

SELECCIÓN RECÍPROCA RECURRENTE EN DOS POBLACIONES DE MAÍZ (*Zea mays* L.) DE AMPLIA BASE GENÉTICA PARA EL TRÓPICO SECO MEXICANO.

Ma. Guadalupe Almaguer S.¹
Arnoldo Oyervides García²
Eleuterio López Pérez³
Sergio A. Rodríguez H.⁴

RESUMEN

Con el propósito de mejorar simultáneamente dos poblaciones de maíz, y evaluar el comportamiento de sus cruzas, se derivaron familias de medios hermanos en base al procedimiento de selección recíproca recurrente (Comstock *et al.*, 1949), a partir de los complejos germoplásmicos clasificados como cristalino y dentado.

Las familias generadas en Tepalcingo, Mor. se sembraron para su evaluación en Celaya, Gto., Úrsulo Galván, Ver. y Torreón, Coah. El diseño experimental utilizado fue el de bloques incompletos al azar con dos repeticiones, se establecieron dos experimentos por localidad. El experimento 1, formado por el complejo germoplásmico cristalino; y el experimento 2, constituido por el complejo germoplásmico dentado.

Los resultados indican, en forma general, que en ambos complejos germoplásmicos existe variabilidad genética, la cual se atribuyó a que éstos fueron formados con poblaciones contrastantes, a las cuales ya se les había estimado sus efectos heteróticos. Se observaron diferencias altamente significativas en la interacción familias por localidad, lo que sugiere la existencia de familias de buen comportamiento, que permitan obtener el material básico del siguiente ciclo de selección con una mayor adaptabilidad a diferentes ambientes.

Los caracteres con los que se espera un mayor avance genético son: la cobertura, acame de raíz y de tallo.

1. Estudiante graduado en Fitomejoramiento en la UAAAN.

2 Ing. M.C., 3 Ph D. y 4. Ing. Maestros Investigadores del Depto. de Fitomejoramiento, Div. de Agronomía, UAAAN.

Por último, en base a las heredabilidades obtenidas, es factible una ganancia genética considerable en rendimiento.

INTRODUCCIÓN

El mejoramiento genético de plantas, se basa en el proceso de selección mediante el cual se aumenta la población, por lo que su eficiencia dependerá en gran medida de la variabilidad genética que exista en el material básico, de la heredabilidad de los caracteres, y del método de selección a utilizar.

El mejoramiento interpoblacional es una buena alternativa a considerar en el diseño de programas de selección en maíz, ya que permite mejorar dos poblaciones genéticamente diferentes a un mismo tiempo, además de proporcionar indiferencias sobre la combinación de dos progenies diferentes los que se pueden usar en un programa de hibridación.

El esquema de selección recíproca recurrente, favorece la explotación de los efectos génicos aditivos epistáticos, de dominancia y sobredominancia, lo cual significa la totalidad de varianza genética presente en las fuentes a mejorar, asimismo, constituye una ventaja y una justificación a la alta inversión de recursos económicos y humanos durante su aplicación.

Las investigaciones, por otro lado, se han encaminado a evaluar secuencialmente poblaciones que permitan una mejor identificación del germoplasma a utilizar en programas de selección recurrente, y conjuntar complejos germoplásmicos de acuerdo a su diversidad genética y aptitud combinatoria, que lleven a la obtención de variedades mejoradas, cruza intervarietales y derivación de líneas con mayor potencial heterótico para la formación de híbridos comerciales.

La importancia de este estudio está fundamentada, tanto en las ventajas que ofrece el método de selección recíproca recurrente, forma en la gran variabilidad genética presente en caracteres cuantitativos de diferentes poblaciones de maíz, como en la necesidad de lograr la autosuficiencia en este cereal básico.

Los principales objetivos de aplicar el método de selección recíproca recurrente fueron:

- El mejoramiento simultáneo de dos complejos germoplásmicos de amplia base genética que presentan heterosis interpoblacional.
- Determinación de parámetros genéticos en las dos poblaciones base.
- Estimación del avance genético por selección recíproca recurrente.

REVISIÓN DE LITERATURA

La variación que se presenta en caracteres cuantitativos en las poblaciones de plantas, es explotada por el mejoramiento poblacional, el que puede ser realizado a través del mejoramiento intrapoblacional o interpoblacional. En el primero se explotan básicamente los efectos aditivos, en tanto que en el segundo se explotan, además de éstos, los no aditivos.

