria para el valor energético de híbridos de maíz para forraje con condiciones variables de clima en la región lagunera.

Allen *et al.* (1995) mencionan diferencias entre híbrido de maíz en los contenidos de proteína, fibra y digestibilidad tanto de la materia seca como de la fibra. El porcentaje de mazorca es una de las características más importantes que determinan el valor energético de los ensilados de maíz .

Crasta *et al.* (1997) mencionan que la digestibilidad *in Vitro*, estuvo relacionado con el índice de cosecha de grano, sin embargo, otros investigadores Graybill *et al.* (1991)

mencionan que el índice de cosecha de grano interacciona con las condiciones ambientales que se presentan cada año cuando crecen las plantas de maíz.

Darby y Lauer (2002) reportan que bajas concentraciones de FDN y FDA y altas concentraciones de digestibilidad *in vitro* se observaron cuando el forraje fue cosechado entre 700 a 650 g kg<sup>-1</sup> de humedad, en general la cosecha puede ser realizada hasta en 580 g kg<sup>-1</sup> de humedad y de esta manera se mantiene el 95 por ciento del rendimiento y de la producción de leche.

Frey *et al.* (2004) en un trabajo realizado para mejorar la calidad del forraje, en un sintético denominado Wisconsin Quality Synthetic (WQS). reportan que el índice de selección es efectiva para mejorar el rendimiento en maíz forrajero, la fibra detergente ácida (FAD), la fibra detergente neutro (FDN), y la proteína cruda (PC).

Lauer *et al.* (2001) en un trabajo realizado para determinar el rendimiento y la calidad del forraje a través de los años encontraron que la concentración fibra detergente neutra disminuyó de 0.948 a 0.825. g kg<sup>-1</sup> por año, mientras que la digestibilidad *in Vitro* aumento de 0.538 a 0.612 g kg<sup>-1</sup> por año.

Lewis *et al.* (2004) sugieren que más de ocho cortes en maíz forrajero podría ser una buena practica para aumentar la calidad y el rendimiento en el forraje para el caso de híbridos con característica exuberante.

Bal *et al.* (2000) en un trabajo realizado para evaluar los efectos de tres híbridos en la digestión y la producción de leche en el ganado, encontraron que la alimentación

con Brown-Midrib en dietas altas aumentó la producción de leche comparado con el uso de silos en una dieta normal.

Frey *et al.* (2004) en un estudio para mejorar el rendimiento y la calidad del forraje mencionan que es factible desarrollar germoplasma de maíz forrajero altamente rendidores y con excelente calidad nutricional

Bernard *et al.* (2004) en un estudio donde evaluaron el efecto de la altura del corte en la calidad del forraje, mencionan que incrementar la altura del corte a 30.5 cm no mejora la calidad del forraje ni la producción de leche.

Neylon y Kung (2003) mencionan que aumentar la altura del corte de la planta de maíz en la cosecha puede mejorar los valores nutritivos del silo de maíz.

Cox y Cherney (2005) mencionan que cosechar los forrajes a 310 g kg<sup>-1</sup> de materia seca, disminuye ligeramente la calidad del forraje, pero mantiene una buena producción de leche, durante el tiempo de almacenamiento de los silos.

Méchin *et al.* (2001) mencionan que la información de digestibilidad *in Vitro* de almidón y de carbohidratos insolubles así como de la digestibilidad *in Vitro* de la pared celular, en combinación con la información de QTL puede ser una herramienta útil en la búsqueda de los genes involucrados en la lignificación del maíz o de la biogénesis de la pared celular.

### **III. MATERIALES Y MÉTODOS**

#### **Área de Estudio**

El presente estudio se realizó en el 2003 y 2004, en terrenos del Rancho “Ampuero “ en Torreón Coahuila, situado dentro de la Comarca Lagunera, entre los paralelos 25° 33’ de LN y los 103° 26’ de LW, con altitud de 1200 msnm, con temperatura y precipitación media anual de 22.6° y 217 mm., respectivamente, siendo el presente trabajo de investigación parte del convenio general entre la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN) y el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT).

#### **Clima del Área de Estudio**

De acuerdo a la clasificación de climas de Thorthwaite, según el Atlas Nacional del medio Físico (1982), modificado por Alfonso Contreras, la Comarca Lagunera en casi toda su área cultivable, tiene clima muy seco con deficiencia de lluvia en todas las estaciones, temperatura semicálida con invierno benigno (Ed B1 “b”); exceptuando la parte norte de los municipios de Francisco I. Madero y San Pedro de las colonias, cuyo clima es seco con temperatura semicálida e invierno seco (D1B1, “b”).

Según el sistema de W. Kopen la mayor parte del área cultivable de la Comarca Lagunera tiene clima seco de desierto, llueve durante el verano, y temperatura caliente con media anual  $\geq 18^{\circ}$  C (BWhw.)

## Material Genético

Se evaluaron 28 cruzas simples durante dos años, las cuales provenían de las cruzas entre las ocho líneas élite de maíz QPM de grano blanco (Cuadro 3.1), todas ellas del programa de mejoramiento genético de maíz del CIMMYT.

Cuadro 3.1. Genealogía de las ocho líneas de maíz QPM utilizadas para producir las 28 cruzas dialélicas directas.

Línea	CML No.	Pedigrí.
1	CML 146	AC856MH35-3-1-B-B-1-B-B-#
2	CLQ6203	Pob62C3HC163-3-3-3-2#-1-1-2-2*B-6-5*B
3	CM;147	Pob63c2HC53-1-1-B-B-B-9-B-B-#
4	CML148	G23QMH19-1-1-B-1-2-B-B-B-B-#
5	CML150	G24QMH169-2-1-B-3-1-1-B-B-3-B-# -# -B
6	CML173	Pob68C1HC180-1-3-1-1-B-2-B-B
7	CML144	Pob62C5HC182-2-1-2-B-B-3-1-# -#
8	CML159	Pob63C2HC5-1-3-1-B-2-1-1-B-#

## Fecha de Siembra y Labores Culturales

La siembra se realizó manualmente el 15 de julio 2003 (Ciclo A) y el 25 de abril en el 2004 (ciclo B). En ambos años, se fertilizó con la fórmula 120N-60P-00K, aplicando 60 unidades de nitrógeno y todo el fósforo en la siembra, y el resto del nitrógeno en la escarda antes del primer riego de auxilio. El manejo del cultivo en los dos años del estudio fue el óptimo, aplicándose 3 riegos de auxilio y uno de presiembra (Núñez *et al.* 1999). El

aporque se llevó acabo a los 26 días después de la siembra con una escarda mecánica y el control de plagas se realizó durante todo el ciclo de desarrollo del cultivo mediante la aplicación de insecticidas.

## **Toma de Datos**

### **Variables Evaluadas en Campo**

En cada una de las parcelas se midieron las características agronómicas mencionadas a continuación.

**Altura de Planta.** La cual se obtuvo al momento de la floración de un muestreo de 10 plantas al azar; midiendo desde el nivel del suelo hasta la hoja bandera.

**Altura de Mazorca.** La cual se obtuvo al momento de la floración de un muestreo de 10 plantas al azar; midiendo desde el nivel del suelo hasta el nudo de la mazorca principal.

**Rendimiento de forraje verde (RFV).** Se midió cuando en el grano la línea de almidón se encontraba a un tercio (poco después del estado masoso-lechoso), se cortaron y pesaron 10 plantas tomadas al azar con competencia completa. El RFV verde (t ha<sup>-1</sup>) se calculó con la siguiente fórmula:

$$RFV = \frac{PVP \times DS}{NP \times 1000}$$

Donde: RFV= Rendimiento de forraje verde

PVP= Peso verde de la plantas muestreadas.

1000= Constante para obtener el rendimiento en toneladas.

DS= Densidad de siembra .

NP= Número de plantas muestreadas.

**Rendimiento de Materia Seca/ha.** Para estimar la materia seca total, se utilizó la siguiente metodología: se tomó una muestra de un kilo de cada una de las muestras usadas para obtener el RFV, las cuales se pusieron a secar en una estufa de aire forzado a una temperatura de 60° C hasta alcanzar peso constante, para determinar el contenido de humedad (Undersander *et a.*, 1993). Posteriormente la MST se calculó con la siguiente fórmula:

$$MST = \frac{PS \times RFV}{Phm}$$

Donde:

PS = Peso seco de la muestra.

RFV = Rendimiento de forraje verde (t ha<sup>-1</sup>).

Phm = Peso húmedo de la submuestra (1000 g).

### **Fase de Laboratorio**

#### **Variables Evaluadas**

- Proteína.
- Fibra detergente ácido (FDA)
- Fibra detergente neutro (FDN)
- Nutrientes totales digestibles (NTD).



Una vez que se obtuvieron los resultados del análisis químico, se procedió a estimar la digestibilidad de la materia seca, consumo de materia seca, valor relativo del forraje, materia seca digestible mediante las siguientes fórmulas:

### **Energía Neta de Lactancia (ENL)**

$$Y = 2.0707 - (0.024) (\text{FDN})$$

#### **Donde:**

**Y** = Energía neta de lactancia.

**2.0707** = constante

**0.024** = Constante.

### **Digestibilidad de Materia Seca**

$$\text{DMS} = 88.9 - (0.779 \times \text{FAD})$$

#### **Donde:**

**DMS** = Digestibilidad de la materia seca.

**88.9** = Constante.

**0.779** = Constante.

**FDA** = Fibra detergente ácido.

### **Consumo de Materia Seca**

$$\text{CMS} = 120/\text{FDN}.$$

#### **Donde:**

**CMS** = Consumo de materia seca.

**120** = Constante.

**FND** = Fibra detergente neutro.

### **Valor Relativo del Forraje**

$$\text{VRF} = (\text{DMS} \times \text{CMS}) / 1.29$$

**Donde:**

**VRF** = Valor relativo del forraje.

**DMS** = Digestibilidad de la materia seca.

**CMS** = Consumo de materia seca.

**1.29** = Constante.

### **Materia seca digestible.-**

$$\text{MSD} = \text{RFS} \times \text{DMS}$$

**Donde:**

**MSD** = Materia seca digestible.

**RFS** = Rendimiento de forraje seco.

**DMS** = Valor de digestibilidad de la materia seca.

### **Procedimiento Experimental**

Para la evaluación de los materiales se utilizó un diseño experimental en bloques al azar, con 28 cruza de maíz QPM con 2 repeticiones y dos años.

El experimento se desarrolló en parcelas con las siguientes medidas: dos surcos de 21 plantas cada uno, a un espacio entre ellas de 16.5 cm., la distancia entre surcos será

de 80 cm. dando una superficie total de 2.272 m<sup>2</sup>, logrando con esto una densidad de población de 80,000 Ptas./ha.

### **Diseño Experimental**

Se utilizó el siguiente modelo estadístico:

$$Y_{ij} = \mu + t_i + r_j + e_{ij}$$

**Donde:**

**Y<sub>ij</sub>** = Valor de la variable correspondiente.

**μ** = Media general.

**T<sub>i</sub>** = Efecto del i-ésimo tratamiento.

**r<sub>j</sub>** = Efecto de j-ésima repetición.

**E<sub>ij</sub>** = Efecto del error experimental.

### ***Análisis Combinado***

Para cada una de las características agronómicas evaluadas se realizó un análisis combinado a través de ambientes con dos repeticiones ( Cuadro 3.2), para lo cual se usó el procedimiento ANOVA del paquete estadístico SAS (SAS, 1989). El modelo para el análisis combinado a través de ambientes fue el siguiente:

$$y_{ijk} = \mu + \phi_k + \alpha_{j(k)} + \beta_i + \phi\beta_{ik} + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:

$y_{ijk}$  = valor de la variable correspondiente

$\mu$  = efecto de la media general.

$\phi_k$  = efecto del k-ésimo año.

$\alpha_{j(k)}$  = efecto de la j-ésima repetición dentro de años.

$\beta_i$  = efecto del i-ésimo tratamiento.

$\phi\beta_{ik}$  = efecto del de la interacción entre el i-ésimo tratamiento y el k-ésimo año.

$\varepsilon_{ijk}$  = efecto del error experimental.

