UNIVERSIDAD AUTONOMA DE NUEVO LEON

FACULTAD DE AGRONOMIA

EL METODO DE LA CORRELACION INTRACLASE: SU UTILIZACION E IMPORTANCIA EN EL MEJORAMIENTO DEL MAIZ

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TITULO DE
INGENIERO AGRONOMO FITOTECNISTA

PRESENTA:

EBANDRO USCANGA MORTERA

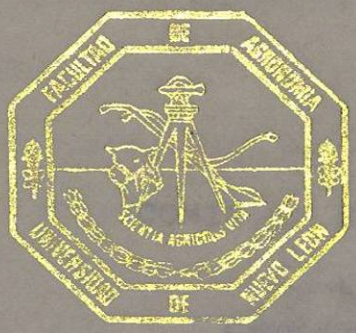
MARIN, N. L., DICIEMBRE DE 1986

T
SB191
.M2
U8
c.1

1080062996

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE NUEVO LEON

FACULTAD DE AGRONOMIA



EL METODO DE LA CORRELACION INTRACLASE: SU UTILIZACION E IMPORTANCIA EN EL MEJORAMIENTO DEL MAIZ

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TITULO DE
INGENIERO AGRONOMO FITOTECNISTA

PRESENTA:

EBANDRO USCANGA MORTERA

MARIN, N. L., DICIEMBRE DE 1986

T/
SB 191
M2
U8

040 633
FA 13
1986

Biblioteca Central
Magna Solidaridad

FONDO
TESIS LICENCIATURA

Tesis

ESTA INVESTIGACION SE DESARROLLO DENTRO DEL PROGRAMA DE MAIZ DEL PROYECTO DE MEJORAMIENTO DE MAIZ, FRIJOL Y SORGO PARA LAS ZONAS BAJAS DEL ESTADO DE NUEVO LEON DEL CIA-FAUANL, APROBADA POR LA COMISION REVISORA DE TESIS COMO REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL TITULO DE INGENIERO AGRONOMO FITOTECNISTA.

COMISION REVISORA

CONSEJERO

M.C. CESAR H. RIVERA FIGUEROA

ASESOR

M.C. JOSE L. CANTU GALVAN

ASESOR

M.C. LEONEL ROMERO HERRERA

ASESOR

Ph.D. CIRO G.S. VALDES L.

MARIN, N.L.

DICIEMBRE DE 1986.

AGRADECIMIENTOS

AL ING. M.C. CESAR H. RIVERA FIGUEROA

Por sus valiosas enseñanzas, sugerencias, orientación y dirección durante la realización del presente trabajo. Además por brindarme su amistad y confianza.

AL ING. M.C. LEONEL ROMERO HERRERA

Por su valiosa ayuda en la revisión y correciones hechas al presente trabajo.

AL ING. M.C. JOSE LUIS CANTU GALVAN

Por haber participado en la revisión y corrección del presente trabajo y brindarme su amistad y confianza.

AL DR. CIRO G.S. VALDES LOZANO

Por su revisión, sugerencias y proporcionar material bibliográfico durante la realización de este trabajo.

AL ING. OMAR G. ALVARADO GOMEZ

Por su colaboración en el trabajo de campo del presente escrito.

AL ING. DANIEL BECERRA

Por su valiosa colaboración durante la realización del análisis estadístico del presente escrito.

AL PROYECTO DE MEJORAMIENTO DE MAIZ, FRIJOL Y SORGO. ASI COMO A SU PERSONAL TECNICO Y DE CAMPO CUYA PARTICIPACION HIZO POSIBLE LA REALIZACION DE ESTE TRABAJO. ADEMAS DE FACILITARME EL ANALISIS DE DOS EXPERIMENTOS INCLUIDOS AQUI.

AL SR. DAMASIO MEDINA TRISTAN

Por su ayuda brindada durante la toma de datos.

A MIS AMIGOS, COMPAÑEROS Y DEMAS PERSONAS QUE CONTRIBUYERON AL DESARROLLO Y TERMINACION DE ESTE TRABAJO, ESPECIALMENTE A:

HILDA LANDA TORRALBA
ANTONIO GARCIA ESTEBA
LORENA G. GOMEZ SOTO
HERVEY MARTINEZ LOPEZ
AMPARO RAMIREZ CRUZ
FERNANDO FIGUEROA ESCOBEDO
MARIBEL MONSIVAIS ESPINOZA
LUIS A. FACUNDO GAMBOA
JOSE A. COLIN GOMEZ
AGUSTIN H. FLORES HERNANDEZ
GERARDO GARZA SALINAS

A LA SRA. URSULA USCANGA MORALES Y FAMILIA.

Por el cariño y hospitalidad que me brindaron durante la realización de mis estudios.

DEDICATORIAS

A MIS PADRES:

SR. PEDRO USCANGA MORALES

SRA. VICTORIA MORTERA DE USCANGA

Con amor, respeto y admiración;
por haber guiado con mano firme
y amorosa a nuestra familia a
través de diferentes etapas.

A MIS HERMANOS:

EDGAR y CHANA

ELDA y MARTIN

LILY y JORGE

ERUBIEL

FRED

Con cariño y respeto; por su
apoyo moral y por haber con-
tribuido en mi formación.

A MIS SOBRINOS CON CARIÑO.

A MIS ABUELOS:

SR. EULOGIO USCANGA ALVARES

SRA. ANGELICA MORALES DE USCANGA

SR. ALFONSO ROMAN VIDAL

SRA. MA. DEL CARMEN MORALES DE ROMAN

Con cariño y respeto por encontrarse

siempre a mi lado cuando los necesite.

A MIS TIOS Y PRIMOS.

I N D I C E

PAGINA

1. INTRODUCCION..... 1

2. REVISION DE LITERATURA..... 6

2.1. Sistemas de selección familial..... 6

2.1.1. Selección interfamilial..... 6

2.1.2. Selección intrafamilial..... 9

2.1.3. Selección combinada..... 10

2.1.4. Selección familial de medios hermanos. 11

2.1.5. Selección familial de hermanos completos..... 13

2.1.6. Selección familial de progenies autofecundadas o autohermanos..... 15

2.1.7. Selección para adaptabilidad..... 16

2.1.8. Alternativas y eficiencia de la selección familial..... 18

2.1.9. Tamaño óptimo de familias..... 22

2.2. Parecido entre parientes y la correlación intraclase..... 23

2.2.1. Covarianza genética y covarianza ambiental..... 23

2.2.2. Covarianza de medios hermanos..... 26

2.2.3. Covarianza de hermanos completos..... 27

PAGINA

2.2.4. Covarianza de autohermanos..... 29

2.2.5. Correlación intraclase y su utilidad en el mejoramiento genético..... 30

2.2.6. Prueba de hipótesis..... 34

2.3. Heredabilidad y respuesta a la selección familial..... 35

2.3.1. Métodos para estimar la heredabilidad. 35

2.3.2. Uso de la regresión para estimar heredabilidad..... 40

2.3.3. Precisión de las estimas de heredabilidad..... 43

3. MATERIALES Y METODOS..... 47

3.1. Experimento 1 (Ciclo primavera 83)..... 47

3.1.1. Lugar del trabajo..... 47

3.1.2. Materiales usados..... 48

3.1.3. Características estudiadas..... 48

3.2. Experimento 2 (Ciclo primavera 84)..... 49

3.2.1. Lugar del trabajo..... 49

3.2.2. Materiales usados..... 49

3.2.3. Características estudiadas..... 49

3.3. Experimento 3 (Primavera-otoño 85)..... 49

3.3.1. Lugar del trabajo..... 49

3.3.2. Materiales usados para la formación de las familias..... 50

PAGINA

3.3.3. Formación de familias (primera etapa)..... 50

3.3.4. Manejo del cultivo..... 52

3.3.5. Cosecha..... 52

3.3.6. Establecimiento de lote de selección familial..... 53

3.3.7. Manejo del cultivo..... 55

3.3.8. Cosecha (segunda etapa)..... 56

3.3.9. Datos registrados en pre-cosecha.... 56

3.3.10. Datos registrados en la cosecha.... 57

3.3.11. Diseño experimental..... 58

4. RESULTADOS Y DISCUSION..... 63

4.1. Relación entre parámetros estimados y número de familias..... 63

4.1.1. Carácter peso de mazorca..... 63

4.1.2. Carácter longitud de mazorca..... 64

4.1.3. Carácter diámetro de mazorca..... 72

4.1.4. Carácter número de hileras..... 76

4.1.5. Carácter número de granos por hilera. 80

4.2. Parámetros estimados a partir de familias de medios hermanos (MH) y autohermanos (AH). 84

4.3. Correlación intraclase vs. regresión progenie-progenitor..... 88

PAGINA

4.4. Correlaciones fenotípicas..... 89

5. CONCLUSIONES..... 98

6. RESUMEN..... 100

7. BIBLIOGRAFIA..... 103

8. APENDICE..... 108

INDICE DE CUADROS Y FIGURAS

CUADRO		PAGINA
1	Parecido fenotípico entre parientes y su relación con la heredabilidad (h^2) de un carácter.....	38
2	Material genético, número y tipos de progenie formadas (Marín, Primavera de 1985).....	51
3	Modelo de análisis de varianza usado para estimar esperanzas de cuadrados medios en un diseño completamente al azar.....	60
4	Componentes de varianza y parámetros estimados para peso de mazorca, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).....	65
5	Componentes de varianza y parámetros estimados para peso de mazorca, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera 83).....	66
6	Componentes de varianza y parámetros estimados para longitud de mazorca, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).....	69
7	Componentes de varianza y parámetros estimados para longitud de mazorca, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).....	70
8	Componentes de varianza y parámetros estimados para diámetro de mazorca, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).....	73

CUADRO		PAGINA
9	Componentes de varianza y parámetros estimados para diámetro de mazorca, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).....	74
10	Componentes de varianza y parámetros estimados para número de hileras, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).....	77
11	Componentes de varianza y parámetros estimados para número de hileras, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).....	78
12	Componentes de varianza y parámetros estimados para número de granos por hilera, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).....	81
13	Componentes de varianza y parámetros estimados para número de granos por hilera, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).....	82
14	Componentes de varianza entre ($\hat{\sigma}^2_{\beta}$) y dentro ($\hat{\sigma}^2_{w}$) de familias de medios hermanos (MH) de 18 características de maíz (Marín, otoño 1985).....	86
15	Componentes de varianza entre ($\hat{\sigma}^2_{\beta}$) y dentro ($\hat{\sigma}^2_{w}$) de familias de autohermanos (AH) de 18 características de maíz (Marín, otoño 1985).	87
16	Heredabilidad estimada por regresión progenie-progenitor (b_{OP}) y correlación intraclase (t_{MH}).....	90

FIGURA PAGINA

1 Distribución de las progenies autofecundadas y de medios hermanos en el lote de selección familial..... 54

2 Relación entre la correlación inctaclase (t) y el número de familias (carácter peso de mazorca)..... 67

3 Relación entre la correlación intraclase (t) y el número de familias (carácter longitud de mazorca)..... 71

4 Relación entre la correlación intraclase (t) y el número de familias (carácter diámetro de mazorca)..... 75

5 Relación entre la correlación intraclase (t) y el número de familias (carácter número de hileras)..... 79

6 Relación entre la correlación intraclase (t) y el número de familias (carácter granos/hilera)..... 83

7 Diagrama de correlaciones fenotípicas entre el carácter peso de grano por planta ajustado y las variables más correlacionadas con él..... 92

8 Correlaciones fenotípicas entre peso de mazorca por planta y diferentes características..... 93

9 Correlaciones fenotípicas entre peso de grano por planta ajustado y diferentes características..... 94

FIGURA PAGINA

10 Correlaciones fenotípicas entre peso de mazorca principal y diferentes características..... 96

11 Correlaciones fenotípicas entre peso de grano de la mazorca principal ajustado y diferentes características..... 97

A P E N D I C E

CUADRO

1 A Comparación de medias y significancia estadística para el carácter peso de grano/planta (Familias de Medios Hermanos)..... 109

2 A Comparación de medias y significancia estadística para el carácter peso de grano/planta (Familias de Autohermanos)..... 110

1. INTRODUCCION

Los avances en el estudio de la genética cuantitativa, han permitido un mejor entendimiento de la naturaleza de la variabilidad genética disponible en las poblaciones de maíz, para ser usadas en los programas de mejoramiento genético. Como consecuencia, ha aumentado el interés por desarrollar y realizar una evaluación más crítica de los métodos tradicionalmente usados para el mejoramiento intrapoblacional: selección masal y selección de mazorca por surco, actualmente denominada selección familial.

El uso de la selección familial o prueba de progenie se remonta al año de 1856, puesto en práctica por Vilmorín para aumentar el contenido de azúcar en la remolacha azucarera. En 1903 es introducido en la Estación Agrícola Experimental de Illinois por Smith, Hopkins y East; su objetivo era incrementar el contenido de aceite y proteínas en el grano de maíz, que lograron éxitosamente. Sin embargo, este método no fue eficiente para aumentar el rendimiento de grano. Las razones probables del fracaso del método son: 1) técnicas de campo deficientes; 2) alto grado de endogamia generada al seleccionar un número reducido de familias y 3) algunas familias de alto rendimiento deben de haber sido híbridos de progenitores desconocidos (Jugenheimer, 1981; Brauer, 1980).

Actualmente se han superado estos problemas mediante: el uso de diseños experimentales apropiados (látice, por ejemplo), utilizando de 200 a 500 progenies, ejerciendo un control del ambiente y la polinización. En la selección familial se explota la varianza aditiva ($\hat{\sigma}^2_A$) disponible en poblaciones, que es la porción de la varianza genética ($\hat{\sigma}^2_G$) heredable; es muy importante conocer esta porción de la varianza genética total para aplicar el método de mejoramiento adecuado, además, para predecir el avance genético poblacional.

El método de la correlación intraclase es utilizado para estimar la varianza aditiva y la heredabilidad de un carácter, lo que permite al fitomejorador hacer predicciones de respuesta a la selección bajo diferentes métodos de mejoramiento y así elegir el más conveniente en base a esta estimación y la posibilidad práctica de su ejecución.

El método de la correlación intraclase estima el grado de parecido dentro de grupos familiares; para propósitos del presente estudio se utilizan familias de medios hermanos (MH) y autohermanos (AH). Se espera que al aumentar el grado de endogamia en las familias aumente el coeficiente de la correlación intraclase. El coeficiente de correlación intraclase es un valor que va de 0 a 1; es la relación existente entre la varianza entre familias ($\hat{\sigma}^2_B$) y la varianza dentro de familias ($\hat{\sigma}^2_W$)

más la varianza entre familias, es decir, la varianza total ($\hat{\sigma}^2_T$).

Es importante determinar el número óptimo de familias de medios hermanos y autohermanos para obtener una estimación más precisa de la correlación intraclase; al usar un número de progenies bajo o alto, puede subestimarse o sobreestimarse el valor de la heredabilidad; además, un número superior al óptimo incrementará el costo del estudio sin aumentar la precisión del estimador. Otro aspecto importante es conocer que tan precisa resulta esta técnica, en comparación con otras; también interesa saber si se puede utilizar en familias de diferente grado de endogamia.

Los objetivos que se persiguen al realizar el presente trabajo son los siguientes:

1) Observar la variación en las estimaciones de la correlación intraclase dependiendo particularmente del número de familias de MH, de la variedad y su ambiente de evaluación.

2) Comparar la varianza aditiva existente en familias de MH y AH obtenidos de una misma población.

3) Comparar las estimaciones de heredabilidad obtenidas mediante la correlación intraclase y la regresión progenie-progenitor, para las mismas familias de medios hermanos.

4) Comparar las correlaciones fenotípicas entre el rendimiento y sus componentes estimados a partir de familias de MH y AH.

Hipótesis:

1.- Como la correlación intraclase depende de la componente entre familias, es de esperarse que a mayor número de progenies se incrementa la variabilidad genética entre éstas. La variedad y el ambiente también influyen en la correlación genética; la primera, a través de la varianza aditiva; la segunda, enmascarando los efectos genéticos.

2.- El grado de parecido fenotípico aumenta cuando se incrementa la endogamia y, por consecuencia, también la correlación; por lo tanto las familias de autohermanos (con 1/2 de endogamia) exhibirán valores más altos de correlación intraclase, comparadas con familias de medios hermanos (con 1/8 de endogamia).

3.- Como el grado de parecido fenotípico de la regresión progenie-progenitor, es mayor que en familias de medios hermanos, es de esperarse que las estimas de heredabilidad sean más precisas, sin embargo, no puede separarse la componente genético-ambiental, en la primera técnica, ya que el progenitor se

evaluó en un ciclo y la progenie en otro.

4.- Si las correlaciones fenotípicas entre caracteres dependen en gran parte de causas genéticas aditivas, entonces los coeficientes serán mayores en las familias de autohermanos que los de medios hermanos, por ser mayor la endogamia en el primer caso.

2. REVISION DE LITERATURA

2.1. Sistemas de selección familial

2.1.1. Selección interfamilial.

Según Lerner (1964), una familia puede definirse como un grupo de individuos relacionados entre sí por cierto parentesco genético, en virtud de una ascendencia común. El principio de la selección entre familias descansa sobre la posibilidad de apreciar el valor genético de una planta de una población, escogido al azar, por el promedio fenotípico de todos los miembros de su progenie. Cuanto mayor sea el número de individuos que contribuyen a la media familial, tanto más se acercará el fenotipo medio ($\overline{P}$) a la media del mérito genético de la familia o genotipo aditivo ($\overline{G}$) de la misma. Esto es cierto bajo el supuesto que los componentes genéticos no aditivos son de naturaleza aleatoria y, por lo tanto, su promedio tiende a aproximarse a cero a medida que aumenta el número de individuos por familia.

Falconer (1972) señala que en la selección familial, la elección o rechazo de las familias, se basa en el valor fenotípico medio de cada grupo. Los valores individuales no son considerados excepto en lo que corresponde a la determinación de la media familial; en otras palabras, se les da a las desviaciones dentro de familias una ponderación igual a cero. La

circunstancia principal bajo la cual la selección familial debe ser preferida, es cuando el carácter por seleccionar tiene una heredabilidad baja. La eficiencia de la selección familial descansa en el hecho de que las desviaciones ambientales de los individuos tienden a cancelarse entre sí en el valor medio de la familia. De manera que el valor fenotípico medio de la familia se aproxima a la medida de su media genotípica; la ventaja obtenida es grande cuando las desviaciones ambientales constituyen una gran parte de la varianza fenotípica o, en otras palabras, cuando la heredabilidad es baja. Otro factor importante dentro de la eficiencia de la selección familial es el tamaño o número de individuos por familia. Mientras más grande sea la familia, mayor será la correspondencia entre sus valores medios fenotípicos y genotípicos. Resumiendo, las condiciones que favorecen a la selección familial son heredabilidad baja, poca variación debida al ambiente común y familias grandes. Algunos caracteres, no pueden ser medidos en los individuos que van a ser usados como progenitores, y la selección puede basarse únicamente en el comportamiento de su progenie, esto conduce a la selección familial pero con la diferencia de que ahora los progenitores seleccionados no han participado en la estima de su media familial.

Según Márquez (1979), en el sistema de selección familial,

están incluidas todas las metodologías genotécnicas que involucran: la prueba de grupos de individuos con cierto grado de parentesco (hermanos completos, medios hermanos, líneas S_1, etc.), metodologías generalmente de tipo recurrente para el mejoramiento de poblaciones, la prueba de mestizos (líneas X probador) para estimar aptitud combinatoria general, en la obtención de sintéticos o híbridos de cruza doble, cruzas de tres líneas o cruzas simples, o en los esquemas de selección recurrente. Esta claro que en estas pruebas se está estimando el comportamiento de un grupo de plantas de cierta homogeneidad genética (dada por el parentesco entre ellas dentro de una misma parcela).

Márquez (1980) afirma que al tomarse como unidad de selección a la familia, los valores fenotípicos son los promedios de los valores individuales, por lo tanto, los efectos ambientales tienden a anularse y los valores fenotípicos se acercan a los valores genéticos, siempre y cuando las pruebas de las familias se lleven a cabo en un número adecuado de años y localidades. Dependiendo del tipo de familias se aprovecharán proporciones variables de varianza aditiva ($\hat{\sigma}^2_A$): 1/4 para las familias de medios hermanos (MH), 1/2 para las familias de hermanos completos (HC) y 1 para las progenies autofecundadas o familias de autohermanos (AH). Para las familias de MH y HC se requieren dos años por ciclo y para las familias de AH, tres

años.

*Melton (1985) considera que cualquier método de selección que se base en la estimación del valor genético de los progenitores mediante pruebas de progenie, se clasifican como métodos de selección genotípica. Estos métodos mejoran la respuesta a la selección al estimar mejor la componente genética aditiva del diferencial de selección, incrementándose la heredabilidad realizada comparativamente con la selección fenotípica en la cual esto no es posible; por tanto, los métodos de selección familial (interfamilial), intrafamilial y combinada son considerados como métodos de selección genotípica que varían en la precisión para estimar el valor genotípico de los individuos que se seleccionan como progenitores de una nueva población y, consecuentemente, en la respuesta a la selección.

2.1.2. Selección intrafamilial.

El criterio de selección es la desviación de cada individuo con respecto al valor medio de la familia a la cual pertenece, aquellos que exceden dicho valor en las mayores cantidades siendo considerados como los más deseables. Esto es lo inverso de la selección familial, es decir, se les da una ponderación de cero a las medias familiales. La principal condición

---

* Comunicación personal, Ciro Valdés L.

bajo la cual este método tiene una ventaja sobre los otros es una gran componente de varianza ambiental común a los miembros de una familia (Falconer, 1972).

2.1.3. Selección combinada.

Se basa en la información conjunta de los fenotipos individuales y de los promedios familiares; como su nombre lo indica, es una combinación de la selección entre familias (selección interfamilial) y la selección dentro de familias (selección intrafamilial). Las ganancias esperadas con este método de selección, deben ser siempre mayores que las obtenidas separadamente mediante la selección masal o la selección interfamilial; dado que se hace uso de la varianza aditiva total, esto es, se explota primero la varianza aditiva entre y después la varianza aditiva dentro de familias (Lerner, 1964).

A fin de conferir adaptabilidad a las poblaciones así mejoradas, la selección interfamilial se practica por medio de la información que proporcionan varios lotes foráneos de experimentación (lotes de evaluación); por otro lado, en el campo experimental la selección intrafamilial se practica en otra repetición de las familias bajo prueba; este es el lote de selección (Márquez, 1980).

Claure y Márquez (1984) estimaron los avances logrados

con la selección combinada de medios hermanos y la selección masal en cinco variedades de maíz. Obtuvieron una respuesta promedio de 6.88% para la selección combinada de medios hermanos; la selección masal mostró una respuesta de 5.02%. Las respuestas obtenidas con los dos métodos de selección cayeron dentro de los límites esperados; la selección combinada de medios hermanos mostró una superioridad de 37% sobre la selección masal.

2.1.4. Selección familial de medios hermanos.

Lonnquist (1964), propone una modificación al método de selección de mazorca por surco, para superar los obstáculos que se presentan debido al grado de endogamia que se genera. El uso del procedimiento combinado de mazorca por surco ofrece un medio para incrementar la precisión de la selección intrapoblacional. Así, la modificación es esencialmente un programa de selección entre y dentro de familias.

