

Prueba temprana en líneas S₁ de maíz

Early testing of S₁ lines of maize

Salinas Jiménez V, JC Raya Pérez, CL Aguirre Mancilla, F Chablé Moreno, JG Ramírez Pimentel, G García Rodríguez, J Covarrubias Prieto

Resumen. Se evaluaron 80 líneas de maíz (*Zea mays* L.) S₁ derivadas de familias de medios hermanos de poblaciones nativas con buen potencial de rendimiento. El propósito fue seleccionar líneas sobresalientes; las poblaciones nativas son fuente de germoplasma para el mejoramiento genético por selección e hibridación. Se usó un diseño látice 9x9 con tres repeticiones en el campo experimental del Instituto Tecnológico de Roque en el ciclo agrícola P-V 2011. Los resultados del análisis de varianza mostraron diferencias altamente significativas entre las líneas S₁ para las variables floración masculina (FM), floración femenina (FF), altura de planta (Apl), altura de mazorca (Amz), número de hojas por encima de mazorca (NHEmz), longitud de mazorca (Lmz), número de hileras (Nhil), granos por hilera (Ghil), total de granos por mazorca (TGMz) y rendimiento (Rend). Todas las variables mostraron gran variabilidad, debido al origen diverso del material evaluado, y la prueba de las líneas S₁, que genera mucha variación entre ellas. La comparación de medias detectó siete grupos estadísticos para FF, con intervalo de 77 a 87 días; en FM se obtuvieron 14 grupos estadísticos, con un intervalo de 70 a 86 días. En la variable AMz se obtuvo una variación de 91,4 a 154,6 cm. En la variable longitud de espiga (Lesp), se obtuvo un intervalo de 29,4 a 50,6 cm. Para la variable Rend se identificó al genotipo siete con una producción de 14,65 t/ha, que fue estadísticamente superior al genotipo 81, el testigo H-85, con 12,38 t/ha. La prueba temprana permitió identificar líneas con buenas características agronómicas y alto potencial de rendimiento. Se le considera un método adecuado en un programa de mejoramiento en maíz para eliminar líneas con bajo potencial de rendimiento en una etapa temprana del desarrollo de líneas endogámicas.

Palabras clave: Características agronómicas; Selección; Endogamia; Rendimiento.

Abstract. Eighty S₁ maize (*Zea mays* L.) lines derived from half-sib families with good yield potential (greater than landraces in the region) were evaluated, with the purpose of selecting outstanding lines. Native populations are a source of germplasm for genetic improvement through selection and hybridization. Analysis of variance showed highly significant differences between the lines S₁ in the variables days to anthesis (FM), silking date (FF), plant height (Apl), ear height (Amz), leaves above ear (NHEmz), ear length (Lmz), row number (Nhil), kernels per row (Ghil), total kernels per ear (TGMz) and grain yield (Rend). All variables showed high variability, an expected result given the origin of the evaluated genotypes. Mean comparisons showed seven statistical groups for FF, with an interval of 77-87 days and 14 statistical groups for FM, with an interval of 70-86 days. For the variable AMz a variation of 91.4 to 154.6 cm was observed. In LESP, the length range was 29.4 to 50.6 cm. For the variable Rend, the genotype seven yielded of 14.65 t/ha, which was statistically superior to genotype 81, the control check, with 12.38 t/ha. Early testing identified inbred lines with good agronomic characteristics and high yield potential. It is considered as an appropriate method in a corn breeding program for eliminating lines with low yield potential at an early stage of development of inbred lines.

Keywords: Agronomic traits; Selection; Inbreeding; Yield.

INTRODUCCIÓN

El cultivo del maíz en México es de gran importancia por ser un cereal básico en la dieta de la mayoría de la población. Se estima que aproximadamente el 55% de la producción se dedica al autoconsumo. El bajo rendimiento promedio a nivel nacional hace imperativo producir variedades de mayor producción. Uno de los objetivos en un programa de mejoramiento genético es la identificación de líneas superiores de alta aptitud combinatoria general para la formación de buenos híbridos o sintéticos. La evaluación de líneas mediante la prueba temprana permite identificar progenitores potenciales de alto rendimiento, descartando líneas de bajo potencial, ya que es costoso el llevarlas a todas hasta generaciones avanzadas de endogamia. Al respecto, para la formación de híbridos competitivos a nivel comercial, Mendes et al. (2008) señalan la necesidad de identificar líneas progenitoras sobresalientes en etapas tempranas. Esto es en base a sus efectos de aptitud combinatoria general y específica, su comportamiento *per se*, adaptación y producción de semilla (Bekavac et al., 2008).