$i = 1,2,\dots,t$  (tratamientos);  $j = 1,2$  (repeticiones);  $k = 1,2$ . (años)

**Cuadro 3.2. Análisis de varianza para el diseño combinado bloques completos al azar**

F.V.	G.L.	S.C.	C.M.	F.
<b>Años(A)</b>	<b>a-1</b>	$\frac{\sum_{k=1}^a y^2..k}{tr} - \frac{y}{trl} \leq$	$\frac{scloc}{l-1}$	$\frac{CMloc}{CMe}$
<b>Rep/Años</b>	<b>(r-1)a</b>	$\frac{\sum_{j=1}^r \sum_{k=1}^a y^2.jk}{t} - \frac{\sum_{k=1}^a y^2..k}{tr}$	$\frac{screp/loc}{(r-1)l}$	$\frac{CMrep/loc}{CMe}$
<b>Trats ( T)</b>	<b>t-1</b>	$\frac{\sum_{i=1}^t yi..}{rl} - \frac{y^2...}{trl}$	$\frac{scrat}{t-1}$	$\frac{CMtrat}{CMe}$
<b>AñoXTrat(l-1)(t-1)</b>		$\frac{\sum_{k=1}^a \sum_{i=1}^t y^2 i.k}{r} - \frac{\sum_{i=1}^t y^2 i...}{rl} - \frac{\sum_{k=1}^a y^2 ..k}{tr} + \frac{y^2...}{trl}$	$\frac{sclocXtrat}{(l-1)(t-1)}$	$\frac{CMlocxtrat}{CMe}$

$$\begin{aligned}
 \text{Error} & \quad (r-1)(t-1)a \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^r \sum_{k=1}^a y^2_{ijk} - \frac{\sum_{j=1}^r \sum_{k=1}^a y^2_{.jk}}{t} - \frac{\sum_{i=1}^t \sum_{k=1}^a y^2_{i.k}}{r} + \frac{\sum_{k=1}^a y^2_{..k}}{rt} \\
 & \quad \frac{sc \text{ Re } pXC / A}{(l-1)(t-1)(A-1)} \\
 \text{Total} \quad \text{Trl-1} & \quad \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^r \sum_{k=1}^l y^2_{ijk} - \frac{y^2 \dots}{trl}
 \end{aligned}$$

Cuadro3.3. Esperanzas de cuadrados medios del análisis de varianza combinado.

<b>Años</b>		$\sigma^2 e + \text{rep } \sigma^2 A \times \text{trat} + \text{trat } \sigma^2 \text{ rep/años } \text{rep trat } \sigma^2$
<b>Rep/años</b>	<b>M4</b>	$\sigma^2 e + \text{trat } \sigma^2 \text{ rep/años}$
<b>Tratamientos</b>	<b>M3</b>	$\sigma^2 e + \text{rep } \sigma^2 A \times \text{trat} + \text{rep años } \sigma^2 \text{ trat}$
<b>Años x trat.</b>	<b>M2</b>	$\sigma^2 e + \text{rep } \sigma^2 A \times \text{trat}$
<b>Error</b>	<b>M1</b>	$\sigma^2 e$

Se realizó un análisis de varianza para cada una de las características agronómicas y de producción de las cruza, el cual se calculó mediante el paquete computacional Statistical Analysis System (SAS).

Para conocer los valores superiores de los caracteres en estudio se tomó como dicho valor a todas aquellos que superaron a la media más dos veces su desviación estándar (( $\mu+2\sigma$ )). Así mismo se calculó el coeficiente de variación (C.V.) para mayor confiabilidad del trabajo.

Se llevó a cabo también un análisis de covarianza para cada combinación de dos caracteres. En el Cuadro 3.4 se presentan las fuentes de variación y esperanzas de los productos cruzados medios para este análisis.

Cuadro 3.4. Esperanzas de cuadrados medios del análisis de covarianza combinado.

<b>Años</b>		$\sigma e_{xy} + \text{rep } \sigma A \times \text{trat}_{xy} + \text{trat } \sigma \text{rep/años}_{xy} + \text{rep trat } \sigma \text{años}_{xy}$
<b>Rep/años</b>	$M_{4x}M_{4y}$	$\sigma e_{xy} + \text{trat } \sigma \text{rep/años}_{xy}$
<b>Tratamientos</b>	$M_{3x}M_{3y}$	$\sigma e_{xy} + \text{rep } \sigma A \times \text{trat}_{xy} + \text{rep años } \sigma \text{trat}_{xy}$
<b>Años x trat.</b>	$M_{2x}M_{2y}$	$\sigma e_{xy} + \text{rep } \sigma A \times \text{trat}_{xy}$
<b>Error</b>	$M_{1x}M_{1y}$	$\sigma e_{xy}$

### Diseño Genético

El comportamiento de los híbridos y progenitores se basó en el análisis dialélicos propuesto por Griffing (1956), bajo a suposición del modelo II, y el método IV, ( las cruza directas F1), considerando que las líneas en cuestión son representativas de la población (Cuadro 3.5).

Con los resultados obtenidos se hicieron inferencias acerca de los parámetros genéticos de la población (varianzas genéticas aditivas y varianzas genéticas de dominancia)

El modelo lineal apropiado para realizar el análisis de los experimentos es el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + y_k + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:

$Y_{ijk}$  = Es el valor fenotípico observado de la craza (i,j) en el bloque k.

$\mu$  = La media (efecto común a todas las observaciones).

$g_i$  = Efecto de la aptitud combinatoria general del progenitor i.

$g_j$  = Efecto de la aptitud combinatoria general del progenitor j.

$s_{ij}$  = Efecto de la aptitud combinatoria específica de la craza (i,j).

$y_k$  = Efecto de la k-ésima repetición.

$\varepsilon_{ijk}$  = Efecto aleatorio del error correspondiente a la observación (i,j,k).

Cuadro 3.5. Estructura del análisis de varianza combinado para el diseño IV de Griffing.

	G.L	CM	ECM
F.V.			
Años	l-1		
Rep/años	l(r-1)		
ACG	p-1	M6	$\sigma^2_e + r \sigma^2_{IACE} + r(p-2) \sigma^2_{IACG} + rl \sigma^2_{ACE} + rl(p-2) \sigma^2_{ACG}$
ACE	$(p(p-3))/2$	M5	$\sigma^2_e + r \sigma^2_{IACE} + rl \sigma^2_{ACE}$

ACG x Años	(p-1)(l-1)	M3	$\sigma^2_e + r \sigma^2_{IACE} r(p-2) \sigma^2_{IACG}$
ACE x Años	$((p(p-3))/2)(l-1)$	M2	$\sigma^2_e + r \sigma^2_{IACE}$
Error	$(p(p-1)/2)-1(r-1)l$	M1	$\sigma^2_e$
Total	$(rp(p-1)/2)-1$		

También se calculó el coeficiente de variación (CV) para determinar la variación relativa del error experimental en el análisis de varianza mediante la fórmula siguiente:

$$CV = \frac{\sqrt{CME}}{\bar{X}}$$

Donde:

CV= Coeficiente de variación.

CMEE= Cuadrado medio del error experimental.

$\bar{X}$  = Media general.

### Parámetros Genéticos

Utilizando lo 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, de acuerdo a la información de los cuadrados medios

Estimación de los componentes de varianza, lo anterior fue calculado mediante la siguiente fórmula:



$$\sigma^2 g = \frac{M3 - M2}{rl}$$

$$\sigma^2 p = \frac{M3}{rl}$$

La varianza y error estándar de la estimación  $\sigma^2 g$  se obtuvo como sigue:

$$V(\sigma^2 g) = \frac{2}{(rl)^2} + \frac{M3}{g.l.M3+2} + \frac{M1}{g.l.M1+2}$$

$$EE(\sigma^2 g) = \sqrt{V(\sigma^2 g)}$$

Se estimó el coeficiente de variación genética con la siguiente fórmula:

$$CVG = \frac{\sqrt{\sigma^2 g}}{\bar{X}}$$

De cada análisis de varianza se obtuvo una estimación de la heredabilidad en base a la media de una progenie para cada carácter de acuerdo a lo postulado por Hallauer y Miranda (1981).

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

Utilizando los cuadrados medios del análisis de varianza combinado para los cuatro caracteres agronómicos bajo el diseño dialélico método IV se calculó la varianza de ACG, varianza de ACE, varianza aditiva, varianza de dominancia, error estándar de la

varianza de ACG, error estándar de la varianza de ACE, error estándar de la varianza de dominancia, error estándar de la varianza aditiva, los anteriores se calcularon con las siguientes fórmulas:

$$\sigma^2 ACG = \frac{CMACG - CMACE - CMACGLOC + CMACELOC}{RL(P - 2)}$$

$$\sigma^2 ACE = \frac{CMACE - CMACELOC}{RL}$$

$$\sigma^2 A = 2\sigma^2 ACG$$

$$\sigma^2 D = 2\sigma^2 ACE$$

$$EE\sigma^2 D = \sqrt{V(\sigma^2 D)}$$

$$EE\sigma^2 A = \sqrt{V(\sigma^2 A)}$$

El error estándar de la heredabilidad fue estimado por la siguiente fórmula:

$$EE(H^2) = \frac{EE(\sigma^2 G)}{\sigma^2 P}$$

De la misma manera que para los componentes de varianza, se obtuvieron los valores estimados de los componentes de variación simultánea de cada par de variables utilizando la fórmula reportada por Kempthorne (1969).

La covarianza genética se fue estimada de la manera siguiente:

$$COV_{gxy} = \frac{\sigma^2 gxy - \sigma^2 gx - \sigma^2 gy}{2}$$

La covarianza fenotípica fue estimada de la siguiente manera:

$$COV_{pxy} = \frac{\sigma^2 pxy - \sigma^2 px - \sigma^2 py}{2}$$

### Análisis de Correlación

Se realizó un análisis del grado de asociación tanto fenotípica como genotípica entre los caracteres estudiados, utilizando las estimaciones de los componentes de varianza y covarianza, respectivos para calcular los coeficientes de correlación genética ( $r_g$ ) y fenotípica ( $r_p$ ).

La correlación genotípica se estimó de la manera siguiente:

$$r_{gxy} = \frac{\text{cov } gxy}{\sqrt{(\sigma^2 gx)(\sigma^2 gy)}}$$

$r_{gxy}$  = Coeficiente de correlación genética entre los caracteres x y y.

$\text{Cov}_{gxy}$  = Covarianza genética entre los caracteres x y y

$\sigma^2 g_x$  = Varianza genéticas de los caracteres x.

$\sigma^2 g_y$  = Varianza genéticas de los caracteres y.

La correlación fenotípica se estimó con la siguiente fórmula:

$$r_{pxy} = \frac{\text{cov } pxy}{\sqrt{(\sigma^2 px)(\sigma^2 gy)}}$$

$r_{pxy}$  = Coeficiente de correlación genética entre los caracteres x y y.

$\text{Cov } pxy$  = Covarianza genética entre los caracteres x y y

$\sigma^2 p x$  = Varianza genéticas de los caracteres x.

$\sigma^2 gy$  = Varianza genéticas de los caracteres y.

Se realizó una prueba de significancia para cada una de las correlaciones de la manera siguiente:

$$t_c = r \left( \sqrt{\frac{n-2}{1-r^2}} \right)$$

### Índices de Selección

Los índices de selección se construyeron con base a las varianzas genotípicas y fenotípicas de acuerdo a los principios establecidos por Smith (1936) y Hazel (1943), de acuerdo a tales principios, cada unidad de selección presenta un valor genético agregado (H), definido por la siguiente expresión:

$$H = a_1 G_1 + a_2 G_2 + \dots + a_n G_n$$

Donde  $G_n$  es el valor genotípico o el valor reproductivo para cada carácter y  $a_n$  la ponderación económica correspondiente a cada variable. En el caso de que un carácter no tenga un valor económico, su coeficiente al será igual a uno. Para el uso de esta ecuación tendrían que conocerse directamente los valores  $G_n$  lo cual es imposible, por lo que dicha

expresión se estima por el valor fenotípico agregado del individuo, que es propiamente el índice de selección (I) un índice de selección (I), es una función de los valores fenotípicos para un cierto número de caracteres.

Smith (1936) usando el concepto de funciones discriminantes, estableció que el valor genético de una planta puede expresarse como una función lineal de los valores genotípicos de varios caracteres. La suma de dichos valores genotípicos ponderados por ( $a_i$ ), la relación del avance unitario de un carácter expresado en términos del avance de los otros caracteres, produce el valor genético o valor genotípico agregado de una planta. Como los valores genotípicos ( $g_i$ ) no pueden evaluarse directamente, se usan los valores fenotípicos de cada carácter ponderados por sus coeficientes de regresión parcial ( $b_i$ ) bajo la siguiente expresión:

$$I = b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_nX_n$$

Donde  $X$  es el valor fenotípico para cada carácter y  $b$  los coeficientes que maximizan el avance esperado del valor genético agregado (H), por medio de selección. De esta manera, la selección de los valores de H se realiza en forma indirecta por medios de los valores de I.

Una relación que maximiza la ganancia genética, es la siguiente reportada por Harris (1964):

$$\sum_i b_i P_{it} = G_{tw}$$

$$T = 1, 2, \dots, n$$

Se consideraron tres variantes de índices de selección:

1. En el primer caso sólo se consideró al rendimiento como parte del valor genético agregado, con una ponderación económica de uno ( $X_1=0, X_2 = 0, X_3 = 1, X_4 = 0$ ). A las demás variables se les asignó un valor económico de cero. De esta manera, el valor genético agregado quedó reducido a:

$$H = Gr$$

donde Gr es el valor genotípico promedio para el rendimiento de la cruce. Así la expresión que maximiza la ganancia genética esperada se puede expresar como:

$$\sum_{i=1}^n b_i p_{it} = Gtr$$

2. En el segundo caso el índice de selección se construyó considerando como valor económico, la ganancia deseada para cada carácter involucrado en el índice ( $X_1=0.5, X_2 = -0.05, X_3 = 8, X_4 = 4$ ).
3. En el tercer caso el índice de selección se construyó considerando como valor económico, las heredabilidades de cada carácter involucrado en el índice ( $X_1=0.1366, X_2 = -0.6920, X_3 = 0.1142, X_4 = 0.1173$ ).