Johansson (1972), menciona que la selección masal en mazorca por hilera modificada (medios hermanos), puede ser preferible cuando las plantas que actualmente sobreviven producen la semilla para la generación siguiente; una progenie de medios hermanos, según se usa aquí, describe a una familia de individuos que tienen un progenitor en común, como por ejemplo,

la progenie de una mazorca de polinización libre.

Benitez et al. (1979) proponen una modificación al método de selección de mazorca por surco, con el cual obtienen una ganancia de 6.0 y 8.9% para rendimiento y estabilidad, respectivamente, en medio ciclo de selección. El procedimiento es el siguiente: 1) inicio de colecta local, 2) prueba y evaluación de materiales y 3) uso de semilla remanente y estratificación del lote de prueba colocando una repetición por localidad. Esto último trae como ventajas: evitar el desespigamiento y disminuir el efecto ambiental que enmascara el valor genotípico de las progenies seleccionadas.

Según Brauer (1981), el aislamiento más o menos fuerte de los grupos familiares conduce a un alto grado de endogamia. En la selección familial de medios hermanos solo se conoce en realidad al progenitor femenino, mientras que, los progenitores masculinos serán todos las plantas cuyo polen haya podido llegar a los estigmas de la planta madre. Este método requiere hacer pruebas de las descendencias de las plantas para determinar cuáles son las que transmiten una herencia más favorable a los caracteres que se desean seleccionar. El primero en recomendar y usar este método de selección fue Vilmorín (1956), teniendo éxito para ciertos caracteres; sin embargo, observó que la selección para rendimiento tuvo poco éxito, ésto debido quizá a la endogamia generada.

Jugenheimer (1981), menciona que algunos autores tales como: Hopkins (1898), Hopkins, Smith y East (1903) y Smith (1918), introdujeron la selección mazorca por surco en la Estación Experimental Agrícola de Illinois. La productividad relativa de las diferentes mazorcas se evalúa sembrando una parte de la semilla de cada mazorca en surcos individuales, determinando su comportamiento en las parcelas. La semilla de las mazorcas con los mayores rendimientos se incrementaba para su uso comercial.

Reyes (1985) afirma que la selección mazorca por surco es una modalidad de la selección individual practicada en las plantas autógamas, y de la selección masal practicada en alógamas, al menos por el progenitor masculino. Cuando la varianza genética aditiva en una variedad es alta, la selección mazorca por surco o selección familial es efectiva. En la década de 1960 recibe el nombre de selección familial de medios hermanos. En una mazorca de maíz, son medios hermanos la mayoría de las plantas obtenidas al sembrar la semilla, aunque también es probable que un bajo porcentaje (3 a 5%) sean hermanos completos.

2.1.5. Selección familial de hermanos completos.

Según Poehlman (1965) la selección de progenies es un procedimiento en el que las progenies se cultivan en lotes in

dividuales con el objeto de determinar la capacidad de mejoramiento de las plantas seleccionadas. Mediante las pruebas de las progenies, se puede diferenciar las plantas cuya superioridad se deba a variación genética de aquellas en que sea debida al ambiente.

Lonnquist (1965), menciona que la selección de hermanos completos fue sugerida por Harland (1947) como procedimiento para la selección dentro de poblaciones de maíz. En realidad cada apareamiento planta a planta es una cruza doble críptica; en estos híbridos la expresión fenotípica es una función de la acción génica aditiva y no aditiva, lo cual en cierta forma puede limitar el valor de la selección de familias de hermanos completos como método de mejoramiento de poblaciones. Cuando Lonnquist realizó la selección familial de hermanos completos en la variedad Hays Golden obtuvo un incremento en el rendimiento de 14%.

Márquez (1979), citado por Bayardo (1980), recomienda la selección familial de hermanos completos a partir de criollos, para usarla en la liberación de variedades mejoradas; es de esperarse una respuesta mayor por año con respecto a la selección familial de medios hermanos.

Lira (1984), menciona que la selección combinada en fami

lias de hermanos completos ha sido diseñada y aplicada por Johnson y Villena del CIMMYT; se ha utilizado con éxito para reducir la altura de la planta, ya que es posible seleccionar primeramente a las familias de altura más baja y, posteriormente hacer cruzamientos planta a planta (P a P) entre las plantas de porte bajo. De esta manera se forman familias de hermanos completos para continuar el siguiente ciclo de selección.

2.1.6. Selección familial de progenies autofecundadas o autohermanos.

Molina (1979) denomina a la selección de familias de autohermanos como selección de progenies autofecundadas. En la selección de progenies autofecundadas se recurre a los progenitores que se autofecundan, si éstos son de propagación vegetativa, o la semilla de la progenie autofecundada; en este último caso está la formación de sintéticos con líneas seleccionadas mediante la prueba de líneas per se. El método propuesto por Molina es más eficiente que los métodos de selección masal estratificada y selección modificada de mazorca por surco, aunque implica un ciclo adicional de recombinación.

Márquez (1985), considera que las familias de autohermanos (AH) son en realidad líneas S_1 obtenidas por autofecundación de plantas S_0. La letra S es del inglés "selfing" y el

subíndice el número de generaciones de autofecundación, a las plantas de la población original con apareamiento aleatorio (alógamas) donde la autofecundación es rara, se les considera como plantas S_0. Como en la selección familial la evaluación, selección y recombinación genética de las familias sobresalientes no se persigue mayor grado de endogamia por ciclos repetidos por autofecundación (S_2, S_3, ...) es más apropiado llamar a las líneas S_1 familias de autohermanos. La selección familial de autohermanos tiene su origen en el problema sobre la decisión del mejor probador para evaluar la aptitud combinatoria general (ACG) de las líneas S_1. Estrictamente hablando, este método debería de identificarse como: a) selección familial de autohermanos mediante pruebas de progenie de medios hermanos paternos o medios hermanos maternos y b) selección de familias S_1 mediante progenies de cruza S_1 X probador de aptitud combinatoria general.

2.1.7. Selección para adaptabilidad.

Brauer (1980), define a la adaptabilidad, desde un punto de vista práctico, mediante la regresión del rendimiento de cada genotipo con respecto al promedio de todas las variedades evaluadas en los diferentes ambientes. Si el coeficiente de regresión fuese igual a cero significaría que la variedad no responde a ningún cambio ambiental, situación casi imposible de

encontrar. Si el coeficiente de regresión fuese igual a 1, significa que la variedad responde bien en todos los ambientes (estable). Cuando el coeficiente de regresión entre 0 y 1, significa buena respuesta en ambientes adversos. Finalmente, si el coeficiente de regresión es mayor de 1 la variedad responderá mejor en ambientes favorables.

Según Wong, et al. (1980) el método más utilizado para el análisis estadístico de la interacción genotipo-ambiente es el de Eberhart y Russell (1966), en donde la interceptada β_0, el coeficiente de regresión (β_i) y las desviaciones de regresión (S^2_{dt}) de una variedad son considerados como parámetros de su estabilidad. El uso de parámetros de estabilidad permite identificar variedades estables para los diversos ambientes, a través de años y localidades, es decir, identifican genotipos que interaccionan menos con el ambiente. Estos autores consideran que una variedad estable es aquella que posee un alto rendimiento $\beta_i = 1$ y $S^2_{dt} = 0$ (o tendiente a cero). Sin embargo, Márquez (1975) considera que debido a la gran variación de ambiente natural y social existente en México, una variedad estable es aquella que tiene un $\beta_i = 1$ y una S^2_{dt} tendiente a cero. Wong, et al. determinaron los parámetros de estabilidad de 8 variedades de maíz probados en 8 ambientes en el estado de Durango y encontraron que la variedad VS-203 responde mejor en ambientes desfavorables en forma consistente, mientras que,

las variedades: VS-201, H-220, Cafime y H-222, se mostraron estables en los diferentes ambientes.

2.1.8. Alternativas y eficiencia de la selección familial.

Márquez (1980) propone 5 alternativas para llevar a cabo la selección familial, que son las siguientes:

1). Selección alternante masal-familial de Poey (M-FP). Cada ciclo lleva tres años y consta de: un ciclo de selección masal, un ciclo de selección familial y un ciclo para la recombinación genética. Poey recomienda sembrar una población de 4,000 plantas y una presión de selección $P_f = 0.05$ en el primer ciclo; así, se obtienen 200 mazorcas que generarán 200 familias de medios hermanos a las que se les aplica una $P_b = 0.05$ (10 familias seleccionadas). Con la semilla remanente de las familias seleccionadas, se hace un compuesto balanceado tomando 20 semillas viables por familia, a fin de generar 200 mazorcas con las cuales se integra un nuevo compuesto para el siguiente ciclo de selección.

Respuesta esperada. Mientras que en la selección masal se aprovecha la mitad de la varianza aditiva, la selección familial de medios hermanos aprovecha la cuarta parte, por lo tanto, se tendrá la respuesta siguiente:

$$R_{MS-FP} = \frac{i_{f(1/2)} \quad \hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}_f} + \frac{i_{f(1/4)} \quad \hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}_{B\ (MH)}}$$

donde:

i_f = intensidad de selección.

$\hat{\sigma}^2_A$ = varianza aditiva.

$\hat{\sigma}_f$ = desviación estandar fenotípica.

$\hat{\sigma}_{B\ (MH)}$ = desviación estandar entre familias de medios hermanos (MH).

Otra simbología es:

i_B = intensidad de selección entre familias.

i_W = intensidad de selección dentro de familias.

$\hat{\sigma}_{W\ (MH)}$ = desviación estandar dentro de familias de medios hermanos.

$\hat{\sigma}_{B\ (HC)}$ = desviación estandar entre familias de hermanos completos.

2). Selección combinada de Lonnquist-Paterniani (L-P).

Requiere un año por ciclo. Se hace la selección interfamilial en el campo de los agricultores para adaptabilidad y selección intrafamilial para rendimiento en un lote de desespigamiento aislado en el campo experimental, se obtiene la mayor respuesta teórica por ciclo de selección, y mantiene cierto grado de

diversidad genética por la polinización en el lote de desespigamiento que incluye familias seleccionadas y no seleccionadas.

La respuesta es:

$$R_{L-P} = \frac{i_{B(1/8)}\ \hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}_{B(MH)}} + \frac{i_{W(3/8)}\ \hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}_{W(MH)}}$$

3). Selección combinada de Compton-Comstock (C-C). Cada ciclo dura dos años; en el primer año se hace selección interfamilial en el campo de agricultores (para adaptabilidad principalmente). En el segundo año se lleva a cabo la selección intrafamilial en el campo experimental (para rendimiento); el lote de selección que incluye sólo a las familias seleccionadas, que son desespigadas para controlar la polinización. Esta técnica reduce seriamente la variabilidad genética. La respuesta esperada es:

$$R_{C-C} = \frac{i_{B(1/4)}\ \hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}_{B(MH)}} + \frac{i_{W(3/8)}\ \hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}_{W(MH)}}$$

4). Selección familial convergente-divergente de medios hermanos (CDMH). Su duración es de dos años por ciclo. Se hace selección familial principalmente para adaptabilidad (en campos de agricultores), con las familias seleccionadas se hace

$$R_{MS-FP} = \frac{i_{f(1/2)} \quad \hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}_f} + \frac{i_{f(1/4)} \quad \hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}_{B\ (MH)}}$$

donde:

i_f = intensidad de selección.

$\hat{\sigma}^2_A$ = varianza aditiva.

$\hat{\sigma}_f$ = desviación estandar fenotípica.

$\hat{\sigma}_{B\ (MH)}$ = desviación estandar entre familias de medios hermanos (MH).

Otra simbología es:

i_B = intensidad de selección entre familias.

i_W = intensidad de selección dentrc de familias.

$\hat{\sigma}_{W\ (MH)}$ = desviación estandar dentro de familias de medios hermanos.

$\hat{\sigma}_{B\ (HC)}$ = desviación estandar entre familias de hermanos completos.

2). Selección combinada de Lonnquist-Paterniani (L-P).

Requiere un año por ciclo. Se hace la selección interfamilial en el campo de los agricultores para adaptabilidad y selección intrafamilial para rendimiento en un lote de desespigamiento aislado en el campo experimental, se obtiene la mayor respuesta teórica por ciclo de selección, y mantiene cierto grado de

diversidad genética por la polinización en el lote de desespigamiento que incluye familias seleccionadas y no seleccionadas.

La respuesta es:

$$R_{L-P} = \frac{i_{B(1/8)}\ \hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}_{B(MH)}} + \frac{i_{W(3/8)}\ \hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}_{W(MH)}}$$

3). Selección combinada de Compton-Comstock (C-C). Cada ciclo dura dos años; en el primer año se hace selección interfamilial en el campo de agricultores (para adaptabilidad principalmente). En el segundo año se lleva a cabo la selección intrafamilial en el campo experimental (para rendimiento); el lote de selección que incluye sólo a las familias seleccionadas, que son desespigadas para controlar la polinización. Esta técnica reduce seriamente la variabilidad genética. La respuesta esperada es:

$$R_{C-C} = \frac{i_{B(1/4)}\ \hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}_{B(MH)}} + \frac{i_{W(3/8)}\ \hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}_{W(MH)}}$$

4). Selección familial convergente-divergente de medios hermanos (CDMH). Su duración es de dos años por ciclo. Se hace selección familial principalmente para adaptabilidad (en campos de agricultores), con las familias seleccionadas se hace

un compuesto que se lleva a recombinación genética en un lote de polinización manual; de éste se extraen mazorcas que constituirán futuras familias de medios hermanos para un segundo ciclo. Se reduce la varianza genética.

La respuesta es:

$$R_{CDMH} = \frac{i_{F(1/4)} \ \hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}_{B(MH)}}$$

5). Selección familial convergente-divergente de hermanos completos (CDHC). Su duración es de dos años por ciclo. Es un método similar al anterior, solo que se usan familias de hermanos completos obtenidos por cruzamientos P a P.

La respuesta es:

$$R_{CDHC} = \frac{i_{F(1/2)} \ \hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}_{B(HC)}}$$

Al considerar la respuesta por ciclo, el mejor método es la selección alternante M-FP, siguiéndole los métodos de selección familial, enseguida el C-C y finalmente el L-P. Está claro que el sistema alternante M-FP es el mejor porque de hecho es la suma de dos ciclos de selección: la masal y la familial.

Tomando en cuenta el tiempo requerido por ciclo, la situación favorece a los métodos que toman uno o dos años; bajo este criterio, el mejor método es la selección combinada L-P, siguiéndole: la selección familial, selección alternante M-FP y la selección combinada C-C.

2.1.9. Tamaño óptimo de familias.

Falconer (1972) menciona que bajo las condiciones limitadas para la medición de un número fijo de individuos, es importante determinar el tamaño óptimo de los grupos para la estimación de correlaciones intra-grupo. Cuando considera que hay solo m familias de medios hermanos, cada uno con h de éstos, es decir, hay solo un individuo por progenie (n=1), entonces el número total de individuos por medir será una cantidad constante, N=mh. Si t es el valor del coeficiente de correlación intraclase, la varianza de t, V(t), es un mínimo cuadrado ht=1; por lo tanto, el número de hembras necesario es igual al recíproco del coeficiente de correlación intraclase, h=1/t. Al considerar varios individuos por progenie, entonces existen coeficientes de correlación intraclase tanto para machos, t_1, como para hembras, t_2. Sin embargo, en este caso no es posible diseñar una estructura óptima para $V(t_1)$ y $V(t_2)$; bajo estas circunstancias se siguió la solución para el caso en que ambos coeficientes tengan la misma varianza. Dicho autor encontró

que si se sugiere un óptimo de h entre 4 y 10, entonces:

$$N = \frac{1}{\sqrt{t\ h + 1}}$$

lo que resulta en un tamaño óptimo familial entre 2/t y 3/t.

La mayoría de los investigadores usan el coeficiente de variación para determinar la forma y tamaño de la parcela experimental Lana y Homeyer (1953). A este método se le llama de la máxima curvatura y consiste en estimar los coeficientes de variación usando las varianzas del error de los análisis, correspondientes a los diferentes tamaños y formas parcelares. Estos coeficientes se grafican en contra de los tamaños de parcela y se determina el tamaño óptimo en la abscisa que corresponde a la máxima curvatura de la gráfica que resulta. Márquez (1972), estimó por medio de este método el tamaño óptimo muestral en 6 poblaciones de maíz; concluyó que para obtener estimas con niveles aceptables de precisión será necesario usar parcelas de 17 plantas y 6 repeticiones.

2.2. Parecido entre parientes y la correlación intraclase

2.2.1. Covarianza genética y covarianza ambiental.

El parecido entre parientes es uno de los fenómenos genéticos básicos mostrados por los caracteres métricos. El grado

de parecido es una propiedad del carácter que puede determinarse por medio de mediciones relativamente simples, que se hacen en la población, sin necesidad de usar técnicas experimentales especiales. El grado de parecido proporciona así un medio para estimar la cantidad de varianza aditiva, y ésta proporción (o sea la heredabilidad), es la que determina principalmente cuál será el mejor método de mejoramiento que debe usarse. La medición del grado de parecido se basa en la partición de la varianza fenotípica en componentes correspondientes a la agrupación de los individuos en familias (Falconer, 1972 y Martínez, 1975).

Falconer (1972), señala que las causas genéticas no son las únicas razones de la existencia del parecido entre parientes; existen también circunstancias ambientales que tienden a hacer que los parientes se parezcan entre sí, en algunas clases de parientes más que en otros. Esto significa que algunas circunstancias ambientales que causan diferencias entre individuos no emparentados no son una causa de diferenciación entre miembros de la misma familia. En otras palabras, hay una componente de varianza ambiental que contribuye a la varianza entre medias de las familias pero no a la varianza dentro de familias y, por lo tanto, contribuye a la covarianza de individuos emparentados. Esta componente ambiental entre grupos, para la cual se usará el símbolo $\hat{\sigma}^2_{EC}$, se llama usualmente varianza del am-

biente común; este término, es más apropiado cuando se piensa en la componente como causa de similitud entre miembros de un grupo, que cuando se piensa en ella como causa de variación entre miembros de diferentes grupos. El resto de la varianza ambiental ($\hat{\sigma}^2_{EW}$), se presenta debido a causas de diferenciación estén o no emparentados los miembros del grupo. Forma parte, de la componente de varianza dentro de grupos, pero no contribuye a la componente entre familias, la cual es la varianza de las medias verdaderas de las mismas. Cuando se considera el parecido entre parientes, por lo tanto, la varianza ambiental debe dividirse en dos componentes:

$$\hat{\sigma}^2_E = \hat{\sigma}^2_{EC} + \hat{\sigma}^2_{EW}$$

La primera de éstas componentes ($\hat{\sigma}^2_{EC}$), contribuye a la covarianza de los individuos emparentados.

Reyes (1985) afirma que el medio ambiente afecta de manera diferente a los caracteres cuantitativos; el rendimiento, es el carácter más afectado. Las diferencias ambientales enmascaran las diferencias genotípicas, cualquiera que sea el tipo de acción génica. Cuanto más grande sea la componente de varianza entre grupos, más difícil será hacer selección en la variación que exista entre los genotipos; por otro lado, si la componente de varianza entre grupos es pequeña en relación a

la variación fenotípica, la selección será más eficiente dentro de grupos porque las características seleccionadas en los progenitores serán expresadas en la progenie; y aún más eficiente, si la variación entre los genotipos es debida al tipo de acción génica aditiva.

2.2.2. Covarianza de medios hermanos.

Falconer (1972), indica que los medios hermanos son individuos que tienen un progenitor común y otro diferente. Un grupo de medios hermanos es, por lo tanto, la progenie de un individuo apareado al azar y que tiene un descendiente con cada pareja. En esta forma el valor genotípico medio del grupo de medios hermanos es por definición la mitad del valor reproductivo del progenitor común. La covarianza es la varianza de las medias de los grupos de medios hermanos, y representa, la varianza de la mitad de los valores reproductivos de los progenitores; como el valor reproductivo en grupos de medios hermanos es la mitad de la varianza aditiva se tiene que:

$$Cov_{(MH)} = \hat{\sigma}^2_{(\frac{1}{2}A)} = \frac{1}{4} \hat{\sigma}^2_A$$

donde:

A = Valor reprcductivo o aditivo.

$\hat{\sigma}^2_A$ = Varianza de los efectos aditivos.

Márquez (1980), observó que en las familias de medios hermanos generadas por apareamiento aleatorio, la varianza genética intrafamilial es igual a la varianza genética total menos la varianza genética entre familias; esta varianza es:

$$\hat{\sigma}^2_{BG(MH)} = cov\ (MH) = 1/4\ \hat{\sigma}^2_A$$

$$\therefore \quad \hat{\sigma}^2_{WG(MH)} = \hat{\sigma}^2_A + \hat{\sigma}^2_D - 1/4\ \hat{\sigma}^2_A = 3/4\ \hat{\sigma}^2_A + \hat{\sigma}^2_D$$

2.2.3. Covarianza de hermanos completos.

La covarianza de hermanos carnales es la varianza de las medias de familias de hermanos carnales.

$$Cov_{(HC)} = cov_{\bar{OP}} + d^2p^2q^2$$

$$= pq\alpha^2 + d^2p^2q^2$$

donde:

$$\hat{\sigma}^2_A = 2pq\alpha^2$$

$$\hat{\sigma}^2_D = 4d^2p^2q^2$$

$$Cov_{(HC)} = 1/2\ \hat{\sigma}^2_A + 1/4\ \hat{\sigma}^2_D$$

De manera que la covarianza genética de hermanos carnales es igual a la mitad de la varianza genética aditiva más un cuarto de la varianza dominante. Este es el único parentesco donde se estima una parte de la varianza dominante contribuyendo al parecido. La razón es que los hermanos carnales tienen ambos padres en común, y un par de aquellos, tienen un cuarto de probabilidad de tener el mismo genotipo para cualquier locus (Falconer, 1972).

Según Márquez (1980), en familias de hermanos completos generadas por apareamiento entre parejas de plantas de varianza genética interna es igual a la varianza genética total menos la varianza genética entre familias, esta varianza es:

$$\hat{\sigma}^2_{BG(HC)} = \text{cov (HC)} = 1/2\ \hat{\sigma}^2_A + 1/4\ \hat{\sigma}^2_D$$

$$\therefore \quad \hat{\sigma}^2_{WG(HC)} = \hat{\sigma}^2_A + \hat{\sigma}^2_D - 1/2\ \hat{\sigma}^2_A - 1/4\ \hat{\sigma}^2_D$$

$$= 1/2\ \hat{\sigma}^2_A + 3/4\ \hat{\sigma}^2_D$$

2.2.4. Covarianza de autohermanos.

Márquez (1980) señala que la varianza genética entre las familias de autohermanos es igual a la suma de la varianza genética aditiva más un cuarto de la varianza genética de dominancia.

$$\hat{\sigma}^2_{B(AH)} = 1/2u^2 + 1/16h^2 = 2pq\alpha^2 + p^2q^2d^2$$

como:

$$\hat{\sigma}^2_A = 1/2u^2 = 2pq\alpha^2$$

donde:

u = semidiferencia entre los homocigotes.

$$\hat{\sigma}^2_D = 1/4h^2 = 4p^2q^2d^2$$

entonces:

$$\hat{\sigma}^2_{B(AH)} = \hat{\sigma}^2_A + 1/4\ \hat{\sigma}^2_D$$

Romero (1981) menciona que las covarianzas entre parientes, según su grado de parentesco, equivalen a una porción de las varianzas aditivas y de dominancia de la población original. Así, la covarianza de autohermanos equivale a la varianza aditiva menos una fracción compleja debido a la endogamia, más un cuarto de la varianza de dominancia:

$$COV(AH) = \hat{\sigma}^2_{B(AH)} = \hat{\sigma}^{2*}_{A} + 1/4 \; \hat{\sigma}^2_{D}$$

$$\hat{\sigma}^2_{B(AH)} = Cov(AH) = \hat{\sigma}^{2*}_{A} + 1/4 \; \hat{\sigma}^2_{D}$$

2.2.5. Correlación intraclase y su utilidad en el mejoramiento genético.

Steel y Torrie (1960) afirman que la correlación intraclase es una medida del parecido fraternal, cuando el límite de este es significativo.

