Segregación transgresiva en familias F_{2:7} de triticale

Transgressive Segregation in $F_{2:7}$ Triticale Families

José Luis Velasco-López¹, Alejandro Javier Lozano-del Río^{1*}, Víctor Manuel Zamora-Villa¹, Modesto Colín-Rico¹, Luis Ibarra-Jiménez² y Juan Plutarco Munguía-López²

¹Departamento de Fitomejoramiento. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Calzada Antonio Narro 1923, Buenavista, 25315, Saltillo, Coah., México. Tel.: [844] 4 110254. E-mail: jlozrio@uaaan.mx; ajlozanodelrio@yahoo.com (*Autor responsable). ²Centro de Investigación en Química Aplicada.

Blvd. Enrique Reyna 140, 25250, Saltillo, Coah., México.

RESUMEN

La segregación transgresiva en plantas autógamas es importante para la derivación de nuevas variedades con mejores características. El objetivo de esta investigación fue evaluar la segregación transgresiva en 26 familias F_{2,7} de triticale, provenientes de diferentes cruzas entre progenitores femeninos de hábito primaveral e intermedio y un progenitor masculino común de hábito invernal para características de producción de biomasa de hojas, biomasa total y rendimiento de grano, bajo tres ambientes, e identificar las familias que confieran una mayor productividad bajo estrés ambiental. Se realizaron análisis de varianza individuales por ambiente y combinados entre ambientes, además de sus correspondientes pruebas de comparación de medias para cada una de las variables estudiadas, utilizando la prueba de Tukey a una probabilidad (p<0.05). Se realizaron análisis de contrastes ortogonales entre las familias y sus progenitores. Los análisis de varianza mostraron diferencias (p<0.01) y (p<0.05) entre tratamientos para biomasa total y rendimiento de grano en los tres ambientes. El análisis combinado registró diferencias estadísticas en ambientes y tratamientos para las tres variables, la prueba de medias entre ambientes también registró diferencias en las tres variables y la prueba de medias combinada entre tratamientos no registró diferencias estadísticas para la biomasa de hojas. Los análisis de contrastes por familias registraron poca diferencia contra sus progenitores; sin embargo, hubo familias que presentaron más de 50% de genotipos transgresivos, algunos genotipos mostraron transgresión positiva en base a su mejor progenitor para las tres variables y mantuvieron su transgresión en los tres ambientes. Así se concluye que la segregación transgresiva ocurre en familias avanzadas F_{2,3} de triticale para estas variables y es una herramienta importante para el mejoramiento de este cultivo bajo estrés ambiental, además de que las cruzas entre materiales pri-

Palabras clave: Triticale, familias, mejor progenitor, transgresión positiva.

maverales y tardíos permite la ocurrencia de transgresivos positivos.

ABSTRACT

Transgressive segregation in self-pollinated plants is important for the derivation of new varieties with better characteristics. The objective of this research was to evaluate the transgressive segregation in 26 families F_{2,7} triticale from different female parents of crosses between spring and intermediate habit and a common male ancestor of winter habit, for production traits leaf biomass, total biomass and grain yield under three environments and to identify families that confer increased productivity under environmental stresses. Analysis of individual and combined environment variance between environments and mean comparison tests were conducted for each variable, using the Tukey test at (p<0.05) probability. Analysis of orthogonal contrast between families and parents groups were done. The analysis of variance showed differences (p<0.01) and (p<0.05) between treatments for total biomass and grain yield in the three environments. The combined analysis showed statistical differences in environments and treatments for the three variables, the mean test environments also showed differences between the three variables and the mean test between combined treatments did not register differences for leaf biomass. The contrast analysis registered little differences between families and parents; however, there were families who had more than 50% of transgressive genotypes, which showed positive transgression based on their best parent for the three variables and maintained their transgression across the three environments. We conclude that the transgressive segregation occurs in advanced families F2:7 of triticale for these variables and it is an important tool for the improvement of this crop under environmental stress furthermore, crosses between spring and late materials allows the occurrence of positive transgressive.

Key words: Triticale, families, best parent, positive transgression

Recibido: Diciembre 2013 • Aprobado: Abril 2014

INTRODUCCIÓN

n el mejoramiento de plantas autógamas se busca obtener nuevas variedades a partir de cruzamientos entre progenitores que generen características importantes como: un alto potencial en rendimiento tanto en grano como en biomasa, resistencia y tolerancia a factores bióticos/abióticos y con ciclos cortos. Estas características dependerán de la frecuencia de alelos complementarios presentes en las líneas progenitoras y de la capacidad del mejorador de realizar las cruzas más convenientes para seleccionar genotipos superiores (Yadav et al., 1998).

En poblaciones segregantes, las características cuantitativas presentan una distribución normal. Algunos individuos o un grupo de ellos, pueden estar presentes en los extremos superior o inferior de la media de la distribución. A este fenómeno, en el que ciertos individuos presenten superioridad en una o más características diferentes respecto a sus progenitores y el resto de la población, se le conoce como segregación transgresiva (Grant, 1978; De Vicente y Tanksley, 1993).

La ocurrencia de transgresión es común en las plantas, ya que diversos caracteres han exhibido transgresión, en un mayor porcentaje a características morfológicas (65%), mientras que el resto se divide entre los diferentes caracteres como fertilidad, fisiología, ciclo de vida, tolerancia a estrés biótico y abiótico (Jinksy Ponni, 1980). En cruzas realizadas en diversos cultivos agrícolas se ha reportado transgresión en características agronómicas que son dificiles de mejorar como rendimiento de grano. Choo et al. (1986) reportaron que 1.7% de líneas evaluadas rindieron más que sus progenitores más rendidores. Surma (1996) reportó resultados similares donde 1.4% fue superior al mejor progenitor.

La explotación de segregantes transgresivos que superen al mejor progenitor ha sido considerada una valiosa herramienta en cereales autógamas como el cultivo de avena (Cowen y Frey, 1987); arroz (Mao et al., 2011) y trigo de primavera (Yadav et al., 1992). Así la estrategia del mejorador es encontrar y poder manipular la variación genética transgresiva que puede ser utilizada para mejorar características importantes en los cultivos agrícolas.

De acuerdo con lo anterior, el objetivo de esta investigación fue evaluar la segregación transgresiva en 26 familias $F_{2:7}$ provenientes de diferentes cruzas entre progenitores femeninos de hábito primaveral e intermedio y un progenitor masculino común de

hábito invernal, para características de producción de biomasa de hojas, biomasa total y rendimiento de grano, bajo tres condiciones ambientales diferentes.

MATERIALES Y MÉTODOS

El trabajo se realizó en el Campo Agrícola Experimental de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN), en Zaragoza, Coah., México, ubicado entre las coordenadas 28° 36' 25" LN y 100° 54' 35" LO del meridiano de Greenwich, con una altitud de 335 msnm.

El material genético utilizado fueron 26 familias F_{2:7} de triticale forrajero y sus progenitores, consistiendo de 11 familias originadas de la cruza AN-123 x ABT, seis familias de la cruza AN-125 x ABT, cuatro familias de la cruza AN-137 x ABT, tres familias de la cruza AN-38 x ABT y una familia de las cruzas Eronga x ABT y AN-105 x ABT, respectivamente. Los genotipos evaluados fueron proporcionados por el Proyecto Triticale del Programa de Cereales de la UAAAN (Cuadro 1).

El establecimiento de los experimentos consistió en las labores normales para acondicionar el suelo para un buen desarrollo de las plantas, esto es, barbecho, rastreo doble y nivelación.

Los experimentos de campo fueron conducidos de la siguiente manera, donde se evaluaron los genotipos bajo tres diferentes ambientes: 1) Irrigación normal (riegos a la siembra, amacollamiento, inicio de embuche, floración y llenado de grano, con fertilización); 2) Irrigación normal sólo hasta floración, con fertilización; 3) Irrigación normal, con un corte para forraje en la etapa de inicio de encañe y posterior evaluación para grano con fertilización (Cuadro 2). El riego se aplicó por gravedad en los tres ambientes en la localidad de Zaragoza, Coah., México.

El tamaño de las parcelas en los tres ambientes consistió de seis surcos de 5 m de largo por 30 cm entre hileras (9.0 m²). Durante el desarrollo del experimento se presentó incidencia de roya de la hoja (*Pucciniare condita*), por lo cual se tomaron lecturas en los materiales evaluados; sin embargo, no se realizó control químico.