Las ecuaciones simultáneas para obtener los coeficientes  $b_i$ , quedan expresadas de la siguiente forma:

$$b_1 P_{11} + b_2 P_{21} + \dots + b_n P_{n1} = G_{1r}$$

$$b_1 P_{12} + b_2 P_{22} + \dots + b_n P_{n2} = G_{2r}$$

$$\begin{matrix} \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \end{matrix}$$

$$b_1 P_{1n} + b_2 P_{2n} + \dots + b_n P_{nn} = G_{nr}$$

donde:  $P_{ij}$  es la covarianza fenotípica entre los caracteres  $i$  y  $j$ , y  $G_{ij}$  la covarianza genotípica entre el carácter  $i$  y el rendimiento, en el caso de que ambos subíndices correspondan al mismo carácter,  $P_{ij}$  representa la varianza fenotípica y  $G_{ir}$  la varianza genética.

En el lado izquierdo se tienen varianzas y covarianzas fenotípicas y en el derecho varianzas y covarianzas genotípicas. Las relaciones anteriores se pueden representar en forma de matriz de la siguiente forma:

$$pb = G$$

Donde:

$p$  = matriz de varianza y covarianza fenotípica.

$b$  = vector de coeficientes de ponderación.

$G$  = vector de varianzas y covarianzas genotípicas.

La solución para despejar los coeficientes  $b_n$  es la siguiente:

$$b = P^{-1} G$$

donde:

$P^{-1}$  = es la matriz inversa de  $P$ .

Ya calculados los coeficientes  $b_n$  se construye el índice de selección para cada individuo.

Por definición, la respuesta a la selección de un determinado grupo de índices escogido es la diferencia entre su media y la de todos los índices se expresa por la siguiente ecuación de acuerdo con Robinson *et al* (1951):

$$\Delta G = \frac{Z}{P} \sqrt{b_1 \sigma y g_1 + b_2 \sigma y g_2 + \dots + b_n \sigma y g_n}$$

$\Delta G$  = Ganancia genética.

$Z/p$  o  $K$  = Diferencial de selección estandarizado.

$b_{1,2,n}$  = Coeficiente de ponderación.

$\sigma^2 y g_n$  = Covarianza genética del rendimiento ( $y$ ) con el carácter  $n$ .

Para el cálculo de la ganancia genética por ciclo, por índice de selección, se utilizó una presión de selección de 20 por ciento resultando el diferencial de selección ( $k$ ) con un valor de 1.4.

Una relación que de acuerdo con Legates (1952) permite conocer la eficiencia relativa de un índice dado, se expresa por:

$$E.R. = \frac{R(B)}{R(A)} \times 100$$

$R(A)$  = Respuesta a la selección considerando únicamente al rendimiento como criterio de selección.



$R(B)$  = Respuesta a la selección con el uso del índice de selección para los caracteres considerados como componentes del carácter primario.

Para facilitar los cálculos de coeficientes de los índices de selección, la ganancia genética por ciclo, y la eficiencia relativa del índice se utilizó un paquete estadístico propuesto por Reyes (2003).

## IV. RESULTADOS Y DISCUSION

### Análisis Dialélico

En el Cuadro A3 se observa que en forma general existen diferencias altamente significativas entre tratamientos a excepción de altura de mazorca (AM) razón por la cual se procedió a realizar el análisis dialélico de los datos con el método IV De Griffing tal como lo señalan Hallauer y Miranda (1981).

En el Cuadro 4.1 puede observarse que la fuente de variación años presenta diferencias significativas al ( $p < 0.01$ ) para todos los caracteres evaluados; esto es un indicio de que el ambiente influyó de manera relevante en el comportamiento o reacción del material evaluado bajo condiciones climáticas y edáficas propias de cada ambiente, esto indica, que ambos años reúnen suficiente diversidad ambiental para estos caracteres evaluados; esta situación es deseable y justifica que en un programa de mejoramiento genético de plantas es común establecer el mismo experimento en diferentes ambientes o años, para estimar con mayor precisión el valor de los componentes genéticos y separar el efecto del genotipo x ambiente.

Por otra parte cabe señalar que el efecto anidado repeticiones dentro de años, no presentaron diferencias significativas; de esto puede inferirse que las condiciones edáficas son homogéneas en los ambientes, es decir, el bloqueo no interviene en la expresión de las características agronómicas analizadas. Lo anterior significa, que posiblemente el tamaño de los bloques no fue lo suficientemente grande y por lo tanto no se detectó variabilidad entre bloqueos (Rodríguez, 2000).

Se observa que para la fuente de variación cruzas existen diferencias ( $p < 0.01$ ) para los caracteres AP, RFV y RFS, a excepción de AM, esto era de esperarse dada la variabilidad existente entre los progenitores involucrados en la presente investigación, así como a las diferencias existentes en los grados de endogamia de las líneas participantes. Esto indica que al menos una de las cruzas en estudio es diferente en comportamiento al resto de las cruzas. Para el caso de AM se sugiere que para este carácter existe menor variación genética.

El análisis de varianza reveló también diferencias ( $p < 0.01$ ) para los caracteres AP, RFV, RFS a excepción de AM, entre cruzas en su interacción con los ambientes. Esto puede ser interpretado en el sentido de que las cruzas exhiben interacción con ambientes de prueba, y que para AM no existe interacción, debido posiblemente como se puede observar en Cuadro 4.3, a la poca variabilidad genética existente en este carácter ( $\sigma^2_g = 0.0005$ ), así como a la reducida varianza genotipo ambiente ( $\sigma^2_{ge} = 0.001$ ), es decir que los caracteres que presentaron diferencias están influenciados por las variaciones ambientales que afectan el comportamiento de las cruzas para dichos caracteres. Es importante señalar que es útil evaluar las progenies en el mayor número de ambientes posibles (localidades, densidades, años), ya que como lo postulan Dudley y Moll (1969) se tendrá una mejor estimación de la varianza genética, ya que se eliminan los posibles sesgos causados por otras fuentes de variación.

El análisis para aptitud combinatoria general presentó diferencias ( $p < 0.01$ ) en los caracteres RFV y RFS; esto indica, que entre las líneas formadoras del dialélico, se tiene la posibilidad de encontrar al menos una con un buen comportamiento en todas sus cruzas (ACG), para las características antes mencionadas. En AM lamentablemente no se

encontró diferencia en el material evaluado, sin embargo, el comportamiento de este carácter en las progenies evaluadas es aceptable.

En la ACE existen diferencias ( $p < 0.01$ ) para los caracteres AP, RFV y RFS, en donde se pudiera encontrar al menos una craza con altura adecuada, con buenos rendimientos como material forrajero, de acuerdo a los intereses del mejorador; o sea esto sugiere que existen cruza específicas con los efectos de dominancia de algunas líneas que pueden ser utilizadas para formar híbridos con características agronómicas de alta calidad forrajera derivados de las líneas en estudio, lo cual se refuerza observando las contribuciones de los efectos de ACG y ACE en términos de por ciento de la varianza para cruza , debido que los efectos de dominancias fueron los que contribuyeron en el comportamiento de las cruza con un porcentaje de 78.5950 para Altura de Planta, 66.4598 para Altura de mazorca, 57.9929 para rendimiento de forraje verde y 57.3539 para rendimiento de forraje seco. Cabe mencionar que no precisamente una ACE alta, refleja una respuesta a los caracteres evaluados; en ocasiones algunas cruza al evaluarse presentan buenas características agronómicas aún en casos con ACE negativa.

La fuente de variación ACG x año y ACE x año para el caso de AM no presentó diferencias estadísticas, por lo tanto estos efectos denotan estabilidad en esta característica analizada, resultados similares reportó Betrán *et al* (2003).

El coeficiente de variación en todos los casos es bajo, permitiendo un razonable rango de confianza en los resultados obtenidos. La mayor fuente de variación se observa en AM . Lo que indica que en este carácter se cometió mayor error de muestreo y toma de datos. Sin embargo los coeficientes de variación no son altos para afectar la confiabilidad

de los resultados, considerando que el material genético utilizado es heterogéneo debido a la diversidad de orígenes de las líneas, resultados similares reportó Cruz (2003).

Cuadro 4.1. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado para los cuatro caracteres agronómicos, bajo un diseño dialélico método IV.

FV	GL	AP	AM	RFV	RFS
AÑOS	1	13.5803**	1.2201**	9000.1428**	163.6289**
REP/AÑOS	2	0.0058	0.0004	11.2503	0.3458
CRUZAS	27	0.0426**	0.0321	199.7539**	48.2782**
ACG	7	0.0354	0.0412	323.6559**	77.2484**
ACE	20	0.0452**	0.0288	156.3882**	37.3812**
AÑOS X CRUZAS	27	0.0368**	0.0299	176.9413**	42.6146**
ACG X AÑOS	7	0.9520**	0.4521	406.7588**	77.2252**
ACE X AÑOS	20	0.0164	0.0244	96.5052**	30.0859**
ERROR	54	0.0201	0.0252	46.7592	10.6918
CONTRIBUCION DE ACG (%)		21.5440	33.2756	42.0070	41.4827
CONTRIBUCION DE ACE (%)		78.5950	66.4589	57.9929	57.3539
C.V. %		5.9866	13.4547	11.6322	11.8595

\* y \*\* Significancia al 0.05 y 0.01 de probabilidad respectivamente; AP=altura de planta; AM= altura de mazorca; RFV= rendimiento de forraje verde de forraje verde; RFS=rendimiento de forraje seco.

Las medias de los caracteres estudiados para cada cruza, se anotan en el Cuadro 4.2. Los valores superiores de la variables en estudio fueron determinados con base en los valores que superaron el valor de la media ( $\mu$ ) mas dos desviaciones estándar ( $2\sigma$ ). En cuanto a las medias totales obtenidas, se obtuvo un valor de 2.3714 m para AP, 1.1804 m para AM, 58.7857 t/ha<sup>-1</sup> para RFV y 27.5535 t ha<sup>-1</sup> para RFS. Estos resultados, resultan ser superiores a las encontradas por De la Cruz (2003), para los caracteres AP y RFV, quien evaluó estos mismos materiales, en ciclos anteriores del programa de mejoramiento genético y reportó valores de 2.22 m para AP y 52.12 t/ha<sup>-1</sup> para RFV, el hecho de que las medias obtenidas en el presente ciclo sean mayores, puede obedecer a que la selección para RFV incrementó, debido a las variaciones correlativas, los valores para los demás

caracteres y al hecho de que los ambientes no fueron los mismos, así mismo vale la pena comentar que mientras más endogamia exista en los progenitores de un híbrido existe la posibilidad de obtener mayor heterosis. Para las variables agronómicas, la AP varió de 2.07 a 2.6 m, siendo la cruce con mayor altura la 1 x 3. Respecto a AM la altura vario de 1.01 a 1.45 siendo la cruce con mayor AM la 3x5, para el caso de RFV los valores variaron de 47.95 a 73.65 t ha<sup>-1</sup> siendo la cruce con mayor altura la 1 x 8, par el caso de RFS los valores variaron de 21.8 a 34.82 t ha<sup>-1</sup> siendo la cruce con mayor altura la 1 x 8.

### **Parámetros Genéticos**

Utilizando lo cuadrados medios de los análisis de varianza combinado (Cuadro A3) se calcularon algunos parámetros genéticos: varianza genética, varianza fenotípica, coeficiente de variación genética, ganancia genética esperada, la heredabilidad en sentido amplio y estrecho, y el error estándar de la varianza genética los cuales se muestran en el Cuadro 4.3.

En cuanto a las varianzas genéticas se observa que en forma general son muy bajas, esto puede deberse según a errores de muestreo de la población lo cual habría sesgado fuertemente las estimas de la varianza y la covarianza Robinson *et al.* (1954), lo cual conduce a aumentar el error experimental, con la consecuente disminución de las demás fuentes de variación, así como a la presencia de epistasis o a ligamento factorial. Y según Goodman (1965), a que el diseño no tiene mucha sensibilidad para estimar correctamente las varianzas genética- aditiva.

También se observa que los, errores estándar de sus varianzas genéticas son grandes, por lo tanto, no puede asegurarse que existe variabilidad para estos caracteres.

Cuadro 4.2. Medias de los cuatro caracteres agronómicos de los 28 genotipos evaluados en dos ambientes y dos repeticiones.

