

Estrategias de selección en familias de hermanos completos en dos poblaciones de maíces criollos

Selection strategies of full-sib families in two landraces corn populations

Rodríguez Pérez G¹, F Zavala García¹, A Gutiérrez Díez¹, JE Treviño Ramírez¹, MC Ojeda Zacarías¹, M Mendoza Elos²

Resumen. El objetivo de este estudio fue estimar índices de selección, selección simultánea de caracteres independientes, y ganancias genéticas en un programa de selección recurrente de familias de hermanos completos en dos poblaciones de maíz: la 15 y 45 de Pinto Amarillo. Se evaluaron 81 familias de cada población bajo un diseño experimental alfa-lattice 9x9 con tres repeticiones en condiciones de riego en el campo experimental de la Facultad de Agronomía de la Universidad Autónoma de Nuevo León, México; las variables registradas fueron: altura de planta, altura de mazorca, floración masculina, floración femenina, rendimiento de grano, longitud de mazorca, diámetro de mazorca y número de hileras por mazorca. Los índices de selección fueron más eficientes ya que involucraron hasta siete variables asociadas al rendimiento de grano, principalmente altura de planta, floración masculina, diámetro de mazorca, número de hileras por mazorca, y longitud de mazorca.

Palabras clave: Correlación genética; Correlación fenotípica; Rendimiento de grano; Índices de selección.

Abstract. The objective of this study were to estimate selection, simultaneous selection of independent characters, and genetics gain, in a recurrent selection program of full-sib families in two corn populations. We evaluated 81 families under irrigation of two native populations of Pinto Amarillo of maize numbers "15" and "45" at the experimental field of the Faculty of Agronomy of the UANL, México. The experimental design was a 9x9 alfa-lattice with three replications; the study variables included plant height, ear height, days to male and female flowering, grain yield, ear length, ear diameter and number of rows per ear. The selection indexes were more efficient because they involved up to seven characters associated to grain yield, mostly plant height, days to male flowering, ear diameter, number of rows per ear and ear length.

Keywords: Genetic correlation; Phenotypic correlation; Grain yield and selection indexes.

¹ Universidad Autónoma de Nuevo León. Facultad de Agronomía. Carretera Zuazua-Marín km 17.5, Marín N.L, México. Tel. y Fax (81) 83294000 ext. 351.

² Instituto Tecnológico de Roque, Km 8. Carretera Celaya-Juventino Rosas, Celaya Guanajuato, México. Tel 01461-6115903 ext. 135.

Address correspondence to: Gilberto Rodríguez Pérez, e-mail: grodriguez263@hotmail.com

Received 24.II.2014. Accepted 3.VI.2015.

INTRODUCCIÓN

Gran parte de la diversidad genética del maíz nativo de México aún se puede encontrar en los campos agrícolas en forma de variedades criollas, ya que sólo en 23% de la superficie sembrada con maíz se usa semilla mejorada (Polanco y Flores, 2008). Además, los agricultores siguen identificando características favorables a sus necesidades y preferencias, y combinando materiales genéticos de manera creativa para generar mayor variación (Louette y Smale, 1996). Para la selección del mejor genotipo, hay que tomar en cuenta un gran número de características agronómicas, algunas de las cuales pueden estar correlacionadas desfavorablemente. Una herramienta de gran utilidad son los índices de selección (IS) que permiten identificar genotipos que involucren varias características simultáneas. Así, Smith (1936), fue quien sugirió el empleo del concepto de una función discriminante como una forma lógica y sistemática en la selección de líneas para mejorar simultáneamente varias características cuantitativas. El principal objetivo del índice de selección fue de maximizar el promedio del valor genético de una población; de esta manera se desarrolló el presente trabajo de investigación con dos poblaciones criollas de maíz.

La respuesta a la selección podría ser más eficiente si se consideraran simultáneamente caracteres con alta heredabilidad, y positivamente correlacionados con el rendimiento de grano (Bujak et al., 2007). Al respecto, se ha realizado con éxito investigación para la selección simultánea de caracteres en especies animales y vegetales. Actualmente se requiere estudiar en el maíz para grano una metodología para determinar que caracteres deben incluirse en la selección simultánea, a fin de mejorar la producción. Nuevo León cuenta con una superficie agrícola de maíz de 26405 ha (86%) de siembras bajo condiciones naturales, con una producción promedio entre 0,63 a 1,76 ton/ha; el 14% (4147 ha) se realiza bajo riego, obteniendo rendimientos promedios entre 1,46 a 4,47 ton/ha (SIAP, 2012) comparados con el promedio nacional de 3.08 ton/ha. Las siembras se realizan con tecnología intermedia y aún son frecuentes las siembras con variedades criollas de polinización abierta como Pinto Amarillo, que cuentan con amplia distribución, precocidad y adaptación entre otras características.