La identificación y selección de líneas sobresalientes *per se* es una prueba que se podría usar en el mejoramiento genético para formar las posibles combinaciones a fin de aprovechar la heterosis en algunos cruzamientos. Por otra parte, la posibilidad de contar con genes que determinan caracteres cuantitativos deseables permite que estos se puedan concentrar mediante selección paulatina y recombinación para generar poblaciones superiores, con alto potencial de rendimiento (Herrera-Cabrera et al., 2004). Con respecto al uso de la prueba temprana de líneas endogámicas, algunos autores consideran que éstas se pueden seleccionar por su rendimiento *per se*, puesto que éste está positivamente correlacionado con su aptitud combinatoria general (ACG), con valores frecuentemente superiores a 0,5 (González et al., 1990). En niveles avanzados de endogamia, la depresión genética puede dar bajas correlaciones para rendimiento, pero la ACG inicial de las líneas es heredable (Bekavac et al., 2008).

Existen otras pruebas, como la evaluación tardía, que consiste en seleccionar por caracteres agronómicos deseables durante la tercera o cuarta generación de autofecundación; posteriormente, las líneas seleccionadas son cruzadas con un probador para evaluar su capacidad de combinación (González et al., 1990). Esta prueba es un método efectivo de selección. Sin embargo, implica gastos importantes de recursos económicos debido a que durante varios años de trabajo muchas líneas avanzadas son descartadas. El objetivo de este trabajo fue evaluar el potencial de rendimiento de líneas S_1 de maíz mediante la prueba temprana. Este método permite la identificación temprana de líneas de un mayor potencial productivo y la selección de genotipos sobresalientes, antes de producir generaciones avanzadas en cuanto a características agronómicas.

MATERIALES Y MÉTODOS

La investigación se desarrolló en el campo experimental del Instituto Tecnológico de Roque (20° 34' 54,24" N, 100° 49' 35,34" O, 1767 msnm, INEGI, 2012).

La población original provino de un compuesto de materiales colectados en los estados de Morelos, Michoacán y Puebla. De ellos se derivaron familias de medios hermanos y se eligieron 169 como las más sobresalientes; de éstas, se seleccionaron 80 líneas S_1 que tenían la suficiente semilla para la evaluación. La siembra se realizó en forma manual durante el ciclo agrícola P-V 2011, se depositaron 2 semillas por golpe a una profundidad de 7-10 cm; 15 días después se realizó un raleo para dejar una planta por mata. Se aplicaron cuatro riegos; la precipitación pluvial fue de 333,2 mm en el periodo de junio-agosto. La fertilización utilizada fue 180-60-00, recomendada por el Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas y Pecuarias (INIFAP); se aplicó la mitad del nitrógeno y todo el fósforo a la siembra; la segunda aplicación del nitrógeno se dio a los 45 días. El control de malezas se realizó en forma manual 15-45 días después de la siembra; también se hizo una aplicación con herbicida selectivo Sansón® (Nicosulfuron:2-4,6-dimetoxipirimidin-2-ilcarbomoi-sulfamoi-N,N-dimetilnicotinamida) en dosis única de 1,5 L/ha. Las plagas que se presentaron fueron: trips (*Frankliniella occidentalis*), que se controlaron con Cipermetrina® [(±) alfa ciano-3-fenoxifenil (±) (Cis/trans 3-2,2-dicloroetenil) - 2,2-dimetil ciclopropano carboxilato] en dosis única de 0,5 L/ha; y gusano cogollero (*Spodoptera frugiperda*), controlado mediante una aplicación de Carbofuran en dosis de 20 kg/ha en forma granulada cuando se notaron daños iniciales en el ápice de la planta.

Se utilizó un diseño experimental en látice triple 9 x 9 con 80 líneas endogámicas S_1 más un testigo (H-85); la parcela estuvo constituida por un surco de 5 m de longitud; se sembraron 30 matas por surco, con dos semillas por golpe; la distancia entre plantas fue de 16 cm y la distancia entre surcos fue de 80 cm; la densidad de población fue de aproximadamente 78000 plantas/ha. La cosecha se realizó en forma manual una vez que el grano alcanzó una humedad del 15-16%. Por cada unidad experimental se eligieron seis mazorcas en forma aleatoria, de plantas con competencia completa. Se realizó análisis de varianza para determinar diferencias estadísticas entre los tratamientos, con el programa SAS 9.0; para la comparación de medias se utilizó la prueba de DMS (diferencia mínima significativa) con $P < 0,05$.