Sánchez-Monge (1966), menciona dos grupos de familias utilizados para estimar el coeficiente de correlación intraclase:

a) Medios hermanos (MH). Los medios hermanos tienen un progenitor en común, y la covarianza de cada individuo con todos sus medios hermanos, dividida por la varianza total, dará el coeficiente de correlación intraclase. Por otra parte, la covarianza de MH será igual a la varianza de las medias de cada familia, según se indicó anteriormente, pero la varianza de las medias familiares es la mitad de los valores aditivos. Por lo tanto, el coeficiente de correlación intraclase (t) será:

$$t_{MH} = \frac{cov\ (MH)}{\hat{\sigma}^2_F} = \frac{\hat{\sigma}^2\ (\frac{1}{2}\ A)}{\hat{\sigma}^2_F} = \frac{\hat{\sigma}^2\ 1/4\ A}{\hat{\sigma}^2_F} = 1/4\ h^2$$

$$\therefore \quad h^2 = 4t_{MH}$$

b) Hermanos completos (HC). El cálculo del coeficiente de correlación intraclase entre hermanos completos no permite obtener una estimación más precisa de la heredabilidad, debido a la componente de $\hat{\sigma}^2_D$. En efecto, se demuestra que el coeficiente de correlación intraclase será igual a:

$$t_{HC} = \frac{1/2\ \hat{\sigma}^2\ A + 1/4\ \hat{\sigma}^2\ D}{\hat{\sigma}^2_F} = 1/2\ (\frac{\hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}^2_F}) + 1/4\ \frac{\hat{\sigma}^2_D}{\hat{\sigma}^2_F} = 1/2\ h^2 +$$

$$1/4\ \frac{\hat{\sigma}^2_D}{\hat{\sigma}^2_F}$$

$$h^2 < 2\ t_{HC}$$

Según Falconer (1972) el hacer observaciones en poblaciones, las cuales han sido divididas en grupos (por ejemplo familias), se puede observar que mientras mayor sea la similitud dentro de grupos, mayor será la proporción de diferencia que exista entre grupos. El grado de parecido puede por lo tanto, expresarse como la proporción de la componente entre grupos

respecto a la varianza total.

Según Martínez (1975), una de las propiedades básicas de un carácter métrico es la semejanza observada entre individuos con cierta relación de parentesco. Para el genetista, las relaciones de semejanza proporcionan la técnica para evaluar la proporción de varianza aditiva de los individuos de una población; ésta componente determina el método de mejoramiento más adecuado que debe aplicarse a su población. Una forma de medir el grado de semejanza entre parientes es el agrupamiento de individuos en familias. Mediante la técnica de análisis de varianza, la variación total puede dividirse en dos componentes: la componente dentro de grupos $\hat{\sigma}^2_w$, y la componente entre grupos, $\hat{\sigma}^2_B$. La varianza dentro de grupos, es la varianza de los individuos con respecto a sus medias de grupos; la varianza entre grupos, es la varianza de las medias de grupos con relación a la media poblacional. De aquí, la semejanza entre individuos emparentados puede visualizarse como similitud de individuos del mismo grupo, o como diferencia entre individuos de diferentes grupos. Así, mientras mayor sea la similitud entre los individuos de un grupo, será mayor la diferencia entre individuos de diferentes grupos; por consiguiente, el grado de semejanza entre familias de individuos puede medirse a través del coeficiente de correlación intraclase. Este está dado por

$$t_{MH} = \frac{cov\ (MH)}{\hat{\sigma}^2_F} = \frac{\hat{\sigma}^2\ (\frac{1}{2}\ A)}{\hat{\sigma}^2_F} = \frac{1/4\ \hat{\sigma}^2\ A}{\hat{\sigma}^2_F} = 1/4\ h^2$$

$$\therefore \quad h^2 = 4t_{MH}$$

b) Hermanos completos (HC). El cálculo del coeficiente de correlación intraclase entre hermanos completos no permite obtener una estimación más precisa de la heredabilidad, debido a la componente de $\hat{\sigma}^2_D$. En efecto, se demuestra que el coeficiente de correlación intraclase será igual a:

$$t_{HC} = \frac{1/2\ \hat{\sigma}^2\ A + 1/4\ \hat{\sigma}^2\ D}{\hat{\sigma}^2_F} = 1/2\ (\frac{\hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}^2_F}) + 1/4\ \frac{\hat{\sigma}^2_D}{\hat{\sigma}^2_F} = 1/2\ h^2 +$$

$$1/4\ \frac{\hat{\sigma}^2_D}{\hat{\sigma}^2_F}$$

$$\therefore \quad h^2 < 2\ t_{HC}$$

Según Falconer (1972) el hacer observaciones en poblaciones, las cuales han sido divididas en grupos (por ejemplo familias), se puede observar que mientras mayor sea la similitud dentro de grupos, mayor será la proporción de diferencia que exista entre grupos. El grado de parecido puede por lo tanto, expresarse como la proporción de la componente entre grupos

respecto a la varianza total.

Según Martínez (1975), una de las propiedades básicas de un carácter métrico es la semejanza observada entre individuos con cierta relación de parentesco. Para el genetista, las relaciones de semejanza proporcionan la técnica para evaluar la proporción de varianza aditiva de los individuos de una población; ésta componente determina el método de mejoramiento más adecuado que debe aplicarse a su población. Una forma de medir el grado de semejanza entre parientes es el agrupamiento de individuos en familias. Mediante la técnica de análisis de varianza, la variación total puede dividirse en dos componentes: la componente dentro de grupos $\hat{\sigma}^2_w$, y la componente entre grupos, $\hat{\sigma}^2_B$. La varianza dentro de grupos, es la varianza de los individuos con respecto a sus medias de grupos; la varianza entre grupos, es la varianza de las medias de grupos con relación a la media poblacional. De aquí, la semejanza entre individuos emparentados puede visualizarse como similitud de individuos del mismo grupo, o como diferencia entre individuos de diferentes grupos. Así, mientras mayor sea la similitud entre los individuos de un grupo, será mayor la diferencia entre individuos de diferentes grupos; por consiguiente, el grado de semejanza entre familias de individuos puede medirse a través del coeficiente de correlación intraclase. Este está dado por

$t = \frac{\hat{\sigma}^2_B}{\hat{\sigma}^2_B + \hat{\sigma}^2_W}$. La componente entre grupos expresa la cantidad de variación que es común a los miembros del mismo grupo.

Ostle (1977), afirma que el coeficiente de la correlación intraclase es una medida que indica el grado de asociación o similitud entre individuos dentro de clases o grupos.

Donner y Koval (1980) afirman que la correlación intraclase (t) es definida como:

$$t = \frac{\hat{\sigma}^2_B}{\hat{\sigma}^2_B + \hat{\sigma}^2_W} = \frac{\hat{\sigma}^2_B}{\hat{\sigma}^2_T}$$

donde:

$\hat{\sigma}^2_B$ = varianza entre grupos.

$\hat{\sigma}^2_W$ = varianza dentro de grupos.

$\hat{\sigma}^2_T$ = varianza total

Donner y Bull (1983) mencionan que el coeficiente de correlación intraclase es frecuentemente utilizado para medir el grado de semejanza intrafamilial con respecto a características tales como peso y altura.

Lira (1984) estimó la correlación intraclase a partir de familias de medios hermanos, para dos variedades evaluadas en diferentes ambientes, observó que para el carácter peso de mazorca, los valores del coeficiente de correlación intraclase en las dos variedades disminuyeron al cambiar de Marín, N.L. a Gral. Escobedo, N.L. En Marín, N.L. "Ranchero" y "San Nicolás" exhibieron una correlación intraclase de 0.33 y 0.20 respectivamente; mientras que en Gral. Escobedo, N.L. los valores fueron 0.10 y 0.14 respectivamente. Este cambio lo atribuye a causas no genéticas (componentes ambientales y genético-ambientales).

2.2.6. Prueba de hipótesis.

Según Steel y Torrie (1960) para probar la hipótesis nula p=0, Fisher (1964), dio una alternativa de transformación de la distribución de r en una distribución normal. Y esta dado por:

$$Z = 0.5 \ln \frac{1 + r}{1 - r}$$

Para probar la hipótesis, p=0

$$t = \frac{r}{\sqrt{(1 - r^2)/(n - 2)}}$$

y comparada con la t de Student para n-2 grados de libertad. El cuadrado de t equivale a F de el análisis de varianza.

Snedecor y Cochran (1971) afirman que se presenta dificultades al no tener un número óptimo de grados de libertad. Se puede aceptar la hipótesis nula p=0, es decir, la r observada no es estadísticamente significante. Y se puede probar la r observada contra la r de tablas, el número de grados de libertad es igual a n-2.

2.3. Heredabilidad y respuesta a la selección familial

2.3.1. Métodos para estimar la heredabilidad.

Lerner (1964) afirma que tanto en teoría como en la práctica de la selección, la magnitud o valor de la heredabilidad es de fundamental importancia. El define a la heredabilidad como el cuadrado de la correlación entre genotipo y fenotipo (en las poblaciones sin seleccionar), o como la regresión del genotipo sobre el fenotipo. La heredabilidad es estimable mediante métodos variados, todos los cuales, de un modo u otro, se basan en la medición del grado de similitud entre los individuos emparentados por una descendencia lineal o colateral. Fundamentalmente, los parientes se parecen entre sí por tener en común un número más grande de alelos particulares que los individuos poco o nada emparentados.

Poehlman (1965) define a la heredabilidad como la proporción de la variación total observada en una progenie que está

determinada por factores genéticos, por tanto, si en una progenie la variación debida al ambiente es considerable con relación a las variaciones hereditarias, la heredabilidad será baja. Si la variación debida al ambiente es pequeña con relación a la variación hereditaria, entonces la heredabilidad será alta. Los caracteres difieren en su grado de heredabilidad, así, el rendimiento es de baja heredabilidad.

Robinson y Cockerham (1965) mencionan que los propósitos perseguidos al estimar los parámetros genéticos son dos: 1) proporcionar información sobre la naturaleza de la acción de los genes involucrados en la herencia de los caracteres bajo estudio y 2) tener una base para la evaluación de planes de mejoramiento en la población. Los tipos de varianza genética son: a) Varianza genética aditiva ($\hat{\sigma}^2_A$) que se origina de los efectos aditivos de los genes en los loci segregantes. b) Varianza genética dominante ($\hat{\sigma}^2_D$) debida a la interacción alélica de los genes segregantes. c) Varianza genética epistática resultante de la interacción no alélica de dos o más loci segregantes.

Sánchez-Monge (1966) define a la heredabilidad en un sentido amplio, como la porción de la varianza atribuíble al efecto de los genes o varianza genotípica sobre la varianza total.

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}^2_G}{\hat{\sigma}^2_F} = \frac{\hat{\sigma}^2_A + \hat{\sigma}^2_D + \hat{\sigma}^2_I}{\hat{\sigma}^2_F} .$$

También indica que el valor de la heredabilidad depende no solo del carácter que se trate, sino también de la constitución de la población y de las circunstancias ambientales donde viven los individuos que la componen. El conocimiento de la heredabilidad de un carácter en una población dada es de importancia primaria en la organización de planes de mejora genética; si la heredabilidad en sentido estricto es elevada, debe darse importancia a la selección masal; si es baja, hay que confiar más en la evaluación de progenitores por el comportamiento de sus descendientes; si es grande la varianza dominante, se puede realizar selección entre familias o para cruzamientos intrafamiliares.

Falconer (1972) señala que la heredabilidad de un carácter métrico es una de sus propiedades más importantes y expresa la proporción de la varianza total que es atribuible a la varianza aditiva, es decir, a los efectos medios de los genes que a su vez determinan el grado de parecido entre parientes. La heredabilidad en sentido estricto se define como el coeficiente de la varianza genética aditiva sobre la varianza fenotípica: $h^2 = \hat{\sigma}^2_A / \hat{\sigma}^2_F$. Un significado equivalente de la here-

dabilidad es la regresión del valor reproductivo sobre el valor fenotípico: $h^2 = b_{ap}$. La heredabilidad expresa la confiabilidad del valor fenotípico como indicación del valor reproductivo o sea, el grado de correspondencia entre el valor fenotípico y el valor reproductivo. Los caracteres con las heredabilidades más bajas son aquellos más estrechamente conectados con la aptitud reproductiva, mientras que los caracteres con las heredabilidades más altas son los que podrían ser juzgados, con una base biológica, como determinantes menos importantes de la aptitud natural. Existen diferentes métodos para estimar la heredabilidad entre los cuales se tiene: correlación intraclase y regresión progenie-progenitor.

CUADRO 1. Parecido fenotípico entre parientes y su relación con la heredabilidad (h^2) de un carácter.

Parientes	Covarianzas	Regresión (b) o correlación (t)
Progenie y un progenitor	$1/2\ \hat{\sigma}^2_A$	$b = 1/2\ h^2$
Progenie y progenitor medio	$1/2\ \hat{\sigma}^2_A$	$b = 1/2\ h^2$
Medios hermanos	$1/4\ \hat{\sigma}^2_A$	$t = 1/4\ h^2$
Hermanos carnales	$1/2\ \hat{\sigma}^2_A + 1/4\ \hat{\sigma}^2_D + \hat{\sigma}^2_{EC}$	$t > 1/2\ h^2$

Fuente: Introducción a la Genética Cuantitativa. Falconer 1972.

La heredabilidad es determinada por el número de genes; a mayor número de genes menor heredabilidad; a menor número de genes mayor heredabilidad (Lus, 1949, citado por Bayardo y Márquez, 1980).

Los caracteres con alta heredabilidad pueden ser mejorados rápidamente y viceversa (Duddley y Moll, 1969, citados por Bayardo y Márquez, 1980).

Bayardo y Márquez (1980) estimaron para diversos caracteres la heredabilidad en sentido amplio; por ejemplo, estimaron una heredabilidad de 51.4% para rendimiento de grano y de 0.49% para días a floración; la mayoría de los valores fluctuaron entre 44.69 y 51.36%. Las heredabilidades obtenidas fueron altas quizas por haberse tratado de un experimento bajo riego, lo cual coadyuvó a una disminución de la varianza ambiental y quizas a una sobreestimación de la varianza genética.

Brauer (1980) indica que cuando se aplican distintos métodos para evaluar la heredabilidad, los valores estimados que se obtienen en una misma población pueden ser también distintos.

Reyes (1985) afirma que el conocimiento de la heredabilidad de un carácter permite predecir el grado de progreso que

se espera al seleccionar progenitores en una población mendeliana. Al estimar la heredabilidad diferentes investigadores han obtenido algunas ocasiones resultados contradictorios debido a: a) problemas para eliminar la componente genético-ambiental; b) tamaño de muestra; c) método estadístico utilizado y otros. En el maíz, se han obtenido estimaciones bajas de heredabilidad para el carácter rendimiento de grano y sus componentes directos (número de mazorcas, longitud y diámetro). Se han obtenido estimas para: número de mazorca por planta, 23.6%; longitud de mazorca, 17.3% y diámetro de mazorca, 20.1%.

2.3.2. Uso de la regresión para estimar heredabilidad.

Sánchez-Monge (1966) considera que a partir de los datos de los progenitores y descendientes se puede estimar la heredabilidad a través del coeficiente de regresión de la descendencia, respecto a un progenitor o a la media de los progenitores, como se indica enseguida:

1.- Progenie (D) y un progenitor (P).

$$Cov\ (D,P) = cov\ (1/2A,F)$$

donde:

A = Valor aditivo

F = Valor fenotípico

Puesto que la descendencia tiene en común con un progenitor la

mitad del valor aditivo, y el valor del progenitor será el fenotípico, por lo tanto:

$$\text{Cov}\ (D,P) = \text{COV}\ \ 1/2A(A + D + M) \quad = 1/2\ \text{COV}\ \ A(A + D + M) =$$

$$1/2 \quad \hat{\sigma}^2_A$$

El coeficiente de regresión será:

$$b_{D,P.} = \frac{\text{cov}\ (D,P)}{\hat{\sigma}^2_F} = \frac{1}{2} \cdot \frac{\hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}^2_F} = 1/2\ h^2$$

$$\therefore \quad h^2 = 2b_{D,P}$$

2.- Progenie (D) y la media de los progenitores $(\overline{P} = \frac{P_1 + P_2}{2})$.

El valor de la covarianza será:

$$\text{Cov}\ (D,P) = \text{cov} \quad (D, 1/2(P_1 + P_2)$$

$$= 1/2\ \text{cov}\ (D,P_1) + 1/2\ \text{cov}\ (D,P_2)$$

$$= 1/4\ \hat{\sigma}^2_A \quad + 1/4\ \hat{\sigma}^2_A \quad = \quad 1/2\ \hat{\sigma}^2_A$$

El coeficiente de regresión será:

$$b_{D,P} = \frac{cov\ (D,P)}{\hat{\sigma}^2_P} = \frac{1}{2}\ \frac{\hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}^2_{\frac{1}{2}(P_2+P_2)}} = \frac{1/2\ \hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}^2_{[\frac{1}{2}(P_1+P_2)]}}$$

$$= \frac{1/2\ \hat{\sigma}^2_A}{1/4\ \hat{\sigma}^2_{P_1} + 1/4\ \hat{\sigma}^2_{P_2}} = \frac{1/2\ \hat{\sigma}^2_A}{1/2^*\ \hat{\sigma}^2_P} = h^2$$

(*) Siempre y cuando $\hat{\sigma}^2_{P_1} = \hat{\sigma}^2_{P_2} = \hat{\sigma}^2_P = \hat{\sigma}^2_F$

En este caso la heredabilidad viene estimada directamente por el coeficiente de regresión de los hijos sobre la media de los padres.

Falconer (1972) indica que la regresión de la progenie sobre la madre algunas veces esta sujeta a la obtención de estimas demasiado altas a causa de los efectos maternos.

En la práctica, la regresión de la progenie sobre el progenitor, con frecuencia involucra los datos de la progenie obtenidos en un año y datos del progenitor obtenidos en un año anterior. Obviamente, cualquier factor ambiental puede reducir o incrementar la varianza fenotípica de la progenie, afectando por tanto la estima de la heredabilidad, por lo que es difícil decidir si el valor de la heredabilidad es bajo, intermedio o alto (Frey y Horner, 1957, citados por Agudelo y Márquez, 1975).

Agudelo y Márquez (1975), estimaron la heredabilidad para cuatro caracteres en tres densidades de siembra, utilizando la regresión progenie-progenitor y el método de componentes de varianza, encontraron que las estimas obtenidas por regresión fueron mucho más pequeñas que las obtenidas a partir de los componentes de varianza. También observaron que en ambos métodos, las estimas de heredabilidad de algunos caracteres longitud y diámetro de mazorca, mazorcas/planta descendieron al cambiar de la densidad de 20 mil plantas por hectárea a la densidad de 60 mil, ascendiendo nuevamente para la densidad de 100 mil.

2.3.3. Precisión de las estimas de heredabilidad.

Según Falconer (1972), cuando se obtiene una estima de la heredabilidad es deseable indicar su precisión por medio del error estándar. La precisión de una estima depende de su varianza de muestreo; mientras más pequeña sea ésta, se obtendrá una precisión más alta y el error estándar es la raíz cuadrada de la varianza del muestreo. Los aspectos que se deben tomar en cuenta al hacer estimaciones son: diseño experimental, la selección del método y número de individuos que se van a medir en cada familia.

Regresión progenie-progenitor. La varianza del muestreo de la regresión sobre un progenitor es:

$$\hat{\sigma}_b^2 = \frac{1 + (n-1)t}{nN}$$

donde:

t = correlación intraclase entre miembros de las familias.

n = número de descendientes por progenitor.

N = número de familias.

y la varianza de la regresión sobre el progenitor medio es el doble. Puesto que la correlación intraclase (t), depende de la heredabilidad, no será conocida en el tiempo en que el experimento esté siendo planeado. Por lo tanto, el mejor diseño no puede ser determinado por adelantado.

Análisis fraternales. Sea N el número de familias, n el número de individuos por familia, de manera que el número total de individuos es T = nN. Sea la correlación intraclase t. La varianza del muestreo de esta correlación es entonces:

$$\hat{\sigma}_t^2 = \frac{2(1 + (n-1)t)^2(1-t)^2}{n(n-1)(N-1)}$$

Cuando el valor de T = nN se encuentra limitado por el tamaño del experimento puede ser demostrado que la varianza del muestreo de la correlación intraclase es mínima cuando aproximadamente n = 1/t. Por lo tanto, el tamaño óptimo de la familia depende de la heredabilidad. De manera que el diseño más efi-

ciente tiene los siguientes tamaños de familia:

Familias de hermanos carnales: $n = \frac{2}{h^2}$

Familias de medios hermanos: $n = \frac{4}{h^2}$

Puesto que el conocimiento previo de la heredabilidad, en el mejor de los casos, es una estima aproximada, el tamaño óptimo de la familia no puede ser determinado de antemano. La pérdida de eficiencia, sin embargo, es mucho más grande si el tamaño de familia se encuentra por debajo del óptimo que si se encuentra por arriba de él. Robertson (1959), citado por Falconer (1972), señala que en ausencia de conocimiento previo de la heredabilidad, los análisis de medios hermanos deben ser diseñados generalmente con familias que tengan de 20 a 30 miembros. Si el experimento tiene el diseño más eficiente, con $n = 1/t$, entonces la varianza de la correlación intraclase es aproximadamente:

$$\hat{\sigma}^2_t = \frac{8t}{T}$$

Por lo tanto, bajo un diseño óptimo las varianzas de las estimas de la heredabilidad son como sigue:

Familias de HC: $\hat{\sigma}^2_{h^2} = 4 \quad \hat{\sigma}^2_t = \frac{16\ h^2}{T}$

Familias de MH: $\hat{\sigma}^2_{h^2} = 16 \quad \hat{\sigma}^2_t = \frac{32\ h^2}{T}$

En esta forma, bajo condiciones iguales, una estima derivada de familias de hermanos completos es el doble en precisión que una derivada de familias de medios hermanos.

En conclusión, el método de regresión es preferible para estimar heredabilidades moderadamente altas, y el método de correlación fraternal es preferible para heredabilidades bajas; la heredabilidad crítica, es cercana a 20%, cuando la comparación se hace en base de números iguales de invididuos medidos.

3. MATERIALES Y METODOS

El presente trabajo consta de tres experimentos conducidos por el M.C. César H. Rivera Figueroa; los datos fueron generados por el Proyecto de Mejoramiento de Maíz, Frijol y Sorgo de la FAUANL en dos campos experimentales de la misma institución; por tanto, se agradece al Ing. Rivera el que haya cedido gustosamente tal información.