Un sistema de mejoramiento de maíz, desarrollado por Eberhart *et al.* (1967) y usado en Kenya, permite liberar variedades comerciales mediante las siguientes formas: 1) la cruce de dos poblaciones como un híbrido de cruce varietal; 2) híbridos de cruce simple, doble o de tres líneas endocriadas, desarrolladas del material élite después de cada ciclo de selección; y 3) una variedad sintética derivada de la generación avanzada de las cruces poblacionales.

Hallauer y Miranda (1981), señalan que todo programa de mejoramiento genético poblacional de maíz, debe utilizar, por lo menos, dos poblaciones de amplia base genética, de buena producción y que exhiban heterosis, con el fin de mejorar intrapoblacionalmente cada población, además de aprovechar la heterosis con la cruce varietal $C_n \times C_n$, o bien combinar las mejores líneas derivadas del C_n para una máxima explotación de la heterosis.

Gutiérrez *et al.* (1985), evaluaron el comportamiento de cruces entre poblaciones tropicales de maíz y las poblaciones BS 13 (S) C3 y el compuesto Lancaster de la Faja Maicera de los E.U., con el fin de utilizar la heterosis entre poblaciones de diferente origen. Mencionan que las cruces de poblaciones tropicales con el probador BS 13 (S) C3 fueron superiores a las del compuesto Lancaster en todas las localidades de prueba, por lo que formaron dos complejos germoplásmicos, sugiriendo que fueran explotados mediante el esquema de selección recíproca recurrente.

La heterosis es el resultado que se obtiene en la manifestación de una característica por arriba de la media de dos progenitores cuando éstos se combinan en una cruce.

Moll *et al.* (1961) estudiaron la diversidad genética y heterosis de variedades de maíz, provenientes del Sureste y Oeste medio de los E.U., así como de Puerto Rico. Los resultados indicaron que la mayor diversidad genética de las variedades progenitoras está asociada con la mayor heterosis exhibida por las cruces varietales. Sugirieron, además, que las cruces entre material genético ampliamente divergente puede tener gran utilidad para aumentar la heterosis del rendimiento. Sin embargo, en un estudio posterior sobre heterosis, hecho por Prasad y Singh (1986) con poblaciones de origen geográfico diferentes, concluyeron que la diversidad genética no debe ser el único criterio para seleccionar progenitores para hibridación. Por lo que sugieren considerar el comportamiento *per se* para estimar la heterosis.

El conocimiento que se tiene sobre la heterosis, ha permitido diseñar diversos sistemas de selección interpoblacional, tal es el caso del esquema de selección recíproca recurrente mediante el cual se explota la combinación híbrida entre dos poblaciones que exhiben heterosis, previamente determinada.

El esquema de selección recíproca recurrente (SRR) propuesto por Comstock *et al.* (1949), tiene la finalidad de mejorar el comportamiento de la cruce entre dos poblaciones, incluyendo la selección para aptitud combinatoria general y específica.

En relación al método original de Selección Recíproca Recurrente, Pateriani (1967) sugirió una modificación a éste, en donde la principal diferencia es que los individuos tienen un parentesco con los primos, además de medios hermanos, mientras que en el procedimiento original, el parentesco es de medios hermanos.

Hallauer (1970) reporta un incremento en el rendimiento, después de cuatro ciclos de SRR, en dos variedades sintéticas de maíz, así como una disminución en la variación genética. En tanto que, en las variedades de maíz Jarvis e Indian Chief; Moll y Stuber (1971) también obtuvieron incrementos en el rendimiento, mediante el uso de SRR. Señalan además que la selección interpoblacional incrementa la heterosis de las cruces poblacionales. En otro estudio después de cinco ciclos de SRR, sobre dos sintéticos de maíz Penny y Eberhart (1971) obtuvieron rendimientos superiores en la cruce intervarietal y en una de las variedades progenitoras.

Una nueva modificación al método SRR original fue propuesta por Pateriani y Vencovsky (1978) la cual se basa en medios hermanos de plantas prolíficas. La diferencia principal en este caso es que la unidad de recombinaciones es de línea S1 en lugar de familias de medios hermanos.