Variabes agronómicas evaluadas. Floración masculina (FM), cuando el 50% más uno de las plantas estaba en antesis. Floración femenina (FF), cuando el 50% más uno de las plantas había emitido estigmas. Altura de planta (Apl), se tomó desde la base de la planta hasta el inicio de la base de la espiga en seis plantas, tomadas al azar, con competencia completa. Altura de

mazorca (Amz), se evaluó en las mismas seis plantas de la variable anterior, desde la base de la planta hasta el nudo donde se insertó la mazorca principal. Número de hojas por arriba de la mazorca (NHEMz): se tomó el promedio de hojas de las mismas seis plantas de la muestra anterior. La evaluación de estas variables se determinó tres semanas después de la floración. Número total de hojas (NH) se consideraron seis plantas por unidad experimental, desde el inicio del tallo hasta la hoja bandera. Longitud de hoja (LH), se midió desde la base de la hoja hasta el ápice de la misma. Ancho de hoja (AH), se tomó la primera hoja arriba de la mazorca de cada planta seleccionada al azar; se midió la parte de mayor anchura en cada hoja evaluada. Longitud de espiga (Lesp), se tomó desde el nudo de inserción hasta el ápice; se midió en las mismas seis plantas de la muestra anterior. Número de ramas de la espiga (Nesp), se tomaron datos de seis plantas y se contaron las ramas de las espigas, excepto la espiga central. Número de mazorcas por planta (NMz) de las seis plantas muestreadas de cada parcela útil. Longitud de mazorca (LgMz), se midió desde la base de la mazorca hasta el ápice de la misma. Número de hileras por mazorca (Nhil), se contó el número de hileras de seis mazorcas elegidas al azar, provenientes de plantas con competencia completa. Granos por hilera (NhilM), se evaluaron las seis mazorcas de cada parcela útil, contando el número de granos de dos hileras por mazorca; se tomó el promedio de ellas. Total de granos por mazorca (TGM), se contó el total de granos de cada mazorca y multiplicando el número de hileras por el número de granos por hilera. Se reportó el promedio. Humedad de grano (HG), se cuantificó tomando una muestra de 250 g de las seis mazorcas evaluadas; se utilizó un determinador de humedad portátil marca Dickey-John®. Peso de mil granos en gramos (Pmg), se tomó el peso de seis repeticiones. Rendimiento (Rend) fue el rendimiento obtenido de la parcela útil y se ajustó al 14% de humedad; se realizó el cálculo para transformarlo a rendimiento en t/ha.

RESULTADOS

Los análisis de varianza para las variables días a antesis (FM), días a floración femenina (FF), altura de planta (Apl), longitud de mazorca (LgMz), número de hileras por mazorca (Nhil), número de granos por hilera (Nghil), total de granos por mazorca (TGM) y rendimiento (Rend) mostraron diferencias altamente significativas entre líneas. Esto indica que los genotipos evaluados presentaron mucha variación, lo que sugiere que al menos una línea fue diferente al resto en cada una de las variables citadas arriba (Tablas 1-4).

Longitud de hoja (LH), longitud de espiga (Lesp) y número de espiguillas por espiga (Nesp): el análisis de varianza mostró diferencias significativas entre los genotipos evaluados (Tabla 2). El coeficiente de variación para ancho de hoja (AH) fue alto y no se detectaron diferencias significativas entre líneas. Lo mismo se observó para número de espiguillas por espiga; son variables muy afectadas por el ambiente (Tabla 2).

Número de mazorcas por planta (NMz): el análisis de varianza para esta variable no mostró diferencias significativas entre líneas (Tabla 3).

Comparación de medias. La prueba de comparación de medias se realizó para las variables que mostraron significancia estadística entre genotipos en los análisis de varianza. En la prueba de comparación de medias (DMS) para la variable rendimiento, se detectaron cinco grupos de significancia estadística. Esto pone de manifiesto la gran variabilidad en la respuesta de estas líneas. Como se esperaba, en esta primera generación de autofecundación se expresa mucha heterogeneidad, la cual se reduce con el avance en el proceso endogámico y la reducción del grado de heterocigosis. En el primer grupo se observó mucha variación (11,77-14, 18 t/ha) pero fueron estadísticamente iguales al testigo, que tuvo buena productividad (Tabla 5).

Tabla 1. Grados de libertad y cuadrados medios del análisis de varianza de variables agronómicas evaluadas en la prueba temprana en líneas S₁ de maíz.

Table 1. Degree of freedom and mean squares of the analysis of variance of agronomic variables evaluated at early stages on lines S₁ of corn.