El diseño experimental utilizado fueron bloques completos al azar con tres repeticiones por tratamiento en cada uno de los tres ambientes. Se realizaron análisis de varianza individuales por ambiente y combinados entre ambientes. Se efectuaron pruebas de comparación de medias por ambiente y el combinado entre

Cuadro 1. Material genético utilizado en la evaluación de la segregación transgresiva en 26 familias F_{2,7} de triticale provenientes de diferentes cruzas entre progenitores femeninos de hábito primaveral e intermedio y un progenitor masculino común de hábito invernal durante los ciclos otoño-invierno 2012-2013 y verano 2013.

Trat	Variedad	Cruza	Origen LV-11-12	Trat	Variedad	Cruza	Origen LV-11-12
1	AN-2-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V1	18	AN-65-2010	Eronga x ABT	TCL2-V3
2	AN-3-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V2	19	AN-80-2010	AN-137 x ABT	TCL2-V9
3	AN-8-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V5	20	AN-82-2010	AN-137 x ABT	TCL2-V10
4	AN-12-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V6	21	AN-83-2010	AN-137 x ABT	TCL2-V11
5	AN-13-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V7	22	AN-90-2010	AN-137 x ABT	TCL2-V14
6	AN-24-210	AN-123 x ABT	TCL1-V10	23	AN-101-2010	AN-38 x ABT	TCL2-V15
7	AN-28-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V12	24	AN-102-2010	AN-38 x ABT	TCL2-V16
8	AN-31-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V14	25	AN-107-2010	AN-38 x ABT	TCL2-V19
9	AN-33-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V15	26	AN-123-2010	AN-105 x ABT	TCL2-V25
10	AN-34-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V16	27	AN-123♀		Progenitor
11	AN-39-2010	AN-123 x ABT	TCL1-V19	28	AN-125♀		Progenitor
12	AN-42-2010	AN-125 x ABT	TCL1-V20	29	AN-137♀		Progenitor
13	AN-49-2010	AN-125 x ABT	TCL1-V22	30	AN-38♀		Progenitor
14	AN-50-2010	AN-125 x ABT	TCL1-V23	31	AN-105♀		Progenitor
15	AN-55-2010	AN-125 x ABT	TCL1-V25	32	Eronga 83♀		Progenitor
16	AN-60-2010	AN-125 x ABT	TCL1-V27	33	ABT♂		Progenitor
17	AN-61-2010	AN-125 x ABT	TCL1-V28				

^{*} Familias F_2 ; Q: progenitores femeninos; Q: progenitor masculino.

Cuadro 2. Condiciones de los ambientes en la evaluación de la segregación transgresiva en 26 familias F_{2:7} de triticale provenientes de diferentes cruzas entre progenitores femeninos de hábito primaveral e intermedio y un progenitor masculino común de hábito invernal.

Ambiente	Fecha de siembra	Fertilización total	Número de riegos	Lámina total (incluyendo precipitación)
1	13-12-2012	167-00-00	5	79.2
2	13-12-2012	167-00-00	4	67.2
3	13-11-2012	237-00-00	6	89.2

ambientes para cada una de las variables estudiadas, utilizando la prueba de Tukey (p≤0.05). Se realizaron análisis de contrastes ortogonales entre las familias y sus correspondientes progenitores, tanto femenino como masculino, así como con el progenitor medio.

Las variables registradas fueron: rendimiento de grano (RG), el cual se registró en gramos por parcela a un 13% de humedad y se transformó a toneladas por hectárea; biomasa de hojas (BH) ésta se determinó en cada unidad experimental, cortando 0.60 m de un surco interno con competencia completa, y de la muestra de forraje verde, se separaron las hojas de cada muestra, secándolas y pesándolas en gramos por parcela, el valor obtenido se transformó posteriormente a toneladas por hectárea; biomasa total (BT) que consistió en la suma de los pesos de las variables biomasa de hojas, biomasa de tallos y biomasa de espigas con grano que se transformó a toneladas por hectárea. La transgresión de cada familia se comparó con el del mejor progenitor con la fórmula T = [(Fn - MP) / MP] * 100, donde: T = % detransgresión, Fn= Media de la familia, MP = Media del mejor progenitor.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el Cuadro 3 se presenta el análisis de varianza individual para los tres ambientes, y muestra que

los tratamientos registraron diferencias estadísticas ($p\le0.01$) para la BT, mientras que el RG mostró diferencia ($p\le0.01$) en los ambientes uno y tres, para el ambiente uno sólo se observó diferencia ($p\le0.05$) y para la BH únicamente diferencia ($p\le0.01$) en el ambiente tres.

El análisis de varianza combinado entre ambientes (Cuadro 4) indica que los tres ambientes presentaron efectos en las variables evaluadas y nos permite seleccionar a los tratamientos más sobresalientes, ya que registraron diferencias ($p \le 0.01$) para los tres ambientes en las tres variables evaluadas. Los tratamientos registraron diferencias estadísticas ($p \le 0.01$) para RG, BT, y diferencias ($p \le 0.05$) para la BH, lo que significa que los tratamientos mostraron diferencias en sus comportamientos en los ambientes. Para las interacciones ambiente por tratamiento se registraron diferencias ($p \le 0.01$) en el RG y la BT, por lo que se puede afirmar que existió efecto de los ambientes sobre los tratamientos.

La prueba de comparación de medias (Cuadro 5) indica que existieron diferencias entre los tres ambientes para RG y BT. El ambiente dos registró diferencias en la BH de los ambientes uno y tres. De esta manera, los ambientes muestran efectos para seleccionar genotipos sobresalientes para las variables evaluadas.

El análisis combinado de la prueba de medias entre tratamientos (Cuadro 6) señala al tratamiento

Cuadro 3. Cuadrados medios del análisis de varianza de las variables rendimiento de grano, biomasa de hojas y biomasa total.

			Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 3					
FV	GL	RG	ВН	ВТ	RG	ВН	ВТ	RG	ВН	BTMF
Rep	2	0.302 ns	0.242 ns	2.325 ns	0.486 ^{ns}	0.250 ^{ns}	5.620 ^{ns}	0.472 ^{ns}	0.711 ^{ns}	28.758 ^{ns}
Trat	32	0.619*	0.591 ns	34.050**	0.670**	0.539 ^{ns}	19.713**	0.374**	0.832**	49.812**
Error	64	0.382	0.735	15.794	0.314	0.414	9.371	0.173	0.376	14.363
Total	98									
Media		3.133	2.864	21.868	2.574	2.269	16.617	2.366	3.014	19.024
C.V (%)		19.7	29.9	18.1	22.7	28.3	18.4	17.6	20.3	19.9

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total; FV: fuente de variación; GL: grados de libertad; ns: no significativo,* diferencias $[p \le 0.05]$ y ** $[p \le 0.01]$, respectivamente.

Cuadro 4. Cuadrados medios de los análisis de varianza combinado entre ambientes para las variables evaluadas.

FV	GL	RG	ВН	ВТ
Amb	2	15.563**	15.362**	683.988**
Amb*Rep	6	0.420 ^{ns}	0.401 ^{ns}	12.231 ^{ns}
Trat	32	1.019**	0.776 *	54.601**
Amb*Trat	64	0.322**	0.593 ^{ns}	24.487**
Error	192	0.290	0.508	13.176
Total	296			
Media General		2.691	2.715	19.169
C.V (%)		20.0	26.2	18.9

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total; FV: fuente de variación; GL: grados de libertad; ns: no significativo,* diferencias $(p \le 0.05)$ y ** $(p \le 0.01)$, respectivamente.

Cuadro 5. Comparación de medias por ambientes para las variables rendimiento de grano, biomasa de hojas y biomasa total.

Ambiente	RG	ВН	ВТ
1	3.133ª	2.864 ª	21.868 ^a
2	2.574 ^b	2.269 ^b	16.617 °
3	2.366°	3.014 ª	19.024 ^b
Valor Turkey	0.202	0.240	1.143

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total. Tratamientos con la misma literal son estadísticamente iguales al nivel de probabilidad (p≤0.05).

30 como el de mayor rendimiento, superando en 67% al tratamiento 22, que presentó el rendimiento más bajo. La BH no mostró diferencias estadísticas en ningún tratamiento. El tratamiento 20 produjo la mayor BT, 64% superior al tratamiento 31 que registró el valor más bajo.

El análisis de los contrastes ortogonales (Cuadro 7) indica que la mayor parte de las familias no mostró diferencias estadísticas al compararlas con sus respectivos progenitores, lo cual significa que los genotipos que representan a sus respectivas familias,

no mostraron diferencias respecto a sus progenitores. Con algunas excepciones, como la familia 38, que registró diferencias ($p \le 0.05$) al compararla con su progenitor femenino para RG en los ambientes uno y dos.