GENOTIPOS	CARACTERES			
	AP (m)	AM (m)	RFV (t ha <sup>-1</sup> )	RFS (t ha <sup>-1</sup> )
1x2	2.45	1.12	51.75	24.55
1x3	2.6*	1.28	55.95	26.3
1x4	2.33	1.11	59.97	29.92
1x5	2.4	1.08	58.37	24.47
1x6	2.36	1.11	53.95	25.82
1x7	2.26	1.17	61.47	28.85
1x8	2.47	1.17	73.65*	34.82*
2x3	2.41	1.25	53.45	24.77
2x4	2.27	1.18	57.95	27.62
2x5	2.46	1.06	50.95	24.32
2x6	2.32	1.08	47.95	21.8
2x7	2.07	1.11	56.95	28.45
2x8	2.31	1.2	62.95	30.12
3x4	2.32	1.11	55.35	25.87
3x5	2.38	1.45*	65.75	30.55
3x6	2.38	1.22	58.95	27.7
3x7	2.45	1.17	65.55	25.55
3x8	2.35	1.18	51.95	23.72
4x5	2.5	1.27	66.85	32.15
4x6	2.37	1.17	61.45	30.75
4x7	2.4	1.23	71.7	31.35
4x8	2.37	1.23	58.45	28.42
5x6	2.3	1.01	51.15	24.35
5x7	2.4	1.26	65.95	31.1
5x8	2.3	1.13	49.62	24.5
6x7	2.4	1.22	49.95	22.12
6x8	2.18	1.08	57.25	28.42
7x8	2.51	1.27	70.75	34.07
$\mu$	2.37	1.18	58.78	27.55
$\sigma$	0.1	0.08	7.06	3.46
$\mu+\sigma$	2.57	1.36	72.9	34.47

\* = Mayor que  $\mu + \sigma$  ; AP = Altura de planta; AM = Altura de mazorca; RFV= Rendimiento de forraje verde; RFS = Rendimiento de forraje seco.

Es necesario hacer notar que los valores de heredabilidad para estas características pueden estar influenciados en cierto grado por la interacción genotipo-ambiente ya que como se ha mencionado los caracteres de baja heredabilidad son influenciados grandemente por el ambiente Chávez (1993), Hallauer y Miranda (1981).

Se observa que en forma general todos los caracteres presentan baja heredabilidad, a excepción de AM, el cual es un carácter de alta heredabilidad, y esto concuerda con lo reportado por Chávez (1993).

Cabe mencionar si la heredabilidad tienen un valor alto, la única razón posible es que la varianza genética representa casi toda la variación existente o, en otras palabras, que el componente genético es el principal factor de variación existente en el material genético; en tal caso, la correlación entre fenotipo y genotipo será alta y por lo tanto se podrá escoger con confianza los mejores fenotipos sabiendo que dentro de ellos están los mejores genotipos Cubero (1999).

Los valores de heredabilidad en sentido amplio (Cuadro 4.3), indican que la selección en generaciones tempranas puede ser suficientemente efectiva para AM; mientras que en los demás caracteres, la selección debiera ser realizada cuando las líneas alcancen un alto grado de homocigosis.

En forma general todos los caracteres presentan baja heredabilidad, a excepción de AM, el cual es un carácter de alta heredabilidad, y esto concuerda con lo reportado por Chávez (1993).



La estimaciones del coeficiente de varianza genética se utilizan para determinar la variabilidad genética existente para determinado carácter Hallauer y Miranda (1981), se observan coeficientes de variación genética muy bajas por lo que se recomienda inyectar variabilidad a los materiales.

Cuadro 4.3. Componentes de varianza en cuatro caracteres agronómicos de maíz forrajero

PARAMETRO	AP (m)	AM (m)	RFV (t ha <sup>-1</sup> )	RFS (t ha <sup>-1</sup> )
$\sigma^2_g$	0.0014	0.0005	5.7031	1.4159
$\sigma^2_{ge}$	0.0041	0.001	32.5455	7.9807
$\sigma^2_e$	0.005	0.0063	11.6898	2.6729
$\sigma^2_p$	0.0106	0.008	49.9384	12.0695
$H^2$	0.1366	0.692	0.1142	0.1173
CVG.	0.0157	0.0189	0.0406	0.0431

$\sigma^2_g$  = Varianza genética;  $\sigma^2_{ge}$  = Interacción genotipo ambiente;  $\sigma^2_e$  = Varianza del error;  $\sigma^2_p$  = Varianza fenotípica;  $H^2$  = Heredabilidad en sentido amplio.

Aprovechando la información proporcionada por el análisis dialélico se calcularon las varianzas aditivas, varianza de dominancia y heredabilidad en sentido estrecho así como sus respectivos errores estándar lo cual puede apreciarse en el Cuadro 4.4.

Se observa en el presente cuadro que para todas las características en estudio se presentan varianzas aditivas negativas, la estimaciones negativas de la varianza aditiva y de dominancia que se obtuvieron en el presente trabajo se pueden atribuir en parte, según Robinson et al. (1954), a errores de muestreo de la población, a lo excesivamente grande del error experimental, presencia de epistasis o a ligamento factorial. Y según Goodman (1965), a que el diseño no tiene mucha sensibilidad para estimar la varianza aditiva. Al

respecto Edwards y Lamkey (2003), comentan que la varianza genética sufre una disminución durante el proceso de selección.

En el caso del presente trabajo las estimaciones negativas de varianza aditiva se debieron principalmente a que los cuadrados medios del error fueron demasiados grandes, debido probablemente a la falta de precisión del ensayo y a errores en la medición. Esto se puede mejorar aumentando el tamaño del bloque para incrementar la variabilidad dentro del bloque (Rodríguez 2000), por otra parte Y según Goodman (1965), sugiere utilizar un diseño con mayor fuentes de variación, y así aumentar la sensibilidad para estimar la correctamente las varianzas genética- aditiva

Por otra parte se observa que los efectos de dominancia fueron positivos y por lo tanto mayores para todas los caracteres en cuestión, esto quiere decir que, existe la posibilidad de explotar estas características aplicando mejoramiento por selección recíproca recurrente o directamente por hibridación concordando esto con la opinión de Seiler y Campbell (2004).

Los valores de heredabilidad en sentido estricto (Cuadro 4.4), indican que la selección en generaciones tempranas puede ser suficientemente efectiva para AP; mientras que en los demás caracteres, la selección debiera ser realizada cuando las líneas alcancen un alto grado de homocigosis. Se observa que AP presenta ligeramente mayor heredabilidad que las demás variables en cuestión esto podría atribuirse a que es un carácter de alta heredabilidad, concordando con lo reportado por Chávez (1993).

Los errores estándar para las heredabilidades en forma general son muy grandes razón por lo cual se recomienda tomar con reserva estos resultados.

Cuadro 4.4. Parámetros genéticos de la población en cuatro caracteres agronómicos de maíz forrajero

PARAMETROS GENETICOS	AP (m)	AM (m)	RFV (t ha <sup>-1</sup> )	RFS (t ha <sup>-1</sup> )
$\sigma^2 A$	-0.0074	-0.0007	-11.9155	-0.606
E.E. $\sigma^2 A$	0.004	0.0025	20.3168	4.3526
$\sigma^2 D$	0.0072	0.0011	14.9707	1.8238
E.E. $\sigma^2 D$	0.0036	0.0028	13.852	3.617
E.E. $h^2$	0.375	0.315	0.4068	0.3449

$\sigma^2 A$  =Varianza aditiva; E.E.  $\sigma^2 A$ = Error estándar de la varianza aditiva;  $\sigma^2 D$ = Varianza de dominancia; E.E.  $\sigma^2 D$  =Error estándar de la Varianza de dominancia; ACG= Aptitud Combinatoria General; ACE = Aptitud Combinatoria Especifica;  $h^2$  =Heredabilidad en sentido estrecho; E.E.  $h^2$  = Error estándar de la heredabilidad en sentido estrecho.

En el Cuadro 4.5 se observan las correlaciones fenotípicas para los cuatro caracteres agronómicos evaluados puede observarse, que AM y RFS están altamente correlacionados con el RFV, AP por su parte no muestra correlación con el RFV lo cual difiere con lo reportado por Rodríguez (1985) y Núñez *et al.* (2001) quien menciona que este carácter esta altamente correlacionado con el RFV. Las discrepancias encontradas entre las correlaciones obtenidas por lo diferentes autores, pueden obedecer a fenómenos tales como las fases de ligamiento de los genes o el estado de equilibrio, así como por la influencia del ambiente. Otra explicación a esta situación sería que este resultado tal vez se debió a los errores de muestreo, lo cual habría sesgado fuertemente las estimas de la varianza y la covarianza y, por lo tanto, las de las correlaciones genéticas entre AP y RFV.

Se observa asimismo que existe una alta correlación entre AP y AM lo cual es lógico, ya que los dos caracteres son altura, puede verse que AP no esta correlacionado con RFV ni con RFS.

Cuadro 4.5. Correlaciones fenotípicas entre cuatro caracteres en maíz forrajero

CARÁCTER	AP	AM	RFV	RFS
AP	-----	0,4247**	0,2779	0,1344
AM	-----	-----	0,5070**	0,4306**
RFV.	-----	-----	-----	0,8821**

\* Y \*\* = Significancia a 0,005 y 0,01 de probabilidad, respectivamente; AP= altura de planta; AM= altura de mazorca; RFV. = Rendimiento de forraje verde; RFS = Rendimiento de forraje seco.

En el Cuadro 4.6 se encuentran las correlaciones genéticas de los caracteres evaluados se observa una alta correlación positiva entre AM y RFV, con este resultado cabria la posibilidad de aumentar el RFV mediante la selección de plantas con mayor altura de mazorca y mas si se tiene en cuenta que AM presenta alta heredabilidad, por lo que el progreso que se podría esperar por el uso de este carácter en generaciones tempranas, sería significativo lo cual concuerda con lo reportado por Goldenberg (1968), quien considera que la existencia de la correlación genética entre distintos caracteres, constituye un medio para ahorrar tiempo y esfuerzo en el mejoramiento genético de las plantas, lo anterior concuerda con lo reportado por Presterl *et al.* (2003) y al respecto Burton y de Vane (1953), dicen que al usar varianzas y covarianzas genéticas en el calculo de la correlación, se eliminan en parte los efectos no genéticos.

Siendo AM un carácter de fácil determinación y habiendo resultado altamente correlacionado con RFV, puede usarse con gran ventaja en la selección de este carácter. Smith y Hazel (1943), Robinson *et al.* (1951) y Lerner (1958) mencionan al respecto que cuando un carácter esta correlacionado con otros caracteres, la selección en algunos de

éstos puede producir cambios en el carácter de interés. Por lo tanto, siendo el RFV un carácter poligénico, cabe suponer que este correlacionado con otros caracteres de la planta.

En conclusión, puede afirmarse cuando se selecciona un carácter como medio para mejorar otro, deberá considerarse, tanto el grado de asociación con el carácter por mejorar, como el por ciento de heredabilidad del carácter seleccionado.

Lo anterior, nos permite concluir que la importancia de cada carácter en el rendimiento de forraje será de acuerdo a la magnitud de su correlación, así de acuerdo a estos resultados AM es determinante para incrementar la producción de forraje, Robertson (1959a, 1959b ), indica que la correlación genética entre dos caracteres juega un papel importante en la respuesta correlacionada de la selección y asegura un máximo mejoramiento de los índices de selección al combinar diferentes caracteres , concordando esto con lo reportado por Mohammadi *et al.* (2003).

La correlación genotípica negativa entre RFV y AP, es favorable para esta investigación, ya que al seleccionar para incrementar el RFV la AP tenderá a reducirse lo cual es deseable para evitar posibles acames.

La correlación genotípica positiva considerable entre el RFV y AM, coinciden con el hecho de que se obtuvieron correlaciones fenotípicas positivas entre tales caracteres. Estas variaciones correlativas pueden ser capitalizadas por el uso de índices de selección. Las correlaciones genotípicas observadas entre los diferentes caracteres, pueden obedecer a fenómenos tales como pleiotropía y ligamiento tal como lo mencionan Mode y Robinson (1959) quienes definieron a la correlación genética como una medida de la comunidad de genes que gobiernan la determinación conjunta de dos caracteres, en donde la pleiotropía

y/o ligamiento son los responsables del grado de asociación, lo anterior concuerda con lo reportado por Caslera *et al.* (2005). Asimismo, estos autores establecieron la metodología para estimar correlaciones genéticas a partir de componentes de varianzas y covarianzas genéticas deducidas de un diseño experimental.

Cuadro 4.6. Correlaciones genotípicas entre cuatro caracteres en maíz forrajero

CARÁCTER	AP	AM	RFV	RFS
AP	-----	0,1471	-0,5841	-0,8805**
AM	-----	-----	0,8701**	0,5001**
RFV.	-----	-----	-----	0,9895**

\* Y \*\* = Significancia a 0,005 y 0,01 de probabilidad, respectivamente; AP= altura de planta; AM= altura de mazorca; RFV. = Rendimiento forraje verde; RFS= Rendimiento de forraje seco.

### Índices de Selección

En el Cuadro 4.7 se anotan los coeficientes involucrados en la construcción de los índices para todas las combinaciones posibles de caracteres, así mismo, la ganancia genética por ciclo, así mismo se anotan las eficiencias relativas de cada índice.

Se utilizó una presión de selección de 20 por ciento, resultando el diferencial de selección estandarizado con un valor de 1.4.

Los valores económicos utilizados para la construcción del índice fueron los siguientes; (0,0,1,0). Al respecto Legates (1952), hizo una amplia exposición sobre las bases de los índices de selección y señala que Robinson *et al.* (1951), al trabajar con maíz, definieron el rendimiento como el valor genotípico agregado; puntualizando que un

carácter con un ( $a_i$ ) igual a cero, puede ser una parte muy valiosa del índice, si presenta variabilidad genética y correlaciones genéticas altas con el valor genotípico agregado.

En la columna de la izquierda, cada símbolo  $I$  se define como un subíndice, cuyos valores corresponden con los subíndices de las variables involucradas en cada caso. Los valores anotados en cada columna  $X_i$ , son los coeficientes de dicha variable para cada índice de selección.