FV	Cuadrados medios					
	Gl	FM	FF	Apl	Amz	NHEMz
Repeticiones	2	44,26	19,13	3124,73	135,2	0,25
Bloques/Rep	24	5,28	7,45	2383,76	225,23	0,46
Líneas	80	25,17**	20,80**	1244,89**	488,10**	0,92**
Error-Intrab	136	7,14	5,32	509,56	124,37	0,36
CV (%)		3,31	2,8	9,4	9,1	10,7

** indica significancia estadística al nivel 0,01 de probabilidad. FM: días a la floración masculina, FF: días a la floración femenina, Apl: altura de planta, Amz: altura de mazorca, NHEMz: número de hojas por arriba de la mazorca.

** statistical significance of the 0.01 level of probability. FM: days to male flowering; FF: days to female flowering; Apl: plant height; Amz: ear height; NHEMz: number of leaves above ear.

Tabla 2. Grados de libertad y cuadrados medios del análisis de varianza de variables agronómicas evaluadas en la prueba temprana en líneas S₁ de maíz.

Table 2. Degree of freedom and mean squares of the analysis of variance of agronomic variables evaluated at early stages on lines S₁ of corn.

FV	Cuadrados medios				
	GI	LH	AH	Lesp	Nesp
Repetición	2	114,85	18,88	152,88	54,47
Bloque/Rep	24	160,69	7,58	18,40	90,20
Líneas	80	159,33*	6,99ns	61,02**	98,50*
Error-Intrab	136	90,32	6,26	23,98	51,52
CV (%)		9,5	25,8	12	36

*, ** indica significancia estadística al nivel 0,05 y 0,01 de probabilidad; respectivamente; ns: no significativo. LH: longitud de hoja, AH: ancho de hoja, Lesp: longitud de espiga, Nesp: número de espiguillas.

*, ** statistical significance at the 0.05 and 0.01 levels of probability, respectively; ns: not significant. LH: leaf length; AH: leaf with; Lesp: spike length; Nesp: number of spikelets.

Tabla 3. Cuadrados medios y grados de libertad del análisis de varianza de componentes de rendimiento en evaluación de la prueba temprana en líneas S₁ de maíz.

Table 3. Degree of freedom and mean squares of the analysis of variance for yield components when evaluating early stages on S₁ lines of corn.

FV	Cuadrados medios				
	GI	NMz	LgMz	DMz	Nhil
Repetición	2	0,481	6,70	0,66	1,86
Bloques/Rep	24	0,240	1,99	0,42	1,86
Líneas	80	0,391ns	10,80**	0,71ns	5,47**
Error-Intrab	136	0,205	2,27	0,57	1,92
Total	242	0,273	5,09	0,60	3,09
CV (%)		29,1	9,0	16,1	9,9

** indica significancia estadística al nivel 0,01 de probabilidad; ns: no significativo. NMZ: número de mazorcas, LgMz: longitud de mazorca, DMz: diámetro de mazorca, Nhil: número de hileras por mazorca.

** statistical significance of the 0.01 level of probability; ns: not significant; NMZ: number of ears; LgMz: ear length; DMz: ear diameter; Nhil: number of rows per ear.

Tabla 4. Cuadrados medios y grados de libertad del análisis de varianza de componentes de rendimientos mediante la evaluación de la prueba temprana en líneas S₁ de maíz.

Table 4. Degree of freedom and mean squares of the analysis of variance for yield components when evaluating early stages on S₁ lines of corn.

FV	Cuadrados medios			
	GL	Nghil	TGM	Rend.
Repetición	2	73,67	23094	11,34
Bloques/Rep	24	23,96	6986,38	6,95
Líneas	80	47,75**	11589**	12,09**
Error-Intrab	136	13,46	2698,16	3,07
CV (%)		11,7	12	16,8

** indica significancia estadística al nivel 0,01 de probabilidad; ns: no significativo. Nghil: granos por hilera, TGM: total de granos por mazorca, Rend: Rendimiento.

** statistical significance at the 0.01 level of probability; ns: not significant. Nghil: number of grains per row; TGM: total number of grains per ear; Rend: yield.

Tabla 5. Comparación de medias mediante la prueba de DMS de variables agronómicas evaluadas mediante la prueba temprana en líneas S₁ de maíz.

Table 5. Mean comparisons using the LSD test for agronomic variables evaluated at early stages on S₁ lines of corn. See tables from 1 to 4 for abbreviations.