En el ambiente tres, donde se detectó diferencia contra su progenitor masculino, la misma familia registró diferencias en la BT únicamente en el ambiente uno, pero en ninguno de los ambientes mostró diferencias con su progenitor femenino, quien fue el mejor progenitor para las dos variables (Cuadro 10).

Cuadro 6. Comparación de medias entre variedades del análisis combinado entre ambientes de las variables rendimiento de grano, biomasa de hojas y biomasa total.

Trat RG BH BT 1 2.605 balls 2.874 balls 19.807 balls 2 2.211 cac 3.185 cac 19.067 balls 3 2.591 block 2.829 cac 12.955 block 4 2.590 block 2.577 cac 23.415 cac 5 3.097 block 2.682 cac 20.252 blocked 6 2.745 block 3.229 cac 20.933 blocked 7 3.345 cac 2.686 cac 19.981 blocked 8 2.485 block 3.196 cac 22.952 block 9 2.479 cac 2.682 cac 15.437 cac 10 2.917 block 2.282 cac 17.319 block 11 2.758 block 2.882 cac 12.319 block 12 2.979 block 2.681 cac 15.541 cl 13 2.506 block 2.815 cac 20.005 block 14 2.111 cac 2.916 cac 22.230 block 15 2.124 block 2.667 cac 2.459 cac 16 2.267 cac 2.459 cac			3	, •
2 2.211 cde 3.185 s 19.067 shotlet 3 2.591 shotle 2.829 s 17.955 shotlet 4 2.590 shotle 2.577 s 23.415 shotle 5 3.097 hold 2.682 s 20.252 shotlet 6 2.745 hole 3.229 s 20.933 shotlet 7 3.345 shotle 3.229 s 20.933 shotlet 8 2.485 holds 3.196 s 22.952 shot 9 2.479 cde 2.682 s 15.437 et 10 2.917 holds 2.282 s 17.319 holds 11 2.758 shotle 2.829 s 16.000 del 12 2.979 shotles 2.815 s 20.065 shotlet 13 2.506 holds 2.815 s 20.065 shotlet 14 2.111 c 2.916 s 22.230 shotlet 15 2.124 de 2.667 s 17.215 holds 16 2.267 cde 2.459 s 20.000 shotlet 17 2.679 shotles 2.755 shotlet 18 2.755 shotle 2.548 s 21.904 shotlet 21 2.318 shotlet 22 2.101 c 2.533 s 17.363 botlet 23 2.740 shotle 2.979 shotlet 24 2.885 shotle 2.977 s 15.463 et 25 2.692 shotle 2.977 s 15.463 et 26 2.772 shotle 2.977 s 15.463 et 27 2.693 shotle 2.977 s 15.463 et 28 2.765 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.710 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.721 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.722 shotle 2.977 s 15.463 et 29 2.736 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.736 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.736 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.710 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.710 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.720 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.710 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.721 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.722 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.710 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.721 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.722 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.723 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.724 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.725 shotlet 2.977 s 15.463 et 29 2.720 shotlet 2.972 s 15.463 et 29 2.720 shotlet 2.972 s 15.468 etc.et 29 2.720 shotlet 2.972 s 15.464 etc.et 29 2.720 shotlet 2.922 s 18.920 shotlet	Trat	RG	ВН	ВТ
2.829 a 1295 shorter 4 2.590 shorter 2.577 a 23.415 sh 5 3.097 book 6 2.745 book 7 3.345 sh 6 2.745 book 8 2.485 book 9 2.479 sh 10 2.917 book 11 2.758 shorte 11 2.758 shorte 12 2.979 shorte 13 2.506 book 14 2.111 a 2.916 a 22.230 shorte 14 2.111 a 2.916 a 22.230 short 15 2.124 sh 16 2.667 sh 17 2.679 shorte 18 2.485 book 19 3.186 sh 10 2.917 book 2.882 a 12.319 book 11 2.758 shorte 2.882 a 12.319 book 11 2.2979 shorte 2.881 a 15.541 sf 13 2.506 book 2.815 a 20.065 shortef 14 2.111 a 2.916 a 22.230 short 15 2.124 sh 16 2.667 sh 17.215 book 16 2.667 che 2.459 a 20.000 shortef 17 2.679 shorte 18 2.755 shorte 2.766 a 2.459 a 20.000 shortef 19 2.768 shorte 2.548 a 21.904 shorte 2.548 a 21.904 shorte 2.548 a 21.904 shorte 2.549 a 21.356 shortef 2.550 a 21.111 bookef 2.550 a 2.755 a 21.111 bookef 2.568 a 2.755 a 21.111 bookef 2.568 a 2.755 a 21.111 bookef 2.574 a 18.148 shortef 2.575 a 2.222 a 18.920 shortef 3.575 a 2.222 a 18.920 shortef	1	2.605 bcde	2.874 ª	19.807 ^{abcdef}
4 2.590 shocks 2.577 s 23.415 sb 5 3.097 ked 2.682 s 20.252 shooted 6 2.745 keds 3.229 s 20.933 shooted 7 3.345 sb 8 2.485 keds 3.196 s 22.952 sbc 9 2.479 kbb 2.682 s 15.437 sf 10 2.917 keds 2.882 s 15.437 sf 11 2.758 shocks 2.829 s 16.000 ked 11 2.758 shocks 2.815 s 20.065 shooted 12 2.979 shocks 2.815 s 20.065 shooted 13 2.506 hoote 2.815 s 20.065 shooted 14 2.111 s 2.916 s 22.230 shoot 15 2.124 fc 2.667 s 17.215 kedsf 16 2.267 cfc 2.459 s 20.000 shooted 17 2.679 shoote 2.756 s 20.537 shooted 18 2.755 shoote 2.548 s 21.904 shooted 20 3.186 sbc 2.807 s 24.396 s 21.356 shooted 21 2.432 keds 2.598 s 21.356 shooted 22 2.101 s 2.533 s 17.363 kedsf 23 2.740 shoote 2.977 s 21.245 shooted 24 2.885 shoote 2.696 s 19.489 shooted 25 2.692 shoote 2.977 s 21.245 shooted 26 2.772 shooted 2.755 s 17.111 kedsf 28 2.736 shoote 2.977 s 15.463 cf 29 2.710 shoote 2.755 s 17.111 kedsf 28 2.736 shoote 2.574 s 18.148 shooted 30 3.512 s 2.222 s 18.920 shooted 31 3.151 shoote 2.267 s 18.485 f 32 2.784 shooted 3.566 s 19.489 shooted 31 3.151 shooted 2.574 s 18.148 shooted 32 2.784 shooted 3.574 s 18.485 f 32 2.784 shooted 3.566 s 19.489 shooted 33 3.512 s 2.222 s 18.920 shooted	2	2.211 ^{cde}	3.185 a	19.067 ^{abcdef}
\$ 3.097 beed \$ 2.682 a \$ 20.252 abcoded \$ 6 2.745 beeds \$ 3.229 a \$ 20.933 abcoded \$ 7 3.345 bb \$ 2.696 a \$ 19.981 blooded \$ 8 2.495 beeds \$ 3.196 a \$ 22.952 bbc \$ 9 2.479 cbc \$ 2.682 a \$ 15.437 cf \$ 10 2.917 beeds \$ 2.282 a \$ 17.319 beeds \$ 11 2.758 abcode \$ 2.829 a \$ 16.000 bbf \$ 12 2.979 abcode \$ 2.681 a \$ 15.541 cf \$ 13 2.506 beeds \$ 2.815 a \$ 20.065 abcoded \$ 14 2.111 cbc \$ 2.916 a \$ 22.230 abcoded \$ 15 2.124 dbc \$ 2.667 a \$ 17.215 beeds \$ 17 2.679 abcode \$ 2.756 a \$ 20.000 abcoded \$ 2.756 a \$ 20.974 abcoded \$ 2.755 a \$ 20.974 abcoded \$ 2.756 a \$ 20.974 abcoded \$ 2.757 a \$ 20.974 abcoded \$ 2.757 a \$ 20.974 abcoded \$ 2.757 a \$ 20.974 abcoded \$ 2.755 a \$ 2.711 bcoded \$ 2.755 a \$ 2.711 bcoded \$ 2.755 a \$ 2.711 bcoded \$ 2.756 a \$ 2.755 a \$ 2.711 bcoded \$ 2.756 a \$ 2.772 abcoded \$ 2.772 abcoded \$ 2.772 a \$ 2.668 a \$ 2.772 a \$ 2.647 abcoded \$ 2.755 a \$ 2.711 bcoded \$ 2.772 abcoded \$ 2.772 abcoded \$ 2.772 a \$ 2.772 abcoded \$ 2.772 a \$ 2.772 abcoded \$ 2.772 abcoded \$ 2.772 a \$ 2.772 a \$ 2.772 abcoded \$ 2.772 a \$ 2.772	3	2.591 abcde	2.829 ª	17.955 abcdef