Los dos primeros experimentos fueron conducidos en los ciclos de primavera de 1983 en los campos experimentales "Marín" y "El Canadá" y 1984 en el campo experimental de "El Canadá" Municipio de Gral. Escobedo, N.L. y el tercero en el campo experimental "Marín" del mismo Municipio durante los ciclos primavera y otoño de 1985.

Este último experimento es la base del presente trabajo y los dos primeros son complementarios.

3.1. Experimento 1 (Ciclo primavera 83).

3.1.1. Lugar del trabajo.

El experimento se estableció en el Campo Experimental de la FAUANL el día 16 de marzo y se cosechó el 17 de julio de 1983.

3.1.2. Materiales usados.

Los criollos "Ranchero" y "San Nicolás", fueron obtenidos de colectas realizadas por el Ing. Gerardo De Lira R. entre agricultores sobresalientes del Municipio de Gral. Escobedo, N.L. Un total de 200 mazorcas por cada variedad, fueron seleccionadas tomando como criterio principal su tamaño y buen tipo de mazorca (sanas, bien formadas, etc.).

Cada una de las familias estuvo representada por 20 plantas, que fueron sembradas simultáneamente en Marín, N.L. y El Canadá (Gral.Escobedo, N.L.), a cada uno de los lotes se les denominará con las claves:

MARA = Marín-Ranchero

CARA = Canadá-Ranchero

MASN = Marín-San Nicolás

CASN = Canadá-San Nicolás

3.1.3. Características estudiadas.

En este trabajo las características de mazorca consideradas fueron: peso (g), longitud y diámetro (cm), número de hileras y número de granos por hilera.

3.2. Experimento 2 (Ciclo primavera 84)

3.2.1. Lugar del trabajo.

El experimento se estableció en "El Canadá" (Gral. Escobedo, N.L.) en el mes de febrero y la cosecha se realizó en julio.

3.2.2. Materiales usados.

Las 145 familias evaluadas fueron proporcionadas por un agricultor de Gral. Terán, N.L. y provienen de la variedad denominada "Ranchero de Terán". A estas 145 mazorcas seleccionadas se les registraron sus datos antes de sembrarlas y estas mismas características, días de sus progenies al cosecharse.

3.2.3. Características estudiadas.

En este trabajo las características de mazorca consideradas fueron: diámetro, longitud y perímetro (cm), peso de mazorca, peso de olote y peso de grano (g), número de hileras, granos por hilera, relación diámetro/longitud e índice de grano.

3.3. Experimento 3 (Primavera-otoño 85)

3.3.1. Lugar del trabajo.

Este experimento se inició en Marín, N.L. en el ciclo de

primavera 85 con la formación de familias de medios hermanos (MH) y autohermanos (AH). La evaluación de las familias se realizó en la misma localidad en el siguiente ciclo de otoño 85. Así, la formación de las familias y su evaluación, se identifican en el presente estudio como primera y segunda etapa respectivamente.

3.3.2. Materiales usados para la formación de las familias.

Para realizar el trabajo se utilizaron ocho compuestos de maíz, que fueron seleccionados bajo diferentes criterios (Cuadro 2). Dicha semilla fue proporcionada por el Proyecto de Mejoramiento de Maíz, Frijol y Sorgo de la FAUANL.

Estos compuestos provienen de la variedad "Ranchero"; fueron seleccionados por el Proyecto de Mejoramiento de Maíz, Frijol y Sorgo, posteriormente se incrementaron en Marín, N.L. (Ciclo otoño 84).

3.3.3. Formación de familias (primera etapa).

Para la formación de las familias se escogieron las plantas más vigorosas y que tuvieran competencia completa. Una vez que el cultivo llegó a floración, se autofecundaron 100 plantas para dar origen a las familias de progenies autofecundadas (autohermanos); también se efectuaron 100 cruzamientos fraternales para formar las familias de medios hermanos.

CUADRO 2. Material genético, número y tipos de progenie formadas (Marín, Primavera de 1985).

No. de Familias	Tipos de progenies o familias	Clave del compuesto o población
50	Medios hermanos	R-T SF IC 20%
50		R-T SF IG 20%
14	Autohermanos	R-T SF IC 10%
25		R-T SF IC 20%
26		R-T SF IG 10%
25		R-T SF IG 20%
10		Original "Ranchero"

Descripción:

R-T SF IC 20% = Ranchero Terán selección familial, índice de cosecha 20%.

R-T SF IG 20% = Ranchero Terán selección familial, índice de grano 20%.

R-T SF IC 10% = Ranchero Terán selección familial, índice de cosecha 10%

R-T SF IG 10% = Ranchero Terán selección familial, índice de grano 10%.

3.3.4. Manejo del cultivo.

En el ciclo primavera se realizó la siembra en húmedo, el día 9 de marzo. La emergencia ocurrió el día 16 del mismo mes. Se aplicaron 3 riegos, los días: 28 de Febrero, 10 de Abril y el 4 de Mayo.

Antes de cada riego se efectuó la preparación de terreno; así, en el segundo riego, la preparación consistió en una ligera escarda y aporque, para aflojar el terreno y asegurar el anclaje de las plantas. Antes del tercer riego se pasó la cultivadora para eliminar la maleza presente y aflojar el suelo con el objetivo de aumentar su capacidad de retención de la humedad.

A los 20 días que ocurrió la germinación se presentó el ataque de gusano cogollero, por lo que se aplicó Diazinon 1000E (1 litro de este producto por hectárea en 400 litros de agua).

3.3.5. Cosecha.

La cosecha se realizó el día 3 de julio, cuando las mazorcas exhibieron la "capa negra", es decir, al llegar a la madurez fisiológica. Al cosechar cada familia se depositó en un saco la producción de las plantas con competencia completa, registrándose el número de plantas y mazorcas correspondien-

tes también se identificó mediante una etiqueta los datos de cada compuesto sembrado en la parcela.

3.3.6. Establecimiento del lote de selección familial.

1) Se desgranó manualmente cada mazorca, dividiéndola en dos sobres, uno conteniendo 80 semillas para utilizarse en la siembra; el resto de la semilla se guardó en el banco de germoplasma para utilizarla como remanente. Los sobres fueron identificados previamente para evitar alguna confusión.

2) Cada familia se estableció en un surco de 10 metros de largo; la separación entre los surcos fue de 0.8 metros y la separación entre las plantas fue de 0.25 metros; se obtuvo una densidad teórica de 40 plantas por surco.

3) La distribución de las familias se hizo de tal forma que en cada faja quedaron 50 familias de medios hermanos (o autohermanos) del mismo origen; en total se sembraron 200 familias en 4 fajas (Figura 1).

4) Las fajas se estatificaron en sublotes de 10 familias cada uno, utilizándose la fórmula de ajuste de Molina la cual se describe a continuación.

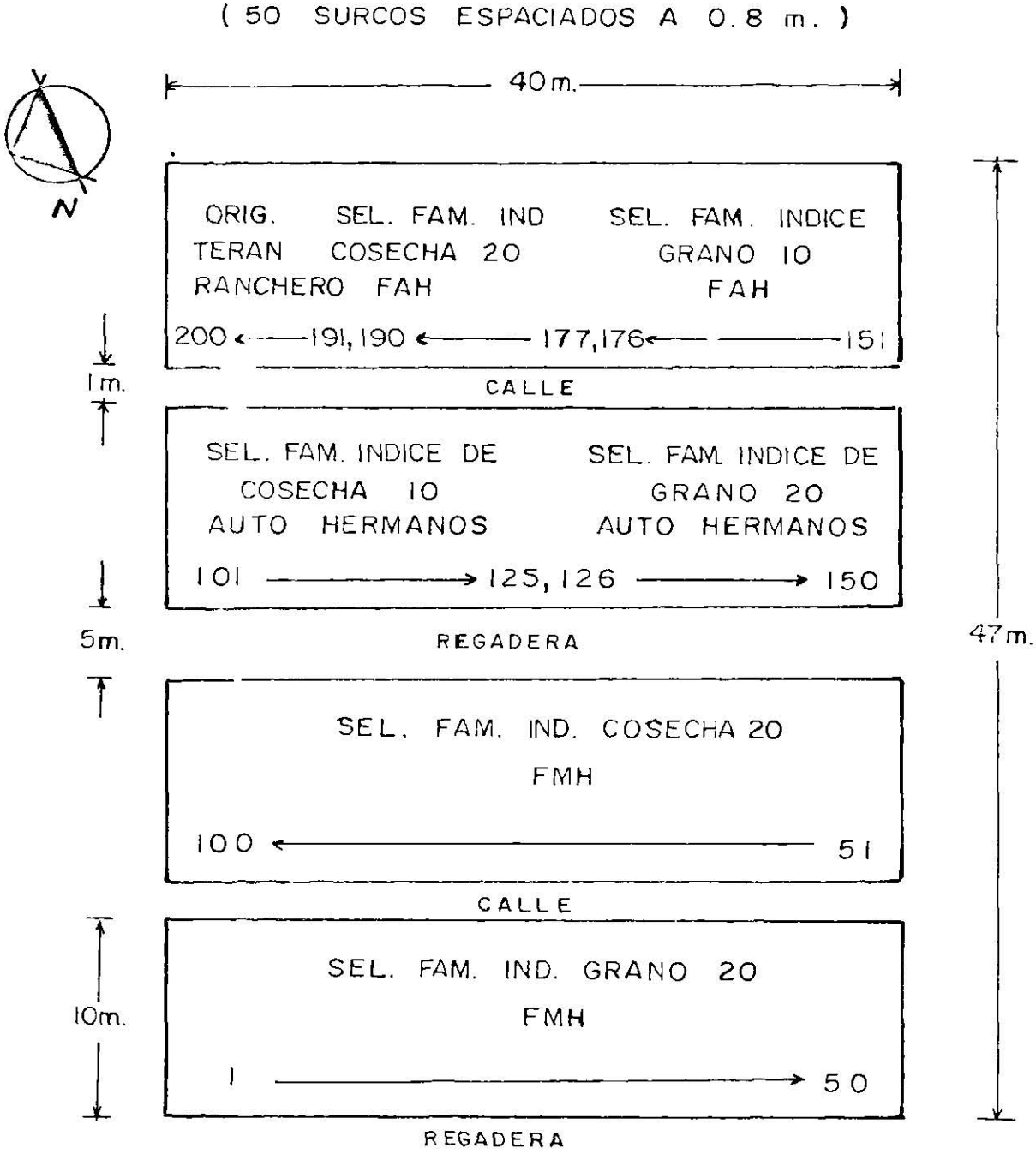


FIGURA 1. Distribución de las progenies autofecundadas y de medios hermanos en el lote de selección familial.

$$\hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_{..} + (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})$$

donde:

$\hat{Y}_{ij}$ = Rendimiento ajustado a la j-ésima familia en el i-ésimo lote.

$\bar{Y}_{..}$ = Media del lote de selección.

$\bar{Y}_{i.}$ = Media del i-ésimo lote.

Y_{ij} = Rendimiento real de la j-ésima familia del i-ésimo sublote.

3.3.7. Manejo del cultivo.

En la preparación del terreno se hicieron las prácticas comunes de roturación, rastreo y surcado.

En el ciclo otoño-invierno se realizó la siembra el día 15 de agosto; la germinación ocurrió el día 24 del mismo mes. Se aplicaron tres riegos; el primero, dos días después de la siembra; el segundo, día 11 de septiembre y el tercero, el día 9 de octubre.

Se realizó una escarda y un aporque el día 3 de octubre, que sirvió para dejar el terreno preparado para realizar el tercer riego.

Se observó una fuerte incidencia de gusano cogollero por lo que se hicieron dos aplicaciones de insecticida; la primera, el día 12 de octubre aplicando Diazinón 1000E (1 a 1.5 li

tros/ha); la segunda, ocho días después se aplicó Sevín al 80% (1 litro/ha). Cabe mencionar que en las familias de autohermanos fue donde se presentó en mayor proporción este problema; del día 4 de noviembre en delante, se tuvo que poner pajarero, ya que se presentó el ataque de cuervos.

3.3.8. Cosecha (segunda etapa).

La cosecha se realizó el 18 de diciembre, cuando el cultivo llegó a la etapa de madurez fisiológica. Para ello se llevó a peso constante (12% de humedad), previamente a la cosecha, se tomaron datos de 8 características de planta y, después de la cosecha, los datos de mazorca. Cada surco se cosechó por separado, eligiéndose una muestra de 15 plantas por familia, excepto para aquellas donde hubo fallas en la germinación.

3.3.9. Datos registrados en pre-cosecha.

AP = Altura de planta (cm). Se midió desde el nivel del suelo hasta la base de la espiga.

AM = Altura de mazorca (cm). Se midió la distancia desde el nivel del suelo hasta la base de la mazorca.

HAM = Número de hojas arriba de la mazorca. Se contaron todas las hojas que había desde el nudo de la mazorca superior hacia arriba.

HBM = Número de hojas abajo de la mazorca. Se contaron todas las hojas que había desde el nudo de la mazorca superior hacia abajo.

NM = Número de mazorcas por planta. Se contaron todas las mazorcas existentes en la planta que completaron su desarrollo.

LH = Largo de la hoja de la mazorca (cm). Se midió la longitud de la base de la hoja hasta su ápice.

AH = Ancho de hoja (cm). Se midió el ancho de la hoja en el primer tercio de éste.

IPM = Indice de posición de mazorca. Relación entre las alturas de mazorca y planta (AM/AP).

3.3.10. Datos registrados en la cosecha.

NH = Número de hileras. Número promedio de hileras por mazorca de la muestra tomada de cada familia.

GH = Número de granos por hilera. Se tomó una hilera representativa de cada una de las mazorcas de la muestra.

LM = Longitud de mazorca (cm). Se midió la distancia desde la base hasta la punta de la mazorca.

DM = Diámetro de mazorca (cm). Con el auxilio de un vernier se midió el diámetro de la mazorca en el primer tercio.

PMP = Peso de mazorca por planta (g). Peso promedio de la producción de mazorca del grupo de plantas de la muestra.

PGP = Peso de grano por planta (g). Peso promedio del grano de las plantas de la muestra

PM = Peso de mazorca principal (g). Peso promedio de las mazorcas principales de la muestra.

PGM = Peso de grano de la mazorca principal (g). Peso promedio del grano de cada muestra.

PGPA = Peso de grano por planta ajustado al 12% de humedad (g).

PGMA = Peso de grano de la mazorca principal ajustado al 12% de humedad (g).

3.3.11. Diseño experimental.

El diseño experimental utilizado fue un completamente al azar, con un total de 100 tratamientos o parcelas por cada lote de selección (100 familias de medios hermanos y 100 de autohermanos); el número teórico de observaciones por tratamiento fue 15 plantas por familia.

Modelo estadístico.

El diseño completamente al azar elegido, tiene el modelo estadístico siguiente:

$$\hat{Y}_{ij} = \mu + T_i + E_{ij}$$

$\hat{Y}_{ij}$ = Observación de la j-ésima planta en la i-ésima familia.

μ = Efecto medio común a cada observación.

T_i = Efecto de la i-ésima familia (componente entre familias).

E_{ij} = Efecto de la desviación intrafamiliar (componente dentro de familias).

$i = 1,2,....,F$ familias

$j = 1,2,....,n_i$ tamaño por familia

Análisis de varianza.

El procedimiento seguido para estimar las esperanzas de cuadrados medios fue el siguiente:

1) Cálculo de la suma de cuadrados.

$$SCT = \sum_i \sum_j Y_{ij}^2 - \frac{(Y_{..})^2}{N} \qquad \text{(Total)}$$

$$SCE = \sum_{i=1}^{f} \frac{Y_{i.}^2}{n_i} - \frac{(Y_{..})^2}{N} \qquad \text{(Entre familias)}$$

$$SCD = \sum_i^f \sum_j^{n_i} Y_{ij}^2 - \sum_{i=1}^{f} \frac{Y_{i.}^2}{n_i} \qquad \text{(Dentro de familias)}$$

n_i = Tamaño de la i-ésima familia.

$$N = \sum_{i=1}^{f} n_i = n_1 + n_2 + \ldots + n_f$$

2) Cálculo de cuadrados medios.

$$CMT = \frac{SCT}{N-1} \qquad N-1 = \text{Grados de libertad del total.}$$

$$CME = \frac{SCE}{f-1} \qquad f-1 = \text{Grados de libertad de la componente familiar.}$$

$$CMD = \frac{SCD}{\sum_{i=1}^{f} (n_1-1)} \qquad \sum_{i=1}^{f} (n_1-1) = \text{Grados de libertad dentro de familias.}$$

3) Elaboración de la tabla de análisis de varianza.

CUADRO 3. Modelo de análisis de varianza usado para estimar esperanzas de cuadrados medios en un diseño completamente al azar.

F.V.	G.L.	S.C.	C.M.	E.C.M.
Entre familias	f-1	SCE	CME	$\hat{\sigma}^2_W + K \hat{\sigma}^2_B$
Dentro de familias	$\sum_{i=1}^{f} (n_i-1)$	SCD	CMD	$\hat{\sigma}^2_W$
Total	N-1	SCT	CMT	

4) Estimación de componentes de varianza (familias de MH).

$$\hat{\sigma}^2_W = CMD$$

$$\hat{\sigma}^2_{B(MH)} = \frac{CME - CMD}{K} = cov\ (MH) = 1/4\ \hat{\sigma}^2_A \quad \therefore$$

$$\hat{\sigma}^2_A = 4\ cov\ (MH) = 4\ \hat{\sigma}^2_B$$

K = Constante que estima el tamaño promedio de familias.

$$\hat{\sigma}^2_T = \hat{\sigma}^2_W + \hat{\sigma}^2_B = CMD + \frac{CEM - CMD}{K}$$

NOTA: Para autohermanos la varianza entre familias es igual al total de la varianza aditiva especial más un cuarto de la varianza de dominancia.

$$\hat{\sigma}^2_{B(AH)} = \frac{CME - CMD}{K} = cov\ (AH) = \hat{\sigma}^{2*}_A + 1/4\ \hat{\sigma}^2_D$$

5) Estimación de la correlación intraclase (t).

$$t = \frac{\hat{\sigma}^2_B}{\hat{\sigma}^2_W + \hat{\sigma}^2_B}$$

6) Estimación de la heredabilidad (h^2).

Medios hermanos.

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}^2_F} = 4t = \frac{4 \text{ cov (MH)}}{\sigma^2_F} = \frac{4(1/4)\ \hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}^2_F}$$

Autohermanos.

$$h^{2*} = \frac{\hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}^2_F} = t = \frac{\text{cov (AH)}}{\hat{\sigma}^2_F} = \frac{\hat{\sigma}^{2*}_A + 1/4\ \hat{\sigma}^2_D}{\hat{\sigma}^2_F}$$

4. RESULTADOS Y DISCUSION

4.1. Relación entre parámetros estimados y número de familias.

4.1.1. Carácter peso de mazorca.

En los Cuadros 4 y 5 se presentan las componentes de varianza fenotípica ($\hat{\sigma}^2_F$) y diversos parámetros estimados para el carácter peso de mazorca; las variedades San Nicolás y Ranchero se evaluaron en Marín, N.L. y en la Ex-Hacienda "El Canadá" (Gral. Escobedo, N.L.), observándose que en general una mayor varianza fenotípica en esta última localidad. La componente de varianza dentro de familias ($\hat{\sigma}^2_W$) fue siempre mayor que la componente de varianza entre familias ($\hat{\sigma}^2_E$) en las dos variedades; sin embargo, aquella tendió a disminuir cuando aumentó el número de familias de 50 a 100 como puede apreciarse en la relación $\hat{\sigma}^2_B$ / $\hat{\sigma}^2_W$. Dado que en ambas localidades estuvieron representadas las mismas familias, y observándose que en la localidad de Gral. Escobedo, N.L. los cambios fueron insignificantes. Esto se explica en parte por una fuerte componente ambiental y también a la interacción genotipo-ambiente involucradas, como ocurrió con la variedad San Nicolás cuya varianza total fue aproximadamente 3 veces mayor en el Municipio de Gral. Escobedo, comparada con aquella que exhibió en Marín, N.L.

En Marín, N.L. se observó siempre la media más baja y los

coeficientes de variación (CVG y CVF) más altos comparada con las estimas obtenidas en la Ex-Hacienda "El Canadá" (Gral. Escobedo, N.L.). Finalmente, el coeficiente de la correlación intraclase (t) tendió a un valor constante a partir del momento en que se incluyeron 100 familias, lo cual quiere decir que utilizar un número superior de progenies no mejoraría la precisión del estimador de la correlación intraclase.

En La Figura 2 se observa que los valores de la correlación intraclase, para el carácter peso de mazorca, tendieron a ser constantes en la Ex-Hacienda "El Canadá", al variar el número de familias; sin embargo, para la localidad de Marín, N.L. tendió a ser constante a partir de 100 familias. Las dos poblaciones del estudio tuvieron un comportamiento similar en las dos localidades, aunque la variedad Ranchero mostró estimas más altas en comparación con San Nicolás; esto puede deberse a que dicha variedad ha sido sometida a varios ciclos de selección, por tanto, presenta un mayor grado de parecido fenotípico (menor varianza dentro de cada familia o progenie).

4.1.2. Carácter longitud de mazorca.

En los Cuadros 6 y 7 se observan las componentes de varianza fenotípica ($\hat{\sigma}^2_T$) y otros parámetros estimados para el carácter longitud de mazorca en dos variedades (San Nicolás y

CUADRO 4. Componentes de varianza y parámetros estimados para peso de mazorca, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).

Marín-San Nicolás

No.de Familias	$\hat{\sigma}^2_B$	$\hat{\sigma}^2_W$	$\hat{\sigma}^2_T$	$\bar{X}$	CVG %	CVF %	t	$\hat{\sigma}^2_B / \hat{\sigma}^2_W$
52	118.9	873.1	992.0	86.6	12.6	36.4	0.12	0.14
52	93.2	1355.7	1448.9	57.6	16.8	66.1	0.06	0.07
52	119.3	2069.2	2188.5	87.8	12.4	53.3	0.05	0.06
51	184.4	756.6	941.0	60.1	22.6	51.0	0.20	0.24
52	129.0	1263.7	1392.6	73.0	16.1	51.7	0.11	0.13
101	316.2	1106.6	1422.8	72.7	24.5	51.9	0.22	0.29
101	324.5	1503.0	1827.5	75.6	23.8	56.5	0.18	0.22
101	320.4	1304.8	1625.2	74.2	24.2	54.2	0.20	0.26
151	279.8	1296.5	1576.3	79.3	21.1	50.1	0.18	0.22
151	294.9	1465.8	1760.7	78.3	21.9	53.6	0.17	0.20
152	319.6	1457.2	1776.8	70.0	25.5	60.2	0.18	0.22
151	298.1	1406.5	1704.6	75.9	22.8	54.6	0.18	0.21
199	315.7	1311.6	1627.3	74.1	24.0	54.0	0.19	0.24

Canadá-San Nicolás

50	658.0	4905.0	5563.0	150.7	17.0	49.5	0.12	0.13
33	378.0	6106.4	6484.4	131.1	14.8	61.4	0.06	0.06
41	502.1	1696.2	2198.3	127.0	17.6	36.9	0.23	0.30
34	167.6	1074.3	1241.9	127.5	10.2	27.6	0.13	0.16
40	426.4	3445.5	3871.9	134.1	14.9	43.9	0.14	0.16
82	652.5	5346.5	5999.0	143.5	17.8	54.0	0.11	0.12
75	355.9	1435.1	1791.0	127.2	14.8	33.3	0.20	0.25
79	504.2	3390.8	3895.0	135.4	16.3	43.7	0.16	0.19
123	630.0	2884.1	3514.1	137.0	18.3	43.3	0.18	0.22
122	682.3	4110.7	4793.0	137.9	19.1	50.2	0.14	0.17
108	364.7	2806.7	3171.4	137.5	13.9	41.0	0.12	0.13
118	559.0	3267.2	3826.2	137.5	17.1	44.8	0.15	0.17
154	583.6	3509.6	4093.2	135.9	17.8	47.1	0.14	0.17

CUADRO 5. Componentes de varianza y parámetros estimados para peso de mazorca, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).