Los agricultores han estado sembrando estas variedades por más de 15 años bajo condiciones naturales, e indican que sus rendimientos son de 1,0 t/ha. Debido a estos bajos rendimientos, y a la escasez de semilla mejorada, surge la necesidad de desarrollar mejores genotipos con mayor grado de adaptación e incrementar el rendimiento. Esto puede impactar directamente en la economía de los agricultores y un mejor abasto de semilla. Por tal motivo, el objetivo del presente trabajo fue estimar índices de selección utilizando caracteres agronómicos, y su ganancia genética predicha comparado con la selección independiente.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se sembraron dos poblaciones seleccionadas de un grupo de 75 colectadas por Zavala et al. (2010) en un proyecto financiado por la CONABIO. Estas poblaciones obtuvieron en promedio los mejores rendimientos de grano identificadas dentro de un ensayo de rendimiento de bloques completamente al azar en cuatro repeticiones establecido en el ciclo primavera 2009. Las poblaciones "15", perteneciente a Santa Isabel, municipio de Villaldama, y "45", de Colorado, municipio de Vallecillo, fueron seleccionadas con base al grupo de Pinto Amarillo. Dichas poblaciones representaron una proporción del 40% de las 75 colectas. En el ciclo primavera 2010 se sembraron ambas poblaciones en lotes aislados, en el campo experimental de la Facultad de Agronomía, Campus Marín (25° 53' N y 100° 03' O), ubicado sobre la carretera Zuazua-Marín km 17,5 en el Municipio de Marín, Nuevo León. Dicho sitio tiene una elevación de 375 msnm, una temperatura promedio anual de 22 °C, y una precipitación promedio anual de 573 mm (García, 1973). Cada lote estuvo constituido de 26 surcos de 10 metros de largo con una distancia entre surcos de 0,80 m. La siembra se realizó el 12 de marzo de 2010. En cada lote se realizaron 200 cruza planta a planta, identificando la bolsa de cada una de las cruza; se utilizó el método de selección de familia de hermanos completos. Las plantas utilizadas se seleccionaron visualmente con características agronómicas deseables, obteniéndose 81 familias de cada población.

La evaluación de las familias se realizó en otoño 2010, para lo cual se estableció un ensayo de rendimiento con las 81 familias bajo un diseño alfa-látice triple 9x9 con tres repeticiones. La unidad experimental consistió de un surco de 5 m de longitud por familia, con 25 semillas espaciadas a 20 cm a una distancia entre surcos de 0,80 m, para una densidad de 50000 plantas/ha. La siembra se realizó el 19 de Agosto. Al momento de la cosecha se aplicó el 10% de presión de selección. En el ciclo agrícola primavera 2011 se realizó la recombinación con las mejores familias seleccionadas de ambas poblaciones, basado en los índices de selección y siguiendo la metodología de Barreto et al. (1991) Para esto, se formó un compuesto balanceado (mezcla mecánica de una misma cantidad de semillas de cada familia seleccionada) utilizando las 9 mejores familias seleccionadas en ambas poblaciones. Se utilizaron 180 gramos en total, considerando 20 gramos por familia seleccionada. La siembra fue el 04 de marzo en lotes aislados para permitir la recombinación y generar el C₁ de selección.

Para la evaluación de las familias y la formación de los índices de selección se consideraron como base las variables agronómicas que a continuación se mencionan: (1) altura de planta (AP, cm), medida desde la base de la planta a la punta de la espiga; (2) altura de mazorca (AM, cm), medida desde la base de la planta a la base de la mazorca; (3) días a floración masculina (FM, días), se consideró cuando más del 50% de las plantas de la parcela estuvieran soltando polen en más del 50%

de la espiga, (4) días a floración femenina (FF, días), se registró cuando más del 50% de las plantas de la parcela estuvieran con los estigmas receptivos; (5) longitud de la mazorca (LM, cm), se midió con una regla graduada en cm, desde la base a la punta de la mazorca. El tamaño de muestra fue al azar de cinco mazorcas por parcela; (6) diámetro de la mazorca (DM, cm), se midió con un vernier graduado en cm que se colocó en la parte media de la mazorca. Se obtuvo el dato de cinco mazorcas representativas. Se calculó el promedio en cm y se registró el dato por parcela; (7) número de hileras de la mazorca (HM), se estimó contando las hileras de una muestra de cinco mazorcas de cada parcela. El dato se promedió y se registró como el dato promedio por mazorca, y (8) rendimiento de grano (RG) por parcela, se cosecharon todas las plantas y se pesó el grano en kg, posteriormente se transformó en ton/ha.

Los análisis de variancia se realizaron para todas las variables de acuerdo con el lineamiento experimental de alfa-látice triple, conforme al método presentado por Cochran y Cox (1980). La estimación de los componentes de la variancia genética se realizó utilizando la información de las esperanzas de cuadrados medios. La ventaja de estas estimaciones es que permite tener idea de la magnitud de los diferentes efectos genéticos (Searle, 1971). De acuerdo con Hallauer y Miranda (1981), corresponde al modelo aleatorio. Se calculó la predicción de la respuesta a la selección (R), la cual es el cambio producido por la selección que interesa (significa la diferencia de valor fenotípico medio entre la descendencia de los progenitores seleccionados y la generación parental antes de la selección). Se utilizó la fórmula de Hazel y Lush (1942).

$$R = i h^2 \delta^2_A$$

Donde:

R= predicción de selección

i = presión de selección 10% = 1.40

h² = heredabilidad en sentido estrecho

δ^2_A = variancia aditiva.