6 2.745 holde 3.229 a 20.933 should 7 3.345 ab 2.696 a 19.981 should 8 2.485 backe 3.196 a 22.952 shoc 9 2.479 obe 2.682 a 15.437 st 10 2.917 backe 2.882 a 17.319 backet 11 2.758 shocke 2.881 a 15.541 st 12 2.979 shocke 2.681 a 15.541 st 13 2.506 backet 2.815 a 20.065 shocket 14 2.111 a 2.916 a 22.230 shock 15 2.124 da 2.667 a 17.215 backet 16 2.267 obe 2.459 a 20.000 shocket 17 2.679 shocke 2.459 a 20.000 shocket 18 2.755 shocket 2.756 a 20.537 shocket 19 2.769 shocke 2.548 a 21.904 shocket 20 3.186 shocket 2.548 a 21.904 shocket 21 2.432 backet 2.785 a 21.356 shocket 22 2.101 c 2.533 a 17.365 shocket 23 2.740 shocket 2.977 a	4	2.590 abcde	2.577 ª	23.415 ab
7 3.345 ab 2.696 a 19.981 abcoded 8 2.485 biolo 3.196 a 22.952 abcc 9 2.479 colo 2.682 a 15.437 st 10 2.917 biode 2.282 a 17.319 bioded 11 2.758 abcode 2.829 a 16.000 cer 12 2.979 abcode 2.815 a 20.065 abcoded 13 2.506 biolo 2.815 a 20.065 abcoded 14 2.111 c 2.916 a 22.230 abcode 15 2.124 ce 2.667 a 17.215 bioched 16 2.267 colo 2.459 a 20.000 abcoded 17 2.679 abcode 2.756 a 20.537 bioched 18 2.755 abcode 2.548 a 21.904 abcode 20 3.186 abc 2.807 a 24.396 a 21 2.432 biode 2.785 a 21.356 abcoded 22 2.101 c 2.533 a 17.363 bioded 23 2.740 abcode 2.977 a 21.245 abcoded 24 2.885 abcode 2.696 a 19.489 abcoded 25 2.692 abcode 2.977 a	5	3.097 bcd	2.682 ª	20.252 abcdef
8 2.485 bode 3.196 a 22.952 abc 9 2.479 cbe 2.682 a 15.437 ef 10 2.917 bode 2.282 a 17.319 bode 11 2.758 abcde 2.829 a 16.000 odf 12 2.979 abcde 2.681 a 15.541 ef 13 2.506 bode 2.815 a 20.065 abcdef 14 2.111 c 2.916 a 22.230 abcdef 15 2.124 cbe 2.667 a 17.215 bodef 16 2.267 cbe 2.459 a 20.000 abcdef 17 2.679 abcdef 2.756 a 20.537 abcdef 18 2.755 abcde 3.007 a 20.874 abcdef 19 2.768 abcdef 2.548 a 21.904 abcde 20 3.186 abc 2.807 a 24.396 a 21 2.432 bode 2.785 a 21.356 abcdef 22 2.101 e 2.533 a 12.366 abcdef 23 2.740 abcde 2.977 a 21.245 abcdef 25 2.692 abcde 2.977 a 15.463 ef 26 2.772 abcde 2.755 a 17.111 bodef	6	2.745 bcde	3.229 ª	20.933 abcdef
9 2.479 cds 2.682 a 15.437 ef 10 2.917 bode 2.282 a 17.319 bodef 11 2.758 abode 2.829 a 16.000 def 11 2.758 abode 2.681 a 15.541 ef 13 2.506 bode 2.815 a 20.065 abode 14 2.111° 2.916 a 22.230 abode 15 2.124 de 2.667 a 17.215 bodef 16 2.267 cde 2.459 a 20.000 abodef 17 2.669 abode 2.756 a 20.537 abodef 18 2.755 abode 2.756 a 20.537 abodef 19 2.768 abode 2.548 a 21.904 abode 2.548 a 21.904 abode 2.568 a 21.356 abode 2.807 a 24.396 a 21.356 abode 2.807 a 24.396 a 21.356 abodef 2.785 a 21.356 abodef 2.977 a 21.245 abodef 2.977	7	3.345 ab	2.696°	19.981 ^{abcdef}
10 2.917 bode	8	2.485 bcde	3.196 ª	22.952 abc
11 2.758 shocke 2.829 shocke 15.541 of 2.979 shocke 2.681 shocked 15.541 of 2.979 shocke 2.815 shocked 15.541 of 2.916 shocked 14 2.111 shocked 2.916 shocked 2.815 shocked 15 2.124 shocked 2.667 shocked 2.459 shocked 2.667 shocked 2.459 shocked 2.667 shocked 2.756 shocked 2.758 shocked 2.759 shocked 2.755 sho	9	2.479 ^{cde}	2.682°	15.437 ^{ef}
12 2.979 abode 2.681 a 15.541 ef 13 2.506 bode 2.815 a 2.0065 shockef 14 2.111 e 2.916 a 2.230 abode 15 2.124 de 2.667 a 17.215 bodef 16 2.267 cde 2.459 a 20.000 abodef 17 2.679 abode 2.756 a 20.537 abode 18 2.755 abode 2.548 a 21.904 abode 2.687 a 21.904 abode 2.768 abode 2.807 a 24.396 a 21.904 abode 2.807 a 24.396 a 21.356 abodef 2.785 a 21.245 abodef 2.785 a 21.245 abodef 2.785 a 21.245 abodef 2.785 a 21.245 abodef 2.785 a 2.785 a 21.245 abodef 2.785 a 2.785 a 21.245 abodef 2.785 a 2.785 a 2.785 a 21.245 abodef 2.785 a 2	10	2.917 bcde	2.282 ª	17.319 bcdef
2.815 a 20.065 abcdef 14 2.111 a 2.916 a 22.230 abcdef 15 2.124 da 2.667 a 17.215 bodef 16 2.267 cde 2.459 a 20.000 abcdef 17 2.679 abcde 2.756 a 20.537 abcdef 18 2.755 abcde 3.007 a 20.874 abcdef 19 2.768 abcde 2.807 a 24.396 a 21.904 abcde 20 3.186 abc 2.807 a 24.396 a 21.356 abcdef 22 2.101 a 2.533 a 17.363 bodef 23 2.740 abcde 2.977 a 21.245 abcdef 24 2.885 abcde 2.696 a 19.489 abcdef 25 2.692 abcde 2.977 a 15.463 ef 26 2.772 abcde 2.755 a 17.111 bodef 27 2.647 abcde 2.755 a 18.148 abcdef 29 2.710 abcde 2.755 a 18.148 abcdef 30 3.512 a 2.222 a 18.920 abcdef 31 3.151 abc 2.668 a 14.845 f 32 2.784 abcde 2.668 a 14.845 f 33 2.454 bode 2.267 a 20.070 abcdef	11	2.758 abcde	2.829 ª	16.000 def
14 2.111° 2.916° 22.230° abcd 15 2.124 de 2.667° 17.215 bodef 16 2.267 cde 2.459° 20.000° abcdef 17 2.679° abcde 2.756° 20.537° abcdef 18 2.755° abcde 2.548° 21.904° abcdef 19 2.768° abcde 2.548° 21.904° abcde 20 3.186° abcde 2.807° 24.396° 24.396° 21 2.432° bcde 2.785° 21.356° abcdef 22 2.101° 2.533° 17.363° bcdef 23 2.740° abcde 2.977° 21.245° abcdef 24 2.885° abcde 2.696° 19.489° abcdef 25 2.692° abcde 2.977° 15.463° ef 26 2.772° abcde 2.755° 17.111° bcdef 27 2.647° abcde 2.755° 17.111° bcdef 29 2.710° abcde 2.	12	2.979 abcde	2.681 a	15.541 ^{ef}
15 2.124 de 2.667 a 17.215 bodef 16 2.267 ode 2.459 a 20.000 abodef 17 2.679 abode 2.756 a 20.537 abodef 18 2.755 abode 3.007 a 20.874 abodef 19 2.768 abode 2.548 a 21.904 abode 20 3.186 abo 2.807 a 24.396 a 21 2.432 bode 2.785 a 21.356 abodef 22 2.101 a 2.533 a 17.363 bodef 23 2.740 abode 2.977 a 21.245 abodef 24 2.885 abode 2.696 a 19.489 abodef 25 2.692 abode 2.977 a 15.463 ef 26 2.772 abode 3.166 a 17.689 bodef 27 2.647 abode 2.755 a 17.111 bodef 28 2.736 abode 2.015 a 16.663 bodef 29 2.710 abode 2.574 a 18.148 abodef 30 3.512 a 2.222 a 18.920 abodef 31 3.151 abo 2.668 a 14.845 f 32 2.784 abode 2.267 a 20.070 abodef	13	2.506 bcde	2.815 ª	20.065 abcdef
16 2.267 cde 2.459 a 20.000 abcdef 17 2.679 abcde 2.756 a 20.537 abcdef 18 2.755 abcde 3.007 a 20.874 abcdef 19 2.768 abcde 2.548 a 21.904 abcde 20 3.186 abc 2.807 a 24.396 a 21 2.432 bcde 2.785 a 21.356 abcdef 22 2.101 a 2.533 a 17.363 bcdef 23 2.740 abcde 2.977 a 21.245 abcdef 24 2.885 abcde 2.696 a 19.489 abcdef 25 2.692 abcde 2.977 a 15.463 ef 26 2.772 abcde 3.166 a 17.689 bcdef 27 2.647 abcde 2.755 a 17.111 bcdef 28 2.736 abcde 2.015 a 16.663 bcdef 29 2.710 abcde 2.574 a 18.148 abcdef 30 3.512 a 2.222 a 18.920 abcdef 31 3.151 abc 2.668 a 14.845 f 32 2.784 abcde 2.267 a 20.070 abcdef 33 2.454 bcde 2.267 a 20.070 abc	14	2.111 ^e	2.916 ª	22.230 ^{abcd}