Línea	Rend (t/ha)	FF (d)	FM (d)	Amz (cm)	Apl (cm)	Trat	Nmz	Lh	Lesp	Nesp	NHEmz
7	14,65 a	79 f-i	77 g-k	129,0 c-m	226,5 g-z	7	2,0 ab	101,1 b-y	41,6 c-z	22,0 c-m	5,6 b-e
24	14,18 ab	80 e-h	79 e-i	128,0 c-n	249,5 a-v	24	1,6 a-c	94,8 d-z	44,8 a-m	19,6 c-m	6,3 a-c
72	14,13 abc	78 g-i	77 g-k	110,8 l-y	234,6 c-z	72	1,0 c	101,5 a-y	47,4 a-d	22,0 c-m	6,0 a-d
79	14,09 a-d	80 e-h	80 d-h	119,9 e-u	237,9 c-z	79	1,6 a-c	107,5 a-k	40,2 d-z	23,6 c-j	6,3 a-c
8	13,77 a-c	81 d-g	81 c-g	141,6 ac	281,1 a	8	2,0 ab	100,5 a-y	42,0 c-y	19,0 c-m	6,3 a-c
13	13,55 a-f	80 e-h	79 d-i	134,2 b-h	263,6 a-i	13	1,6 a-c	101,3 a-y	41,3 c-z	22,3 c-m	6,0 a-d
9	13,38 a-g	82 c-f	83 b-e	154,6 a	266,3 a-e	9	1,6 a-c	113,5 a	50,1 ab	27,6 b-e	6,0 a-d
46	13,26 a-g	79 f-i	79 e-i	122,5 c-s	262,7 a-i	46	1,0 c	109,9 a-d	43,5 a-p	16,3 e-m	5,6 b-e
52	13,21 a-g	80 e-h	78 f-j	121,5 d-t	263,7 a-e	52	1,6 a-c	111,0 a-c	41,6 c-z	20,3 c-m	5,0 d-g
34	13,16 a-g	79 f-i	79 e-i	129,9 c-l	259,4 a-n	34	2,0 ab	96,5 c-z	49,1 a-c	16,3 e-m	6,0 a-d
6	12,94 a-g	82 c-f	80 d-h	120,5 d-u	258,7 a-ñ	6	1,6 a-c	109,0 a-h	41,7 c-z	20,6 c-m	6,0 a-d
57	12,52 a-g	80 e-h	79 e-i	124,6 c-p	241,3 c-z	57	1,3 bc	107,5 a-l	40,8 d-z	30,0 bc	6,0 a-d
29	12,42 a-g	79 f-i	77 g-k	126,6 c-ñ	227,7 e-z	29	1,3 bc	99,7 a-y	41,3 c-z	19,6 c-m	5,6 b-e
21	12,40 a-g	80 e-h	80 d-h	126,9 c-ñ	264,3 a-g	21	1,6 a-c	108,6 a-j	44,6 a-ñ	19,0 c-m	5,6 b-e
81	12,38 a-g	77 h-j	70 n	91,4 z	206,2 z	81	1,0 c	104,0 a-t	39,9 d-z	23,6 c-j	6,3 a-c
54	12,34 a-g	79 f-i	79 e-i	128,0 c-n	251,6 a-r	54	1,6 a-c	106,2 a-n	43,1 a-s	24,3 c-i	6,3 a-c
73	12,26 a-g	79 f-i	79 e-i	128,3 c-n	218,3 p-z	73	2,0 ab	98,0 b-z	30,1 z	22,3 c-m	6,0 a-d
71	12,24 a-g	81 d-g	81 c-g	131,2 c-k	234,2 c-z	71	1,3 bc	101,8 a-y	37,9 k-z	26,0 c-g	5,6 b-e
30	11,97 a-g	79 f-i	79 e-i	128,5 c-n	243,6 a-z	30	1,6 a-c	103,1 a-y	44,6 a-n	22,3 c-m	6,3 a-c
20	11,93 a-g	79 f-i	82 b-f	131,5 c-j	220,2 n-z	20	1,0 c	107,0 a-m	41,6 c-z	26,6 c-f	5,6 b-e
12	11,90 a-g	80 e-h	79 d-i	152,0 ab	267,2 a-d	12	1,6 a-c	105,7 a-o	46,4 a-h	21,3 c-m	5,3 c-f
38	11,82 a-g	79 f-i	77 g-k	118,1 f-w	238,8 c-z	38	1,3 bc	100,2 a-y	40,4 d-z	19,3 c-m	6,3 a-c
16	11,77 a-g	81 d-g	80 c-h	125,4 c-p	212,6 s-z	16	53 c	97,1 c-z	29,4 z	19,3 c-m	4,0 g

Medias o valores con la misma letra en cada variable son estadísticamente iguales (DMS, P<0,05).

Means followed by the same letter on each variable are statistically similar (DMS, P<0.05)

Para floración femenina se obtuvieron siete grupos estadísticos, y varió de 77 días en las más precoces a 87 días en las más tardías; para floración masculina se obtuvieron 14 grupos diferentes. En floración masculina se presentó mayor variabilidad, con un valor promedio de 70 días en las precoces y 86 días en las más tardías; esta mayor variabilidad en la floración también se debe a la naturaleza alógama de la especie para asegurar la polinización.