Para la selección de las mejores familias se construyeron los índices con base a la metodología propuesta por Barreto et al. (1991). Este método es muy eficiente para el mejoramiento y realización de selección simultánea de varias características cuantitativas en un programa de mejoramiento; la fórmula empleada para estimar el índice fue la siguiente:

$$IS = \{ [(Y_j - M_j)^2 * I_j] + [(Y_i - M_i)^2 * I_i] + \dots + [(Y_n - M_n)^2 * I_n] \}^{1/2}$$

Donde:

IS = Índice de selección; $Y_{i..n}$ = variable; $M_{j..n}$ = meta de selección; $I_{j..n}$ = intensidad de selección.

Las variables que fueron incluidas en la selección se encontraban con valores en unidades distintas (toneladas, centímetros, días, porcentajes, etc.). Debido a esto fue necesario es-

tandarizar cada uno de ellos de manera que las características pudieran combinarse mediante la fórmula siguiente:

$$Z = \frac{y_j - \bar{y}}{s}$$

Donde:

Z= valor estandarizado; y_j = valor observado para la familia j; \bar{y} = promedio de todas las familias; s= desviación estándar del grupo de familias.

El valor estandarizado de cada una de las variables es, entre más cerca se encuentre a la meta deseada, más pequeño será el valor del índice de selección y más cerca se encontrará la familia de los criterios deseados. Sin embargo, entre más grande sea el valor del índice, más alejado se encuentra la familia con los criterios establecidos. Las familias que obtuvieron el valor del índice de selección más pequeño fueron consideradas como superiores, ya que reunieron la mayoría de los caracteres requeridos en la selección. Para la construcción de los índices en ambas poblaciones se requirió mantener la media poblacional en altura de planta y altura de mazorca, además de identificar familias precoces, con buena longitud y diámetro de mazorca, así como número de hileras por mazorca y buen potencial de rendimiento.

Las ecuaciones simultáneas para obtener los coeficientes b_i , de acuerdo con Hazel (1943) quedaron expresadas de la siguiente forma:

$$b_1 P_{11} + b_2 P_{21} + \dots + b_n P_{n1} = G_1 r$$

$$b_1 P_{12} + b_2 P_{22} + \dots + b_n P_{n2} = G_2 r$$

$$\dots \dots \dots$$

$$b_1 P_{1n} + b_2 P_{2n} + \dots + b_n P_{nn} = G_n r$$

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 variancia fenotípica y G_{ij} la variancia genética. Los parámetros genotípicos y fenotípicos de las ocho características se pueden representar en forma de matriz de la siguiente forma: $Pb = G$

Donde: P= matriz de variancia 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.

Se estimaron las respuestas a la selección a través de la siguiente ecuación (Robinson et al., 1951):

$$\Delta G = z/p \sqrt{b_1 \delta y_g + b_2 \delta y_g + \dots + b_n \delta y_g}$$

Donde:

ΔG = Ganancia genética.

z/p = Diferencial de selección estandarizado (con valor de 1.75)

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

δy_{g_n} = covarianza genética del rendimiento (y) con el carácter n.

El cálculo de la eficiencia relativa de la respuesta esperada a la selección con los índices se hizo de acuerdo a la fórmula de Hazel y Lush (1942).

$$R_1 = k [h^4 \delta_{p(1)}^2 + \dots h_n^4 \delta_{p(n)}^2]^{0.5}$$

Para el cálculo de la eficiencia relativa de la respuesta a la selección de caracteres independientes se utilizó la siguiente fórmula:

$$R_2 = h^2 k_1 \delta_{p(1)} + \dots h_n k_n \delta_{p(n)}$$

Donde:

R = Eficiencia relativa

k = Diferencial de selección estandarizado. (con valor de 1.40)

δ_p^2 = desviación estándar fenotípica

h^2 = heredabilidad.

Se realizó un análisis de correlación tanto fenotípica como genotípica entre los caracteres estudiados; para esto se utilizaron las estimaciones de los componentes de varianza y covarianza, respectivos.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Para la población "15" (Tabla 1) se presentaron diferencias entre familias para AM, FM, FF y RG. La diferencias significativas encontradas entre familias para rendimiento de grano coincide con lo informado por Coutiño et al. (2008). Estos autores reportaron diferencias entre familias al realizar selección recurrente de hermanos completos en tres poblaciones de maíz en Chiapas. En los componentes de varianza estimados

como varianza genética se encontraron mayores valores en las variables AM (83,638) y FM (0,262) principalmente; estas variables son indicadores para enfocarse a predecir y realizar la selección dentro de la población. En cuanto a la varianza fenotípica los caracteres que obtuvieron mayores valores fueron AP (750,304), AM (129,772) y RG (21,55), lo que permite postular que estas variables tienen potencial genético para mejorar tales caracteres. Cabe señalar que en la varianza aditiva (δ^2A) se encontraron mayores estimaciones en altura de mazorca e hileras por mazorca con valores mayores de heredabilidad. Esto podría estar relacionado con la variabilidad genética de la población y que la varianza genética representa casi toda la variación existente dentro de estas. Es decir, que el componente genético es el principal factor de variación existente dentro de la población. La gran mayoría de los agricultores del Estado de Nuevo León realizan la selección de la semilla de sus maíces criollos en base a mazorca: las eligen bien desarrolladas y que no presenten daño por plagas y enfermedades.