17 2.679 abcde 2.756 a 20.537 abcdef 18 2.755 abcde 3.007 a 20.874 abcdef 19 2.768 abcde 2.548 a 21.904 abcde 20 3.186 abc 2.807 a 24.396 a 21 2.432 bcde 2.785 a 21.356 abcdef 22 2.101 c 2.533 a 17.363 bcdef 23 2.740 abcde 2.977 a 21.245 abcdef 24 2.885 abcde 2.696 a 19.489 abcdef 25 2.692 abcde 2.977 a 15.463 ef 26 2.772 abcde 3.166 a 17.689 bcdef 27 2.647 abcde 2.755 a 17.111 bcdef 28 2.736 abcde 2.015 a 16.663 bcdef 29 2.710 abcde 2.574 a 18.148 abcdef 30 3.512 a 2.222 a 18.920 abcdef 31 3.151 abc 2.668 a 14.845 f 32 2.784 abcde 2.267 a 20.070 abcdef 33 2.454 bcde 2.267 a 18.370 abcdef	15	2.124 ^{de}	2.667 ^a	17.215 bcdef
18 2.755 abcde 3.007 a 20.874 abcdef 19 2.768 abcde 2.548 a 21.904 abcde 20 3.186 abc 2.807 a 24.396 a 21 2.432 bcde 2.785 a 21.356 abcdef 22 2.101 e 2.533 a 17.363 bcdef 23 2.740 abcde 2.977 a 21.245 abcdef 24 2.885 abcde 2.696 a 19.489 abcdef 25 2.692 abcde 2.977 a 15.463 ef 26 2.772 abcde 3.166 a 17.689 bcdef 27 2.647 abcde 2.755 a 17.111 bcdef 28 2.736 abcde 2.015 a 16.663 bcdef 29 2.710 abcde 2.574 a 18.148 abcdef 30 3.512 a 2.222 a 18.920 abcdef 31 3.151 abc 2.668 a 14.845 f 32 2.784 abcde 2.267 a 20.070 abcdef 33 2.454 bcde 2.267 a 20.070 abcdef	16	2.267 ^{cde}	2.459 a	20.000 abcdef
2.768 abcde 2.768 abcde 2.807 a 2.4396 a 2.807 a 2.807 a 2.4396 a 2.836 abcde 2.785 a 2.835 a 2.835 abcde 2.740 abcde 2.977 a 2.1.245 abcde 2.977 a 2.696 a 19.489 abcde 2.977 a 15.463 ef 2.60 2.772 abcde 2.977 a 15.463 ef 2.60 2.772 abcde 2.977 a 15.463 ef 2.977 a 15.463 ef 2.977 a 15.463 ef 2.977 a 15.463 ef 2.978 abcde 2.755 a 17.111 bcdef 2.8 2.736 abcde 2.755 a 17.111 bcdef 2.8 2.736 abcde 2.755 a 18.148 abcdef 3.0 3.512 a 2.222 a 18.920 abcdef 3.1 3.151 abc 2.668 a 14.845 f 3.2 2.784 abcde 2.267 a 2.267 a 2.2070 abcdef 3.3 2.454 bcde 2.267 a 18.370 abcdef	17	2.679 abcde	2.756 ª	20.537 ^{abcdef}
20 3.186 abc 2.807 a 24.396 a 24.396 a 21.356 abcdef 2.785 a 21.356 abcdef 2.20 2.101 c 2.533 a 17.363 bcdef 2.977 a 21.245 abcdef 2.977 a 21.245 abcdef 2.885 abcde 2.696 a 19.489 abcdef 2.696 a 19.489 abcdef 2.696 a 19.489 abcdef 2.696 a 19.489 abcdef 2.696 a 17.689 bcdef 2.772 abcde 2.772 abcde 2.755 a 17.111 bcdef 2.7 2.647 abcde 2.755 a 17.111 bcdef 2.7 2.647 abcde 2.755 a 17.111 bcdef 2.7 2.700 abcde 2.754 a 18.148 abcdef 2.754 a 18.148 abcdef 2.754 a 18.148 abcdef 2.754 a 18.20 abcdef 2.755 a 18.20 abcdef 2.754 a 18.20 abcdef 2.755 a 18.20 abc	18	2.755 abcde	3.007 a	20.874 ^{abcdef}
21 2.432 bcde 2.785 a 21.356 abcdef 22 2.101 e 2.533 a 17.363 bcdef 23 2.740 abcde 2.977 a 21.245 abcdef 24 2.885 abcde 2.696 a 19.489 abcdef 25 2.692 abcde 2.977 a 15.463 ef 26 2.772 abcde 3.166 a 17.689 bcdef 27 2.647 abcde 2.755 a 17.111 bcdef 28 2.736 abcde 2.015 a 16.663 bcdef 29 2.710 abcde 2.574 a 18.148 abcdef 30 3.512 a 2.222 a 18.920 abcdef 31 3.151 abc 2.668 a 14.845 f 32 2.784 abcde 2.267 a 20.070 abcdef 33 2.454 bcde 2.267 a 18.370 abcdef	19	2.768 abcde	2.548 a	21.904 ^{abcde}
22 2.101 ° 2.533 ° 17.363 bcdef 23 2.740 abcde 2.977 ° 21.245 abcdef 24 2.885 abcde 2.696 ° 19.489 abcdef 25 2.692 abcde 2.977 ° 15.463 ° 6 26 2.772 abcde 3.166 ° 17.689 bcdef 27 2.647 abcde 2.755 ° 17.111 bcdef 28 2.736 abcde 2.015 ° 16.663 bcdef 29 2.710 abcde 2.574 ° 18.148 abcdef 30 3.512 ° 2.222 ° 18.920 abcdef 31 3.151 abc 2.668 ° 14.845 ° 18.370 abcdef 32 2.784 abcde 2.267 ° 2.070 abcdef	20	3.186 ^{abc}	2.807°	24.396 °
23 2.740 abcde 2.977 a 21.245 abcdef 24 2.885 abcde 2.696 a 19.489 abcdef 25 2.692 abcde 2.977 a 15.463 ef 26 2.772 abcde 3.166 a 17.689 bcdef 27 2.647 abcde 2.755 a 17.111 bcdef 28 2.736 abcde 2.015 a 16.663 bcdef 29 2.710 abcde 2.574 a 18.148 abcdef 30 3.512 a 2.222 a 18.920 abcdef 31 3.151 abc 2.668 a 14.845 f 32 2.784 abcde 2.267 a 20.070 abcdef 33 2.454 bcde 2.267 a 18.370 abcdef	21	2.432 bcde	2.785 a	21.356 abcdef
24 2.885 abcde 2.696 a 19.489 abcdef 25 2.692 abcde 2.977 a 15.463 ef 26 2.772 abcde 3.166 a 17.689 bcdef 27 2.647 abcde 2.755 a 17.111 bcdef 28 2.736 abcde 2.015 a 16.663 bcdef 29 2.710 abcde 2.574 a 18.148 abcdef 30 3.512 a 2.222 a 18.920 abcdef 31 3.151 abc 2.668 a 14.845 f 32 2.784 abcde 2.267 a 20.070 abcdef 33 2.454 bcde 2.267 a 18.370 abcdef	22	2.101 ^e	2.533 a	17.363 bcdef
25 2.692 abcde 2.977 a 15.463 ef 26 2.772 abcde 3.166 a 17.689 bcdef 27 2.647 abcde 2.755 a 17.111 bcdef 28 2.736 abcde 2.015 a 16.663 bcdef 29 2.710 abcde 2.574 a 18.148 abcdef 30 3.512 a 2.222 a 18.920 abcdef 31 3.151 abc 2.668 a 14.845 f 32 2.784 abcde 2.267 a 20.070 abcdef 33 2.454 bcde 2.267 a 18.370 abcdef	23	2.740 abcde	2.977 ª	21.245 ^{abcdef}
26 2.772 abcde 3.166 a 17.689 bcdef 27 2.647 abcde 2.755 a 17.111 bcdef 28 2.736 abcde 2.015 a 16.663 bcdef 29 2.710 abcde 2.574 a 18.148 abcdef 30 3.512 a 2.222 a 18.920 abcdef 31 3.151 abc 2.668 a 14.845 f 32 2.784 abcde 2.267 a 20.070 abcdef 33 2.454 bcde 2.267 a 18.370 abcdef	24	2.885 ^{abcde}	2.696 ª	19.489 ^{abcdef}
27 2.647 abcde 2.755 a 17.111 bcdef 28 2.736 abcde 2.015 a 16.663 bcdef 29 2.710 abcde 2.574 a 18.148 abcdef 30 3.512 a 2.222 a 18.920 abcdef 31 3.151 abc 2.668 a 14.845 f 32 2.784 abcde 2.267 a 20.070 abcdef 33 2.454 bcde 2.267 a 18.370 abcdef	25	2.692 abcde	2.977 ª	15.463 ^{ef}
28 2.736 abcde 2.015 a 16.663 bcdef 29 2.710 abcde 2.574 a 18.148 abcdef 30 3.512 a 2.222 a 18.920 abcdef 31 3.151 abc 2.668 a 14.845 f 32 2.784 abcde 2.267 a 20.070 abcdef 33 2.454 bcde 2.267 a 18.370 abcdef	26	2.772 abcde	3.166 a	17.689 bcdef
29 2.710 abcde 2.574 a 18.148 abcdef 30 3.512 a 2.222 a 18.920 abcdef 31 3.151 abc 2.668 a 14.845 f 32 2.784 abcde 2.267 a 20.070 abcdef 33 2.454 bcde 2.267 a 18.370 abcdef	27	2.647 abcde	2.755 ª	17.111 bcdef
30 3.512 a 2.222 a 18.920 abcdef 31 3.151 abc 2.668 a 14.845 f 32 2.784 abcde 2.267 a 20.070 abcdef 33 2.454 bcde 2.267 a 18.370 abcdef	28	2.736 abcde	2.015 ª	16.663 bcdef
31 3.151 abc 2.668 a 14.845 f 32 2.784 abcde 2.267 a 20.070 abcdef 33 2.454 bcde 2.267 a 18.370 abcdef	29	2.710 ^{abcde}	2.574 ª	18.148 ^{abcdef}
32 2.784 ^{abcde} 2.267 ^a 20.070 ^{abcdef} 33 2.454 ^{bcde} 2.267 ^a 18.370 ^{abcdef}	30	3.512 °	2.222 a	18.920 abcdef
33 2.454 bcde 2.267 a 18.370 abcdef	31	3.151 ^{abc}	2.668 ª	14.845 ^f
	32	2.784 abcde	2.267 ª	20.070 abcdef
Valor Tukey 0.978 1.296 6.597	33	2.454 bcde	2.267 ª	18.370 ^{abcdef}
	Valor Tukey	0.978	1.296	6.597