La eficacia del método de SRR, en cuanto a mejorar medias poblacionales de caracteres deseados, así como las cruces poblacionales, ha sido comprobada por muy diversos autores, tal es el caso de Lambert (1984), Moll y Hanson (1984) y Smith (1984) los que utilizaron poblaciones diferentes en sus trabajos.

MATERIALES Y MÉTODOS

El material genético utilizado en este estudio, se originó a partir del análisis de 10 poblaciones de maíz de amplia base genética del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), realizado por Cortez *et al* (1985) quienes determinaron utilizar el modelo Gardner y Eberhart (1966) para estimar los efectos génicos acumulativos y heterosis en cinco caracteres agronómicos de dichas poblaciones.

Del estudio anterior, el Instituto Mexicano del Maíz de la UAAAN seleccionó las siguientes: Pob. 43, Pob. 19, Pob. 20 y Pob. 23 (Cuadro 1); y en base a heterosis y características como precocidad, altura de planta y tipo de grano, formó dos complejos germoplásmicos de los cuales se obtuvieron las familias de los medios hermanos de cada complejo a través del procedimiento de selección recíproca recurrente desarrollado por Comstock *et al.* (1949) constituyendo éstas el material base de la presente investigación.

Las familias generadas se sembraron para su evaluación en las localidades de Celaya, Gto., Úrsulo Galván, Ver., y Torreón, Coah., las cuales tienen condiciones muy diferentes de clima y suelo. Se establecieron dos experimentos por localidad y se analizaron mediante un diseño de bloques incompletos al azar. El experimento I, formado por el complejo germoplásmico cristalino, como probador de las líneas dentadas, se constituyó de 12 grupos por repetición, con 21 entradas por grupo, en tanto que el experimento II fue constituido por el complejo germoplásmico dentado, como probador de líneas cristalinas, se formó de 15 grupos por repetición, con 21 entradas por grupo.

La parcela experimental fue consistente en las localidades de evaluación; y estuvo constituida de un surco por entrada, con una longitud de 4.40 m y una distancia entre surcos de 0.92 m; la distancia entre plantas fue de 0.22 m determinándose así una densidad de población de 49,382 plts/ha.

RESULTADOS

Los resultados que se presentan son producto de las evaluaciones de dos experimentos de maíz realizados en las localidades de Celaya, Gto.; Úrsulo Galván, Ver. Y Torreón, Coah. en donde se estudiaron las familias de medios hermanos formados en los complejos germoplásmicos cristalino y dentado.

Los cuadrados medios y su significancia para los caracteres agronómicos medidos en el complejo cristalino (experimento I), se presentan en el Cuadro 1., donde se aprecia que las fuentes de variación; localidades, familias dentro de grupo por localidad, familias dentro de grupos y repeticiones dentro de grupos y localidades, mostraron diferencias altamente significativas para todas las variables consideradas, a excepción del carácter acame de tallo, el cual, para la fuente de variación repeticiones dentro de grupos y localidades, mostró una diferencia significativa al .05 de probabilidad.

Los grupos no mostraron diferencias significativas para ninguna de las variables medidas, mientras que en grupos por localidad mostraron diferencias significativas al .01 de probabilidad para todas las variables estudiadas, excepto para rendimiento, el cual mostró diferencias no significativas.

Cuadro 1. Cuadros medios y coeficiente de variación para los caracteres estudiados en el Experimento I.

| Fuente de Variación | G.L. | Rendimiento | Cuadros Medios | | | | Acame de raíz (%) |
|---------------------|------|-------------|-----------------------|-----------------------|------------------------|-------------------|-------------------|
| | | | Días a flor masculina | Altura de planta (cm) | Altura de mazorca (cm) | Acame de raíz (%) | |
| Localidad | 2 | 4,921.442** | 50,085.500** | 1,756,140.000** | 293,289.000** | 9,054.883** | |
| Grupos | 11 | 11.470 ns | 17.818 ns | 424.727 ns | 251.636 ns | 132.472 ns | |
| Gpo. x Loc. | 22 | 13.014 ns | 89.182** | 5,380.364* | 3,524.364** | 302.010** | |
| Rep./ G y L | 36 | 11.441** | 15.500** | 2,307.556** | 1,091.889** | 58.121** | |
| Fam./Gpo. | 240 | 5.743** | 9.254** | 676.467** | 590.900** | 49.314** | |
| FxL/Gpo. | 480 | 3.471** | 4.818** | 216.950** | 184.304** | 32.506** | |
| Error | 720 | 2.508 | 1.901 | 216.733 | 174.933 | 25.108 | |
| Total | 1511 | 10.270 | 71.024 | 2,681.768 | 664.641 | 45.557 | |
| C.V.(%) | | 18.489 | 1.975 | 6.087 | 10.383 | 63.986 | |

* ** Significativo al 0.05 y 0.01 de probabilidad, respectivamente.