Estas prácticas podrían conducir a mejorar la población en especial a las variables como de mazorca e hileras por mazorca, por presentar valores altos en la respuesta a la selección. Por otra parte, cuando la varianza aditiva es mayor indica que fue la que más contribuyó a la variación fenotípica del carácter en comparación con la varianza fenotípica. De acuerdo con Pérez et al. (2000), debe considerarse que aunque las estimaciones de heredabilidad son relativamente bajas, esto no es garantía de que la respuesta a la selección sea baja. Con el propósito de hacer una mejor selección de las familias, se estimaron ganancias genéticas comparando índices de selección con selección de caracteres independientes utilizando uno, dos, tres hasta siete caracteres asociados al rendimiento de grano. En la Tabla 2, se refleja que las mayores ganancias genéticas (0,356) se presentaron cuando se incluyeron siete caracteres: (R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)

Tabla 1. Cuadrados medios del análisis de varianza individual para la población "15" de Pinto Amarillo.

Table 1. Mean squares of the individual analysis of variance for the population "15" of Pinto Amarillo.

FV	GL	AP (cm)	AM (cm)	FF (días)	FM (días)	RG (t/ha)	LM (cm)	DM (cm)	HM (No.)
Bloques	8	115,351	242,531	15,283	16,054	0,108	1,535	0,355	2,161
Bloque (Rep)	13	570,146	465,285	6,108	7,424	0,225	2,020	0,197	0,990
Familias	80	443,279 ns	313,414**	3,399*	6,698**	0,110*	1,793 ns	0,118 ns	1,491 ns
B*Fam	132	515,237 ns	257,308 **	4,136*	6,341**	0,105*	2,260 ns	0,117 ns	1,031 ns
Error	160	869,479	62,50	6,20	5,91	32,28	5,32	0,25	3,635
δ^2G		-142,066	83,638	-0,933	0,262	-10,723	-1,175	-0,044	-0,714
δ^2F		750,304	129,772	4,133	6,067	21,555	4,289	0,2061	2,775
δ^2A		-7,380	5,754	-0,075	0,036	0,00051	-0,047	0,00010	0,047
h^2		-0,0098	0,044	-0,018	0,0060	0,0002	-0,011	0,0005	0,101
R		-0,101	0,354	-0,0018	0,00030	0,000	-0,00072	0,0000	0,0066

ns: no significativo; * significativo al 0,05; ** significativo al 0,01; δ^2G : varianza genética; δ^2F : varianza fenotípica; δ^2A : varianza aditiva; h^2 : heredabilidad sentido estrecho; R: predicción a la selección.

(R/LM)(R/DM)(R/HM) seguido de la combinación de seis y cinco caracteres, así sucesivamente hasta llegar a dos caracteres. Cabe señalar que las mayores ganancias se presentaron cuando intervienen dos caracteres asociadas al rendimiento como lo fue en R/AP (0,689) y R/HM (0,625). También se resalta la mayor ganancia en estas variables sin estar asociadas al rendimiento AP (0,695) y HM (0,772).

Los mejores índices de selección se encontraron en la combinación R/AP (1,828), R/DM (1,716) y R/HM (1,541); en el caso de selección de caracteres independientes se pudo notar que los caracteres más eficientes fueron los siguientes: R/AP (0,815), R/HM (0,751), R/LM (0,710) y R/DM (0,670). Esto indica que son un criterio a considerarse para mejorar la población lo cual coincide con lo referido por Jawad y Sadaqat (2010). Estos autores encontraron mayores ganancias genéticas e índices de selección en familias S_1 de maíces derivadas de una población, cuando se involucraron más de dos caracteres en el primer ciclo de selección. Además, recomendaron

considerar estos caracteres para el siguiente ciclo y mejorar la población tomando en cuenta los caracteres relacionados con el rendimiento de grano. A medida que se van involucrando más de dos caracteres con rendimiento de grano presentaron mayores ganancias genéticas. Lo mismo sucedió cuando intervinieron siete y seis caracteres (R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM)(R/HM), quienes obtuvieron valores de 0,356 y 0,323 respectivamente. Estas variables son un parámetro para mejorar la población. Esto coincide con lo referido por Jawad y Sadaqat (2010) quienes encontraron mayores ganancias genéticas en índices de selección en familias S_1 de maíces derivadas de una población, cuando se involucraron más de dos caracteres en el primer ciclo de selección, y ser consideradas para el siguiente ciclo, y mejorar la población considerando los caracteres relacionados con el rendimiento de grano. Estos resultados concuerdan también con lo referido por Hazel y Lush (1942), quienes mencionaron que los índices de selección permiten separar genotipos con base en la

Tabla 2. Coeficientes y ganancia genética con índices de selección y selección independiente entre ocho caracteres de maíz de grano de la población "15" de Pinto Amarillo.

Table 2. Coefficients and genetic gains with selection indexes and independent selection among eight grain corn characters of the population "15" of Pinto Amarillo.