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total. Tratamientos con la misma literal son estadísticamente iguales al nivel de probabilidad ($p \le 0.05$).

No se observó transgresión positiva en base a su mejor progenitor en ninguna de las dos variables. Lo contrario ocurrió en la familia Eronga vs su progenitor femenino que registró diferencia (p \leq 0.01) en el ambiente tres para la BH, y aunque no se observó diferencia con su progenitor masculino, quien fue el mejor progenitor, lo superó en 34%; además se registró diferencia (p \leq 0.05) para la BT que de igual manera con 23% superó a su mejor progenitor masculino y (p \leq 0.05) para RG en el ambiente uno de igual manera superó en 5% a su progenitor masculino más rendidor (Cuadro 10).

Asimismo, la familia 137 mostró diferencia ($p \le 0.05$) en comparación con su progenitor femenino para la BT en los ambientes uno y tres, aunque no tuvo diferencia con su progenitor masculino, quien fue el mejor progenitor, la familia mostró superioridad de 10% en el ambiente uno y 16% en el ambiente tres (Cuadro 10).

La familia 123 fue diferente (p≤0.01) a su progenitor femenino únicamente en el ambiente tres para la BH, aunque no mostró diferencias con su progenitor masculino quien fue el mejor progenitor en los contrastes. La familia fue superior en 19% a su mejor progenitor.

La familia-105 contra su progenitor femenino presentó diferencia (p≤0.05) para la misma variable, pero no contra su progenitor masculino que fue el mejor progenitor, además de no mostrar superiori-

dad en ningún grado a su mejor progenitor (Cuadro 10).

Los contrastes del análisis combinado (Cuadro 8) muestran familias que difieren de sus progenitores, ya que se encontraron diferencias (p≤0.01) en la comparación de la familia-38 *versus* su progenitor femenino para RG, la cual no superó a su progenitor femenino que fue más rendidora (Cuadro 9).

La BHMF mostró diferencias ($p \le 0.01$) en el contraste entre las familias-123 *versus* progenitor femenino, ya que sólo superó en 1% a su progenitor masculino que fue el progenitor superior. Asimismo, se observaron diferencias ($p \le 0.05$) entre las familias-137 con su progenitor femenino; sin embargo, no superaron a su progenitor masculino que fue el progenitor superior (Cuadro 9).

Las familias-137 mostraron diferencias ($p \le 0.05$) con su progenitor femenino y masculino en BT, quienes fueron superiores en 6% a su progenitor femenino, que fue el mejor progenitor para esta variable, observándose segregación transgresiva positiva en este análisis combinado para esta familia (Cuadro 9). Las familias-125 comparadas con su progenitor femenino registraron diferencia ($p \le 0.05$) para BT, pero no mostraron superioridad respecto a su mejor progenitor (Cuadro 9). De esta manera es claro que algunas familias presentan transgresión positiva para las características evaluadas, datos similares reportó Surma (1996) en rendimiento.

Cuadro 7. Contrastes ortogonales y significancia estadística entre las familias y sus progenitores para las variables evaluadas.

Αm	bie	nte	1

FV Familias	GL	RG (CM)	BH (CM)	BT (CM)	
123 vs 123	1	0.097 ^{ns}	3.776 ^{ns}	15.468 ^{ns}	
123 vs ABT	1	0.249 ns	0.156 ^{ns}	10.215 ns	
125 vs 125	1	0.928 ns	0.474 ^{ns}	55.295 ns	
125 vs ABT	1	0.132 ^{ns}	0.036 ^{ns}	1.044 ^{ns}	
Eronga vs Eronga	1	0.721 ns	0.026 ^{ns}	0.358 ^{ns}	
Eronga vs ABT	1	0.046 ns	1.434 ^{ns}	0.026 ^{ns}	
137 vs 137	1	0.078 ^{ns}	0.363 ^{ns}	97.292*	
137 vs ABT	1	0.018 ^{ns}	0.0003 ^{ns}	18.968 ns	