Marín-Ranchero

No.de Familias	$\hat{\sigma}^2_B$	$\hat{\sigma}^2_W$	$\hat{\sigma}^2_T$	$\bar{X}$	CVG %	CVF %	t	$\hat{\sigma}^2_B / \hat{\sigma}^2_W$
50	164.0	1032.6	1196.6	108.7	11.8	31.8	0.14	0.16
47	204.9	714.9	919.8	59.9	23.9	50.6	0.22	0.18
50	144.1	1132.7	1276.8	107.5	11.2	33.2	0.11	0.13
48	45.2	1569.6	1614.8	83.1	8.1	48.3	0.03	0.03
49	139.6	1112.4	1252.0	89.8	13.1	39.4	0.12	0.12
98	241.4	1346.6	1588.0	95.6	16.2	41.7	0.15	0.18
97	764.7	895.4	1660.1	87.6	31.6	46.5	0.46	0.85
98	503.5	1121.0	1624.0	91.6	23.9	44.1	0.30	0.51
147	669.6	968.3	1637.9	104.3	24.8	38.8	0.41	0.69
148	256.7	1221.0	1477.7	100.8	15.9	38.1	0.17	0.21
145	514.1	1136.1	1650.2	83.7	27.1	48.5	0.31	0.45
147	480.1	1108.5	1478.6	96.2	22.6	41.8	0.30	0.45
195	534.0	1104.2	1638.2	91.3	25.3	44.3	0.32	0.48

Canadá-Ranchero

50	326.7	1394.4	1721.1	137.2	13.2	30.2	0.19	0.23
52	324.0	1230.3	1554.3	133.1	13.5	29.6	0.21	0.26
50	207.4	1136.8	1344.2	131.1	11.0	28.0	0.15	0.18
53	351.7	1467.2	1818.9	134.8	13.9	31.6	0.19	0.24
51	302.4	1307.2	1609.6	134.0	12.9	29.9	0.19	0.23
102	327.0	1313.9	1640.9	135.0	13.4	30.0	0.20	0.25
103	284.0	1308.8	1592.8	133.0	12.7	30.0	0.18	0.22
102	305.5	1311.3	1616.9	134.0	13.0	30.0	0.19	0.23
152	300.8	1259.2	1560.0	133.8	13.0	29.5	0.19	0.24
153	311.7	1339.2	1650.9	134.4	13.1	30.2	0.19	0.23
155	294.8	1282.0	1576.8	133.0	12.9	29.9	0.19	0.23
153	302.4	1293.5	1595.9	133.7	13.0	29.9	0.19	0.23
205	309.4	1314.1	1623.5	134.1	13.1	30.0	0.19	0.23

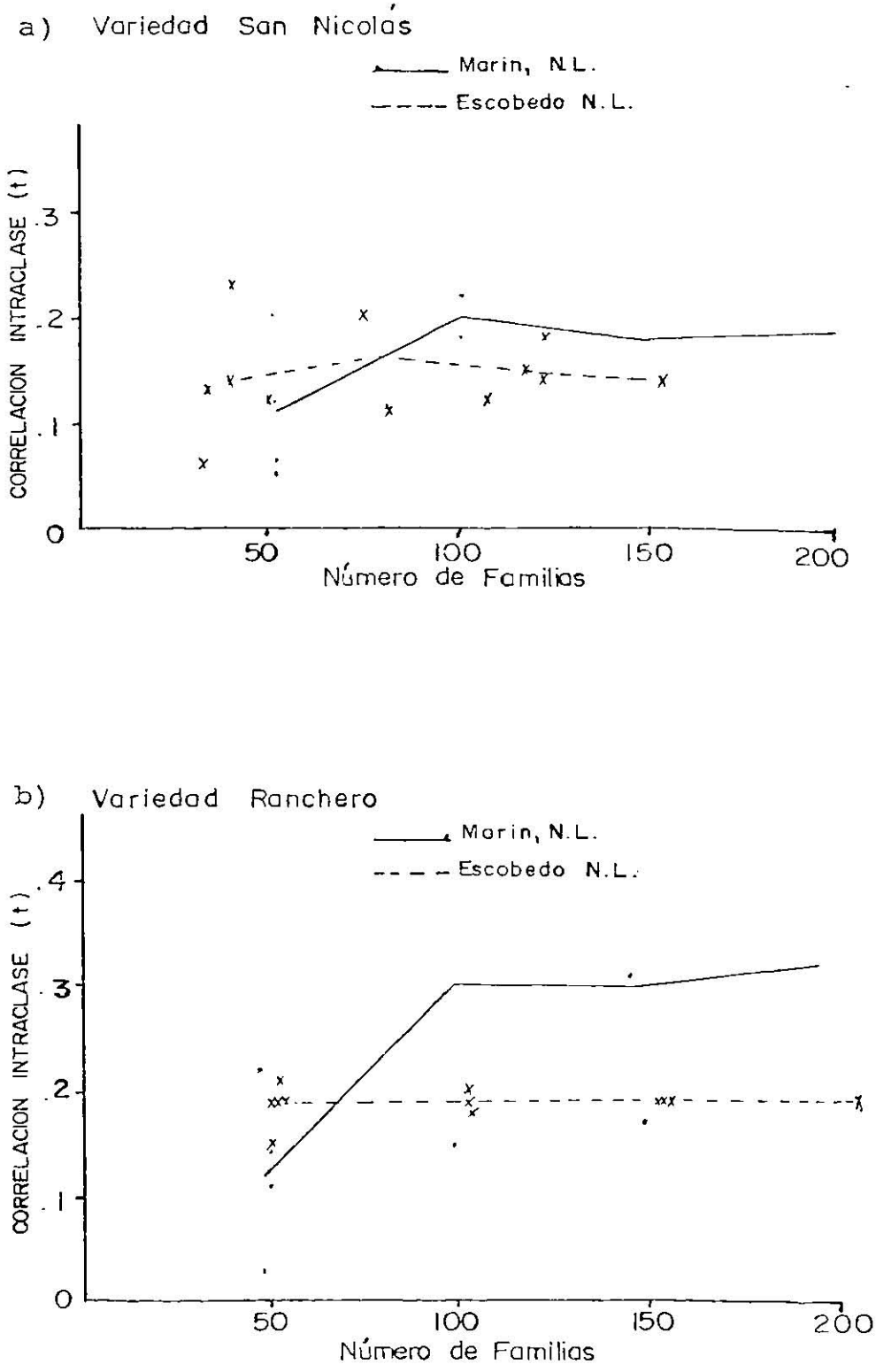


FIGURA 2. Relación entre la correlación intraclase (t) y el número de familias (carácter peso de mazorca).

Ranchero) evaluadas en dos localidades: Marín, N.L. y Ex-Hacienda "El Canadá" (Gral. Escobedo, N.L.); la varianza fenotípica observada en la segunda localidad fue mayor que en la primera. La varianza dentro de familias ($\hat{\sigma}^2_W$) fue siempre mayor en comparación con la varianza entre familias ($\hat{\sigma}^2_B$); sin embargo, se observó una disminución de aquella al incrementarse el número de familias de 50 a 100, para la localidad de Marín, como se aprecia en la relación $\hat{\sigma}^2_B / \hat{\sigma}^2_W$; mientras que para la localidad de Gral. Escobedo se conservó similar dicha relación. Los cambios observados en las componentes de varianza puede deberse principalmente a la componente ambiental aunque también a la interacción genético-ambiental; por ejemplo, San Nicolás en Marín, N.L. exhibió una varianza total de 751.0 (199 familias) y, en Gral. Escobedo, N.L. mostró un valor de 1374.1 (154 familias).

Las medias más altas y los coeficientes de variación (CVG y CVF) más bajos, observados en Gral. Escobedo, N.L., comparados con las estimas obtenidas en Marín, N.L. se esperaban, debido a que las condiciones del suelo y el clima son mas favorables en Gral. Escobedo, N.L.

Los coeficientes de correlación intraclase (t) variaron muy poco a partir del momento en que se incluyeron 100 familias en su estimación. Lo anterior se puede apreciar mejor en

CUADRO 6. Componentes de varianza y parámetros estimados para longitud de mazorca, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).

Marín-San Nicolás

No.de Familias	$\hat{\sigma}^2_B$	$\hat{\sigma}^2_W$	$\hat{\sigma}^2_T$	$\bar{X}$	CVG %	CVF %	t	$\hat{\sigma}^2_B / \hat{\sigma}^2_W$
52	67.6	460.2	527.8	143.8	5.7	16.0	0.13	0.15
52	92.8	562.7	655.5	129.9	7.4	19.7	0.14	0.16
52	71.7	783.4	855.1	142.2	6.0	20.5	0.08	0.09
51	140.7	614.6	755.3	127.3	9.3	21.6	0.18	0.23
52	93.2	605.2	698.4	135.8	7.1	19.5	0.13	0.16
101	127.3	511.4	638.7	137.1	8.2	18.4	0.20	0.25
101	151.8	710.5	862.3	135.7	9.1	20.3	0.17	0.21
101	139.6	611.0	750.5	136.4	8.7	19.4	0.19	0.23
151	137.1	628.9	766.0	138.4	8.5	20.0	0.18	0.22
151	111.6	607.3	718.9	139.1	7.6	19.3	0.16	0.18
152	139.2	664.1	803.3	133.9	8.8	21.2	0.17	0.21
151	129.3	633.4	762.7	137.1	8.3	20.2	0.17	0.20
199	136.5	614.5	751.0	136.4	8.6	20.1	0.18	0.22

Canadá-San Nicolás

50	104.3	1049.9	1152.6	154.0	6.6	22.0	0.09	0.10
33	101.9	3647.3	3747.4	149.3	6.8	41.0	0.02	0.03
41	141.3	381.8	523.5	143.4	8.3	15.4	0.27	0.37
34	70.8	409.4	480.2	148.7	5.7	14.7	0.15	0.17
40	104.6	1372.1	1475.7	148.9	6.9	23.3	0.13	0.17
82	112.8	2000.9	2113.7	152.3	7.0	30.2	0.05	0.06
75	120.1	391.7	511.8	145.6	7.5	15.5	0.23	0.31
79	116.5	1196.3	1312.8	149.0	7.3	22.9	0.14	0.19
123	133.9	666.7	800.6	149.1	7.8	19.0	0.17	0.20
122	137.2	1454.9	1592.1	149.3	7.8	26.7	0.08	0.09
108	117.4	1346.9	1464.3	146.7	7.4	26.1	0.08	0.09
118	129.5	1156.2	1285.7	148.4	7.7	23.9	0.11	0.13
154	128.0	1246.1	1374.1	149.2	7.6	24.8	0.09	0.10

CUADRO 7. Componentes de varianza y parámetros estimados para longitud de mazorca, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).

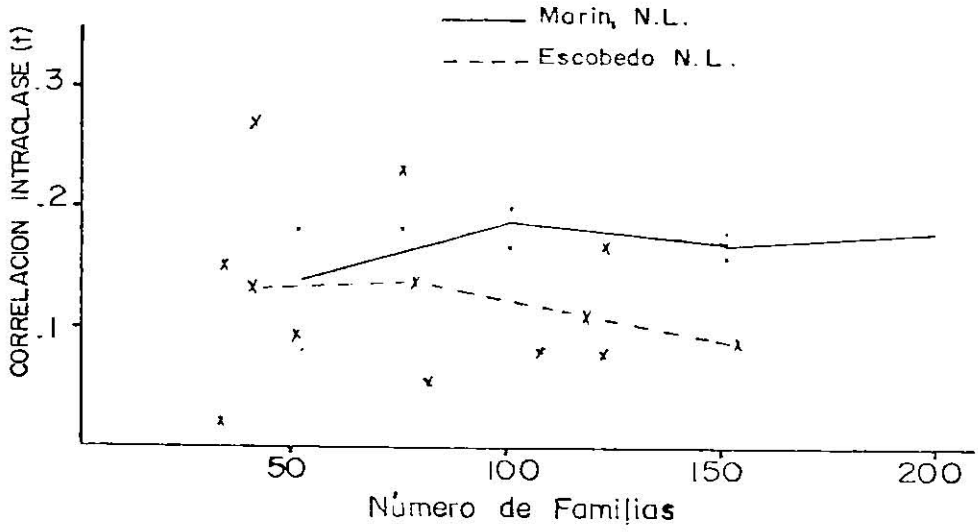
Marín-Ranchero

No.de Familias	$\hat{\sigma}^2_B$	$\hat{\sigma}^2_W$	$\hat{\sigma}^2_T$	$\bar{X}$	CVG %	CVF %	t	$\hat{\sigma}^2_B / \hat{\sigma}^2_W$
50	63.0	463.5	526.5	150.7	5.3	15.2	0.12	0.14
47	135.4	501.5	636.0	124.9	9.3	20.2	0.21	0.27
50	63.9	497.3	561.2	152.5	5.2	15.5	0.11	0.13
48	34.0	595.5	629.5	140.5	4.1	17.9	0.05	0.06
49	74.1	514.4	588.5	142.1	6.0	17.2	0.12	0.15
97	255.6	479.8	735.4	139.5	11.5	19.4	0.35	0.53
98	83.7	545.4	628.9	146.6	6.2	17.1	0.13	0.15
98	169.7	512.6	682.2	143.0	8.9	18.2	0.24	0.34
147	236.0	485.1	721.1	143.5	10.7	18.7	0.33	0.49
148	80.9	512.7	593.6	148.2	6.1	16.4	0.14	0.16
145	205.2	530.7	735.9	139.4	10.3	19.5	0.28	0.39
147	174.0	509.5	683.5	143.7	9.0	18.2	0.25	0.35
195	186.7	510.0	696.8	142.8	9.6	18.5	0.27	0.37

Canadá-Ranchero

50	143.8	468.8	612.6	155.1	7.7	16.0	0.23	0.31
52	85.2	496.4	581.6	158.7	5.8	15.2	0.15	0.17
50	135.6	433.3	568.9	156.4	7.4	15.2	0.24	0.31
53	97.6	915.4	1013.0	160.0	6.2	19.9	0.10	0.11
51	115.6	578.5	694.1	157.6	6.8	16.6	0.18	0.22
102	122.2	484.0	606.2	156.8	7.0	15.7	0.20	0.25
103	114.7	684.0	798.7	158.2	6.8	17.9	0.14	0.17
102	118.4	584.0	702.4	157.5	6.9	16.8	0.17	0.21
152	125.2	468.9	594.1	156.7	7.1	15.6	0.21	0.27
153	129.0	612.7	741.7	157.2	7.2	17.3	0.17	0.21
155	103.9	620.4	724.3	158.4	6.4	17.0	0.14	0.17
153	119.4	576.3	686.7	157.4	6.9	16.6	0.17	0.22
205	116.9	583.7	700.7	157.6	6.9	16.8	0.17	0.20

a) Variedad San Nicolás



b) Variedad Ranchero

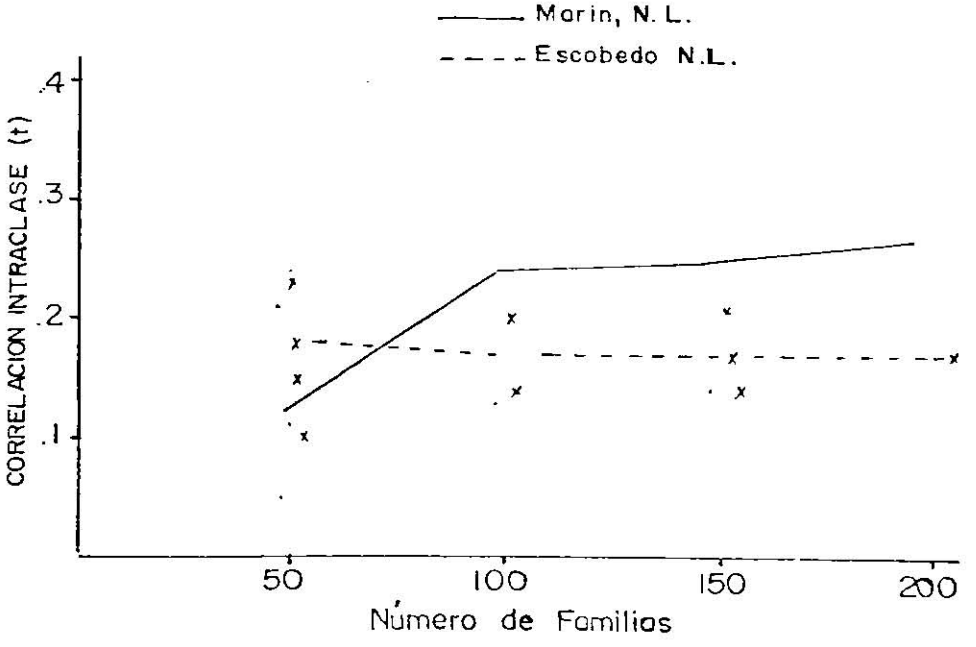


FIGURA . Relación entre la correlación intraclase (t) y el número de familias (carácter longitud de mazorca).

la Figura 3 donde se observa un comportamiento semejante en las dos poblaciones evaluadas en los dos ambientes. La variedad Ranchero presentó los coeficientes de correlación más altos, debido probablemente al mayor parecido que existe dentro de familias en esta población.

4.1.3. Carácter diámetro de mazorca.

En los Cuadros 8 y 9 se presentan las componentes de varianza fenotípica ($\hat{\sigma}^2_F$) y diversos parámetros estimados a partir de las variedades San Nicolás y Ranchero, para el carácter diámetro de mazorca en las localidades de Marín, N.L. y la Ex-Hacienda "El Canadá" (Gral. Escobedo, N.L.). La varianza fenotípica en general fue mayor en la localidad de Marín, N.L.; sin embargo, tendió a ser constante al variar el número de familias. La varianza entre familias ($\hat{\sigma}^2_B$) siempre fue menor en comparación con la varianza dentro de familias ($\hat{\sigma}^2_W$), aunque su valor aumentó al incrementarse el número de familias en el caso de Marín y no así en el Canadá.Esto explica la mayor heterogeneidad del suelo en Marín. El valor constante de la varianza fenotípica, exhibida por el carácter diámetro de mazorca, puede deberse a la baja influencia que tiene el ambiente sobre él y a la acción de pocos pares de genes.

Las medias más altas y los coeficientes de variación

CUADRO 8. Componentes de varianza y parámetros estimados para diámetro de mazorca, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).

No.de Familias	$\hat{\sigma}^2_B$	$\hat{\sigma}^2_W$	$\hat{\sigma}^2_T$	$\bar{X}$	CVG %	CVF %	t	$\hat{\sigma}^2_B / \hat{\sigma}^2_W$
Marín-San Nicolás								
52	2.2	17.6	19.8	39.5	3.8	11.3	0.11	0.13
52	2.5	19.6	22.1	35.8	4.4	13.1	0.11	0.13
52	3.7	16.0	19.7	39.5	4.9	11.2	0.19	0.23
51	6.3	23.1	29.4	36.8	6.8	14.7	0.21	0.27
52	3.7	19.1	22.8	37.9	5.0	12.6	0.16	0.19
101	5.8	18.5	24.3	37.7	6.4	13.1	0.24	0.31
101	6.4	19.3	25.7	38.3	6.6	13.0	0.25	0.33
101	6.1	18.9	25.0	38.0	6.5	13.1	0.25	0.32
151	5.3	18.7	24.0	38.7	6.0	12.7	0.22	0.28
151	5.7	17.6	23.3	38.4	6.2	12.6	0.25	0.32
152	6.5	19.4	25.9	37.5	6.8	13.6	0.25	0.33
151	5.8	18.6	24.4	38.2	6.3	13.0	0.24	0.31
199	6.1	18.9	25.0	38.0	6.5	13.2	0.24	0.32
Canadá-San Nicolás								
50	2.3	9.6	11.9	44.2	3.4	7.8	0.19	0.24
33	1.5	16.9	18.4	42.9	2.9	10.0	0.08	0.09
41	4.4	11.9	16.3	43.8	4.8	9.2	0.27	0.37
34	1.8	14.3	16.1	43.4	3.1	9.2	0.11	0.13
40	2.5	13.2	15.7	43.6	3.6	9.1	0.16	0.21
82	2.5	12.2	14.7	43.7	3.6	8.8	0.17	0.20
75	3.3	13.0	16.3	43.6	4.2	9.3	0.20	0.25
79	2.9	12.6	15.5	43.7	3.9	9.1	0.19	0.23
123	3.1	11.6	14.7	43.9	4.0	8.7	0.21	0.27
122	3.0	12.1	15.1	43.7	4.0	8.9	0.20	0.25
108	2.9	14.0	16.9	43.4	3.9	9.5	0.17	0.21
118	3.0	12.6	15.6	43.7	4.0	9.0	0.19	0.24
154	2.9	12.6	15.5	43.7	3.9	9.0	0.19	0.23

CUADRO 9. Componentes de varianza y parámetros estimados para diámetro de mazorca, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).