Los valores encontrados en los coeficientes de variación (Cuadro 1) fluctuaron entre 1.975 y 63.986 %, dichos valores pertenecen a los caracteres días a flor masculina y acame de raíz, respectivamente, en tanto que el carácter rendimiento resultó con un valor de 18.489 %, en el complejo cristalino. Para el complejo dentado sus valores estuvieron dentro del rango de 1.830 y 58.850% que corresponden a los caracteres: días a flor masculina y acame de raíz, respectivamente, en tanto que rendimiento tuvo un valor de 15.830%.

En las estimaciones de las varianzas genéticas y fenotípicas, así como sus errores estándar para el Complejo Cristalino (Cuadro 2), se encontró que solamente el carácter mazorcas podridas tuvo una varianza genética (0.222) muy inferior a su error estándar (1.034), el cual no se observó para ninguna de las demás variables, ni aún en el caso de las varianzas fenotípicas.

De la misma forma para el Complejo Dentado (Cuadro 3), el carácter de mazorcas podridas tuvo una estimación de varianza genética de 1.877 con un error estándar de 1.144, que, aunque es menor, se observa una tendencia similar al anterior complejo, donde el error estándar es mayor que la varianza genética. En lo que respecta a los demás caracteres, tanto para las varianzas genéticas como para las fenotípicas, los errores estándar se mantuvieron relativamente bajos en ambos complejos.

Los resultados obtenidos en las estimaciones de las heredabilidades en sentido amplio, en base a la media de una entrada, y sus respectivos errores estándar, así como los coeficientes de variación genética y las medias poblacionales, para los complejos cristalino y dentado, se muestran en los Cuadros 4 y 5, respectivamente.

Los coeficientes de variación genética más altos, para el complejo cristalino fueron: mala cobertura (30.024%), acame de raíz (21.372%) y de tallo (15.553%); y para el dentado: mala cobertura (25.380%) y acame de tallo (18.956%) en tanto que los relativamente más bajos fueron para el complejo cristalino días a flor masculina (1.231%) y altura de planta (6.462%), y para el dentado: días a flor masculina (1.023%) y altura de planta (3.492%).

En lo que respecta a los valores de heredabilidad para el complejo cristalino, éstos se encontraron dentro del rango de 0.024 ± 0.101 y 0.688 ± 0.093 ; dichos valores corresponden a las variables mazorcas podridas y altura de mazorca, respectivamente; para el caso de rendimiento, éste mostró un valor de 0.397 ± 0.099 . La variable mazorcas podridas tuvo un valor de heredabilidad (0.024) inferior a su error estándar (0.101).

Por otra parte, los valores de heredabilidad para los caracteres del complejo dentado fluctuaron entre 0.150 ± 0.090 y 0.720 ± 0.080 , los cuales pertenecen a los caracteres mazorcas podridas y altura de mazorca respectivamente.

Cuadro 2. Estimaciones de las varianzas genéticas ($\hat{\sigma}^2 g$) y fenotípicas ($\hat{\sigma}^2 f$), así como sus errores estándar, para los caracteres medidos en el Complejo Cristalino. (Experimento I).

| Caracter | $\hat{\sigma}^2 g + E.E. (\hat{\sigma}^2 g)$ | $\hat{\sigma}^2 f + E.E. (\hat{\sigma}^2 f)$ |
|------------------------|--|--|
| Rendimiento | 0.379 \pm 0.095 | 0.957 \pm 0.087 |
| Días a flor masculina | 0.739 \pm 0.149 | 1.542 \pm 0.140 |
| Altura de planta (cm) | 76.586 \pm 10.511 | 112.745 \pm 10.250 |
| Altura de mazorca (cm) | 67.766 \pm 9.169 | 98.483 \pm 8.953 |
| Acame de raíz (%) | 2.801 \pm 0.825 | 8.219 \pm 0.747 |
| Acame de tallo (%) | 5.906 \pm 1.984 | 19.562 \pm 1.778 |
| Mazorcas podridas (%) | 0.222 \pm 1.034 | 9.357 \pm 0.851 |
| <i>Fusarium</i> (%) | 6.370 \pm 2.726 | 26.407 \pm 2.401 |
| Mala cobertura (%) | 32.351 \pm 4.738 | 50.510 \pm 4.592 |