Cuadro 7. continuación	
Ambiente 1	

FV Familias

GL

		()	()	(=)
38 vs 38	1	2.139*	0.284 ^{ns}	104.956*
38 vs ABT	1	0.015 ^{ns}	0.039 ns	3.082 ns
105 vs 105	1	0.420 ^{ns}	0.295 ns	0.106 ^{ns}
105 vs ABT	1	0.173 ^{ns}	0.074 ^{ns}	37.835 ns
Ambiente 2				
123 vs 123	1	0.054 ^{ns}	0.016 ^{ns}	6.215 ^{ns}
123 vs ABT	1	0.083 ns	0.002 ns	0.523 ns
125 vs 125	1	1.164 ns	0.056 ^{ns}	5.531 ^{ns}
125 vs ABT	1	0.071 ^{ns}	0.027 ^{ns}	1.142 ^{ns}
Eronga vs Eronga	1	1.233*	1.306 ns	35.201 ns
Eronga <i>vs ABT</i>	1	0.048 ^{ns}	0.000 ^{ns}	17.116 ^{ns}
137 vs 137	1	0.187 ^{ns}	1.101 ^{ns}	3.987 ns
137 vs ABT	1	0.054 ^{ns}	0.007 ^{ns}	25.261 ns
38 vs 38	1	1.437*	0.639 ^{ns}	34.682 ns
38 vs ABT	1	0.226 ns	0.359 ^{ns}	5.549 ns
105 vs 105	1	0.168 ^{ns}	0.011 ^{ns}	22.943 ns
105 vs ABT	1	0.351 ^{ns}	0.074 ^{ns}	11.760 ns
Ambiente 3				
FV	GL	RG (CM)	BH (CM)	BT (CM)
123 vs 123	1	0.058 ns	4.231**	33.823 ns
123 vs ABT	1	0.241 ^{ns}	0.769 ^{ns}	4.231 ^{ns}
125 vs 125	1	0.409 ns	0.381 ^{ns}	83.109*
125 vs ABT	1	0.341 ^{ns}	1.584 ^{ns}	24.830 ^{ns}
Eronga vs Eronga	1	0.023 ns	4.054**	65.776*
Eronga <i>vs ABT</i>	1	0.450 ns	1.183 ^{ns}	27.306 ns
137 vs 137	1	0.092 ns	1.577 ^{ns}	58.679*
137 vs ABT	1	0.467 ^{ns}	1.409 ns	2.136 ^{ns}
38 <i>vs 38</i>	1	0.443 ns	0.110 ^{ns}	1.441 ^{ns}
38 vs ABT	1	0.692*	1.283 ^{ns}	2.150 ^{ns}
105 vs 105	1	0.110 ^{ns}	1.850*	28.453 ns
105 vs ABT	1	0.025 ns	0.426 ns	0.047 ns

RG (CM) BH (CM) BT (CM)

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total; FV: fuente de variación; GL: grados de libertad; ns = no significativo,* diferencias ($p \le 0.05$) y^{**} ($p \le 0.01$), respectivamente.

Cuadro 8. Contrastes ortogonales entre las familias y sus progenitores, combinado entre ambientes para las variables evaluadas.

FV Familias	GL	RG	вн	ВТ
123 vs 123	1	0.034 ^{ns}	5.679**	49.954 ^{ns}
123 vs ABT	1	0.546 ^{ns}	0.586 ^{ns}	11.907 ^{ns}
125 vs 125	1	0.656 ^{ns}	0.009 ns	67.219*
125 vs ABT	1	0.0007 ns	0.508 ^{ns}	16.679 ns
Eronga vs Eronga	1	0.003 ^{ns}	0.356 ^{ns}	0.830 ^{ns}
Eronga <i>vs ABT</i>	1	0.408 ^{ns}	0.004 ^{ns}	28.210 ns
137 vs 137	1	0.055 ^{ns}	2.819*	80.363*
137 vs ABT	1	0.203 ^{ns}	0.525 ^{ns}	70.022*
38 <i>vs 38</i>	1	3.691**	0.119 ^{ns}	3.318 ^{ns}
38 vs ABT	1	0.685 ^{ns}	1.244 ^{ns}	2.331 ^{ns}
105 vs 105	1	0.645 ns	1.074 ^{ns}	36.403 ^{ns}
105 vs ABT	1	0.456 ^{ns}	0.141 ^{ns}	2.090 ^{ns}

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total; FV: fuente de variación; GL: grados de libertad; ns = no significativo, * diferencias ($p \le 0.05$) y^{**} ($p \le 0.01$), respectivamente.

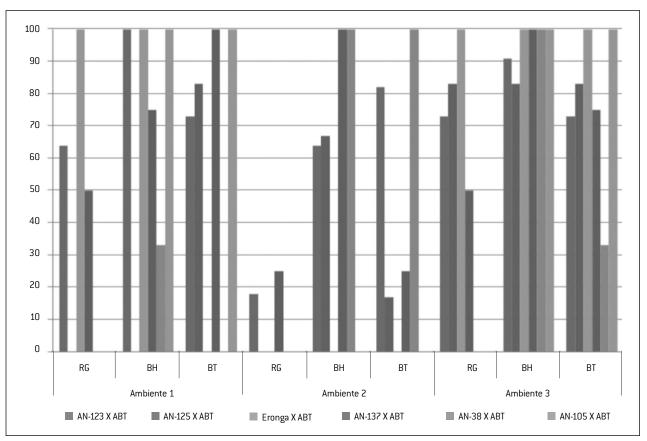


Figura 1. Segregacion transgresiva de las diferentes cruzas (%). RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total.

La Figura 1 muestra las frecuencias de genotipos transgresivos positivos que representan cada cruza, esto es: genotipos que superan al mejor progenitor. Las cruzas representadas por un solo genotipo y que superan a su mejor progenitor representan el 100% de transgresivos positivos, tal es el caso de la cruza Eronga X ABT y la AN-105 X ABT, que aunque mostraron transgresión positiva en las tres variables, no mantuvieron la transgresión en los tres ambientes. La cruza AN-123 X ABT, representada

por 11 genotipos, mostraron entre 15% y 100% de transgresivos positivos y estuvieron presentes en los tres ambientes para las tres variables evaluadas.

La cruza AN-137 X ABT, formada por cuatro genotipos, mostró una frecuencia de transgresivos positivos entre 25% y 100%, presentes en algún grado en los tres ambientes y para las tres variables.

La cruza AN-125 X ABT, que fue representada por seis genotipos, mostró un rango de 15%-83% de transgresivos positivos para BT, también presentó

Cuadro 9. Valores por cruza, progenitor medio y mejor progenitor combinado entre ambientes para las variables evaluadas.

Medias			
FV	RG	ВН	ВТ
AN-123 x ABT	2.711	2.823	19.374
Progenitor medio	1.819	1.707	11.338
Mejor progenitor	♀2.647	♀2.755	♂18.370
AN-125 <i>x ABT</i>	2.397	2.707	19.010
Progenitor medio	1.759	1.814	11.148
Mejor progenitor	♀2.736	♂2.267	♂18.370
Eronga <i>x ABT</i>	2.679	2.756	20.537
Progenitor medio	1.871	1.726	11.793
Mejor progenitor	♀2.710	♀2.574	₫18.370
AN-137 <i>x ABT</i>	2.903	2.787	22.391
Progenitor medio	1.717	1.731	11.403
Mejor progenitor	♀3.512	♂2.267	♀18.920
AN-38 <i>x ABT</i>	2.424	2.765	19.988
Progenitor medio	1.936	1.888	11.907
Mejor progenitor	♀3.151	♀2.668	₫18.370
AN-105 <i>x ABT</i>	2.885	2.696	19.489
Progenitor medio	1.706	1.779	10.430
Mejor progenitor	♀2.784	♂2.267	♀20.070

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total; FV: fuente de variación; \mathcal{D} : progenitores femeninos; \mathcal{D} : progenitor masculino.

más de 80% de transgresivos positivos para BH en los ambientes 2 y 3, pero no presentó transgresivos positivos en el ambiente 1.

Finalmente, la cruza AN-38 X ABT, que estuvo representada por tres genotipos, mostró 32% de transgresivos positivos en el ambiente uno y 100%

Cuadro 10. Valores por cruza, progenitor medio y mejor progenitor por ambiente para rendimiento de grano y biomasa de hoja y total (t ha-1).