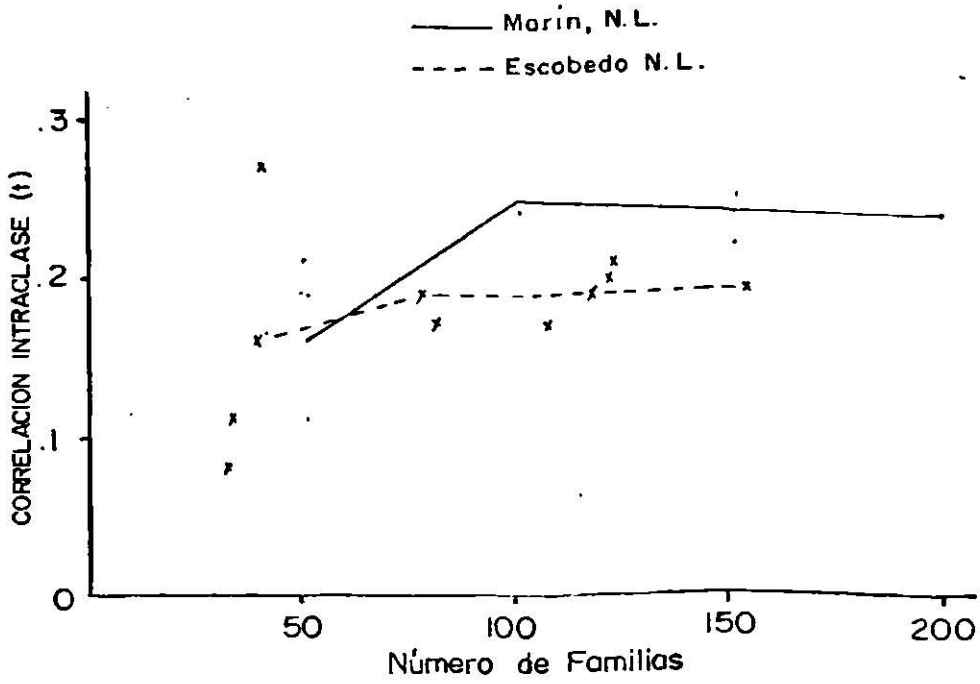
Marín-Ranchero

No.de Familias	$\hat{\sigma}^2_B$	$\hat{\sigma}^2_W$	$\hat{\sigma}^2_T$	$\bar{X}$	CVG %	CVF %	t	$\hat{\sigma}^2_B / \hat{\sigma}^2_W$
50	1.5	13.8	15.3	49.3	2.5	7.9	0.09	0.11
47	1.9	23.0	24.9	36.7	3.8	13.6	0.08	0.08
50	1.5	17.0	18.5	41.1	3.0	10.5	0.08	0.09
48	2.6	15.0	17.6	38.7	4.2	10.8	0.15	0.17
49	1.9	17.2	19.1	41.5	3.4	10.7	0.10	0.11
97	7.0	17.7	24.7	39.3	6.7	12.6	0.28	0.40
98	3.4	16.0	19.4	39.0	4.6	11.0	0.17	0.21
98	5.2	16.9	22.1	39.6	5.7	11.8	0.23	0.31
148	3.1	15.1	18.2	40.5	4.3	10.5	0.17	0.21
147	6.1	17.5	23.6	39.8	6.2	12.2	0.26	0.35
145	5.2	18.3	23.6	38.8	5.9	12.5	0.22	0.28
147	4.8	17.0	21.8	38.7	5.5	11.7	0.22	0.28
195	5.4	16.9	22.3	39.6	5.9	11.9	0.24	0.32

Canadá-Ranchero

50	3.2	11.6	14.8	43.6	4.1	8.8	0.21	0.28
52	3.5	11.1	14.5	44.3	4.2	8.6	0.24	0.32
50	2.5	10.8	13.3	43.9	3.6	8.3	0.19	0.23
53	3.1	10.6	13.7	44.7	3.9	8.3	0.23	0.29
51	3.1	11.0	14.1	44.1	4.0	8.5	0.22	0.28
101	3.6	11.3	14.9	43.9	4.3	8.8	0.24	0.32
101	3.0	10.6	13.6	44.3	3.9	8.3	0.22	0.28
101	3.3	11.0	14.3	44.1	4.1	8.6	0.23	0.30
151	3.2	11.1	14.3	44.0	4.1	8.6	0.23	0.29
151	3.3	11.2	14.5	43.9	4.1	8.7	0.23	0.29
151	3.1	10.9	14.0	44.3	4.0	8.4	0.22	0.28
151	3.2	11.1	14.3	44.1	4.1	8.6	0.23	0.29
200	3.3	11.1	14.4	44.1	4.1	8.6	0.23	0.30

a) Variedad San Nicolás



b) Variedad Ranchero

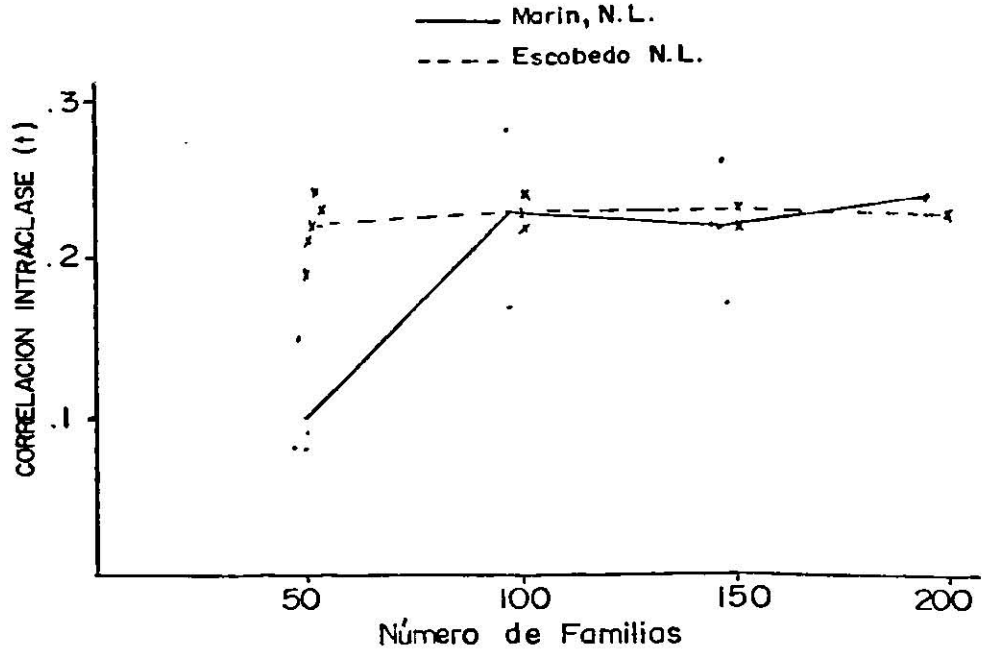


FIGURA . Relación entre la correlación intraclase (t) y el número de familias (carácter diámetro de mazorca).

(CVG y CVF) más bajos se presentaron en Gral. Escobedo, N.L.

Los valores del coeficiente de correlación intraclase (t) tienden a ser constantes a partir de 100 familias, sin embargo, para la variedad Ranchero en Gral. Escobedo, N.L. la estima tendió a ser similar a partir de 50 familias. En la Figura 4 se grafican las repeticiones y los promedios del coeficiente de correlación intraclase al estimarse con diferente número de familias (el comportamiento fue similar en las dos variedades); sin embargo, se obtuvieron estimas más altas para la variedad Ranchero en Gral. Escobedo, N.L. , y viceversa, en Marín las estimas más altas fueron para la variedad San Nicolás.

4.1.4. Carácter número de hileras.

En los Cuadros 10 y 11 se puede observar que para la variedad Ranchero las componentes de la varianza fenotípica ($\hat{\sigma}^2_T$) fueron mayores en Gral. Escobedo, N.L., mientras que la variedad San Nicolás las exhibió mayores en Marín, N.L.

La varianza entre familias ($\hat{\sigma}^2_B$) fue menor en comparación con la varianza dentro de familias ($\hat{\sigma}^2_W$); sin embargo, aquélla aumentó y mostró valores muy similares a partir de 50 familias. El comportamiento de esta característica puede deberse, por un lado a la alta heredabilidad y, por otro, que la variación genética esta muy restringida en esta raza a valores de 10-14

CUADRO 10. Componentes de varianza y parámetros estimados para número de hileras, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).

Marín-San Nicolás

No.de Familias	$\hat{\sigma}^2_B$	$\hat{\sigma}^2_W$	$\hat{\sigma}^2_T$	$\bar{X}$	CVG %	CVF %	t	$\hat{\sigma}^2_B / \hat{\sigma}^2_W$
52	0.16	2.40	2.56	11.8	3.4	13.6	0.06	0.07
52	0.49	4.56	5.05	11.7	6.0	19.2	0.09	0.11
52	0.38	4.30	4.68	11.8	5.2	18.3	0.08	0.09
51	0.33	2.20	2.53	11.8	4.9	13.5	0.13	0.15
52	0.34	3.37	3.71	11.8	4.9	16.2	0.09	0.11
101	0.35	3.40	3.75	11.7	5.1	16.6	0.09	0.10
101	0.35	3.40	3.75	11.8	5.0	16.4	0.09	0.10
101	0.35	3.40	3.75	11.8	5.1	16.5	0.09	0.10
151	0.31	3.04	3.35	11.8	4.7	15.5	0.09	0.10
151	0.36	3.74	4.10	11.7	5.1	17.3	0.08	0.10
152	0.40	3.80	4.20	11.7	5.4	17.5	0.10	0.11
151	0.36	3.53	3.88	11.7	5.1	16.8	0.09	0.10
199	0.35	3.40	3.75	11.7	5.1	16.6	0.09	0.10

Canadá-San Nicolás

50	0.35	2.47	2.82	12.6	4.7	13.3	0.13	0.14
33	0.48	3.80	4.28	12.5	5.5	16.6	0.11	0.13
41	0.39	2.50	2.89	12.5	5.0	13.6	0.14	0.16
34	0.07	2.50	2.57	12.5	2.1	12.8	0.02	0.03
40	0.32	2.82	3.14	12.5	4.3	14.1	0.10	0.12
82	0.41	3.00	3.41	12.6	5.1	14.7	0.12	0.14
75	0.25	2.50	2.75	12.5	4.0	13.3	0.09	0.10
79	0.33	2.75	3.08	12.6	4.6	14.0	0.10	0.12
123	0.30	2.49	2.79	12.6	4.3	13.3	0.11	0.12
122	0.39	2.79	3.18	12.5	5.0	14.3	0.12	0.14
108	0.33	2.88	3.21	12.5	4.6	14.3	0.10	0.11
118	0.34	2.72	3.06	12.5	4.6	14.0	0.11	0.12
154	0.34	2.74	3.08	12.5	4.7	14.0	0.11	0.12

CUADRO 11. Componentes de varianza y parámetros estimados para número de hileras, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).

No.de Familias	$\hat{\sigma}^2_B$	$\hat{\sigma}^2_W$	$\hat{\sigma}^2_T$	$\bar{X}$	CVG %	CVF %	t	$\hat{\sigma}^2_B / \hat{\sigma}^2_W$
Marín-Ranchero								
50	0.16	2.30	2.46	12.0	3.3	13.1	0.03	0.07
47	0.09	2.90	2.99	11.7	2.6	15.2	0.03	0.03
50	0.31	2.40	2.70	11.8	4.7	14.0	0.11	0.13
48	0.23	2.20	2.43	11.6	4.1	13.4	0.09	0.10
49	0.20	2.45	2.65	11.7	3.7	13.9	0.07	0.08
97	0.16	2.60	2.76	12.0	3.3	13.8	0.06	0.06
98	0.28	2.30	2.58	11.7	4.5	13.7	0.12	0.12
98	0.22	2.45	2.67	11.9	3.9	13.8	0.09	0.09
148	0.26	2.28	2.54	11.9	4.3	13.4	0.10	0.11
147	0.20	2.49	2.69	11.9	3.8	13.8	0.08	0.08
145	0.22	2.47	2.69	11.7	4.0	14.0	0.08	0.09
147	0.23	2.41	2.64	11.8	4.0	13.7	0.09	0.09
195	0.22	2.40	2.62	11.8	4.0	13.7	0.08	0.09
Canadá-Ranchero								
50	0.24	2.50	2.74	12.6	3.9	13.1	0.08	0.10
52	0.31	2.40	2.71	12.7	4.4	13.0	0.11	0.13
50	0.21	2.60	2.81	12.5	3.7	13.4	0.08	0.08
53	0.22	2.40	2.62	12.5	3.8	13.0	0.08	0.09
51	0.25	2.48	2.72	12.6	4.0	13.1	0.09	0.10
101	0.27	2.50	2.77	12.7	4.1	13.1	0.09	0.11
101	0.22	2.50	2.72	12.5	3.8	13.2	0.08	0.09
101	0.25	2.50	2.75	12.6	4.0	13.2	0.09	0.10
151	0.23	2.48	2.71	12.5	3.8	13.2	0.08	0.09
151	0.26	2.49	2.75	12.6	4.0	13.2	0.09	0.10
151	0.26	2.44	2.70	12.6	4.0	13.0	0.10	0.11
151	0.25	2.47	2.72	12.6	3.9	13.1	0.09	0.10
200	0.26	2.46	2.72	12.6	4.0	13.1	0.09	0.11

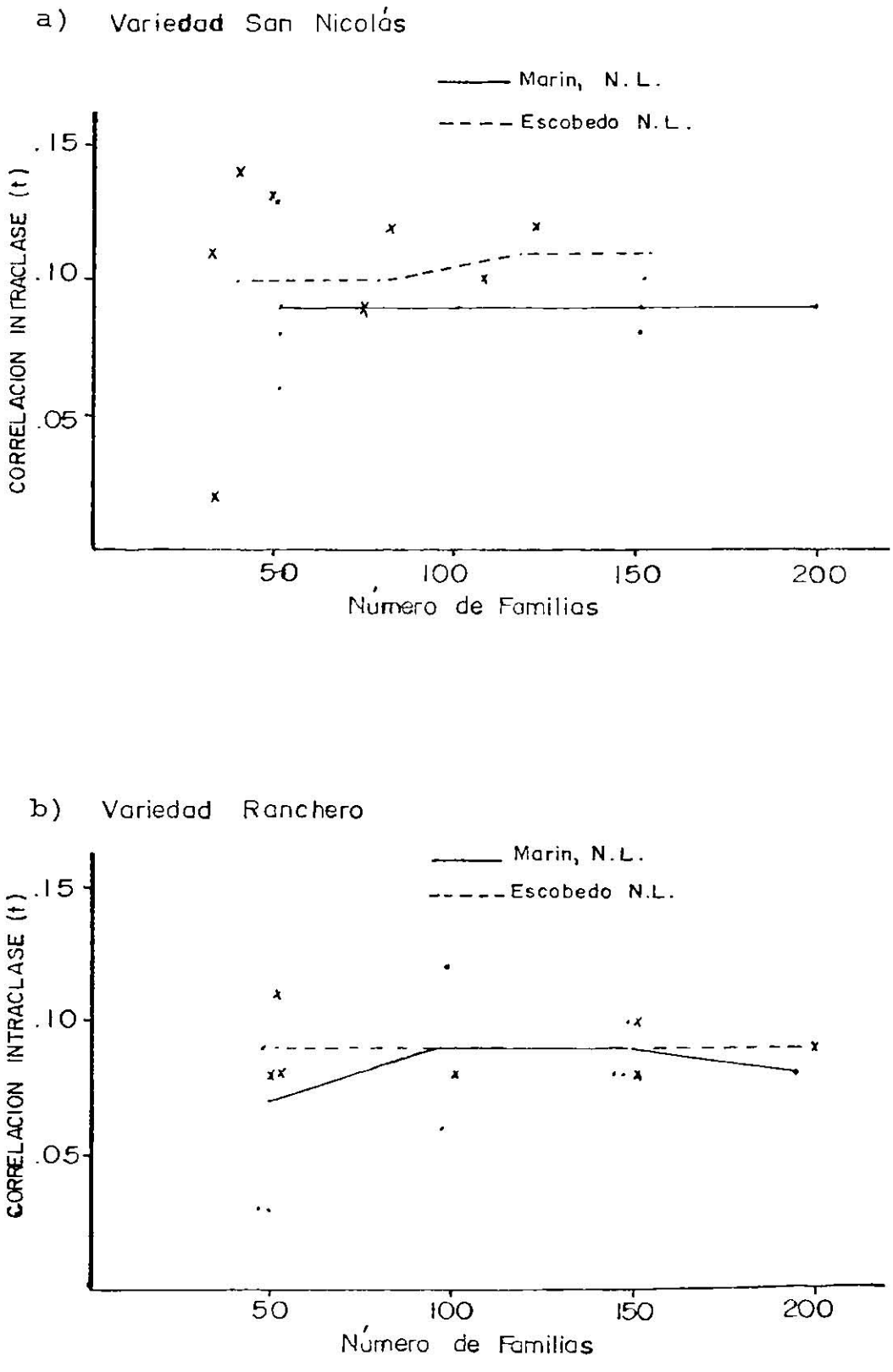


FIGURA 5. Relación entre la correlación intraclase (t) y el número de familias (carácter número de hileras).

hileras/mazorca.

Las medias más bajas y los coeficientes de variación (CVG y CVF) más altos en forma general se presentaron en Marín, N.L. El coeficiente de correlación intraclase permaneció constante a partir del momento en que se incluyeron 100 familias.

En la Figura 5 se aprecia claramente como esta característica tiene un comportamiento similar en ambas localidades, lo cual indica que es una variable muy estable a los cambios del ambiente, por tanto, puede ser un criterio confiable para caracterizar colectas, o bien, obtener una mayor respuesta a la selección.

4.1.5. Carácter número de granos por hilera.

En los Cuadros 12 y 13 se presentan las componentes de varianza fenotípica ($\hat{\sigma}^2_T$) y otros parámetros, en los cuales se observa que la varianza fenotípica fue mayor en Marín, N.L. La varianza dentro de familias ($\hat{\sigma}^2_W$) siempre fue mayor en comparación con la varianza entre familias ($\hat{\sigma}^2_B$); sin embargo, ésta tendió a aumentar al incluir un número mayor de familias como se observa en la relación $\hat{\sigma}^2_B / \hat{\sigma}^2_W$. Las medias más altas y los coeficientes de variación (CVG y CVF) más bajos se presentaron en Gral. Escobedo, N.L. Los coeficientes de correlación

CUADRO 12. Componentes de varianza y parámetros estimados para número de granos por hilera, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).

Marín-San Nicclás

No.de Familias	$\hat{\sigma}^2_B$	$\hat{\sigma}^2_W$	$\hat{\sigma}^2_T$	$\bar{X}$	CVG %	CVF %	t	$\hat{\sigma}^2_B / \hat{\sigma}^2_W$
52	7.1	47.3	54.4	26.7	10.0	18.5	0.13	0.15
52	6.0	47.0	53.0	21.7	11.3	33.5	0.11	0.13
52	3.5	55.2	35.7	25.7	7.3	29.8	0.06	0.06
51	9.1	55.4	64.5	20.6	14.6	39.0	0.14	0.16
52	6.4	51.2	57.7	23.7	10.8	30.2	0.11	0.13
101	12.7	47.1	59.8	24.3	14.7	31.8	0.21	0.27
101	12.0	55.6	67.6	23.5	14.7	35.0	0.18	0.22
101	12.4	51.4	63.7	23.9	14.7	33.4	0.20	0.25
151	12.6	52.9	65.5	24.5	14.5	33.0	0.19	0.24
151	9.8	49.8	59.6	24.8	12.6	31.1	0.16	0.20
152	10.7	52.9	63.6	22.9	14.3	43.8	0.17	0.20
151	11.0	51.9	62.9	24.1	13.8	33.0	0.17	0.21
199	12.3	51.5	63.8	23.9	14.7	33.4	0.19	0.24

Canadá-San Nicolás

50	5.9	39.1	45.0	32.0	7.6	21.0	0.13	0.15
33	8.6	43.4	52.0	30.8	9.5	23.4	0.16	0.20
41	10.2	41.5	51.7	30.5	10.5	23.6	0.20	0.25
34	6.2	37.8	44.0	31.1	8.0	18.7	0.14	0.16
40	7.7	40.5	48.2	31.3	8.9	21.7	0.16	0.19
82	7.1	40.8	47.9	31.6	8.4	22.0	0.15	0.17
75	8.6	39.9	48.5	30.8	9.5	22.6	0.18	0.22
79	7.9	40.4	48.2	31.2	9.0	22.3	0.17	0.20
123	8.0	39.6	47.6	31.3	9.0	22.0	0.17	0.20
122	8.2	40.8	49.0	31.2	9.2	22.4	0.17	0.20
108	8.4	41.1	49.5	30.8	9.4	22.8	0.17	0.20
118	8.2	40.5	48.7	31.1	9.2	22.4	0.17	0.20
154	8.0	40.4	48.2	31.2	9.1	22.3	0.17	0.20

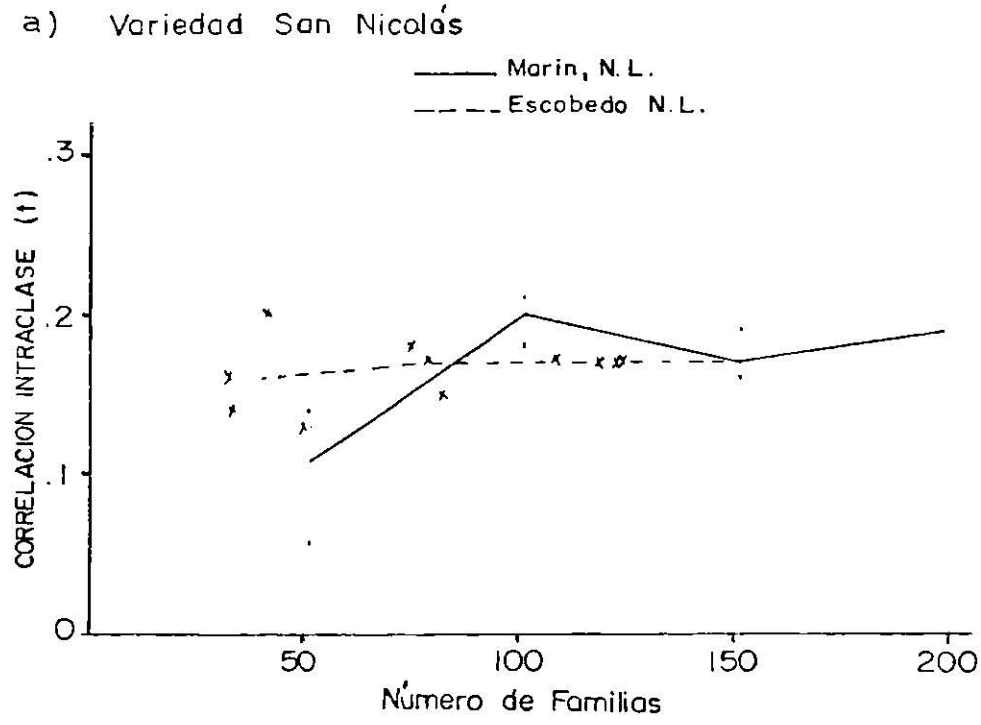
CUADRO 13. Componentes de varianza y parámetros estimados para número de granos por hilera, con diferente número de familias en dos localidades (Primavera-83).