Las variables altura de mazorca y de planta mostraron mucha variabilidad entre líneas, por lo que se puede seleccionar para menor altura de planta y de mazorca (Tabla 5).

En la prueba de comparación de medias (DMS) para la variable número de mazorcas (NMz) se obtuvieron tres grupos de significancia estadística, de los cuales sobresalieron aquellos genotipos que tuvieron dos mazorcas por planta, como los genotipos 7, 8 y 34, que corresponden a los más rendidores. Se obtuvieron 23 genotipos con mayor número de mazorcas por planta comparados con el testigo. Para la variable longitud de hoja se obtuvieron 25 genotipos con mayor longitud de hoja, compara-

da con el testigo; para las variables longitud de espiga y número de espiguillas, se presentó una amplia variabilidad genética y se observó una gran cantidad de grupos estadísticos (Tabla 5 continuación); nuevamente se manifiesta la gran variabilidad entre líneas S₁. Esto permite eliminar gran cantidad de líneas en esta fase, que no tienen buenas características agronómicas. La longitud de mazorca, número de hileras y de granos por hilera presentaron amplia variabilidad; se obtuvieron 15 líneas con longitud de mazorca similar al testigo; en número de hileras se cuantificaron 11 grupos de significancia estadística. Para el número de granos por hilera se formaron 12 grupos estadísticos, que comprendió desde 28,3 hasta 40 granos por hilera (Tabla 6).

En granos por mazorca se presentó también amplia variabilidad, con valores de 317,2 hasta 572,2. El análisis de estas variables indica la gran variabilidad entre líneas S₁. Este resultado esperado indica que la selección puede continuarse positivamente (Bekavac et al., 2008), debido a la alta variabilidad y heredabilidad en estas variables.

Tabla 6. Comparación de medias mediante la prueba de DMS de los componentes de rendimiento evaluados mediante la prueba temprana en líneas S_1 de maíz.

Table 6. Mean comparisons by the LSD test for the yield components evaluated at early stages on S_1 lines of corn

Trat	Lgmsz (cm)	Nhil (No)	Ghil (No)	Tgm (No)
7	17,6 b-h	14,3 c-h	37,3 ab	519,1 a-i
24	19,0 a-d	14,6 c-g	33,0 b-g	488,5 a-m
72	19,6 ab	14,3 c-h	31,6 b-h	460,6 c-y
79	18,0 a-g	14,6 c-g	37,6 ab	572,6 a
8	19,3 a-c	14,3 c-h	40,0 a	542,1 a-c
13	17,6 b-h	14,6 c-g	38,0 ab	550,1 ab
9	19,3 a-c	14,6 cg	36,3 ad	525,1 a-h
46	17,6 b-h	14,3 ch	32,6 bg	461,5 c-x
52	19,3 a-c	12,3 hk	35,3 ae	436,6 i-y
34	19,0 a-d	12,6 gk	36,3 ad	462,3 c-w
6	17,6 b-h	12,6 gk	36,0 ad	450,9 e-y
57	17,0 c-j	13,6 di	39,6 a	528,4 a-e
29	17,0 c-j	15,6 ad	34,6 ae	527,2 a-f
21	19,0 a-d	18,6 a	34,0 bf	450,0 e-y
81	19,6 ab	13,6 di	33,0 bf	453,3 d-y
54	18,6 a-e	12,6 gk	34,0 bf	456,9 c-y
73	17,6 b-h	15 cf	32,3 bh	476,0 b-q
71	18,3 a-f	13 fk	35,3 ae	480,7 b-o
30	17,3 b-i	14,3 ch	32,3 bh	465,2 b-u
20	17,6 b-h	14,6 cg	36,3 ad	538,8 a-d
12	19,3 a-c	13,3 ej	37,0 ac	481,4 b-ñ
38	16,0 f-m	13,6 di	32,0 bh	448,5 e-y
16	16,3 e-l	13,6 di	32,6 bg	428,0 j-y

Medias o valores con la misma letra en cada variable son estadísticamente iguales (DMS, $P < 0,05$).