Carácter	Coefficientes	Ganancia Genética	Índice de Selección	Selección Independiente
R	0,043	0,362	0,693	0,143
AP	0,158	0,695	1,691	0,672
AM	0,091	0,527	1,049	0,316
FF	0,014	0,207	0,667	0,040
FM	0,011	0,183	0,385	0,078
LM	0,017	0,228	1,364	0,567
DM	0,113	0,588	1,569	0,527
HM	0,195	0,772	1,376	0,607
R/AP	0,163	0,689	1,828	0,815
R/AM	0,046	0,348	1,257	0,459
R/FF	-0,006	0,150	0,962	0,183
R/FM	-0,032	0,165	0,792	0,221
R/LM	0,044	0,155	1,531	0,710
R/DM	0,057	0,220	1,716	0,670
R/HM	0,076	0,625	1,541	0,751
(R/AP)(R/AM)	0,038	0,286	0,788	1,274
(R/AP)(R/AM)(R/FM)	0,048	0,285	0,803	1,457
(R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)	0,034	0,284	0,845	1,678
(R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)	0,035	0,286	1,003	2,388
(R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM)	0,049	0,323	1,180	3,058
(R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM)(R/HM)	0,069	0,356	1,300	3,809

R: rendimiento de grano; AP: altura de planta; AM: altura de mazorca; FM: floración masculina; FF: floración femenina; LM: longitud de mazorca; DM: diámetro de mazorca, HM: hileras por mazorca.

evaluación simultánea de varios caracteres y el que proporcione ganancia genética máxima es el mejor.

Se encontraron correlaciones genotípicas positivas entre los caracteres R/AP (0,566), R/HM (0,602), R/DM (0,731), R/LM (0,092), AP/HM (0,797), DM/HM (0,791) y LM/DM (0,681) lo cual es deseable. Esto se debe a que estos caracteres involucrados con estrecha relación pueden usarse con gran ventaja en la selección para el siguiente ciclo y ser consideradas para continuar mejorando la población. Con las correlaciones observadas cabría la posibilidad de aumentar el rendimiento de grano mediante la selección de plantas con mayor altura de planta, floración masculina y longitud de mazorca, más aún si se tiene en cuenta que el diámetro de mazorca presentó mayor heredabilidad. El progreso que se podría esperar al incluir este carácter en generaciones tempranas sería significativo, lo cual concuerda con la información de Presterl et al. (2003). Al utilizar estas características hay que evitar la selección de plantas tardías. Por otra parte, 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 (Badu, 2007).

Al aumentar el número de caracteres correlacionados con el carácter por mejorar, se obtendría mayor avance genético. La correlación es una medida de la comunidad de genes que gobiernan en común el carácter objeto de la selección y los caracteres del índice (Daros et al., 2004). Para la identificación de las mejores nueve familias en la población "15" (Tabla 3) se aplicó el 10% de presión de selección considerando criterios

de selección. En este caso se identificaron las familias que presentaron valores bajos en los índices de selección, como fue en la familia 65 con $I=6,172$ hasta la familia 31 con $I=8,562$. Se determinó que las familias fueran mantuvieran la media poblacional para altura de planta y altura de mazorca, además de encontrar familias con precocidad, donde estas no superaron sus valores a la media. Se identificaron familias con buen potencial de rendimiento de grano, con mayor tamaño y ancho de mazorca, y mayor número de hileras por mazorca.

Para la población "45" de Pinto Amarillo (Tabla 4) se encontraron diferencias significativas dentro de familias para AP, AM, FM, RG, LM, DM y HM. En las estimaciones para varianza genética (δ^2G) los valores más altos se presentaron en AP (119,101), AM (79,822) y LM (2,154); sin embargo, para la varianza fenotípica (δ^2F) las variables de mayor interés fueron AP (220,453), AM (112,077), FF (4,700), FM (2,972) y LM (2,772); en el caso de la varianza aditiva (δ^2A) las variables con mayores valores fueron AM (0,802), LM (0,170) y HM (0,112). Para las estimaciones de heredabilidad, las variables de mayor interés por presentar mayores valores fueron LM (0,061) y HM (0,028), aunque los valores realmente fueron bajos. En el caso de la respuesta a la selección, las variables que sobresalieron fueron LM (0,014), AM (0,008) y HM (0,004). Los valores encontrados en estas tres variables tienen implicancias importantes desde el punto de vista de mejoramiento práctico, ya que las mejores familias seleccionadas para estas variables pueden ser aprovechadas más adecuadamente en la formación de una población por selección recurrente (Hallauer y Miranda, 1981).

Tabla 3. Familias seleccionadas de la población "15" de Pinto Amarillo en base a los índices de selección.

Table 3. Selected families from the population "15" of Pinto Amarillo based on selection indexes.

F-HC	Índice	AP (cm)	AM (cm)	FF (días)	FM (días)	RG (t/ha)	LM (cm)	DM (cm)	HM (No.)
65	6,172	225,000	110,000	64,667	65,667	2,400	15,800	2,980	12,667
30	6,386	218,333	118,333	65,000	66,667	2,107	17,200	2,880	13,333
42	6,591	210,000	113,333	64,667	66,667	2,087	16,733	2,607	13,200
50	6,697	223,333	120,000	64,000	64,667	1,970	16,270	2,807	12,950
70	7,179	205,000	95,000	63,667	65,333	1,880	15,800	2,687	12,933
49	7,783	223,333	123,333	64,667	65,333	1,837	16,133	2,787	14,467
71	7,812	213,333	110,000	64,333	65,667	1,797	17,333	2,700	12,867
23	8,359	220,000	106,667	65,667	64,667	2,047	16,600	2,580	12,537
31	8,562	220,000	120,000	65,333	65,000	1,903	15,533	2,633	13,867
	Máxima	258,333	151,667	67,000	69,333	2,400	17,333	3,207	14,467
	Media	226,430	114,580	66,189	67,749	1,382	10,883	2,533	12,678
	Mínima	195,000	93,333	61,667	62,000	1,310	13,633	1,840	11,067

RG: rendimiento de grano; AP: altura de planta; AM: altura de mazorca; FM: floración masculina; FF: floración femenina; LM: longitud de mazorca; DM: diámetro de mazorca, HM: hileras por mazorca.