Marín-Ranchero

No.de Familias	$\hat{\sigma}^2_B$	$\hat{\sigma}^2_W$	$\hat{\sigma}^2_T$	$\overline{X}$	CVG %	CVF %	t	$\hat{\sigma}^2_B / \hat{\sigma}^2_W$
50	4.0	42.7	46.7	28.4	7.0	24.1	0.08	0.09
47	11.9	48.6	60.5	20.8	16.6	34.7	0.20	0.24
50	4.7	53.9	58.6	29.1	7.4	26.3	0.08	0.09
48	3.5	46.9	50.4	25.9	7.2	27.4	0.07	0.07
49	6.0	48.0	54.1	26.1	9.6	28.8	0.11	0.12
97	21.5	45.2	66.7	25.2	18.4	32.4	0.32	0.47
98	6.6	50.5	57.1	27.5	9.3	27.5	0.12	0.13
98	14.1	47.9	61.9	26.4	13.9	30.0	0.22	0.30
148	5.8	47.4	53.2	27.9	8.6	26.1	0.11	0.12
147	19.9	47.9	67.8	26.4	16.9	31.2	0.30	0.42
145	18.1	49.9	68.0	25.3	16.8	32.6	0.27	0.36
147	14.6	48.4	63.0	26.5	14.1	30.0	0.23	0.39
195	15.8	47.7	63.5	26.3	15.1	30.3	0.25	0.33

Canadá-Ranchero

50	3.7	42.2	45.9	32.5	5.9	20.8	0.08	0.09
52	6.5	35.8	42.3	32.0	8.0	20.3	0.15	0.18
50	6.1	37.3	43.4	32.4	7.6	20.3	0.14	0.16
53	6.8	38.3	45.1	32.5	8.0	20.7	0.15	0.18
51	5.8	38.4	44.2	32.4	7.4	20.5	0.13	0.15
101	5.4	39.0	44.4	32.2	7.2	20.7	0.12	0.14
101	6.3	38.0	44.3	32.4	7.7	20.5	0.14	0.17
101	5.9	38.5	44.4	32.3	7.5	20.6	0.13	0.16
151	5.6	39.6	45.2	32.4	7.3	20.8	0.12	0.14
151	5.8	38.4	44.2	32.3	7.5	20.6	0.13	0.15
151	6.3	37.3	43.6	32.3	7.8	20.4	0.14	0.17
151	5.9	38.4	44.3	32.3	7.5	20.6	0.13	0.15
200	5.7	38.5	44.2	32.3	7.4	20.6	0.13	0.15



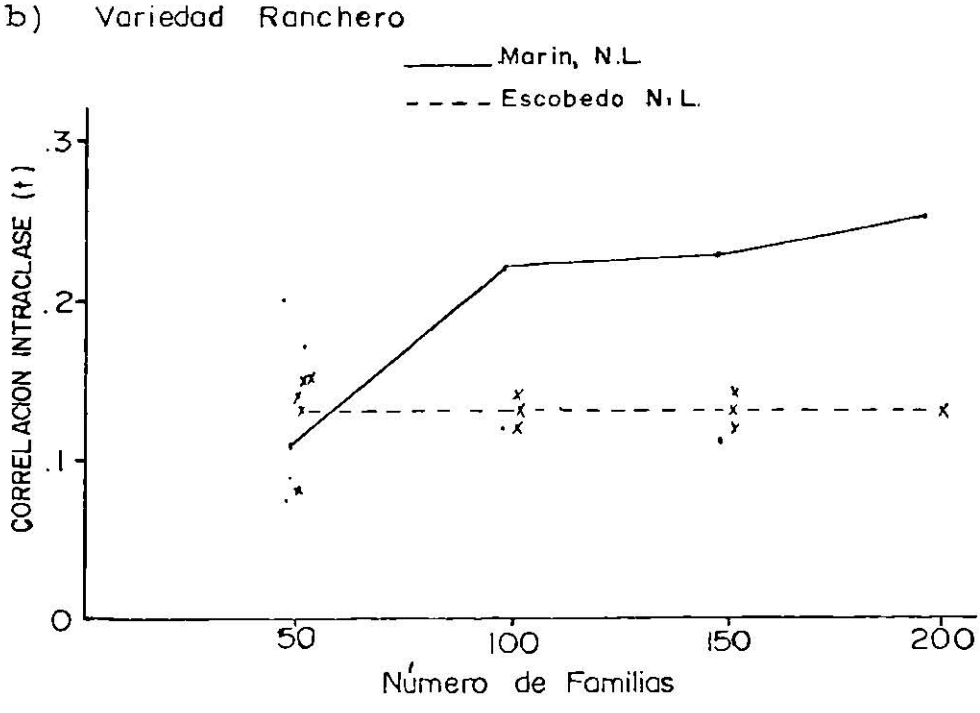


FIGURA 6. Relación entre la correlación intraclase (t) y el número de familias (carácter granos/hilera).

intraclase tendieron a ser constantes al momento de incluir 100 familias.

En la Figura 6 se observa que la estima de la correlación intraclase en Gral. Escobedo, N.L. se mostró constante en el análisis de las 50 familias; sin embargo, en Marín, N.L. tuvo valores semejantes a partir de 100 familias.

4.2. Parámetros estimados a partir de familias de medios hermanos (MH) y autchermanos (AH).

En los Cuadros 14 y 15 se observa que en 16 de las 18 características, la varianza entre familias ($\hat{\sigma}^2_B$) fue porcentualmente mayor en las familias de autchermanos (AH) que en las de medios hermanos (MH), por tanto, la varianza dentro de familias ($\hat{\sigma}^2_W$) es menor en familias de autohermanos. La correlación intraclase (t), en el lote de autohermanos, fue mayor que en el de medios hermanos en todas las características (excepto altura de planta y altura de mazorca AP y AM respectivamente). Al comparar la relación $\hat{\sigma}^2_B / \hat{\sigma}^2_W$ se observó que en la mayoría de las características, esta fue mayor en las familias de autohermanos. Los coeficientes de variación total y genético (CVF y CVG respectivamente), en la mayoría de los casos, fue mayor en el lote de autohermanos que en el de medios hermanos. Estos resultados estan de acuerdo con lo esperado, ya que la endoga-

mia tiende a aumentar el grado de parecido fenotípico entre los individuos de una misma familia y a incrementar las diferencias entre familias, por eso disminuyó la varianza dentro de las líneas o familias y, por tanto, aumenta la varianza entre ellas.

Dado que las familias de medios hermanos se obtuvieron por polinización libre, se esperaba que la varianza total ($\hat{\sigma}^2_T$) para el lote de medios hermanos fuera mayor que aquélla en el lote de autohermanos; una mayor varianza esta asociada con la capacidad de las progenies para adaptarse mejor a los cambios ambientales y, por el contrario, a menor variabilidad menor adaptabilidad o mayor sensibilidad a los cambios ambientales. Así, esta respuesta en términos de adaptabilidad a condiciones cambiantes de ambiente deberá influir en la media y la varianza poblacional.

Las estimas de la heredabilidad (h^2) fueron mayores en el lote de medios hermanos que en el lote de autohermanos, lo cual quiere decir que esta técnica no es muy confiable para este parámetro; sin embargo, con familias de autohermanos, los valores son más conservadores y se aproximan más a los obtenidos por otros investigadores (Rivera[1], 1984 y Reyes, 1985) lo que indica que la estimación de la varianza aditiva ($\hat{\sigma}^2_A$), a

---

1 Rivera (1984). Comunicación personal.

CUADRO 14. Componentes de varianza entre ($\hat{\sigma}^2_B$) y dentro ($\hat{\sigma}^2_W$) de familias de medios hermanos (MH) de 18 características de maíz (Marín, otoño 1985).

Carácter	$\hat{\sigma}^2_B$	%	$\hat{\sigma}^2_W$	%	$\hat{\sigma}^2_T$	t	$\hat{\sigma}^2_B / \hat{\sigma}^2_W$	CVF %	CVG %	h^2 %
AP	355.0	46	418.4	54	773.4	0.46	0.85	16.6	11.2	184
AM	133.1	38	213.3	62	346.4	0.38	0.62	22.2	13.7	152
HAM	0.06	11	0.47	89	0.53	0.11	0.13	14.6	4.9	44
HBM	0.44	31	0.99	69	1.43	0.31	0.44	17.1	9.4	124
NM	0.005	4	0.12	96	0.125	0.04	0.04	30.7	6.2	16
LH	29.1	7	370.3	93	399.4	0.07	0.08	25.1	6.8	28
AH	39.5	19	165.2	81	204.7	0.19	0.24	17.2	7.6	76
IPM	0.001	17	0.005	83	0.006	0.17	0.20	15.5	6.4	68
NH	0.6	16	3.2	84	3.8	0.16	0.19	15.0	5.9	64
GH	5.1	12	37.2	88	42.3	0.12	0.14	22.5	8.0	48
LM	0.7	13	4.6	87	5.3	0.13	0.15	18.6	6.8	52
DM	2.6	16	13.4	84	16.0	0.16	0.19	9.4	3.8	64
PMP	225.4	15	1229.9	85	1455.3	0.15	0.18	32.8	12.9	60
PGP	171.2	17	854.8	83	1026.0	0.17	0.20	33.9	13.9	68
PM	155.1	14	924.9	86	1080.0	0.14	0.17	30.5	11.6	56
PGM	115.4	14	710.4	86	826.0	0.14	0.16	32.7	12.2	56
PGPA	159.6	16	835.7	84	995.3	0.16	0.19	33.8	13.5	64
PGMA	108.2	13	696.3	87	804.5	0.13	0.16	32.6	12.0	52

CUADRO 15. Componentes de varianza entre ($\hat{\sigma}^2_B$) y dentro ($\hat{\sigma}^2_W$) de familias de autohermanos (AH) de 18 características de maíz (Marín, otoño 1985).

Carácter	$\hat{\sigma}^2_B$	%	$\hat{\sigma}^2_W$	%	$\hat{\sigma}^2_T$	t	$\hat{\sigma}^2_B / \hat{\sigma}^2_W$	CVF %	CVG %	h^2 * %
AP	231.2	42	321.1	58	552.3	0.42	0.72	20.0	12.9	42
AM	74.8	33	153.0	67	227.8	0.33	0.49	27.7	15.9	33
HAM	0.16	25	0.47	75	0.63	0.25	0.34	15.8	8.0	25
HBM	0.81	47	0.90	53	1.7	0.47	0.90	17.2	11.9	47
NM	0.003	5	0.056	95	0.059	0.05	0.05	22.9	5.2	5
LH	113.2	47	129.4	53	242.6	0.47	0.87	26.2	17.8	47
AH	68.0	29	166.1	71	234.1	0.29	0.41	23.3	12.6	29
IPM	0.002	22	0.007	78	0.009	0.22	0.03	20.2	8.5	22
NH	1.06	25	3.2	75	4.26	0.25	0.33	17.0	8.5	25
GH	12.5	24	39.1	76	51.6	0.24	0.32	31.9	15.7	24
LM	2.6	33	5.2	67	7.8	0.33	0.50	28.0	16.1	33
DM	9.9	37	17.0	63	26.9	0.37	0.58	14.2	8.6	37
PMP	421.4	41	608.1	59	1029.5	0.41	0.69	52.4	33.6	41
PGP	272.3	40	413.4	60	685.7	0.40	0.66	55.0	34.7	40
PM	356.6	36	631.2	64	987.8	0.36	0.56	53.0	31.8	36
PGM	230.6	35	426.5	65	657.1	0.35	0.54	55.6	33.0	35
PGPA	273.4	39	421.4	61	694.8	0.39	0.65	54.9	34.4	39
PGMA	232.1	35	434.5	65	666.6	0.35	0.53	55.5	32.7	35

partir de progenies autofecundadas (AH), esta mas cerca de la realidad, que la obtenida a partir de familias de medios hermanos. Valores altos de heredabilidad, pueden deberse a la presencia de una porción importante de varianza de dominancia y varianza epistática, dado que en las familias de medios hermanos debe ser mayor el grado de heterocigosis que en familias de autohermanos, aun que estas sean líneas S_1 como en el presente caso. Además, en el análisis estadístico no se elimina la componente de varianza ambiental, y se agrega a la componente de varianza dentro y entre familias; siendo este último una estimación de la varianza aditiva, que en este caso fue mayor de lo normal.

4.3. Correlación intraclase vs. regresión progenie-progenitor.

En el Cuadro 16 se observa la estimación de la heredabilidad (h^2) para 10 características de mazorca por dos métodos en los que se incluyen dos grados de parentesco; por un lado se utilizó la regresión progenie-progenitor (b_{op}) y, por otro, la correlación intraclase (t). Se observaron valores más altos de heredabilidad cuando se estimó por correlación intraclase (excepto para el carácter peso de olote, PO); incluso, algunas estimas fueron mayores de 100%, como es el caso del carácter

peso de grano por mazorca (PGM). En cambio, mediante la regresión se estimaron valores negativos para los caracteres diámetro de mazorca (DM), perímetro de mazorca (PRM), peso de mazorca (PM) y peso de grano por mazorca (PGM); para el resto de las características los valores de la heredabilidad se aproximan a las estimas obtenidas por otros métodos (Arizpe, 1986).

En general la correlación intraclase presentó coeficientes más altos en comparación con la regresión pregenie-progenitor. La correlación intraclase (t_{MH}) comparada con la regresión progenie-progenitor (b_{op}), tiende a sobreestimar los valores ya que en familias de medios hermanos debe de estar presente una fracción importante de la componente de dominancia o epistásis; algunos de los coeficientes de regresión exhibieron valores negativos, lo que se explica por efectos de interacción genotipo-ambiente, ya que las mazorcas se cosecharon en Gral. Terán, N.L. (ciclo otoño 1983) y, fueron sembradas en Gral. Escobedo, N.L. (ciclo primavera 1984), esta última localidad menos favorable que el ambiente de donde se obtuvieron las mazorcas.

4.4. Correlaciones fenotípicas.

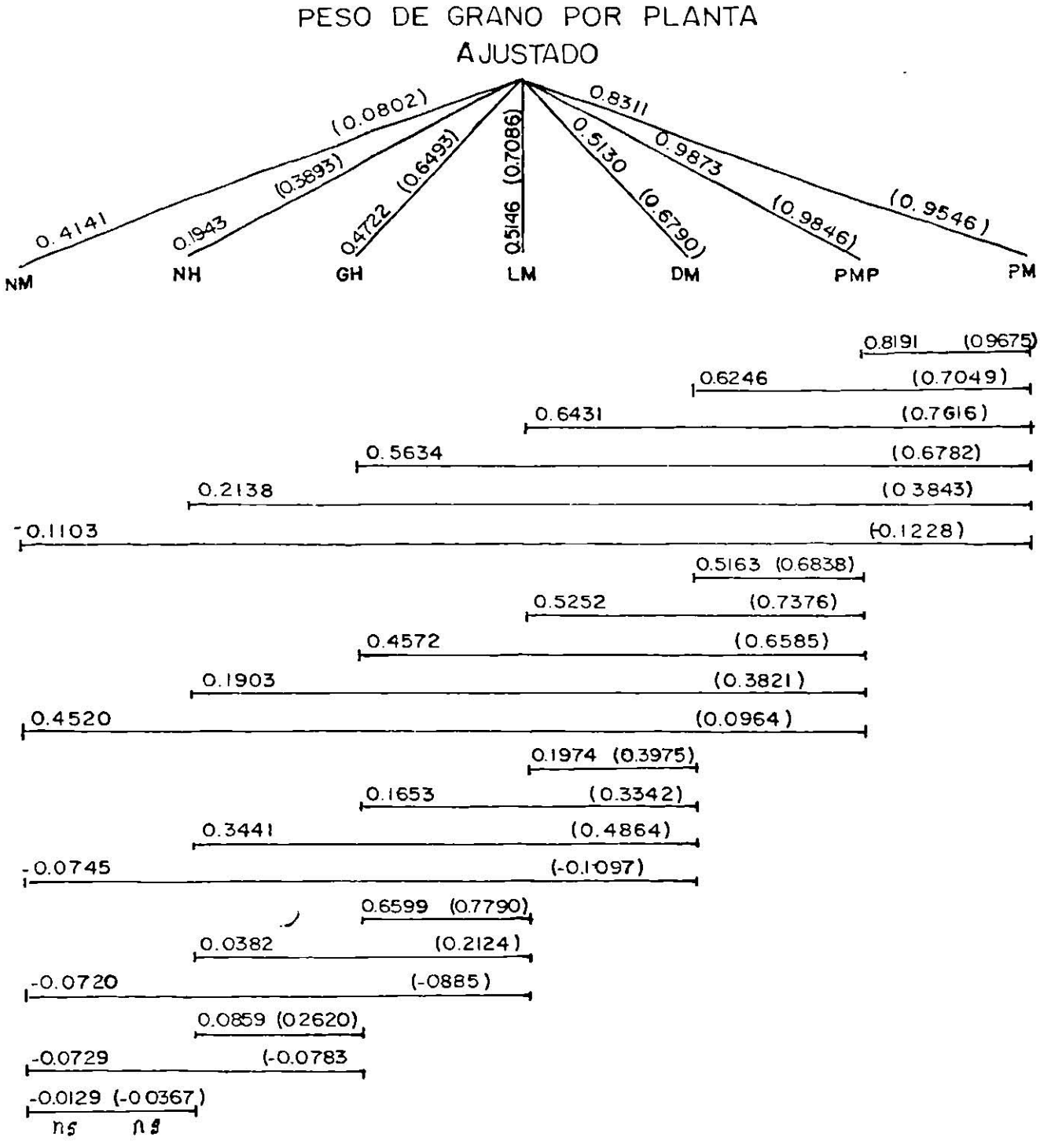
En la Figura 7 se presentan las características más so-

CUADRO 1b. Heredabilidad estimada por regresión progenie-progenitor (b_{op}) y correlación intraclase (t_{MH}).

Características	Heredabilidad (%)			
	b_{op}	h^2	t_{MH}	h^2
Diámetro de mazorca (DM)	-0.031	- 6.2	0.204	81.8
Longitud de mazorca (LM)	0.086	17.2	0.164	65.7
Relación DM/LM	0.006	1.2	0.138	55.0
Perímetro de mazorca (PRM)	-0.021	- 4.2	0.204	81.8
Número de hileras (NH)	0.118	23.6	0.101	40.2
Grano por hilera (GH)	0.014	2.8	0.196	78.3
Peso de mazorca (PM)	-0.007	- 1.4	0.207	82.8
Peso de grano/mazorca (PGM)	-0.016	- 3.2	0.253	101.3
Peso de olote (PO)	0.086	17.2	0.024	9.5
Indice de grano (IG)	0.079	15.8	0.120	48.0

bresalientes, que exhibieron una correlación significativa con peso de grano por planta ajustado al 12% de humedad (PGPA). También se observa que los coeficientes de correlación simple entre los componentes del rendimiento (peso de mazorca principal, peso de mazorca por planta, diámetro y longitud de mazorca, número de hileras y número de mazorcas por planta) fueron estadísticamente significativos excepto número de mazorcas - número de hileras y, además, los más altos; esto puede deberse a cualquiera de las siguientes causas: 1) Efectos pleiotrópicos (un mismo gene es responsable de la manifestación de dos o más caracteres) y 2) Ligamiento factorial (un gene se encuentra localizado en el mismo cromosoma con otros genes los cuales son responsables de la manifestación de diferentes características), por tanto, tienden a transmitirse en grupo.

En las Figuras 8, 9, 10 y 11 se observa que los coeficientes de correlación simple son mayores en las familias de autohermanos (AH) que en medios hermanos (MH) (excepto para las características número de mazorcas y peso de mazorca y grano por planta); esto era de esperarse, ya que la endogamia propicia un mayor parecido entre los individuos dentro de familias, por tanto, sus características presentan una mayor correlación entre sí. Para las características número de mazorcas y peso de mazorca y grano por planta, los coeficientes de co-



(*) Los números dentro del paréntesis corresponden a las familias de autohermanos (AH).

FIGURA 7. Diagrama de correlaciones fenotípicas entre el carácter peso de grano por planta ajustado y las variables más correlacionadas con él.

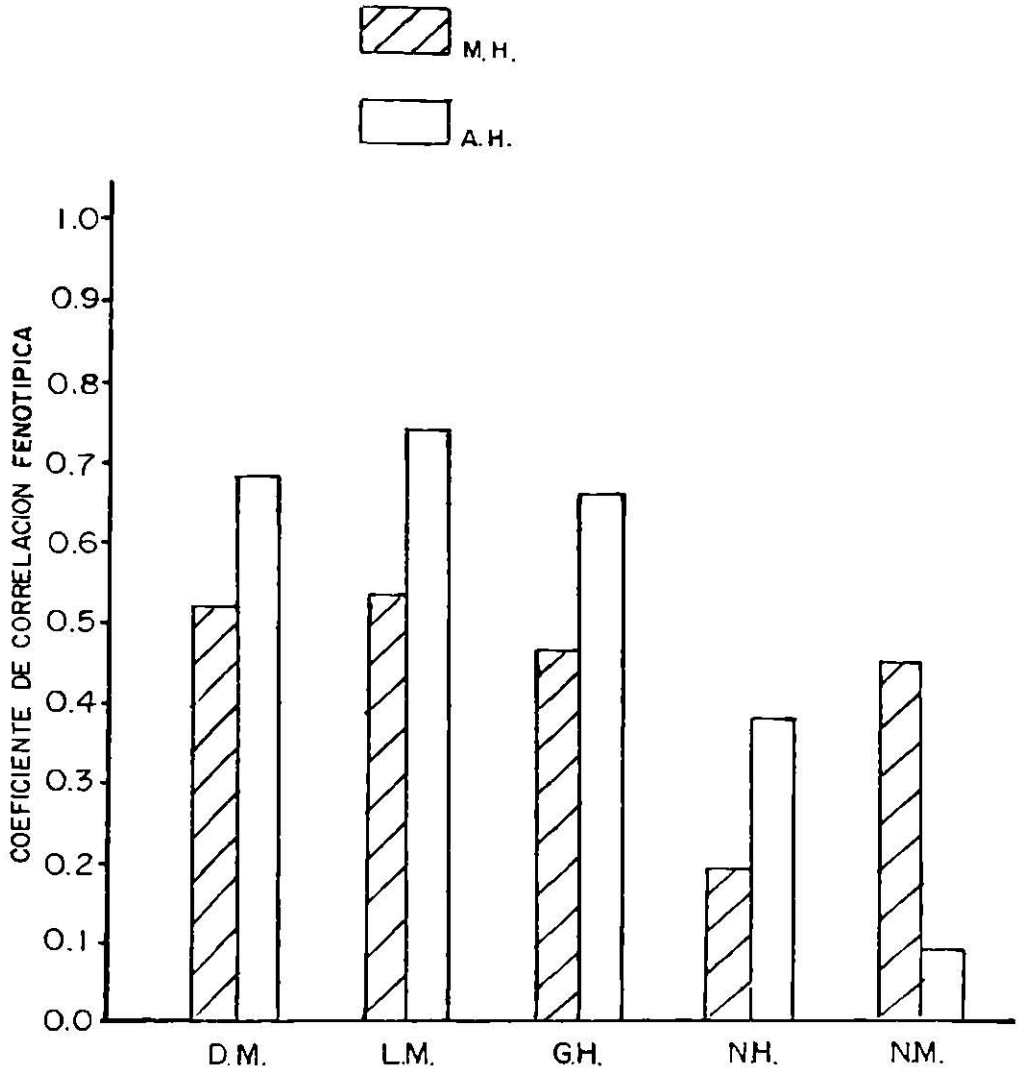


FIGURA 8. Correlaciones fenotípicas entre peso de mazorca por planta y diferentes características.