Means followed by the same letter on each variable are statistically similar (LSD, $P < 0.05$)

DISCUSIÓN

Los resultados de Días a anthesis (FM) y Días a floración femenina (FF) concuerdan con los obtenidos por Reyes et al. (2004). Estos autores mencionan que en la raza Tuxpeño las diferencias en días a floración son atribuidas a la diversidad genética de los materiales. Chávez (1993) también confirmó que la selección aprovecha esta variabilidad presente en las poblaciones. En las poblaciones estudiadas por Bekavac et al. (2008), esta característica presentó la variabilidad genética más alta; los resultados obtenidos en esta investigación en ambas variables de días a floración muestra que las líneas presen-

tan diversidad genética; esto permite considerar que el empleo de la prueba temprana en líneas S_1 es adecuada para identificar y seleccionar genotipos superiores. Las grandes diferencias en el tiempo de floración entre líneas endogámicas son efectos acumulativos de muchos loci (Kliebenstein, 2010).

Los resultados de altura de planta coinciden con Vega et al. (1998), quienes encontraron resultados prometedores en su evaluación de líneas S_1 en prueba temprana, permitiéndoles identificar líneas con buena altura de planta en un tiempo corto. Resultados similares también fueron obtenidos por De la Cruz-Lázaro et al. (2009) y Arellano et al. (2003), que al evaluar genotipos, lograron identificar a los sobresalientes en la variable altura de planta. Además, Antuna et al. (2003) señalan que el mejoramiento a partir de familias de medios hermanos o hermanos completos sirve para mantener la altura de mazorca deseable. De acuerdo con Bekavac et al. (2008), ésta es también una manera de avanzar más rápido en el proceso de selección. Los resultados de esta investigación mostraron que los genotipos evaluados presentaron mucha variabilidad, tanto en altura de planta como en altura de mazorca (Tabla 1). Los coeficientes de variación fueron buenos, lo que indica que los resultados son confiables y que la conducción del experimento fue adecuada.

El resultado de la longitud de mazorca concuerda con Mendes et al. (2008), quienes realizaron trabajos de selección recurrente en maíz en progenies S_2 y encontraron que la longitud media de la mazorca fue mayor que en la población original. No se encontraron diferencias significativas para la variable diámetro de mazorca (Tabla 3), debido posiblemente a que esta variable presenta poca variabilidad en la población original. Nuestro resultado en el número de granos por hilera fueron resultados similares a los obtenidos por Mendes et al. (2008). Estos investigadores encontraron que el número de granos por hilera en progenies S_2 fue mayor al de la población original.

Se sabe que a medida que aumenta el grado de endogamia, las líneas van siendo más homogéneas pero la variabilidad entre ellas aumenta. La gran variabilidad observada en el total de granos por mazorca es importante para el proceso de selección de líneas superiores; ésta es una variable de gran utilidad para el mejoramiento pues es una componente importante del rendimiento (Alvi et al., 2003) (Tabla 4). Las líneas S_1 mostraron amplia variabilidad en rendimiento de grano, resultado esperado como en las demás variables. Al respecto, Mendes et al. (2008) señalan que en los primeros ciclos de selección es posible obtener una ganancia en el rendimiento pero a medida que avanza el proceso endogámico, este tiende a disminuir. Tanner y Smith (1987) obtuvieron resultados similares al evaluar ciclos de selección temprana en familias de medios hermanos. Moll y Smith (1981) evaluaron dos métodos de selección, el de medios hermanos y el de progenies S_1 . Después de cinco ciclos de selección, estos autores determinaron que el rendimiento (1) de medios hermanos fue mayor a las poblaciones

adaptadas localmente, y (2) de las progenies S_1 fue 50% mayor al método de medios hermanos, aunque la producción de las líneas S_1 presentó amplia variabilidad. Sierra et al. (2000) obtuvieron líneas tropicales de maíz con buena aptitud combinatoria general y específica mediante un probador, y una buena expectativa de uso por las ventajas que ofrecen desde el punto de vista de la producción de semilla. San Vicente y Hallauer (1993) evaluaron la tasa de depresión endogámica en dos grupos S_1 , tanto en líneas generadas antes de 1960 como en otras de después de 1970; en ambas encontraron que en las primeras generaciones la depresión por endogamia es baja.

Las líneas S_1 evaluadas en esta investigación provinieron de diferentes fuentes de familias de medios hermanos. Esquivel et al. (2009) indican que la evaluación de una gran diversidad de germoplasma, aunque es un trabajo arduo, puede reeditar importantes resultados. Estos incluyen (1) la identificación de genotipos sobresalientes, (2) la elección de combinaciones que permitan explotar la heterosis, y (3) la posibilidad de contar con genes que determinan caracteres cuantitativos deseables, y que mediante recombinación y selección paulatina pueden concentrarse para generar poblaciones superiores.

CONCLUSIONES

La evaluación de la prueba temprana permitió identificar líneas S_1 prometedoras con buenos rendimientos en comparación con el testigo.

Las características agronómicas de algunas líneas S_1 mostraron potencial para seleccionar genotipos apropiados como progenitores en híbridos.