Nota: Los valores de Máxima, Media y Mínima son datos de las 81 familias.

Tabla 4. Cuadrados medios del análisis de varianza individual para la población "45" de Pinto Amarillo.**Table 4.** Mean squares of the analysis of variance for the single population "45" of Pinto Amarillo.

FV	GL	AP (cm)	AM (cm)	FF (días)	FM (días)	RG (t/ha)	LM (cm)	DM (cm)	HM (No.)
Bloques	10	776,885	214,174	5,814	6,947	0,621	10,329	0,199	9,564
Bloque (Rep)	22	258,807	112,641	4,157	5,019	0,204	6,030	0,231	4,536
Familias	120	425,845*	275,091**	3,590*	4,307 ns	0,207*	7,603**	0,227**	5,710*
B*Fam	200	535,692**	267,264**	3,331*	4,098 ns	0,233*	5,939**	0,254*	4,609*
Error	362	68,542	35,625	2,779	4,988	0,381	1,139	0,72	3,635
δ^2G		119,101	79,822	0,270	-0,227	-0,058	2,154	-0,164	0,691
δ^2F		220,453	112,077	2,972	4,700	0,330	2,772	0,564	3,980
δ^2A		-11,216	0,802	0,026	0,021	-0,003	0,170	-0,003	0,112
h^2		-0,051	0,0071	0,009	0,004	-0,008	0,061	-0,005	0,028
R		-0,800	0,008	0,00032	0,0001	-0,00003	0,014	-0,00002	0,0043

ns: no significativo; * significativo al 0,05; ** significativo al 0,01; δ^2G : varianza genética; δ^2F : varianza fenotípica; δ^2A : varianza aditiva; h^2 : heredabilidad sentido estrecho, R: predicción a la selección. Ver Tabla 3 por el significado de las abreviaturas morfofisiológicas.

Tabla 5. Coeficientes y ganancia genética con índices de selección y selección independiente entre ocho caracteres de maíz de grano de la población "45" de Pinto Amarillo.**Table 5.** GCoefficients and genetic gain with selection indexes and independent selection among eight grain corn characters of the population "45" of Pinto Amarillo.

Carácter	Coefficientes	Ganancia Genética	Índice de Selección	Selección Independiente
R	0,312	1,901	3,401	1,899
AP	0,072	2,015	7,490	2,009
AM	0,113	4,469	13,275	4,462
FF	0,036	0,127	0,666	0,126
FM	0,447	2,290	3,424	2,289
LM	0,312	1,899	3,400	1,899
DM	0,294	1,506	2,776	1,505
HM	0,133	0,362	0,992	0,361
R/AP	0,031	2,770	8,226	3,909
R/AM	0,075	4,857	13,704	6,361
R/FF	0,204	1,905	3,466	2,025
R/FM	0,310	2,976	4,826	4,188
R/LM	0,301	2,687	4,810	3,798
R/DM	0,283	2,425	4,390	3,404
R/HM	0,203	1,935	3,543	2,260
(R/AP)(R/AM)	0,035	7,534	29,627	10,270
(R/AP)(R/AM)(R/FM)	0,030	7,557	29,655	12,295
(R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)	0,035	8,419	30,393	16,483
(R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)	0,049	9,168	31,104	20,281
(R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM)	0,050	9,608	31,568	23,685
(R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM)(R/HM)	0,080	9,747	31,627	25,945

R: rendimiento de grano; AP: altura de planta; AM: altura de mazorca; FM: floración masculina; FF: floración femenina; LM: longitud de mazorca; DM: diámetro de mazorca, HM: hileras por mazorca.

Tabla 6. Familias seleccionadas de la población "45" de pinto amarillo en base a los índices de selección.**Table 6.** Selected families from the population "45" of Pinto Amarillo based on selection indexes.

F-HC	Índice	AP (cm)	AM (cm)	FF (días)	FM (días)	RG (t/ha)	LM (cm)	DM (cm)	HM (No.)
15	5,674	235,000	125,000	65,333	67,667	2,050	17,533	2,800	14,533
37	6,300	233,333	121,667	65,333	67,667	1,813	16,600	3,087	15,533
70	6,925	240,667	123,333	65,333	67,333	1,867	16,400	3,440	15,600
11	7,647	230,000	111,667	66,333	69,667	1,830	16,867	2,913	13,800
18	7,810	230,000	118,333	65,333	67,667	1,797	17,467	2,913	14,467
69	8,044	240,000	123,333	69,000	71,000	1,793	17,467	3,227	16,333
4	8,187	233,333	128,333	67,000	69,333	1,807	16,533	2,953	14,000
65	8,215	240,000	126,667	66,667	69,000	1,940	16,200	2,960	15,067
64	8,397	243,333	125,000	65,333	67,667	1,777	16,400	3,113	14,733
	Máxima	275,000	150,000	69,333	73,000	2,050	17,867	3,440	16,800
	Media	241,260	130,221	66,530	68,769	1,611	15,887	2,836	14,097
	Mínima	211,667	100,000	63,667	64,333	1,277	12,400	1,487	10,667

RG: rendimiento de grano; AP: altura de planta; AM: altura de mazorca; FM: floración masculina; FF: floración femenina; LM: longitud de mazorca; DM: diámetro de mazorca, HM: hileras por mazorca.