Las matrices de varianza y covarianza tanto fenotípicas como genotípicas utilizadas para la construcción de los índices de selección se muestran en el Cuadro A1 y A2.

Se obtuvieron coeficientes que fluctúan entre -21.9415 y -4.9756 para altura de planta (AP); 34.3321 y 49.3139 para altura de mazorca (AM); para rendimiento de forraje verde (RFV) y -0.2742 y 0.1461 y para rendimiento de forraje seco (RFS) -0.2197 y 0.2897.

Los índices con mayor eficiencia relativa fueron:  $I(2)$  con un valor de 5.8593 por ciento ;  $I(1,2,3)$  con un valor de 1.5659 por ciento y el  $I(1,2,3,4)$  con un valor de 1.5294 por ciento.

Reyes (1985) menciona que las eficiencias relativas de los índices, podrían ser incrementadas con el uso de componentes de rendimiento, cuya relación casual con el mismo tenga sólidas bases fisiológicas concordando esto con lo reportado por Taba *et al.* (1998).

Se observa que la eficiencia relativa de los índices simples fue similar a la eficiencia de la selección directa para rendimiento I(3). La combinación de los caracteres tendió a mejorar la eficiencia de los índices. En general, la eficiencia se incrementó a medida que aumentó el número de caracteres en el índice, habiéndose obtenido la máxima eficiencia con los I(1,2,3) con un valor de 1.5659 por ciento y el I(1,2,3,4) con un valor de 1.5294 por ciento de eficiencia relativa.

Se nota que existe una estrecha correspondencia entre la eficiencia relativa del índice y el valor de la correlación genotípica del carácter respectivo (Cuadro 4.5), con el RFV. Así los caracteres correlacionados con el RFV fueron más eficientes ( $X_2=5.8593$  por ciento y  $X_4=0.4865$  por ciento), que los no correlacionados ( $X_1=0.2151$  por ciento), indicando esto que la selección basada en caracteres no correlacionados con el RFV es ineficaz.

La eficiencia (5.8593 por ciento) del índice I(2) mayor que la selección directa I(0.3379 por ciento), hace suponer que existe una alta proporción de genes comunes a los caracteres AM y RFV, por lo que altura de mazorca ( $X_2$ ) puede ser un buen indicador de la variabilidad genética potencial del RFV ( $X_3$ ).

El hecho de que los índices basados en la combinación de dos caracteres dieron eficiencias similares a la selección directa (0.3379 por ciento) concordando esto con lo reportado por Torres (1974), podría explicarse bajo el supuesto de que ciertos caracteres no involucrados en el índice estuvieron positivamente correlacionados con uno, o con los dos caracteres del índice y negativamente correlacionados con el rendimiento, cuyo efecto detrimental podría ser compensado incluyéndose en el índice otros caracteres positivamente correlacionados con el rendimiento Robertson (1959a, 1959b).



Los índices basados en la combinación de tres caracteres, en general fueron más eficientes que los índices de dos caracteres. Este resultado tiene su explicación, en el sentido de que al aumentar en el índice el número de caracteres correlacionados con el carácter por mejorar, se obtendría mayor avance genético. Siendo la correlación una medida de la comunidad de genes que gobiernan en común el carácter objeto de la selección y los caracteres del índice. Si algunos genes del carácter de interés son comunes a dos o más caracteres del índice, pueden originarse correlaciones entre estos, pudiéndose reflejar en la obtención de valores bajos de avance genético. Sobre este particular Hazel (1943), señala que la inter correlación de caracteres influye en los valores de los coeficientes de ponderación de los caracteres del índice. De aquí se sugiere que los índices más eficientes son aquellos que incluyen caracteres no inter-correlacionados pero correlacionados con el carácter por mejorar.

Los índices  $I(2,3,4)$  ,  $I(1,2,3)$  y  $I(1,2,4)$  dentro del grupo de índices de tres caracteres, fueron los más eficientes debido posiblemente a que altura de mazorca ( $X_2$ ), tuvo mayor grado de correlación genética con el RFV ( $X_3$ ); adicionalmente, el RFS, dio la mayor covarianza genética con el RFV ( Cuadro A1), sin embargo, sus eficiencias no fueron de las más altas, a causa tal vez de la tendencia a la correlación con AP.

En cuanto al  $I(1,2,3,4)$  índice basado en la combinación de los cuatro caracteres. Aquí se esperaba obtener la máxima eficiencia relativa puesto que se encuentran presente todos los caracteres evaluados, sin embargo fue superado por el  $I(1,2,3)$ , esto puede explicarse ya que no todos los caracteres manifestaron correlación con el RFV.

El índice recomendado es el I(1,2,3) con una eficiencia de 1.5659 por ciento, se infiere que con esta combinación de caracteres se espera obtener el más alto valor genético del carácter RFV.

Los índices recomendados, en ciertos casos, no concuerdan con los más eficientes. Esto se debe a que es necesario aplicar la lógica y el sentido común; ya que por ejemplo con el I(2) con eficiencia de 5.8593 por ciento, es muy improbable que se alcanzará este valor en la realidad. Lo que indica este valor es que esa variable (AM) es importante en la población seleccionada, ya que estuvo correlacionada fuertemente con RFV (Cellis 1986).

Los índices más eficientes en el presente trabajo fueron aquellos que consideraron al RFV, lo cual concuerda con Robinson *et al.*(1951); y con lo reportado por Searle (1965), sin embargo, otros autores han encontrado que los índices más eficientes a veces no contienen rendimiento (Oyervidez, 1979).

Los resultados indicaron que cuando la selección se realiza en base a un criterio multivariado, hay una ganancia predicha mayor cuando se incluye el rendimiento como parte de ese criterio de selección. Sin embargo no ocurre así cuando en el índice se considera, otro carácter distinto al rendimiento de forraje verde. Esto concuerda con la información acumulada en la literatura. Robinson *et al.* (1951); Swantaradon *et al.* 1975; Subandi *et al.* 1973; Johnson *et al.* 1955. y Miller *et al.* (1958) encontraron una ganancia predicha mayor para los índices de selección multivariada que para la selección de los caracteres per se. Por otra parte la ganancia predicha sufre un incremento al incluir en la construcción del índice otros caracteres considerados componentes de rendimiento, confirmando los resultados de Arévalo, (1974) y Torres (1974).

Cuadro 4.7. Coeficientes de la variables para los 15 índices de selección, ganancia genética por ciclo ( $\Delta H/K$ ) y sus eficiencias relativas (E,R), considerando los siguientes valores económicos (0,0,1,0).

INDICE	AP (m) X <sub>1</sub>	AM (m) X <sub>2</sub>	RFV. (t ha <sup>-1</sup> ) X <sub>3</sub>	RFS (ton ha <sup>-1</sup> ) X <sub>4</sub>	$\Delta H/K$ (ton ha <sup>-1</sup> )	E.R
I(1)	-4.9756				0.5137	0.2151
I(2)		34.3321			4.3017	5.8593
I(3)			0.1142		1.1298	0.3379
I(4)				0.2367	1.1511	0.4865
(1,2)	-21.4948	44.8648			5.1396	1.5195
(1,3)	-7.7471		0.1456		1.5511	0.4666
(1,4)	-6.1576			0.2613	1.5601	0.4337
I(2,3)		40.0597	-0.1430		4.4713	1.3373
I(2,4)		37.3585		-0.1811	4.3735	1.44206
I(3,4)			0.0492	0.1461	1.1711	0.3499
I(1,2,3)	-20.8813	49.2625	-0.1173		5.5355	1.5659
I(1,2,4)	-21.9415	48.7781		-0.2197	5.2289	1.5285
I(1,3,4)	-7.7505		0.1461	-0.0008	1.5511	0.4666
I(2,3,4)		40.4422	-0.2742	0.2897	4.5116	1.3499
I(1,2,3,4)	-21.2415	49.3139	-0.0811	-0.08134	5.2381	1.5294

AP=Altura de planta; AM=Altura de mazorca; RFV.= Rendimiento de forraje verde; RFS=Rendimiento de forraje seco;  $\Delta H/K$  = Ganancia genética predicha; E,R.= Eficiencia relativa del índice

### Índices de Selección con Ganancia Genética como Valor Económico

Pesek y Baker (1969) propusieron la ponderación de todos los caracteres que integran el índice mediante valores de ponderación correspondientes a valores de ganancia deseada. En un trabajo similar en maíz Kaufman y Dudley (1979) concluyen que podría ser posible mejorar simultáneamente varios caracteres, incluso correlacionados negativamente, utilizando ponderaciones para ganancia deseada. En estos casos las unidades expresadas en la ganancia predicha son unidades adimensionales.

En el Cuadro 4.8 se anotan los coeficientes involucrados en la construcción de los índices para todas las combinaciones posibles de caracteres, así mismo, la ganancia

genética por ciclo, así mismo se anotan las eficiencias relativas de cada índice, en este caso se construyeron los índices considerando como valor económico las ganancias deseadas de los caracteres involucrados en el índice.

En la columna de la izquierda, cada símbolo I se define como un subíndice, cuyos valores corresponden con los subíndices de las variables involucradas en cada caso. Los valores anotados en cada columna  $X_i$ , son los coeficientes de dicha variable para cada índice de selección.

Se obtuvieron coeficientes que fluctúan entre -240.7591 y -0.2487 para AP; -1.7166 y 477.4551 para; RFV y -2.5207 y 1.8431 y para RFS -1.9821 y 2.7781.

Los índices con mayor eficiencia relativa fueron: I(2) con un valor de 5.0859 por ciento; I(1,2,4) con un valor de 5.2349 por ciento y el I(2,4) con un valor de 4.1559 por ciento.

En cuanto a los resultados obtenidos en la construcción de índices de selección se observa que, en general, al igual con los índices anteriores la eficiencia de los mismos se incrementa con la adición de caracteres.

Se observa igualmente que la eficiencia relativa de los índices simples fue similar a la eficiencia de la selección directa para RFV I(3). La combinación de los caracteres tendió a mejorar la eficiencia de los índices.

En general, la eficiencia se incrementó a medida que aumentó el número de caracteres en el índice, habiéndose obtenido la máxima eficiencia con los I(1,2,4) con un valor de 5.2349 por ciento.

También en este caso se nota que existe una estrecha asociación entre la eficiencia relativa del índice y el valor de la correlación genotípica del carácter respectivo (Cuadro 4.6), con el RFV. Así los caracteres correlacionados con el RFV fueron más eficientes ( $X_2=5.0593$  por ciento y  $X_4= 0.4865$  por ciento), que los no correlacionados ( $x_1= 0.0022$  por ciento), significa esto que la selección basada en caracteres no correlacionados con RFV es ineficaz.

La eficiencia (5.0593 por ciento) del índice I(2) mayor que la selección directa I(0.3379 por ciento), hace suponer que existe una alta proporción de genes comunes a los caracteres AM y RFV, por lo que AM ( $X_2$ ) puede ser un buen indicador de la variabilidad genética potencial del RFV ( $X_3$ ).

El hecho de que los índices basados en la combinación de dos caracteres dieron eficiencias similares a la selección directa (0.3379 por ciento), esta situación ya fue descrito anteriormente.

Los índices basados en al combinación de tres caracteres, en general fueron más eficientes que los índices de dos caracteres.

Los índices I(2,3,4) , I(1,2,3) y I(1,2,4) dentro del grupo de índices de tres caracteres, fueron los mas eficientes posiblemente se atribuye a que AP ( $X_2$ ), presento mayor grado de correlación genética con el RFV ( $X_3$ ); adicionalmente, el RFS, dio la

mayor covarianza genética con RFV (Cuadro A1). Sin embargo, sus eficiencias no fueron de las más altas, a causa tal vez de la tendencia a la correlación con AP.

En cuanto a I(1,2,3,4) índice basado en la combinación de los cuatro caracteres. Aquí se esperaba obtener la máxima eficiencia relativa puesto que se encuentran presente todos los caracteres evaluados, sin embargo fue superado por el I(2), I(1,2,4), por I(1,4), por I(2,4), por I(1,2,3), y por I(1,2,4) y esto puede explicarse ya que no todos los caracteres manifestaron correlación con RFV.

El índice recomendado es el I(1,2,4) con una eficiencia de 5.2349 por ciento, se infiere que con esta combinación de caracteres se espera obtener el valor genético más alto del carácter RFV.

Los índices más eficientes en este caso fueron aquellos que no consideraron el RFV, lo cual concuerda con otros autores que han encontrado que los índices más eficientes a veces no contienen rendimiento (Oyervidez, 1979).

Mohammadi *et al.* (2003) menciona al respecto que la correlación genética entre dos caracteres juega un papel importante en la respuesta correlacionada de la selección, por lo tanto, siendo el rendimiento un carácter poligénico, cabe suponer que este correlacionado con otros caracteres de la planta, por lo que al combinar diferentes caracteres, se asegura un máximo mejoramiento de los índices de selección menciona también que cuando un carácter esta correlacionado con otros caracteres, la selección en algunos de éstos puede producir cambios en el rendimiento.