Cuadro 3. Estimaciones de las varianzas genéticas ($\hat{\sigma}^2 g$) y fenotípicas ($\hat{\sigma}^2 f$), así como sus errores estándar, para los caracteres medidos en el Complejo Dentado. (Experimento II).

| Caracter | $\hat{\sigma}^2 g + E.E. (\hat{\sigma}^2 g)$ | $\hat{\sigma}^2 f + E.E. (\hat{\sigma}^2 f)$ |
|------------------------|--|--|
| Rendimiento | 0.443 \pm 0.076 | 0.882 \pm 0.071 |
| Días a flor masculina | 0.435 \pm 0.073 | 0.852 \pm 0.069 |
| Altura de planta (cm) | 74.728 \pm 9.918 | 117.973 \pm 9.600 |
| Altura de mazorca (cm) | 69.129 \pm 7.929 | 95.620 \pm 7.781 |
| Acame de raíz (%) | 2.540 \pm 1.064 | 11.459 \pm 0.932 |
| Acame de tallo (%) | 8.942 \pm 1.828 | 20.827 \pm 1.692 |
| Mazorcas podridas (%) | 1.877 \pm 1.144 | 12.065 \pm 0.981 |
| <i>Fusarium</i> (%) | 7.956 \pm 2.652 | 28.990 \pm 2.359 |
| Mala cobertura (%) | 92.278 \pm 9.722 | 9.972 \pm 9.888 |

Cuadro 4. Coeficientes de variación genética (C.V.G.), heredabilidad ($h^2 \pm$ E.E.) en sentido amplio y medias para los nueve caracteres considerados en el Complejo Cristalino. (Experimento I).

| Caracter | C.V.G.(%) | $\hat{h}^2 \pm E.E.(\hat{h}^2)$ | \bar{X} |
|------------------------|-----------|---------------------------------|-----------|
| Rendimiento | 7.188 | 0.396 ± 0.099 | 8.565 |
| Días a flor masculina | 1.231 | 0.479 ± 0.097 | 69.811 |
| Altura de planta (cm) | 3.618 | 0.679 ± 0.093 | 241.857 |
| Altura de mazorca (cm) | 6.462 | 0.688 ± 0.093 | 127.383 |
| Acame de raíz (%) | 21.372 | 0.341 ± 0.100 | 7.831 |
| Acame de tallo (%) | 15.553 | 0.302 ± 0.101 | 15.625 |
| Mazorcas podridas (%) | 4.216 | 0.024 ± 0.111 | 11.175 |
| <i>Fusarium</i> (%) | 10.589 | 0.241 ± 0.103 | 23.835 |
| Mala cobertura (%) | 30.024 | 0.641 ± 0.094 | 18.944 |

Cuadro 5. Coeficientes de variación genética (C.V.G.), heredabilidad ($h^2 \pm$ E.E.) en sentido amplio y medias para los nueve caracteres considerados en el Complejo Dentado. (Experimento II).

| Caracter | C.V.G. (%) | $\hat{h}^2 \pm E.E.(\hat{h}^2)$ | \bar{X} |
|------------------------|------------|---------------------------------|-----------|
| Rendimiento | 7.534 | 0.502 ± 0.086 | 8.841 |
| Días a flor masculina | 1.023 | 0.510 ± 0.086 | 64.549 |
| Altura de planta (cm) | 3.492 | 0.633 ± 0.084 | 247.541 |
| Altura de mazorca (cm) | 6.423 | 0.723 ± 0.082 | 129.455 |
| Acame de raíz (%) | 13.851 | 0.221 ± 0.092 | 11.507 |
| Acame de tallo (%) | 18.956 | 0.429 ± 0.087 | 15.775 |
| Mazorcas podridas (%) | 10.132 | 0.155 ± 0.094 | 13.523 |
| <i>Fusarium</i> (%) | 10.947 | 0.274 ± 0.091 | 25.766 |
| Mala cobertura (%) | 25.380 | 0.680 ± 0.083 | 21.892 |

te. Por lo que respecta al rendimiento, éste mostró un valor de 0.500 ± 0.080 . Los valores obtenidos en los errores estándar de las heredabilidades estimadas, fueron relativamente bajas para la mayoría de las variables estudiadas, con excepción de mazorcas podridas y acame de raíz, cuyos valores oscilan alrededor de la mitad del valor de la estimación.