Nota: Los valores de Máxima, Media y Mínima son datos de las 81 familias.

En la población "45" de Pinto Amarillo (Tabla 5) se observó que los mejores coeficientes se obtuvieron en un solo carácter, seguido de las combinaciones de dos, siete, seis y cinco. Las mayores ganancias genéticas se presentaron cuando se involucraron siete caracteres asociadas a R: (R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM)(R/HM) (9,767), seis (R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM) (9,608) y cinco caracteres (R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM) (9,168). Esto fue esperado porque al considerar simultáneamente varios caracteres existe mayor ganancia genética, lo cual puede ayudar a una mejor clasificación y selección. Estos resultados indican que cuando la selección se realiza en base a un criterio que involucre varios caracteres existe mayor ganancia cuando se incluye el rendimiento de grano como parte del criterio de selección. Esto concuerda con Tucuch et al. (2011) quienes encontraron mayor ganancia genética involucrando más de cinco caracteres que para selección de los caracteres *per se* asociados al rendimiento de grano.

Al realizar la comparación de los índices de selección con selección independiente, los valores mostraron una tendencia favorable cuando solo se considera un carácter en los índices de selección, como fue en AM (13,275), AP (7,490) y FF (3,424). Cuando se utilizaron dos caracteres en asociación con rendimiento de grano R/AM (13,704), se incrementaron los valores de R/AP (8,226) y R/FM (4,826). Entre más caracteres se involucraron con el rendimiento de grano mayores fueron los valores: R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM)(R/HM) con 31,627 y (R/AP)(R/AM)(R/FM)(R/FF)(R/LM)(R/DM) con 31,568. Los índices de selección fueron más eficientes comparados con los de selección independi-

ente por presentar mayores ganancias genéticas, lo cual era de esperarse al combinarse el rendimiento de grano con varios caracteres. Estos resultados concuerdan con los informados por Hazel y Lush (1942), Baker (1996) y Henning y Tuber, (1996) quienes mencionaron que el mejor índice es el que proporciona mayor ganancia genética utilizando diferentes caracteres. Estos resultados son similares a los obtenidos en nuestro estudio, ya que en las variables involucradas con rendimiento de grano existieron correlaciones genéticas positivas: R/AP ($r=0,60$), R/AM ($r=0,56$) y R/FF ($r=0,45$), R/LM ($r=0,85$). Esto también ocurrió entre variables como AP/AM ($r=0,61$), AM/LM ($r=0,99$), FF/FM ($r=0,75$), FF/DM ($r=0,80$), FM/LM ($r=0,72$), LM/DM ($r=0,68$), LM/HM ($r=0,60$) y DM/HM ($r=0,79$). Sin embargo, estos valores fueron superiores a los reportados por Jawad y Sadaqat (2010). Estos investigadores reportaron ganancias genéticas al comparar tres métodos: índices de selección por Smith-Hazel, índice de ganancia esperada e índices base. Dichos autores reportaron valores en altura de planta (0,74), altura de mazorca (0,51) y floración femenina (0,63). También mencionaron que la utilización de más de dos caracteres favorece la selección de estos caracteres en familias S_1 de poblaciones de maíz, concluyendo que el método más efectivo fue el de índices de selección. De acuerdo con las estimaciones de heredabilidad, se puede inferir que las variables en las cuales se puede esperar mayores avances al realizar selección en generaciones tempranas son FF (0,447), LM (0,312), RG (0,312) y DM (0,294) por presentar mayor heredabilidad; el resto de las variables mostró baja heredabilidad. El análisis de las familias utilizando índices de selección basados en la metodología de Barreto et al. (1991) para

la población "45" de Pinto Amarillo se presenta en la Tabla 6. Los valores del índice de selección más pequeños fueron considerados como superiores para obtener las mejores nueve familias en base a los valores del índice. Se aplicó el 10% de presión de selección. Las cinco familias que presentaron valores bajos de los índices fueron la 15 (I=5,6), 37 (I=6,3), 70 (I=6,9), 11 (I=7,6) y la 18 (I=7,8). El criterio para seleccionar las mejores familias fue el identificar familias con porte bajo tanto en altura de planta como altura de mazorca, característica importante para evitar acame de raíz y de tallo. Por lo tanto los promedios de estas variables fueron inferiores a su media poblacional AP (241,2 cm) y AM (130,2 cm). Además, se encontraron familias precoces, notándose que los promedios de estas familias fueron más bajos que su media, para FF (66,5 días), FM (68,7 días). Además se consideró identificar familias con buen potencial de rendimiento obteniendo valores superiores a su media R (1,6 t/ha), mayor LM (15,8 cm) y DM (2,8 cm), y mayor número de HM (14,097). De esta manera, queda demostrado que sus promedios fueron superiores a la media poblacional. Por lo tanto, estos valores del índice de selección indican que estas familias deben considerarse importantes para evaluarlas en el siguiente ciclo de selección.