Cuadro 4.8. Coeficientes de la variables para los 15 índices de selección, ganancia genética por ciclo ( $\Delta H/K$ ) y sus eficiencias relativas (E,R), considerando como valor económico la ganancia deseada de cada uno de los caracteres

INDICE	AP (m) X <sub>1</sub>	AM (m) X <sub>2</sub>	RFV. (t ha <sup>-1</sup> ) X <sub>3</sub>	RFS (t ha <sup>-1</sup> ) X <sub>4</sub>	$\Delta H/K$ (t ha <sup>-1</sup> )	E.R
I(1)	-0.2487				0.0358	0.0022
I(2)		-1.7166			0.2151	5.0593
I(3)			0.9136		9.0388	0.3379
I(4)				0.9468	4.5988	0.4865
(1,2)	-171.9511	358.9121			41.1168	4.1559
(1,3)	-61.9686		1.1652		12.4789	0.4665
(1,4)	-86.9812			2.7054	1.5334	1.7115
I(2,3)		320.4881	-1.1447		35.7712	1.3378
I(2,4)		349.8281		-1.5411	41.1491	4.1591
I(3,4)			0.5053	1.4339	11.6902	0.3495
I(1,2,3)	-167.0411	394.1111	-0.9392		41.8846	1.5665
I(1,2,4)	-240.7591	475.2371		-1.9821	51.7917	5.2349
I(1,3,4)	-107.1061		1.8431	-0.5981	18.4374	0.5514
I(2,3,4)		378.1681	-2.5207	2.7781	42.3878	1.2678
I(1,2,3,4)	-237.7171	477.4551	-0.3467	-1.3771	51.8049	1.5496

AP=Altura de planta; AM=Altura de mazorca; RFV.= Rendimiento de forraje verde; RFS=Rendimiento de forraje seco;  $\Delta H/K$  = Ganancia genética predicha; E,R. Eficiencia relativa del índice

Un incremento considerable en la ganancia genética predicha se observó cuando al criterio de selección se le asignó valores de ponderación económica considerando la ganancia deseada, de cada uno de los caracteres que integran el índice en lugar de ponderar solo el caracteres por mejorar, independientemente si en la construcción del índice se incluye al RFV o no, como carácter primario en la selección.

### Índice con Heredabilidad Como Valor Económico

Smith *et al.* ( 1981) propone una modificación a los índices de selección base, que consiste en utilizar la heredabilidad de los caracteres como valor económico relativo.

En el Cuadro 4.9 se anotan los coeficientes involucrados en la construcción de los índices para todas las combinaciones posibles de caracteres, así mismo, la ganancia genética por ciclo, así mismo se anotan las eficiencias relativas de cada índice. Los valores económicos utilizados para la construcción de los índices fueron las heredabilidades de los caracteres participantes siendo los valores los siguientes:  $X_1=0.1366$ ,  $X_2= -0.6920$ ,  $X_3 = 0.1142$ ,  $X_4 =0.1173$ ).

En la columna de la izquierda, cada símbolo I se define como un subíndice, cuyos valores corresponden a los subíndices de las variables involucradas en cada caso. Los valores anotados en cada columna  $X_i$ , son los coeficientes de dicha variable para cada índice de selección.

Se obtuvieron coeficientes que fluctúan entre -4.4018 y -0.6796 para AP; - 0.0465 y 8.1884 para AM; para RFV y -0.0491 y 0.0381 y para RFS -0.0391 y 0.0544.

Los índices con mayor eficiencia relativa fueron: I(2,3) con un valor de 2.0941 por ciento; I(1,2,3) con un valor de 2.4976 por ciento y el I(1,2,3,4) con un valor de 1.9509 por ciento.

En cuanto a los resultados obtenidos en la construcción de índices de selección al igual que en los dos casos anteriores se observa que, en general, la eficiencia de los



mismos se ve incrementada con la adición de caracteres, siempre y cuando el número no sea mayor a tres caracteres.

Se observa también que la combinación de los caracteres tendió a mejorar la eficiencia de los índices. En general, la eficiencia se incrementó a medida que aumentó el número de caracteres en el índice.

Al igual que los casos anteriores se nota la correspondencia entre la eficiencia relativa del índice y el valor de la correlación genotípica del carácter respectivo. (Cuadro 4.5), con el RFV. Así los caracteres correlacionados con el RFV fueron más eficientes ( $X_2=5.8593$  por ciento y  $X_4= 0.4865$  por ciento), que los no correlacionados ( $X_1= 0.2151$  por ciento), indicando esto que la selección basada en caracteres no correlacionados con RFV es ineficaz.

En cuanto a los índices formados por un solo carácter se observa de igual manera que la eficiencia (0.4865 por ciento) del índice I(4) mayor que la selección directa I(3) (0.3379 por ciento) hace suponer que existe una alta proporción de genes comunes a los caracteres RFS y RFV, por lo que RFS ( $X_4$ ) puede ser un buen indicador de la variabilidad genética potencial del rendimiento de forraje verde( $X_3$ ).

Estos resultados donde los índices basados en la combinación de dos caracteres también como en los dos casos anteriores dieron eficiencias similares a la selección directa (0.3379 por ciento), podría explicarse bajo el supuesto de que ciertos caracteres no involucrados en el índice estuvieron positivamente correlacionados con uno, o con los dos caracteres del índice y negativamente correlacionados con el RFV.

Los índices basados en la combinación de tres caracteres, en general fueron más eficientes que los índices de dos caracteres. Este resultado como ya se explicó con anterioridad podría encontrar su explicación en lo referido anteriormente, en el sentido de que al aumentar en el índice el número de caracteres correlacionados con el carácter por mejorar, se obtendría mayor avance genético.

Los índices  $I(2,3,4)$  , y  $I(1,2,3)$  dentro del grupo de índices de tres caracteres, fueron los más eficientes debido posiblemente a que AP ( $X_2$ ), y RFS ( $X_4$ ); tuvieron mayor grado de correlación genética con el RFV ( $X_3$ ); adicionalmente, el RFS, dio la mayor covarianza genética con rendimiento de forraje verde ( Cuadro A1).

En cuanto a  $I(1,2,3,4)$  índice basado en la combinación de los cuatro caracteres. Aquí se esperaba obtener la máxima eficiencia relativa puesto que se encuentran presente todos los caracteres evaluados, sin embargo fue superado por el  $I(2,3)$  y por el  $I(1,2,3)$ , esto puede explicarse ya que como se comentó con anterioridad no todos los caracteres manifestaron correlación con RFV.

En todos los casos los índices basados en la combinación de cuatro caracteres mostraron falta de eficacia lo que indica existe un número óptimo de caracteres a combinar, independientemente de los caracteres seleccionados o correlacionados, este concepto puede tener implicaciones lógicas en el futuro de la formación de índices de selección.

El índice recomendado es el I(1,2,3) con una eficiencia de 2.4976 por ciento, se infiere que con esta combinación de caracteres se espera obtener el más alto valor genético del carácter RFV.

Los índices recomendados, en este caso, son los más eficientes. Y esto se explica debido a que AP ( $X_2$ ), y RFS ( $X_4$ ); tuvieron mayor grado de correlación genética con el RFV ( $X_3$ ); cabe resaltar que AM como ya se había comentado con anterioridad esta, fuertemente correlacionado con RFV, y siendo un carácter con alta heredabilidad puede ser un buen indicador de la variabilidad genética potencial del RFV, estos resultados concuerdan con lo reportado por Robinson *et al.* (1951) estos investigadores hicieron una clara y objetiva descripción sobre la construcción de índices de selección. Utilizaron varianzas y covarianza, para la construcción de índices de selección en maíz. Hacen notar que el rendimiento es un carácter muy complejo e influenciado altamente por el ambiente; entonces, aquellos caracteres que están correlacionados con dicho carácter, de alta heredabilidad y debidamente ponderados, pueden servir como mejores indicadores de la potencialidad genética del rendimiento de las progenies.

En conclusión, se puede mencionar cuando se selecciona un carácter como medio para mejorar otro, deberá considerarse, tanto el grado de asociación con el carácter por mejorar, como el por ciento de la heredabilidad del carácter seleccionado.

En el Cuadro 4.10 se pueden observar las cruzas seleccionadas utilizando los índices, con los valores mas altos de eficiencia relativa, se puede apreciar que las cruzas seleccionadas fueron en forma general las mismas para los tres casos, lo cual era de esperarse ya que en los tres casos presentados se observó la misma tendencia en cuanto a las eficiencias relativas de los índices.

Cuadro 4.9. Coeficientes de la variables para los 15 índices de selección, ganancia genética por ciclo ( $\Delta H/K$ ) y sus eficiencias relativas (E,R), considerando como valor económico la heredabilidad de cada uno de los caracteres.

INDICE	AP (m) X1	AM (m) X2	RFV. (Ton/ha-1) X3	RFS (ton/ha-1) X4	$\Delta H/K$ (ton/ha-1)	E.R
I(1)	-0.6796				0.0981	0.0022
I(2)		-0.0465			0.0057	0.2592
I(3)			0.0131		0.1289	0.3379
I(4)				0.0277	0.1349	0.4865
(1,2)	-2.4226	5.0636			0.5811	0.0586
(1,3)	-0.8616		0.0163		0.1748	0.4631
(1,4)	-1.7864			0.0468	0.3206	0.0324
I(2,3)		4.7175	-0.0211		0.5175	2.0941
I(2,4)		5.8204		-0.0297	0.6791	0.0686
I(3,4)			0.0088	0.0244	0.2018	0.3494
I(1,2,3)	-2.3263	5.7537	-0.0184		0.6007	2.4976
I(1,2,4)	-4.4018	8.1359		-0.0391	0.8871	0.0911
I(1,3,4)	-2.2025		0.0381	-0.0215	0.3541	0.6211
I(2,3,4)		6.3734	-0.0491	0.0544	0.7075	1.5161
I(1,2,3,4)	-4.3332	8.1884	-0.0078	-0.0255	0.8913	1.9509

AP=Altura de planta; AM=Altura de mazorca; RFV.= Rendimiento de forraje verde; RFS=Rendimiento de forraje seco;  $\Delta H/K$  = Ganancia genética predicha; E,R. Eficiencia relativa del índice

Cuadro 4.10. Genotipos seleccionados con el índice de selección utilizando los índices de selección con la eficiencia relativa mas alta

	I a		I b (1,2,4)		I c
	I(1,2,3) E.R.=1.5659		E.R.=5.2349 $\Delta H/K=51.79$		I(1,2,3) E.R.=2.4976
CRUZAS 3x5	$\Delta H/K=5.5355$ 13.864	CRUZAS 3x5	17 53.7281	CRUZAS 3x5	$\Delta H/K=0.6007$ 157,902

2x3	4.9323	2x7	-27.2647	2x3	0,59645
2x7	4.7956	2x3	-35.8916	6x7	0,56047
4x8	4.5131	2x4	-38.1385	2x7	0,52604
6x7	4.4955	6x7	-38.3224	4x8	0,51976
5x7	4.3429	5x7	-39.4784	2x4	0,47391

E.R. = Eficiencia relativa; H/K=Ganancia genética predicha,V.E.R.=Valor Económico relativo Ia=(0,0,1,0), Ib=(0.5,-0.5,8,4), Ic=(0.1366,-6920,0.1142,0.1173)

#### **Análisis de Varianza para Datos de Laboratorio**

En el Cuadro 4.11 se puede observar los cuadrados medios para las características de laboratorio, se observa que no existen diferencias estadísticas para ninguna de las características estudiadas, esto puede deberse como se puede observar que para todas las características en cuestión los cuadrados medios del error fueron demasiados grandes, debido probablemente a la falta de precisión del ensayo y a errores en la medición.

Por lo anteriormente mencionado se observa en el presente cuadro que para todas las características en estudio se presentan varianzas genéticas negativas, razón por el cual no pudieron estimarse los componentes de varianza lo que no permitió la construcción de los índices de selección para estas características.

Por lo anteriormente expuesto no fue posible construir los índices de selección para características de calidad nutritiva como se había propuesto inicialmente en este trabajo de investigación

La ocurrencia de estimadores de componentes de varianza menores que cero esta reportada en experimentación agrícola por Lindsey *et al.* (1962), Ramey *et al.* (1966) y Williams *et al.* (1965).

El método del análisis de varianza para estimar componentes de varianza se presenta en Searle (1971), donde especifica que puede dar lugar a estimadores menores que cero.

Las estimaciones negativas que se obtuvieron en el presente trabajo se pueden atribuir en parte, según Robinson *et al.* (1954), a errores de muestreo de la población, a lo excesivamente grande del error experimental, presencia de epistasis o ligamento factorial. Y según Goodman (1965), este tipo de resultado se atribuye a que el diseño no tiene mucha sensibilidad para estimar la correctamente las varianzas genética- aditiva.

Márquez (1988) por su parte menciona que el componente de varianza con signo negativo, para efectos de estimación matemática tiene un valor de cero. Gill y Jensen (1968) calculan la probabilidad de obtener estimaciones menores que cero de heredabilidad en un análisis para hermanos completos. Construyen una tabla para diferente número de progenitores masculinos y femeninos y diferentes valores de heredabilidad.