Las asociaciones genéticas y fenotípicas para el Complejo Cristalino se reportan en el (Cuadro 6). Se encontraron valores positivos de correlación genética entre el rendimiento y los caracteres: días a flor masculina (0.830), altura de planta (0.809), altura de mazorca (0.660), acame de raíz (0.230) y mazorcas podridas (0.870) y asociaciones genéticas negativas entre el rendimiento y los caracteres: acame de tallo (-0.048) y *Fusarium* (-0.071), en tanto que el carácter mala cobertura observó una nula asociación con el rendimiento.

Respecto a las correlaciones fenotípicas, se encontraron valores positivos y altamente significativos entre el rendimiento y las variables: días a flor masculina, altura de planta (0.476) y de mazorca (0.400), mientras que *Fusarium* estuvo correlacionado con el rendimiento en forma negativa y altamente significativa.

En lo referente al Complejo Dentado (Cuadro 7), se encontraron correlaciones genéticas positivas de rendimiento con días a flor masculina (0.692), altura de planta (0.703) y de mazorca (0.731), acame de raíz (0.260) y mala cobertura (0.129), y asociaciones genéticas negativas entre rendimiento y acame de tallo (-0.181), mazorcas podridas (-0.575) y *Fusarium* (-0.414).

DISCUSIÓN

Los resultados obtenidos en la fuente de variación familias dentro de grupos, tanto en el experimento uno como en el dos (Cuadros 1 y 2), indican la existencia de variabilidad genética en los dos complejos germoplásmicos evaluados (cristalino y dentado), en cuanto a los caracteres estudiados en esta investigación, lo cual se esperaba que se presentara, ya que este estudio incluyó solamente la evaluación de las progenies para formar el ciclo de selección uno.

Por otro lado, la variabilidad observada en ambos complejos germoplásmicos, se debe a que éstos fueron formados con poblaciones de diferente origen, esta variabilidad puede ser utilizada para aumentar los rendimientos en ambos complejos, así como en la formación de híbridos con líneas sobresalientes de cada ciclo y de cada población ya que estudios hechos por Moll *et al.* (1977), Hallauer (1978), Hallauer y Miranda (1981) y Khehra *et al.* (1987), así lo sugieren.

En cuanto a la alta significancia encontrada en la interacción familia por localidad, para todos los caracteres estudiados y en ambos complejos ger-

Cuadro 6. Coeficientes de correlación genética (γ_{Gxy}) y fenotípica (γ_{Fxy}) entre los caracteres medidos y rendimiento en base al análisis de covarianza combinado, para el Experimento I.

| Caracter | Rendimiento | |
|------------------------|----------------|----------------|
| | γ_{Gxy} | γ_{Fxy} |
| Días a flor masculina | 0.830 | 0.246 ** |
| Altura de planta (cm) | 0.089 | 0.476 ** |
| Altura de mazorca (cm) | 0.660 | 0.400 ** |
| Acame de raíz (%) | 0.230 | 0.067 |
| Acame de tallo (%) | -0.048 | -0.088 |
| Mazorcas podridas (%) | 0.870 | -0.041 |
| <i>Fusarium</i> (%) | -0.071 | -0.279 ** |
| Mala cobertura (%) | 0.000 | -0.018 |

**Significativo al .01 de probabilidad

Cuadro 7. Coeficientes de correlación genética (γ_{Gxy}) y fenotípica (γ_{Fxy}) entre los caracteres medidos y rendimiento en base al análisis de covarianza combinado, para el Experimento II.