CONCLUSIONES

Los índices de selección fueron más eficientes por presentar mayores ganancias genéticas. Se obtuvieron mejores ganancias genéticas en altura de planta, altura de mazorca, floración masculina y floración femenina, así como longitud de mazorca asociadas al rendimiento de grano. Así mismo, se encontró correlación genética positiva entre rendimiento de grano con la variables mencionadas anteriormente, por lo que estas son indicadores para mejorar ambas poblaciones.

REFERENCIAS

- Ajala, S.O., G. Olaoye y C.E. Ago (2009). Comparison of predict response to three types of recurrent selection procedures for the improvement of a maize (*Zea mays* L.) population. *Journal of Plant Breeding and Crop Science* 1: 284-292.
- Badu, A.B. (2007). Genetic variances and correlations in an early tropical white maize population after three cycles of recurrent selection for striga resistance. *Maydica* 52: 205-217.
- Barreto, H.J., J.A. Bolaños y H.S Córdoba (1991). Programa Índices de Selección. Guía para la operación del Software. CIMMYT. México, D.F. 27 p.
- Bujak, H., J. Kaczmarek, K. Dmochowska-Huba, H. Bujak, S. Jedynski, J. Adamczyk y Z. Kurczyk (2007). Index Selection in Maize Breeding. *Plant Genetic and Breeding* 24: 58-65.
- Cochram, W.G. y G.M Cox (1980). Diseños experimentales. México: Trillas. 661 p.
- Coutiño, E.B., G.G. Sánchez y M.V.A. Vidal (2008). Selección Entre y Dentro de Familias de Hermanos Completos de Maíz en Chiapas. *Revista Fitotecnia Mexicana* 31: 115-123.
- Daros, M.A. Fei-Xeira do Amaral, M. Gonzaga-Pereira y F. Santana-Santos (2004). Recurrent selection in inbred popcorn families. *Scientia Agricola* 61: 609-614.
- García, E. (1973). Modificaciones al Sistema de Clasificación Climática de Köppen. http://cdigital.dgb.uanl.mx/la/1020081042/1020081042_011.pdf (Noviembre 10 2012).
- Dobzhansky, T. (1982). Genetics and the Origin of Species. Columbia University Press. Series: The Columbia Classics in Evolution. New York. 364 p.
- Hallauer, A.R. y J.B.F. Miranda (1981). Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press. Ames. 468 p.
- Hazel, L.N. y J.L. Lush (1942). The efficiency of three methods of selection. *Journal of Heredity* 33: 393-399.
- Hazel, L.N. y J.L. Luz (1943). The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 28: 476-490.
- Jawad, M.A. y M.S. Sadaqat (2010). Selection indices for yield and quality traits in sweet corn. *Pakistan Journal of Botany* 42: 775-789.
- Kempthorne, O. y W. Nordskog (1969). Restricted selection indices. *Biometrics* 15: 10-19.
- Louette, D. y M. Smale (1996). Genetic diversity and maize seed management in a traditional Mexican community: implications for *in situ* conservation of maize. NRG Paper 96-03. CIMMYT. México D.F. 21 p.
- Mohammandi, J.A. y S.M. Syed (2010). Selection indices for yield and quality traits in sweet corn. *Pakistan Journal of Botany* 42: 775-789.
- Pérez, T.R.A., C.A. Casillo y P.J. Covarrubias (2000). Estimación de varianza aditiva y heredabilidad en dos poblaciones de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot). *Revista Fitotecnia Mexicana* 23: 49-58.
- Polanco, A. (2008). Bases para una Política de I&D e Innovación de la cadena de valor del maíz. Foro consultivo científico y tecnológico, A.C. México, D.F. 244 p.
- Presterl, T., G. Seitzb, M. Landbeck, E.M. Thiemta, W. Schmidt y H.H. Geigera (2003). Improving nitrogen-use efficiency in European Maize. *Crop Science* 43: 1259-1265.
- Robinson, H.F., R.E., Comstock y P.H. Harvery (1951). Genetic variances in open pollinated varieties of corn. *Genetics* 40: 45-60.
- Searle, S.R. (1971). The value of indirect selection: I. Mass selection. *Biometrics* 21: 682-707.
- SIAP (2012). Avance de Siembras y Cosechas en el Estado de Nuevo León. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. <http://www.siap.sagarpa.gob.mx>. 26 junio 2013.
- Smith, H.F. (1936). A discriminant function for plant selection. *Ann Eugen* 7: 240-250.
- Tucuch, C.C.A., H.A.S., Rodríguez, V.M.H, Reyes, F.J.M. Pat, C.C.F.M. Tucuch y O.H.S Córdoba (2011). Índices de selección para producción de forraje de maíz forrajero. *Agronomía Mesoamericana* 22: 123-132.
- Zavala, G.F., G.G.S., Salinas y F.J. Piñera (2010). Conocimiento de la diversidad y distribución actual del maíz nativo en Nuevo León. Informe Final. CONABIO. Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Agronomía. 150 p.