Las estimaciones de componentes de varianza según estos autores pueden ocurrir al ser falsa alguna de las suposiciones del análisis de varianza, como es la presencia de una población finitas de tratamientos que da lugar a correlación entre ellos. Lo mismo ocurre cuando los errores vienen de una población finita. Otra suposición que puede ser falsa, es la igualdad de distribución de los errores o de los tratamientos

$\sigma^2_g$		-0.7247	-0.0144	-0.0883	-1.1601	-3.9399	-0.0007
C.V. %		4.0700	11.6800	16.5200	13.2500	11.4100	5.5200
*Cuadro 4.1. Cuadrados medios del análisis de varianza individual de caracteres químicos bajo un diseño de bloques al azar							
	Significancia	de probabilidad respectivamente					
		al 0.05 y 0.01					
		DIGMS= digestibilidad de materia seca; CMS= contenido de materia seca; PC= proteína cruda; FDA= Fibra detergente ácida; FDN= fibra detergente neutra; ENL= energía neta de lactancia					
REP	GL	DIGMS	CMS	PC	FAD	FDN	ENL
REP	1	0.6000	0.0100	0.7700	1.0000	4.7400	0.0007
CRUZAS	27	6.2400	0.0500	1.6500	10.2400	23.8000	0.0037
ERROR	27	7.6900	0.0800	1.8300	12.5600	31.6800	0.0051

## V. CONCLUSIONES

La alta correlación genotípica positiva entre rendimiento de forraje verde y altura de mazorca y rendimiento de forraje seco, indica que estos caracteres pueden servir como indicadores de la potencialidad genética del rendimiento de forraje verde es decir que fueron las variables más importantes en la construcción de los índices de selección.

La eficiencia de los índices de selección para rendimiento de forraje verde se incrementó, a medida que aumento en el índice el número de caracteres correlacionados con el rendimiento de forraje verde.

La respuesta teórica a la selección, usando índices, fue, mayor que la basada solamente en rendimiento de forraje verde.

Los índices de selección más eficientes, fueron los que tomaron en cuenta el rendimiento de forraje verde y aquellas variables con más alta correlación genética con el carácter de interés.

Para el caso en donde se asignaron valores de uno al rendimiento de forraje verde y cero a las demás variables, el índice seleccionado fue I(1,2,3) con una eficiencia relativa de 1.5659 por ciento y una ganancia genética por ciclo de  $5.5355 \text{ t ha}^{-1}$ , siendo las cruzas seleccionadas con este índice la 3 x 5, 2 x 3, 2 x 7, 4 x 8, 6 x 7, 5 x 7.

Para el caso en donde al índice de selección, se le asignaron valores de ganancia genética deseada a los valores económicos, el índice seleccionado fue I(1,2,4) con una

eficiencia relativa de 5.2349 por ciento y una ganancia genética por ciclo de 51.7917 t ha<sup>-1</sup> siendo las cruzas seleccionadas con este índice la 3 x 5, 2 x 7, 2 x 3, 2 x 4, 6 x 7, 5 x 7.

Para el caso en donde al índice de selección, se le asignaron valores de la heredabilidad de los caracteres involucrados como valores económicos, el índice seleccionado fue I(1,2,3) con una eficiencia relativa de 2.4976 por ciento y una ganancia genética por ciclo de 0.6007 t ha<sup>-1</sup>, siendo las cruzas seleccionadas con este índice la 3 x 5, 2 x 3, 6 x 7, 2 x 7, 4 x 8, 2 x 4.

En todos los casos los índices basados en la combinación de cuatro caracteres mostraron falta de eficiencia lo que indica existe un número óptimo de caracteres a combinar, independientemente de los caracteres seleccionados o correlacionados, este concepto puede tener implicaciones lógicas en el futuro de la formación de índices de selección.



## VI . RESUMEN

Con ocho líneas de maíz QPM blanco normal provenientes del CIMMYT se formó un dialélico método IV lo que dio lugar a la formación de 28 cruzas directas, que se evaluaron en el Rancho Ampuero en Torreón , Coahuila, México, en los años 2003 y 2004. Los objetivos de esta investigación fueron: estudiar índices de selección de caracteres agronómicos y de calidad nutritiva para la producción de forraje, avance genético y eficiencia relativa y la comparación de los diferentes tipos de índices. Se utilizó el diseño experimental de bloques al azar con dos repeticiones. Los datos de campo se analizaron bajo un análisis combinado con el paquete estadístico SAS, para el diseño genético se usó el método IV de efectos fijos de Griffing (1956) con el que se analizaron los caracteres agronómicos, y químicos para calidad forrajera. Los caracteres agronómicos evaluados fueron: altura de planta (AP), altura de mazorca (AM), rendimiento de forraje verde (RFV), rendimiento de forraje seco (RFS). Los resultados indican que existe alta variación ( $p < 0.01$ ) entre cruzas, a excepción de AM que no tuvo diferencias significativas. Se encontró una correlación genotípica positiva entre RFV y AM y RFS, lo cual indica que estos caracteres pueden servir como indicadores de la potencialidad genética del rendimiento de forraje verde es decir que fueron las variables más importantes en la construcción de los índices de selección. Los índices más eficientes son aquellos que contienen el carácter por seccionar y caracteres correlacionados con él pero no intercorrelacionados. Para el caso en donde se le asignaron valores de uno al rendimiento de forraje verde y cero a las demás variables, el índice seleccionado fue I(1,2,3) con una eficiencia relativa de 1.5659 por ciento y una ganancia genética por ciclo de 5.5355 t ha<sup>-1</sup> cuando se le asignaron valores de ganancia genética deseada a los valores económicos el índice seleccionado fue I(1,2,4) con una eficiencia relativa de 5.2349 por ciento y una

ganancia genética por ciclo de  $51.7917 \text{ t ha}^{-1}$ , cuando los valores económicos, fueron los valores de la heredabilidad de los caracteres involucrados, el índice seleccionados fue I(1,2,3) con una eficiencia relativa de 2.4976 por ciento y una ganancia genética por ciclo de  $0.6007 \text{ t ha}^{-1}$ . No fue posible la construcción de los índices de selección para las variables de laboratorio ya que todas las variables dieron varianzas negativas.

## VII . LITERATURA CITADA

- Allen, M., S. Ford, J. Harrison, C. Hunt, J. Lauer, R. Muck, and S. Soderlung (1995). Corn Silage Production, management and feeding. Amer Soc Agron 1995; 1-41.
- Atlas del Medio Físico Nacional (1982). Secretaría de Programación y Presupuesto. México. P 26-31.
- Arévalo N., L. M. (1974). Estimación de parámetros genéticos y su uso en la construcción de índices de selección para rendimiento de grano en cebada maltera. Tesis. Maestría. Chapingo, Edo. De México. México.
- Bal, M. A., R. D. Shaver, J. Al-Jobeile, J. G. Coors, and J. G. Lauer (2000). Corn silage hybrid effects on intake, digestion, and milk production by dairy cows. J. Dairy Sci. 83:2849–2858.
- Bernard, J. K., J. W. West, D. S. Trammell and G. H. Cross (2004). Influence of Corn Variety and Cutting Height on Nutritive Value of Silage Fed to Lactating Dairy Cows J. Dairy Sci. 87:2172-2176.
- Betanzos M., E. (1976). La competencia entre plantas y la genética de poblaciones. 2. Efectos del medio ambiente controlable sobre la varianza fenotípica en *Triticum aestivum* L. Memorias VI Congreso Nacional. Fitogenética.
- Betrán, F. J., J. M. Ribaut, D. Beck and D. González de León (2003). Genetic Diversity, Specific Combining Ability, and Heterosis in Tropical Maize under Stress and Nonstress Environments. Crop Science 43:797-806.
- Bhatnagar, S., F. J. Betrán and L. W. Rooney (2004). Combining Abilities of Quality Protein Maize Inbreds. Crop Sci. 44:1997-2005.
- Brégard, A., G. Bélanger, R. Michaud and G. F. Tremblay (2001). Biomass Partitioning, Forage Nutritive Value, and Yield of Contrasting Genotypes of Timothy. Crop Science 41:1212-1219.
- Burgoon, K. G., J. A. Hansen, D. A. Knabe and A. J. Bockholt (1992). Nutritional value of quality protein maize for starter and finisher swine. J. of Animal Sci. Vol 70: 811-817.
- Burton, C. W. And E. H. de Vane (1953). Estimating heredability in Tall Fescue. (*Festuca arundinacea*) from Replicated Clonal material. Agron. J. 45:478-481.
- Caslera, M. D., M. Diabyb and C. Stendalb (2005). Heterosis and Inbreeding Depression for Forage Yield and Fiber Concentration in Smooth Bromegrass . Crop Sci. 45:44-50.
- Cellis A., H., J. D. Molina. G. y A. Martínez, G. (1986). Estimación de parámetros genéticos e índices de selección de la variedad de maíz (*Zea mays* L.) zac. 58. Agrociencia. vol. 63:134-136.

- Chávez A., J. L. (1993). Mejoramiento de plantas. Editorial trillas. México, D.F. p. 43., p.46.
- Cochran, C. C. (1951). Improvement by means of selection. In papers on Quantitative genetics and related topics. North Carolina State College. P.9-30.
- Cockerham, C.C. (1961). Implication of genetic variances in a hybrid program *Crop. Sci.* 1:47-52.
- Córtez M., H. (1977). Seminarios técnicos. CIANE, INEA, SARH. Vol. No. 8 p. 1-6. México.
- Cox, W.J. and D.J.R. Cherney (2001). Influence of Brown Midrib, Leafy, and Transgenic Hybrids on Corn Forage Production. *Agronomy Journal* 93:790-796.
- Cox, W. J. and J. H. Cherney (2005). Timing Corn Forage Harvest for Bunker Silos. Published in *Agron. J.* 97:142-146.
- Cox, W. J., John J. Hanchar, Wayne A. Knoblauch and Jerome H. Cherney (2006). Growth, Yield, Quality, and Economics of Corn Silage under Different Row Spacings. *Agron J* 98:163-167
- Crasta, O.R., W.J. Cox and J.H. Cherney (1997). Factors Affecting maize forage quality development in the northeastern USA. *Agron. J.* 1997; 89:251-256.
- Cruz, L. E. de la (2003). Análisis Dialélico de líneas de maíz QPM para características agronómicas. Tesis de doctorado. UAAAN. Saltillo, Coahuila México. P.40.
- Cubero J., I.(1999). Introducción a la Mejora Genética vegetal. Ediciones Mundi-Prensa. España. P.49.
- Cunningham, E. P. (1973). Multistage index selection. *Heredity* 31 (3): 430. U.K.
- Dado, R.G. (1999). Nutritional benefits of specialty corn grain hybrids in dairy diets. *J Anim. Sci.* 1999;77 (suppl 2);82:197-207.
- Darby, H. M. and J. G. Lauer (2002) Harvest Date and Hybrid Influence on Corn Forage Yield, Quality, and Preservation. *Agronomy Journal* 94:559-566 (2002)
- Dudley, J. W. and Moll (1969). Interpretation and use of estimates of heredability and genetic variances in plant breeding. *Crop Sci.* 9:257-262.
- Edwards, J. W. and K. R. Lamkey (2003). Dominance and Genetic Drift Predicted Effects of Population Subdivision in a Maize Population. *Crop Sci.* 43:2006-2017 (2003).
- Falconer, D. S. (1980). Introducción a la genética cuantitativa. 13 impresión. Cía. Editorial Continental, S.A. México. p. 383.

- Frey, T. J., J. G. Coors, R. D. Shaver, J. G. Lauer, D. T. Eilert and P. J. Flannery (2004). Selection for Silage Quality in the Wisconsin Quality Synthetic and Related Maize Populations. *Crop Sci.* 44:1200-1208.
- Frisch, M. and A.E. Melchinger (2001) Marker-Assisted Backcrossing for Simultaneous Introgression of Two Genes. *Crop Science* 41:1716-1725
- Gill, J. and E. L. Jensen,. (1968). Probability of obtaining negative estimates of heritability. *Biometrics* 24:517-526.
- Goodman, M. M. (1965). Estimates of genetic variance in adapted and exotic populations of maize. *Crop Sci.* 5:87-90.
- Goldenberg J., B. (1968). El empleo de la correlación en el mejoramiento genético de las plantas. *Fitotecnia Latinoamericana* 5:1-18.
- Gibbon, B. C., Xuelu Wang, and Brian A. Larkins (2003). Altered starch structure is associated with endosperm modification in Quality Protein Maize. *PNAS* Vol 100 No.26: 5329-15334.
- Graybill J.S, W.J. and D.J. Cox (1991). Yield and quality of forage maize as influenced by hybrid, planting date, and plant density. *Agron. J.* 1991;83:559-564.
- Griffing, B. (1956). Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian J. BIOL. Sci.* 9:463-493.
- Hallauer, A. R. (1980). Relation of quantitative genetics to applied maize breeding. *Brazil J. Genetics* 3:207-233. USA.
- Hallauer, A. R., and J. B. Miranda (1981). Quantitative genetics in maize breeding. Iowa state University Press. 468 p.p 89-91, 118-150. United Status of America.
- Hanson, W. D. and H. W. Johnson (1951). Methods of calculating a general selection index obtained by pooling information from two or more experiments. *Genetics* 42:421-432.
- Harris, D. L. (1963). The influence of errors of parameter estimation upon Index Selection. In statistical genetics and plant breeding. NAS-NRC Publication 982:491-500.
- Harris, D. L.(1964). Expected and predicted progress from index selection involving estimates of population parameters. *Biometrics* 29:46-72.
- Hazel, L. N. (1943). The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 28 (3): 476-490. U.S.A.
- Hazel, L. N. And J. L. Lush. (1942). The efficiency of three methods of selection. *Jour. Hered.*33:393-399.
- Henderson, C. R. (1963). Selection Index and Expected Genetic Advance. In statistical genetics and plant breeding. NAS-NRC Publication 982:141-163.