	RG Ambiente	ВН	ВТ						
Cruza	A1	A2	A3	A1	A2	A3	A1	A2	A3
AN-123 x ABT	3.303	2.525	2.307	3.216	2.210	3.074	23.124	15.770	19.229
Progenitor medio	3.058	2.508	2.086	2.511	2.156	2.222	21.289	14.800	17.133
Mejor progenitor	♀3.114	22.666	♀2.161	₫ 2.978	♂ 2.178	₫ 2.578	♂ 21.511	♂ 15.333	₫18.267
AN-125 <i>x</i> <i>ABT</i>	2.775	2.184	2.376	2.859	2.281	3.169	20.967	16.000	20.827
Progenitor medio	3.188	2.603	1.994	2.794	2.156	2.778	19.172	16.400	16.978
Mejor progenitor	♀ 3.376	♀ 2.857	♂ 2.011	♀ 3.289	♂ 2.178	♀ 2.978	♂ 21.511	♀ 17.467	₫18.267
Eronga <i>x</i> <i>ABT</i>	3.177	2.531	2.559	2.000	2.178	3.467	21.378	18.711	22.533
Progenitor medio	2.742	2.894	2.222	2.422	2.644	2.200	21.456	19.117	17.089
Mejor progenitor	♂ 3.001	♀ 3.438	♀ 2.433	₫ 2.978	♀ 3.111	♂ 2.578	♀ 21.867	♀23.556	♂ 18.267
AN-137 x ABT	2.914	2.500	2.453	2.800	2.233	3.294	23.831	18.578	21.356
Progenitor medio	3.048	2.565	2.134	2.778	1.867	2.556	19.733	17.600	17.444
Mejor progenitor	♀ 3.094	♀ 2.780	♀ 2.257	∂ 2.978	♂ 2.178	∂ 2.578	∂21.511	♀19.867	♂ 18.267
AN-38 x ABT	3.085	2.667	2.566	2.930	2.578	3.333	22.004	16.904	17.289
Progenitor medio	3.531	2.908	2.511	2.913	2.111	2.844	24.402	14.156	17.378
Mejor progenitor	♀ 4.060	♀ 3.467	♀ 3.010	♀3.467	♂2.178	♀3.111	♀ 29.511	♂15.333	₫18.267
AN-105 <i>x</i> <i>ABT</i>	3.341	2.834	2.142	2.756	2.400	3.111	16.489	18.133	18.444
Progenitor medio	3.436	2.759	2.213	2.644	2.333	2.289	18.867	14.778	16.178
Mejor progenitor	♀3.871	♀3.169	♀2.414	∂2.978	♀2.489	♂ 2.578	♂ 21.511	♂ 15.333	18.267

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total; 🗣: progenitores femeninos; 💍: progenitor masculino

de transgresivos positivos en los ambientes dos y tres para BH, también presentó transgresivos positivos en BT en el ambiente tres con 32% y el ambiente dos con 100%, pero no presentó ningún transgresivo en el ambiente 1 para esta variable. De esta manera, se observó que existen transgresivos para características morfológicas y para estrés abiótico (déficit de humedad), lo cual concuerda con Jinks y Ponni (1980) que mencionan que diversos caracteres pueden exhibir transgresión, incluyendo tolerancia a estrés biótico/abiótico, como fue el caso en este estudio.

De lo anterior se puede observar que existieron genotipos superiores a su mejor progenitor y que mantuvieron su transgresión en los tres ambientes, tal fue el caso del tratamiento 7 de la cruza AN-123 X ABT y el tratamiento 20 de la cruza AN-137 X ABT que superaron su mejor progenitor en los tres ambientes y en las tres variables evaluadas (Cuadro 11). También se observó que los tratamientos 1 y 5 de la cruza AN-123 X ABT mostraron transgresivos positivos para BH y BT, que mantuvieron su transgresión positiva en los tres ambientes (Cuadro 11). En total,

Cuadro 11. Segregación transgresiva en base al mejor progenitor.

Trat 1	Ambiente 1 RG	Ambiente 2 BH	Ambiente 2 BT	RG	ВН	ВТ	RG	ВН	ВТ
1	-1.177	47.826	12.869	-9.087	16.667	5.919	7.147	66.667	28.333
2	-12.344	67.391	-3.165	-16.007	27.083	30.530	-22.931	83.333	13.611
3	0.464	52.174	0.844	-12.005	0.000	3.115	6.427	73.810	11.944
4	-1.819	41.304	29.114	-15.632	-14.583	29.283	14.087	78.571	58.611
5	29.183	78.261	2.532	22.593	22.917	25.545	-7.352	83.333	32.778
6	5.780	54.348	24.684	-23.051	-29.167	1.246	33.728	83.333	56.389
7	32.144	63.043	10.338	33.139	33.333	17.134	9.717	102.381	27.222
8	0.535	56.522	46.835	-15.632	-29.167	13.084	-3.907	78.571	51.389
9	-4.816	54.348	-5.274	-18.966	-8.333	-11.215	7.044	-7.143	-14.444
10	11.488	73.913	13.291	-0.333	8.333	-10.592	21.337	40.476	-4.167
11	7.100	41.304	-8.228	-3.210	12.500	11.838	9.203	47.619	-20.556
12	-3.621	-13.514	-8.122	-11.824	22.917	-17.303	60.146	0.000	2.550
13	-11.126	-20.270	22.843	-19.020	29.167	-14.504	11.580	31.343	35.694
14	-31.797	-10.811	46.701	-34.967	-20.833	-9.415	10.062	13.433	79.887
15	-28.440	-14.865	24.365	-23.493	-6.250	-10.178	-10.343	7.463	-5.666
16	-16.557	-18.919	27.919	-33.683	6.250	-11.450	5.734	11.940	41.076
17	-15.273	0.000	45.178	-18.359	10.417	12.468	43.901	13.433	44.759
18	27.919	7.143	-2.236	-26.374	-30.000	-20.566	5.160	90.244	41.620
19	4.632	5.172	26.485	-9.512	37.143	-4.474	13.146	49.123	45.722
20	2.693	20.690	58.416	24.301	20.000	8.277	29.641	33.333	50.535
21	-5.135	-8.621	32.673	-23.141	17.143	-10.738	-1.428	35.088	36.364
22	-25.566	43.103	24.257	-31.894	100.000	-19.016	-6.647	10.526	-13.636
23	-34.756	-35.897	-25.753	-22.885	21.739	55.479	-3.691	8.571	39.892
24	-13.903	-7.692	-6.175	-21.987	23.913	33.904	-18.346	2.857	-18.329
25	-23.372	12.821	-37.500	-24.295	32.609	1.370	-22.222	10.000	-7.008
26	-13.691	19.231	1.644	-10.554	-3.571	27.500	-11.275	55.556	30.915

RG: rendimiento de grano; BH: biomasa de hojas; BT: biomasa total

17 de los 26 tratamientos tuvieron mayor transgresión positiva en BH y BT; además, un promedio de nueve tratamientos mostraron transgresión positiva en RG. De esta manera es claro que la transgresión positiva en comparación con el mejor progenitor es importante en el mejoramiento de triticale, como lo es en otros cultivos autógamos, como documentan Cowen y Frey (1987), Mao *et al.* (2011) y Yadav *et al.* (1992).

CONCLUSIONES

La segregación transgresiva positiva ocurrió con frecuencia en las familias de triticale, por lo tanto, es posible la derivación de líneas superiores de esas familias, lo cual es una valiosa herramienta en el mejoramiento del triticale en el norte de México, principalmente para fines forrajeros. En todas las cruzas evaluadas, la frecuencia de familias segregantes transgresivos positivos fue menor para rendimiento de grano; sin embargo, se identificaron familias con un adecuado comportamiento para esta variable, principalmente para condiciones de restricciones de humedad.

LITERATURA CITADA

Choo, T.M., A. Kotecha, E. Reinbergs, L.S.P. Song and S.O. Fejer. 1986. Diallel analysis of grain yield in barley using doubled haploid lines. Plant Breed. 97: 129-137.

- Cowen, N.M., and K.J. Frey. 1987. Relationships between three measures of genetic distance and breeding behavior in oats (*Avena sativa* L.). Genome 29: 97-106.
- De Vicente, M.C. and S.D. Tanksley. 1993. QTL analysis of transgressive segregation in an interspecific tomato cross. Genetics 134: 585-596.
- Grant, V. 1978. Genetics of Flowering Plants. Columbia University Press, New York. 514 p.
- Jinks, J.L. and H.S. Pooni. 1980. Comparing predictions of mean performance and environmental sensitivity of recombinant inbred lines based upon F3 and triple test cross families. Heredity 45: 305-312.
- Mao, D., T. Liu, C. Xu, X. Li X. and Y. Xing. 2011. Epistasis and complementary gene action adequately account for the genetic bases of transgressive segregation of kilo-grain weight in rice. Euphytica 180: 261-271.
- Surma, M. 1996. Biometric-genetic analysis of quantitative traits of hybrids and doubled haploid lines of spring barley. Treatises and Monographs. No. 3, Institute of Plant Genetics PAS, Poznan: 110.
- Yadav, B., B. Ram, S.K. Sethi and O.P. Luthra. 1992. Genetics of field resistance and transgressive segregation to leaf rust of wheat (*Triticumaestivum* L. em. Thell.). Cereal Res. Comm. 20: 41-48.
- Yadav, B., B. Ram, S.K. Sethi and O.P. Luthra. 1992. Genetics of field resistance and transgressive segregation to leaf rust of wheat (*Triticumaestivum* L. em. Thell.). Cereal Res. Comm. 20: 41-48.
- Yadav, B., C.S. Tyagi and D. Singh. 1998. Genetics of transgressive segregation for yield and yield components in wheat. Ann. Appl. Biol. 133: 227-235.