La prueba temprana es un método apropiado para eliminar líneas con bajo potencial de rendimiento y características agronómicas no deseables, a fin de reducir el número de líneas que se llevan a generaciones avanzadas en un programa de mejoramiento.

REFERENCIAS

- Alfaro, J.Y. y V. Segovia (2009). Formación, evaluación y descripción del híbrido simple de maíz (*Zea mays* L.) amarillo INIA 21. *Revista UDO Agrícola* 9: 499-508.
- Alvi, M.B., M. Rafique, M.S. Tariq, A. Hussain, T. Mahmood y M. Sarwar (2003). Character association and path coefficient analysis of grain yield and yield components maize (*Zea mays* L.). *Pakistan Journal of Biological Sciences* 6: 136-138.
- Antuna, G.O., F. Rincón, E. Gutiérrez, L.N.A. Ruiz y L. Bustamante (2003). Componentes genéticos de caracteres agronómicos y de calidad fisiológica de semillas en líneas de maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana* 26: 11-17.
- Arellano, V.J.L., C. Tut, A. María, Y. Salinas y O.R. Taboada (2003). Maíz azul de los Valles Altos de México. I. Rendimiento de grano y caracteres agronómicos. *Revista Fitotecnia Mexicana* 26: 101-107.
- Bekavac, G., B. Purar y D. Jocković (2008). Relationships between line *per se* and testcross performance for agronomic traits in two broad-based populations of maize. *Euphytica* 162: 363-369.
- Chávez, A.J.L. (1993). Mejoramiento de Plantas 1. Segunda edición. Ed. Trillas. México, D.F. 136 p.
- Coors, J.G. (1988). Response to four cycles of combined half-sib and S_1 family selection in maize. *Crop Science* 28: 891-896.
- De la Cruz-Lázaro, E., H. Córdova, M.A. Estrada, J.D. Mendoza, A. Gómez y N.P. Brito (2009). Rendimiento de grano de genotipos de maíz sembrados bajo tres densidades de población. *Universidad y Ciencia Trópico Húmedo* 25: 93-98.
- Esquivel, E.G., F. Castillo, J.M. Hernández, A. Santacruz, G. García, J.A. Acosta y A. Ramírez (2009). Aptitud combinatoria y heterosis en etapas tempranas del desarrollo de maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana* 32: 311-318.
- González, G.J., J.D. Molina y A. Martínez (1990). Implicación del rendimiento *per se* y de la ACG de líneas autofecundadas de maíz (*Zea mays* L.) en la producción de cruza simples de alto rendimiento. *Agrociencia, Serie Fitociencia* 2: 29-42.
- Herrera, B., E.F. Castillo, J.J. Sánchez, J.M. Hernández, R.A. Ortega y M.M. Goodman (2004). Diversidad del maíz Chalqueño. *Agrociencia* 38: 191-206.
- INEGI (2010). Anuario estadístico. Estado de Guanajuato. México.
- Kliebenstein, D.J. (2010). Systems biology uncovers the foundation of natural genetic diversity. *Plant Physiology* 152: 480-486.
- Mendes, M.P.M.R., S.E. Pêgo, C.V. Pato y A.R. Hallauer (2008). Comparison of selection methods on 'Pigarro', a Portuguese improved maize population with fasciation expression. *Euphytica* 163: 481-499.
- Moll, H.R. y O.S. Smith (1981). Genetic variances and selection responses in an advanced generation of a hybrid of widely divergent populations of maize. *Crop Science* 21: 387-391.
- Reyes, L.D., J.D. Molina, M.A. Oropeza y E.C. Moreno (2004). Cruzas dialélicas entre líneas autofecundadas de maíz derivadas de la raza Tuxpeño. *Revista Fitotecnia Mexicana* 27: 49-56.
- San Vicente, F.M. y A.R. Hallauer (1993). Inbreeding depression rates of materials derived from two groups of maize inbred lines. *Brazilian Journal of Genetics* 16: 989-1001.
- Sierra M., F. Márquez, R. Valdivia, O. Cano y F.A. Rodríguez (2000). Aptitud combinatoria general y específica de líneas tropicales de maíz usando probadores. *Agronomía Mesoamericana* 11: 103-112.
- Tanner, A.H. y O.S. Smith (1987). Comparison of half-sib and S_1 recurrent selection in the Krug Yellow Dent maize populations. *Crop Science* 27: 509-513.
- Vega, M.C., E. Navarro, J. Espinoza, G.A. Burciaga y J.L. Guerrero (1998). Selección temprana de líneas S_1 de maíz ricas en lisina: I. Probadores. *Agronomía Mesoamericana* 9: 65-68.