| Caracter | Rendimiento | |
|------------------------|----------------|----------------|
| | γ_{Gxy} | γ_{Fxy} |
| Días a flor masculina | 0.692 | 0.334 ** |
| Altura de planta (cm) | 0.703 | 0.454 ** |
| Altura de mazorca (cm) | 0.731 | 0.500 ** |
| Acame de raíz (%) | 0.260 | 0.023 |
| Acame de tallo (%) | -0.181 | -0.193 ** |
| Mazorcas podridas (%) | -0.575 | -0.244 ** |
| <i>Fusarium</i> (%) | -0.414 | -0.407 ** |
| Mala cobertura (%) | 0.129 | 0.097 |

** Significativo al .01 de probabilidad.

moplásmicos (Cuadros 1 y 2), indica que el material evaluado tuvo una respuesta diferencial importante a los ambientes proporcionados por cada localidad de prueba. Asimismo, la presencia de significancias para todos los caracteres en la fuente de variación familias dentro de grupos, en los dos complejos, sugiere la existencia de familias de buen comportamiento en caracteres de interés, que permitan sean seleccionadas las líneas adecuadas para su recombinación y obtener así el material básico del siguiente ciclo de selección con una mayor adaptabilidad a diferentes ambientes, ya que cualquier programa de mejoramiento busca, además de obtener material sobresaliente, que éste posea la mayor adaptabilidad posible, para lo cual se puede utilizar el método de selección recíproca recurrente de doble ambiente sugerido por Moreno (1986).

Lo referente a los coeficientes de variación obtenidos en las diferentes características medidas en ambos complejos fueron relativamente bajos a excepción de los caracteres que se expresaron en porcentaje, los cuales fueron altos a pesar de que se analizaron transformando los valores originales por arco seno, esto último es atribuido por Steel y Torrie (1986) a que los datos expresados en porcentaje siguen una distribución binomial y no siempre se consigue adaptar los datos a la distribución normal.

En referencia a los valores obtenidos para ambos complejos, en los coeficientes de variación genética, los caracteres para los cuales se espera un mayor avance genético, en base a la cantidad de variación que presentan son: ma-la cobertura (30.024%), acame de raíz (21.372%) y tallo (15.553%).

En forma general, los valores de la correlación genética detectados tanto en el complejo cristalino como en el dentado (Cuadros 6 y 7 respectivamente) superaron a los de la correlación fenotípica, ésto es atribuido a la presencia de interacción familia por localidad en todos los caracteres, lo que va de acuerdo a lo mencionado por Goldenberg (1968), que tanto el grado como el sentido de las correlaciones entre caracteres es influido por los efectos ambientales proporcionados por las localidades de prueba, refiriéndose a lo mismo Comstock y Moll (1963) señalan que el efecto provocado por la interacción genotipo-ambiente es la reducción en la correlación entre genotipo y genotipo.

En cuanto a la correlación negativa para ambos complejos, entre rendimiento y acame de tallo, mazorcas podridas y *Fusarium*, es favorable para esta investigación, ya que al seleccionar para incrementar el rendimiento éstas tenderán a reducirse.

Los altos valores de correlación genética o fenotípica encontrados entre el rendimiento y días a flor masculina, altura de planta, altura de mazorca y porcentaje de *Fusarium*, podrán ser aprovechados mediante su inclusión en la construcción de un índice de selección que haga máxima la ganancia genética por ciclo, aunque por otro lado sería conveniente realizar un análisis de los coefi-

cientes de correlación, por medio de un análisis de senderos, con el objetivo de considerar en el índice de selección solamente las variables que tengan una contribución considerable en la manifestación del rendimiento.

CONCLUSIONES

De acuerdo a los objetivos planteados y a los resultados obtenidos, se llegó a las siguientes conclusiones:

1. Existe gran variabilidad genética en ambos complejos germoplásmicos, lo anterior debido a que fueron formados con poblaciones de diferente origen.
2. Esta variabilidad puede ser utilizada para aumentar por selección el rendimiento en ambos complejos, así como en la formación de híbridos con líneas sobresalientes de cada ciclo y de cada población.
3. Las familias evaluadas respondieron en forma diferente a los ambientes que prevalecen en cada localidad, lo que indica que es necesario hacer énfasis en seleccionar para adaptabilidad a diferentes ambientes.
4. Los caracteres para los cuales se espera un mayor avance genético, en base a la cantidad de variación que presentan, son: mala cobertura (30.024%), acame de raíz (21.372%) y de tallo (15.553%).