- Johnson, H. W., H. F. Robinson, and E. E. Comstock (1955). Genotypic and phenotypic correlations in soybeans and their implications in selection. *Agron. J.* 47:477-483.
- Kauffman, K. D. And J. W. Dudley (1979). Selection indices for corn grain yield, percent protein, and kernel weight *Crop. Sci.* 19:583-588.
- Kempton, O., and A. W. Nordskog. (1959). Restricted Selection Indices. *Biometrics.* 15:10-19.
- Kempton, O. (1969). *An Introduction of Genetics Statistics.* The Iowa State University Press Ames, Iowa, USA. Pp.219, 510-514.
- Lauer, J. G., J. G. Coors and P. J. Flannery (2001). Forage Yield and Quality of Corn Cultivars Developed in Different Eras. *Crop Science* 41:1449-1455
- Lee, E. A, T. K. Doerksen and L. W. Kannenberg (2003). Genetic Components of Yield Stability in Maize Breeding Populations. *Crop Sci.* 43:2018-2027.
- Legates, J. E. (1952). Variance and covariance components in the treatment of selection problems. Summer Statistics conference. Blue Ridge, N. C. (inédito).
- Lerner, I. M. (1958). *The genetic Basis of selection.* John Wiley and Sons. Inc London. New York.
- Lewis, A. L., William J. Cox and Jerome H. Cherney (2004). Hybrid, Maturity, and Cutting Height Interactions on Corn Forage Yield and Quality. *Agron. J.* 96:267-274 (2004).
- Lindsey, M. F., J. H. Lonquist and C. D. Gardner (1962). Estimates of genetic variance in open pollinated varieties of corn belt corn. *Crop. Sci.* Vol. 2, Núm. 2:15.
- Márquez S., F. (1988). *Genotecnia Vegetal.* Tomo II. Primera edición. Editorial ADGETA México, D. F. 563 p.
- Méchin, V. O. Argillier, Y. Hébert, E. Guingo, L. Moreau, A. Charcosset and Y. Barrière (2001). Genetic Analysis and QTL Mapping of Cell Wall Digestibility and Lignification in Silage Maize. *Crop Science* 41:690-697.
- Millar, P. A., J. C. Williams H. F. Robinson, and R. E. Comstock (1958). Estimates of genotypic and environmental variances and covariances in upland cotton and their implication in selection. *Agron. J.* 50:126-131.
- Mode, C. J. and H. F. Robinson. (1959). Pleiotropism and the genetic variance and covariance. *Biometrics* 15:518-537.
- Mohammadi, S. A., B. M. Prasanna and N. N. Singh (2003). Sequential Path Model for Determining Interrelationships among Grain Yield and Related Characters in Maize. *Crop Sci.* 43:1690-1697
- Molina G., J. D., y J. García Z. (1996). Uso de líneas de alta y baja aptitud combinatoria general (ACG) como probadores de la ACG de líneas autofecundadas de maíz. In: memorias del XVI congreso de Fitogenética, Colegio de Posgraduados, Montecillo, México. P.230.

- Moreno-González, J., I. Martínez, I. Brichette, A. López and P. Castro (2000). Breeding Potential of European Flint and U.S. Corn Belt Dent Maize Populations for Forage Use. *Crop Science* 40:1588-1595
- Neylon, J. M. and L. Kung, Jr. (2003). Effects of Cutting Height and Maturity on the Nutritive Value of Corn Silage for Lactating Cows<sup>1,2</sup> *J. Dairy Sci.* 86:2163-2169.
- Núñez H., G., F. Contreras, R. Faz C., S. Rodríguez H. (1999). Selección de híbridos para obtener rendimiento y alto valor energético en maíz para ensilaje. En: Componentes tecnológicos para la producción de ensilados de maíz y sorgo. SAGAR-INIFAP-CIRNOC-CELALA 1999:2-5.
- Núñez H., G. (1993). Producción, ensilaje y valor nutricional del maíz para forraje. El maíz en la década de los 90. Primer simposium internacional. Memorias Zapopan, Jalisco 1993.
- Núñez H., G., R. Faz C., M. Tovar G., A. Zavala G. (2001). Híbridos de Maíz para la Producción de Forraje con Alta Digestibilidad para el Norte de México. *Tec. Pecu. Méx.* 2001; 39 (2):77-88.
- Núñez H.G., E. F. Contreras G., R. Faz C. (2003). Características agroquímicas y químicas importantes en híbridos de maíz para forraje con alto valor energético. *Tec. Pecu. Méx.* 2003; 41 (19):37-48.
- Oyervides G., M. (1979). Estimación de los parámetros genéticos, heterosis e índices de selección en variedades tropicales de maíz adaptadas a Nayarit. Tesis Maestría. Colegio de Postgraduados. Chapingo, México. 118.
- Peña R. A., G. Núñez H., F. González C. (2002). Potencial Forrajero de Poblaciones de Maíz entre atributos Agronómicos con la Calidad. *Tec. Pecu. Méx.* 2002; 40 (3):215-228.
- Peña R. A., G. Núñez H., F. González C. (2003). Importancia de la planta y el elote en poblaciones de maíz para el mejoramiento genético de la calidad forrajera. *Téc. Pecu. Méx.* 2003; 41 (1):63-64.
- Pesek, J. and R. J. Baker (1969). Desired improvement in relation to selection indices. *Can. J. Plant Sci.* 49:803-804.
- Pesek, J. and R. J. Baker (1970). An applications of index selection to the improvement of Self pollinated Species. *Can. J. Plant Sci.* 50:267-276.
- Pixley, K. V. And M. Bjarnason. (1993). Combining ability for yield and protein quality among modified endosperm opaque-2 tropical maize inbreds. *Crop Sci.* 33:1229-1234.
- Pixley, K. V., and Magni S. Bjarnason (2002). Stability of Grain Yield, Endosperm Modification, and Protein Quality of Hybrid and Open-Pollinated Quality Protein Maize (QPM) Cultivars. *Crop Science* 42:1882-1890.

- Presterl, T., G. Seitzb, M. Landbeckc, E. M. Thiemta, W. Schmidtc and H. H. Geigera. (2003). Improving Nitrogen-Use Efficiency in European Maize. *Crop Sci.* 43:1259-1265.
- Ramey, H., and P. A. Miller (1966). Partitioned genetic variante for several characters in a cotton population of interspecific origen. *Crop. Sci.* Vol. 6 Núm. 2:123.
- Reyes V., M. H. (1985). Índices de selección para rendimiento en girasol ( *Heliantus annus* L.) Tesis de Maestría. UAAAN: Saltillo, Coahuila, México.. 47
- Reyes V., M. H. (2003). Math genome,  $\infty$  Mathematica applications for basic genetics. <[http://uaaan.mx ~ mhreyes/mtgmn.htm](http://uaaan.mx/~mhreyes/mtgmn.htm)>.
- Rodriguez del A.,J.M. (2000). Métodos de investigación Pecuaria.Editorial Trillas. México D.f. 186
- Robinson, H . F., R. E. Comstock and P. H. Harvery (1951). Genotypic and phenotypic correlation in corn and their implication in selection. *Agron. J.* 43:282-287.
- Robinson, H . F., R. E. Comstock and P. H. Harvery (1954). Genetic variances in open pollinated varieties of corn. *Genetics* 40:45-60.
- Robertson, A. (1959a). Experimental Design in the evaluation of genetic parameters. *Biometrics.* 15:219-226.
- Robertson, A. (1959b). The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics* 15:469-485.
- Rodríguez H., S. (1985). Estimación de Parámetros Genéticos de Caracteres Relacionados con la producción de Forraje de Maíz. Tesis. Maestría. UAAAN. Saltillo, Coahuila. México. P. 58
- Rodríguez H., S. (20009). Caracteres de importancia para el fitomejoramiento del Maíz para ensilaje. Memorias del XVIII Congreso Nacional de Fitogenética. Irapuato Gto. 2000 p.6.
- Saseendran, S. A., L. Ma, D. C. Nielsen, M. F. Vigil and L. R. Ahuja (2005). Simulating Planting Date Effects on Corn Production Using RZWQM and CERES-Maize Models. *Agron. J.* 97:58-71.
- Searle, S. R. (1965). The value of indirect selection: I. Mass selection. *Biometrics* 21 (3):682-707. U.S.A.
- Searle, S. R. (1971). Topics in variance components. *Biometrics* 27:1-76.
- Seiler, G. J. and L. G. Campbell (2004). Genetic Variability for Mineral Element Concentrations of Wild Jerusalem Artichoke Forage. *Crop Sci.* 44:289-292.
- Singh, R. K and B. D. Chaudary (1979). Biometrical methods in quantitative genetic analysis. Katyani Publisher. New Delhi, India.



- Smith, H. F. (1936). A discriminant function for plant selection. *Biometrics. Ann. Eugen.* 7(2):240-250. U.K.
- Smith, O.S., A.R. Hallauer, and W.A. Russel (1981). Use of index selection in recurrent selection programs in maize. *Euphytica* 30:611.
- Sprague, G.F. and L.A. Tatum. (1942). General vs specific combining ability in single crosses of corn. *J. Amer. Soc. Agron.* 34:923-932.
- Subandi, W. A. Compton, and L. T. Empic. (1973). Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. *Crop Sci.* 13:184-186.
- Taba, S., J. Diaz, J. Franco and J. Crossa (1998). Evaluation of caribbean maize accessions to develop a core subset. *Crop Sci.* 38:1378-1386.
- Torrecillas M. G. y L. M. Bertoia (2000). Aptitud combinatoria para caracteres forrajeros en poblaciones nativas y compuestos raciales de maíz de Argentina. *Invest. Agr. Prod. Prot. Veg.* 15:79-90.
- Torres G. J., J. Molina G. y C. Casas D. (1974). Correlaciones genéticas e índices de selección en la genotecnia de la papa ( *Solanum tuberosum* L.) *Agrociencia.* Vol. 15-18: 21-37.
- Undersander D. J., D. R. Mertens and N. Thiex. (1993). Forage analysis procedures National Forage Testing Association. Omaha. NE. p. 154.
- Vergara N., H. Córdova O, S. Rodríguez H, A., G. Alvarado y M. Sierra (2002). Rendimiento de grano y calidad forrajera de híbridos de maíz QPM tropicales amarillos. XLVIII Reunión Anual PCCMCA 2002 14-20 de Abril del 2002. Boca Chica República Dominicana.
- Widdicombe, W. D. and K.D. Thelen (2002). Row Width and Plant Density Effect on Corn Forage Hybrids *Agronomy Journal* 94:326-330
- Williams, J., L. H Penny and Sprague, G. F. (1965). Full-Sib and Half-sib estimates of genetic variance in an open-pollinated variety of corn. *Crop Sci.* Vol 5, Núm. 2:125.
- Williams, S. J. (1962). The evaluation of a selection Index. *Biometrics.* 18:375-393.
- Young, S.S.Y. (1961). A further examination of the relative efficiency of three methods of selection for genetic gains under less-restricted conditions. *Genet. Res.* 2(1): 106-121. U.K.

### VIII. APÉNDICE

AM 0.0001 0.0005 0.275 0.0987  
 REND 0.059 0.275 3.7031 2.857  
 RFS 0.0931 0.0987 2.857 1.4159

---

AP AM RFV RFS  
 AP = altura de planta, AM = altura de mazorca, RFV =  
 rendimiento de forraje verde, RFS=rendimiento de forraje

---

seco.

Cuadro A2 Matriz de varianzas y covarianzas fenotípicas de cuatro caracteres agronómicos.

	AP	AM	RFV	RFS
AP	0.0106	0.0039	0.2028	0.0482
AM	0.0039	0.008	0.3207	0.1346
REND	0.2028	0.3207	49.9384	22.1891
RFS	0.04822	0.1346	22.1891	12.0695

AP = altura de planta, AM = altura de mazorca, RFV = rendimiento de forraje verde, RFS=rendimiento de forraje seco.

Cuadro A3. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado para los cuatro caracteres agronómicos.

FV	GL	AP	AM	RFV	RFS
AÑOS	1	13.5803**	1.2201**	9000.1428**	163.6289**
REP/AÑOS	2	0.0058	0.0004	11.2503	0.3458
CRUZAS	27	0.0426**	0.0321	199.7539**	48.2782**
AÑOSXCRUZAS	27	0.0368**	0.0299	176.9413**	42.6146**
ERROR	54	0.0201	0.0252	46.7592	10.6918
C.V%		5.9866	13.4547	11.6322	11.8595

\* y \*\* Significancia al 0.05 y 0.01 de probabilidad respectivamente; AP=altura de planta; AM= altura de mazorca; RFV= rendimiento de forraje verde; RFS=rendimiento de forraje seco.