De acuerdo a las heredabilidades obtenidas en ambos complejos, es factible obtener una ganancia genética considerable para el carácter rendimiento (1,203 ton/ha) con un mayor número de ciclos de selección.

BIBLIOGRAFÍA

- Comstock, R.E. y R.H. Moll. 1963. Genotype environment interactions. Stat. Genet. and Plant Breeding U.S.A. 982:164-196.
- Comstock, R.E., H.F. Robinson y P.H. Harvey. 1949. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. Agronomy Journal 41:360-367.
- Cortez, M.H., C.A. Rodríguez, G.M. Gutiérrez, I.J. Durón, C.R. Girón y G.M. Oyer-vides. 1985. Evaluation of broad-base improved populations of maize (*Zea mays* L.) I. Cumulative Gene Effects and Heterosis. Boletín informativo de la UAAAN. 43.

- Eberhart, S.A., M.N. Harrison y F. Ogada. 1967. A comprehensive breeding system. *Zuchter* 37:169-174.
- Gutiérrez, M.A., M.H. Cortez y J.I. Durón. 1985. Evaluación de cruza entre poblaciones de maíz (*Zea mays* L.) tropicales y templados. Trabajo presentado en la XXXI reunión anual del PCCMCA. San Pedro Sula, Honduras. Pags. 1-17.
- Gardner, C.O. and S.A. Eberhart. 1966. A general model for genetic effects. *Biometrics* 22:864-881.
- Goldenberg, J.B. 1968. El empleo de la correlación en el mejoramiento genético de las plantas. *Fitotecnia Latinoamericana* 5(2):1-8.
- Hallauer, A.R. and J.B. Miranda, Fo. 1981. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press/Ames. p. 89/91, 118-150. United States of America.
- Hallauer, A.R. 1978. Recurrent selection programs. *Illinois Corn Breeders Sch.* 14:28-45.
- Khehra, A.S., B.S. Dhillan, N.S. Malhi, S.S. Pal., V.K. Saxena y V.V. Malhotra. 1987. Reciprocal recurrent selection multitrait indices in maize. *Euphytica* 35(3) 817-822.
- Lambert, R.J. 1984. Reciprocal recurrent selection of maize in a high-yield environment. *Maydica* 29(4) 419-430.
- Moll, R.H., W.S. Salhuana and H.F. Robinson. 1961. Heterosis and genetic diversity in variety crosses of maize. *Crop Sci.* 2: 197- 198.
- Moll, R.H. y C.W. Stuber. 1971. Comparisons of response to alternative selection procedures initiated with two populations of maize (*Zea mays* L.) *Crop Sci* 11:706-711.
- Moll, R.H. y W.D. Hanson. 1984. Comparisons of effects of intrapopulation vs. interpopulation selection in maize. *Crop Sci.* 24(61) 1047-1052.
- Moll, R.H., W.S. Salhuana y H.F. Robinson. 1961. Heterosis and genetic diversity in variety crosses of maize. *Crop Sci.* 2: 197- 198.
- Moll, R.H., A. Bari y C.W. Stuber. 1977. Frequency distributions of maize field before and after reciprocal recurrent selection. *Crop Sci.* 17:749-796.
- Moreno, G.J. 1986. Choice of environments in reciprocal recurrents selection programs. *Theoretical and Applied Genetics* 71(4) 652-656.

- Paterniani, E. 1967. Selection among and within half-sib families in a brazilian population of maize. *Crop Sci.* 7:212-215.
- Paterniani, E. y R. Vencovsky. 1978. Reciprocal recurrent selection based on half-sib progenies and prolific plants in maize (*Zea mays* L.), *Maydica* 23:209-219.
- Penny, L.H. y S.A. Eberhart. 1971. Twenty years of reciprocal recurrent selection with two synthetic varieties of maize. *Crop. Sci.* 11:900-903.
- Prasad, S.K. y T.P. Singh. 1986. Heterosis in relation to genetic divergence in maize (*Zea mays* L.) *Euphytica* 35(3) 919-924.
- Smith, O.S. 1984. Comparisons of effects of reciprocal recurrent selection in the BSSS(R), BSCBI(R) and Bs6 populations. *Maydica* 29:1-8.
- Steel, R.D. y J.H. Torrie. 1986. *Biestadística: Principios y Procedimientos*. 1ª edición. McGraw Hill de México, S.A. de C.V. Pag. 622.