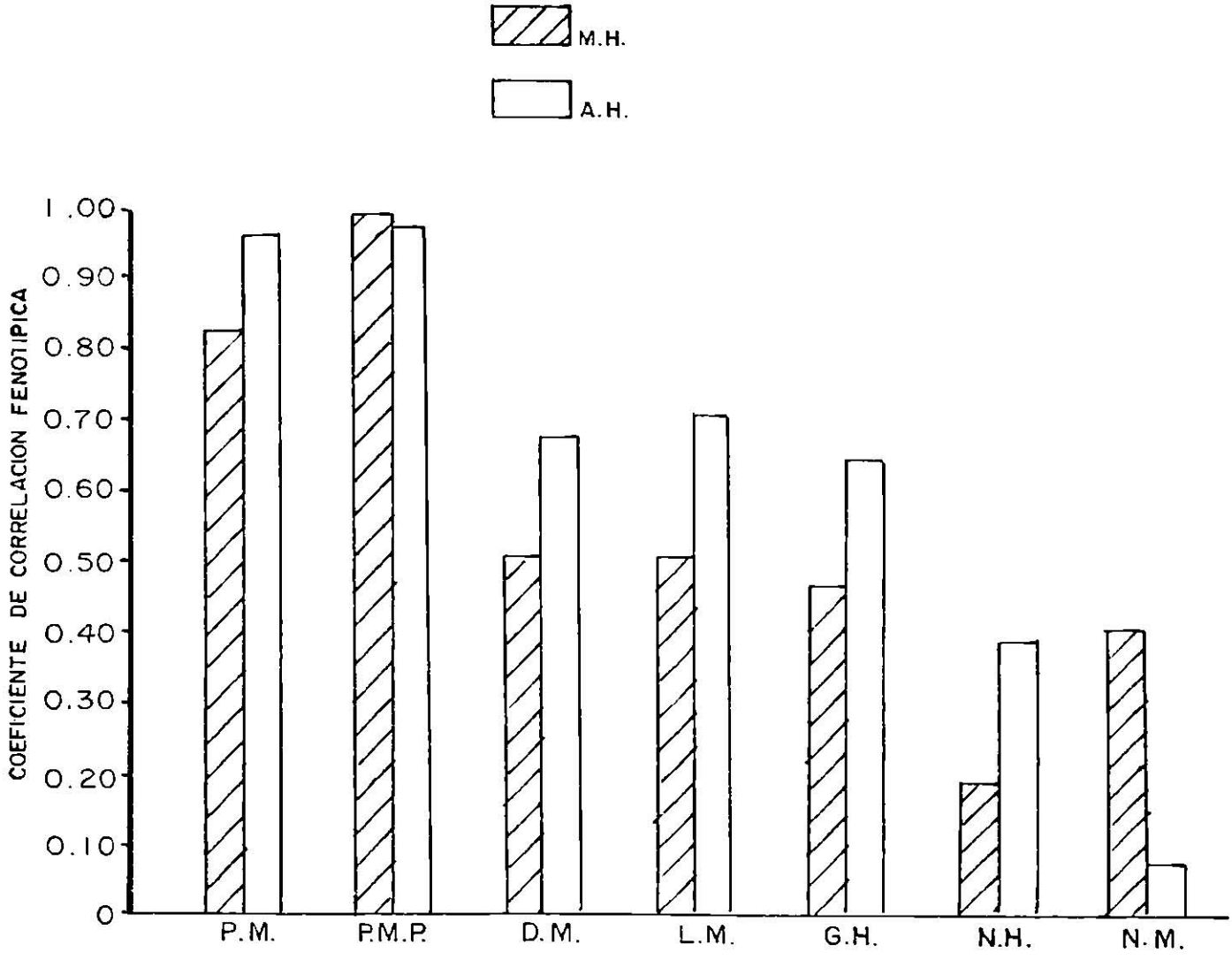


FIGURA 9. Correlaciones fenotípicas entre peso de grano por planta ajustado y diferentes características.

rrelación simple fueron mayores en el lote de medios hermanos que en el de autohermanos; esto es debido a que en el lote de autohermanos la endogamia generada reduce la prolificidad que afecta la formación de grano de las mazorcas de las plantas cuateras, produciéndose un alto porcentaje de plantas "jorras" (jilotes que no forman mazorcas).

En las Figuras 10 y 11, los coeficientes de correlación de las características número de mazorcas-peso de grano de la mazorca principal y número de mazorcas-peso de mazorca son negativos, ya que a un mayor número de mazorcas por planta tiende a disminuir el peso de la mazorca principal, debido a la competencia que ésta ejerce sobre las mazorcas inferiores; los fotosintatos se translocan de arriba hacia abajo, por tanto, la mazorca principal al localizarse en la parte más alta, llena el grano antes que las inferiores.

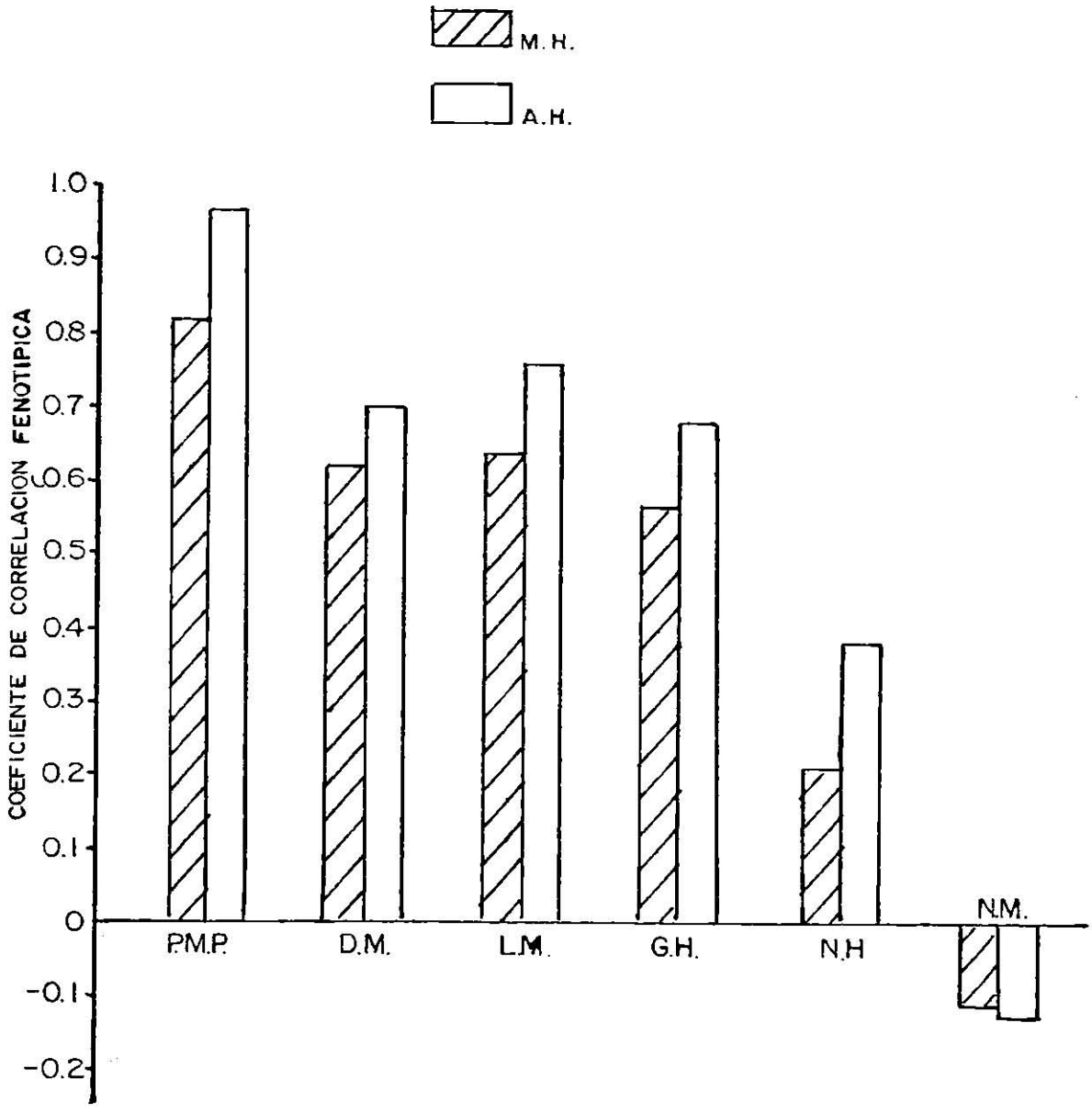


FIGURA 10. Correlaciones fenotípicas entre peso de mazorca principal y diferentes características.

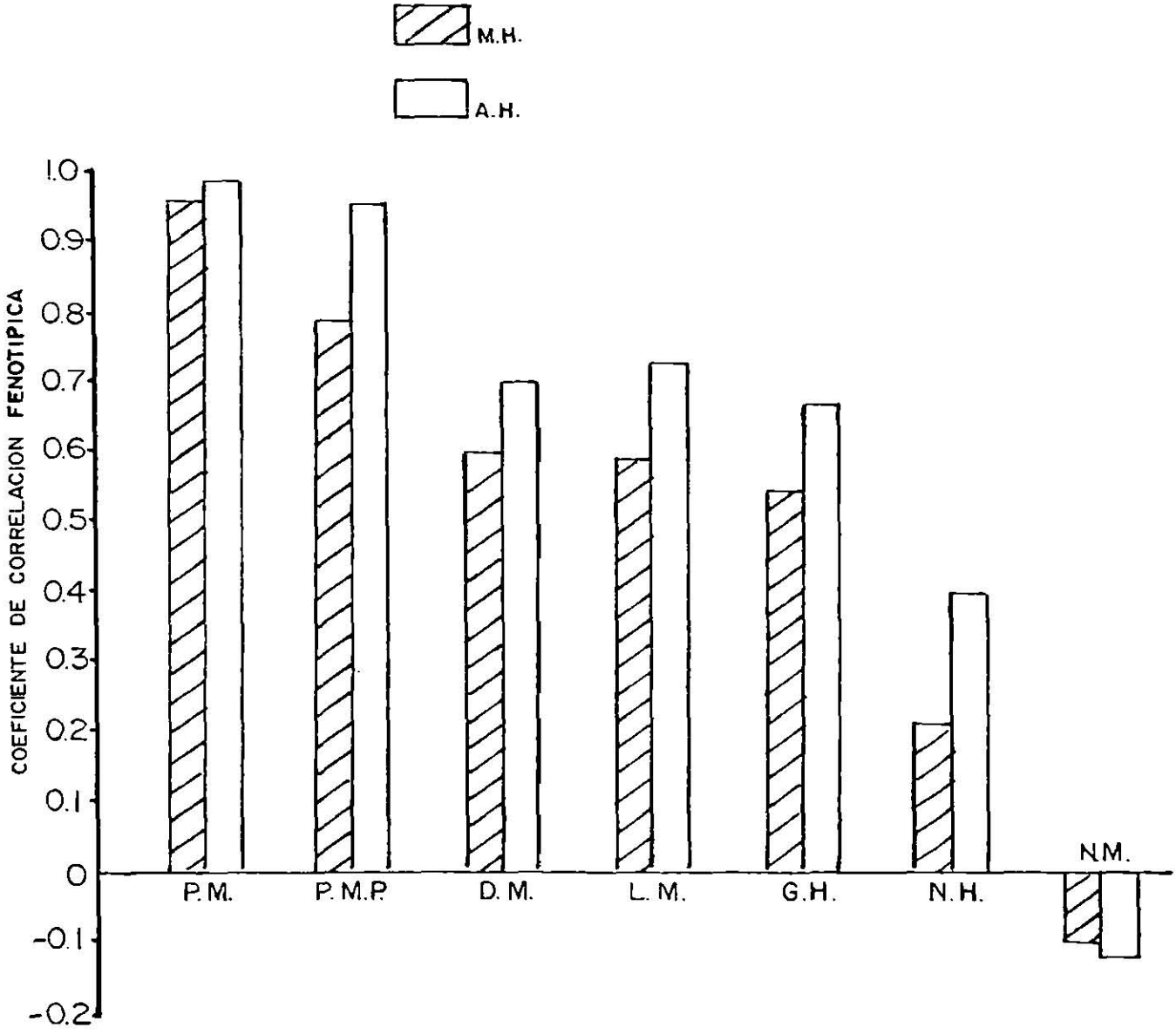


FIGURA 11. Correlaciones fenotípicas entre peso de grano de la mazorca principal ajustado y diferentes características.

5. CONCLUSIONES

1. Los valores del coeficiente de correlación intraclase (t) fue diferente para cada variedad y ambiente en que se determinó; también se observó que 100 familias es el número mínimo requerido para estimar la correlación intraclase y mejorar la respuesta a la selección, ya que con un mayor número de familias no cambia significativamente su valor.

2. Porcentualmente la varianza entre familias ($\hat{\sigma}^2_B$) fue mayor en las familias de autohermanos (AH) que en las de medios hermanos (MH); así mismo, el valor del coeficiente de correlación intraclase estimado en el lote de AH fue mayor que el obtenido en las familias de MH.

3. El uso de la correlación intraclase para estimar la varianza aditiva ($\hat{\sigma}^2_A$) y la heredabilidad (h^2) a partir de familias de medios hermanos tiende a sobreestimarlas; no obstante, el uso de familias de autohermanos resulta más confiable, ya que se estimaron valores más aceptables comparado con otros métodos. Aunque la regresión progenie-progenitor es más precisa que la correlación intraclase, tiene la limitante de incluir una componente genotipo-ambiente, por lo tanto, pueden obtenerse estimas negativas.

4. Las correlaciones fenotípicas fueron más altas en las

familias de autohermanos que en las de medios hermanos, debido al mayor grado de parecido fenotípico.

6. RESUMEN

Durante los años de 1983 a 1985, en los campos experimentales "Marín" y "El Canadá" respectivamente, Municipios de Marín y Gral. Escobedo, N.L., se condujo una serie de experimentos para probar la bondad y eficiencia del método de la correlación intraclase, en la estimación de la varianza aditiva y, por tanto, de la heredabilidad de varios caracteres en maíz, el conocimiento de éste estimador, es útil para determinar el método de selección más adecuado, para explotar la varianza genética aditiva disponible en las variedades de polinización libre. Este trabajo se dividió en tres etapas:

1) Elección del número óptimo de familias de medios hermanos para estimar la correlación intraclase (se compararon: 50, 100, 150 y 200 familias de dos variedades).

2) Comparar la correlación intraclase estimada a partir de familias con diferente nivel de endogamia (100 familias de medios hermanos y 100 familias de un ciclo de autofecundación).

3) Comparar las estimaciones de heredabilidad, obtenidas por correlación intraclase y regresión progenie-progenitor, para un mismo número de familias.

Cada una de las etapas correspondió a un objetivo, para

alcanzar los objetivos en este estudio, se plantearon las hipótesis siguientes:

1) Al aumentar el número de familias se incrementa la correlación intraclase y su valor depende también de la variedad y ambiente de evaluación.

2) En las familias de autohermanos existe mayor varianza aditiva que en las de medios hermanos.

3) La correlación intraclase es menos precisa que la regresión progenie-progenitor para estimar heredabilidad.

4) Las correlaciones fenotípicas son más altas en familias de autohermanos que en medios hermanos.

De los resultados de este trabajo se pudo concluir lo siguiente:

1) Los valores del coeficiente de la correlación fue diferente para cada variedad y ambiente en que se determinó; también se observó que 100 familias es el número mínimo requerido para estimar la correlación intraclase y mejorar la respuesta a la selección, ya que con un número mayor de familias no cambia significativamente su valor.

2) Porcentualmente la varianza entre familias fue mayor

en las familias de autohermanos que en las de medios hermanos; así mismo, el valor del coeficiente de correlación intraclase estimado en el lote de autohermanos fue mayor que el obtenido en las familias de medios hermanos.

3) El uso de la correlación intraclase para estimar la varianza aditiva, y la heredabilidad, a partir de familias de medios hermanos tiende a sobreestimarlas; no obstante, el uso de familias de autohermanos resulta más confiable, ya que se estimaron valores más aceptables comparado con otros métodos. Aunque la regresión progenie-progenitor es más precisa que la correlación intraclase, tiene la limitante de incluir una componente genotipo-ambiente, por lo tanto, pueden obtenerse estimas negativas.

4) Las correlaciones fenotípicas fueron más altas en las familias de autohermanos que en la de medios hermanos, debido al mayor grado de parecido fenotípico; es de esperarse que al incrementarse el grado de endogamia dentro de la familia, aumente significativamente el coeficiente de correlación fenotípica.

7. BIBLIOGRAFIA

Agudelo L., C. y F. Márquez S. 1975. Estimación de la heredabilidad por medio de regresión progenie-progenitor usando componentes de varianza en una población de maíz, en tres densidades de siembra. Agrociencia 21:91-100.

Arizpe M., A. 1985. Cambios fenotípicos y parámetros de estabilidad de cuatro poblaciones de maíz (Zea mays L.). Tesis FAUANL. México. 164 p.

Bayardo P., R y F. Márquez S. 1980. Selección familial de hermanos completos en maíz (Zea mays L.) en base a parámetros fisiotécnicos. Chapingo Nueva Epoca. 25:19-28.

Benitez R., I. et al. 1979. Una modificación al método de selección mazorca por surco para rendimiento en maíz de temporal y sus avances. Fitotecnia. 3:3-11.

Brauer H., O. 1980. Fitcgenética aplicada. Limusa. México. 518 p.

Claure I., T. y F. Márquez S. 1984. Mejoramiento de maíz en Bolivia por selección masal y selección combinada de medios hermanos. Agrociencia. 58:191-203.

Donner, A. y J.J. Koval. 1980. The estimation of intraclass co-

rrelation in the analysis of family data. Biometrics. 36:19-25.

_____ y S. Bull. 1983. Inferences concerning a common intraclass correlation coefficient. Biometrics. 39:771-775.

Falconer, D.S. 1972. Introducción a la genética cuantitativa. Trad. F. Márquez S. Ed. 3a. Continental, México. 430 p.

Johansson, I. 1972. Genética y mejora animal. Trad. F. Puchal y P. Ducar. Acribia, Zaragoza, España.

Jugenheimer, R.W. 1981. Maíz: variedades mejoradas, métodos de cultivo y producción de semillas. Trad. R. Piña G. Limusa, México. 841 p.

Lerner, I.M. 1964. La base genética de la selección. Trad. José Ma. Soler C. Gea. Barcelona, España. 409 p.

Lira R., G. De. 1984. Comparación de métodos y presiones de selección en dos variedades de maíz (Zea mays L.). Tesis FAUANL. México. 81 p.

Lonnquist, J.H. 1964. A modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize populations. Crop. Science. 4:227-228.

Lonnquist, J.H. 1965. Métodos de selección útiles para mejoramiento dentro de poblaciones. Trad. Mario Gutiérrez. Fitotecnia Latinoamericana. 2:1-10.

Márquez S., F. 1972. Tamaño de muestra para representar poblaciones de maíz. Agrociencia. 8:163-177.

_____. 1979. Respuesta esperada a la selección a largo plazo en maíz, en base a un estudio de una mezcla intervarietal. Rama de Genética. Colegio de Postgraduados. ENA. Chapingo, México.

_____. 1979. Tamaño de familias de medios hermanos en la estimación de varianzas genéticas y en la selección en maíz. Fitotecnia. 3:107-118.

_____. 1980. Alternativas para la selección familiar en maíz. Chapingo, Nueva Epoca. 21:7-16.

_____. 1980. Sistemas de selección combinada, familial o individual en el mejoramiento genético de maíz (Zea mays L). Fitotecnia. 4:3-83.

_____. 1985. Genotecnia básica y aplicada. AGT editor, México. pp. 225-278.

Martínez G., A. 1975. Diseño y análisis de los experimentos de

cruzas dialélicas. Colegio de Postgraduados, ENA. Chapingo, México. 228 p.

Molina G., J.D. 1979. Selección familial de progenies autofecundadas. Agrociencia. 37:131-138.

Ostle, B. 1977. Estadística aplicada. Trad. Dagoberto de la Serna V. Limusa, México. 629 p.

Poehlman, J.M. 1965. Mejoramiento genético de las cosechas. Trad. Nicolás Sánchez D. Limusa-Wiley, México. 453 p.

Reyes C., P. 1985. Fitogenotecnia básica y aplicada. AGT editor, México. 460 p.

Robinson, H.F. y C.C. Cockerham. 1965. Estimación y significado de los parámetros genéticos. Trad. Mario Gutiérrez. Fitotecnia Latinoamericana. 2:23-37.

Romero H., L. 1981. El índice de cosecha como criterio de selección para rendimiento en dos poblaciones de sorgo (Sorghum bicolor L. Moench) bajo tres métodos de selección familial. Tesis de M.C. Colegio de Postgraduados. Chapingo, México.

Sánchez-Monge y P., E. 1966. Genética. Ed. 3a. Pessim Lumen, Madrid, España. 409 p.

Snedecor, G.W. y W.G. Cochran. 1971. Métodos estadísticos. Trad. J.A. Fuller R. Continental. México. 703 p.

Steel, R.G. y J.H. Torrie. 1960. Principles and procedures of statistics. Mc Graw-Hill Book Company. New York. 481 p.

Wong R., R., M. Luna F., J.R. Gutiérrez S. 1980. Parámetros de estabilidad en maíces de temporal en el Estado de Durango. Memorias del Octavo Congreso Nacional de Fitogenética. SOMEFI. pp:301-311.

8. APENDICE

CUADRO 1 A. Comparación de medias y significancia estadistica para el carácter peso de grano/planta (FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS).

FAMILIA	PESO DE GRANO/PLANTA (g)		FAMILIA	PESO DE GRANO/PLANTA (g)	
36	141.97	a	14	94.55	abcdefg
27	125.56	ab	93	94.15	abcdefg
3	119.35	abc	7	93.26	abcdefg
70	116.89	abc	25	93.15	abcdefg
34	116.63	abc	55	93.02	abcdefg
96	115.20	abcd	98	91.81	bcdefgh
89	113.59	abcde	62	91.42	bcdefgh
10	111.79	abcdef	76	91.28	bcdefgh
82	111.61	abcdef	29	90.94	bcdefgh
19	111.15	abcdef	90	90.63	bcdefgh
37	110.95	abcdef	73	90.47	bcdefgh
6	110.69	abcdef	80	90.41	bcdefghi
23	110.01	abcdef	88	90.21	bcdefghi
9	108.40	abcdefg	77	89.61	bcdefghi
5	108.15	abcdefg	75	88.69	bcdefghi
95	106.87	abcdefg	72	88.68	bcdefghi
4	106.27	abcdefg	58	86.40	bcdefghi
11	106.14	abcdefg	100	85.66	bcdefghi
40	105.90	abcdefg	17	84.47	bcdefghi
79	105.68	abcdefg	2	84.20	bcdefghi
69	104.74	abcdefg	59	84.08	bcdefghi
38	104.54	abcdefg	18	84.02	bcdefghi
81	103.95	abcdefg	8	83.87	bcdefghi
31	103.34	abcdefg	48	83.75	bcdefghi
87	102.96	abcdefg	53	83.42	bcdefghi
78	102.67	abcdefg	68	83.26	bcdefghi
20	102.53	abcdefg	99	83.14	bcdefghi
21	102.48	abcdefg	32	82.88	bcdefghi
35	101.56	abcdefg	57	82.33	bcdefghi
13	100.67	abcdefg	54	82.22	bcdefghi
28	100.22	abcdefg	65	81.33	bcdefghi
12	99.93	abcdefg	85	80.15	bcdefghi
1	99.88	abcdefg	43	79.94	bcdefghi
56	99.48	abcdefg	42	79.61	bcdefghi
15	99.17	abcdefg	67	78.87	bcdefghi
30	98.74	abcdefg	61	77.61	bcdefghi
60	98.62	abcdefg	84	76.62	bcdefghi
33	98.55	abcdefg	45	76.22	bcdefghi
74	98.02	abcdefg	46	75.46	bcdefghi
94	97.95	abcdefg	66	74.14	cdefghi
22	97.74	abcdefg	47	73.75	cdefghi
63	97.48	abcdefg	97	73.53	cdefghi
86	97.02	abcdefg	41	70.67	cdefghi
71	96.67	abcdefg	52	69.51	cdefghi
64	96.55	abcdefg	26	66.22	defghi
39	96.46	abcdefg	83	64.35	efghi
92	96.07	abcdefg	44	63.15	fghi
16	95.94	abcdefg	51	59.61	ghi
91	95.81	abcdefg	49	41.84	hi
24	95.48	abcdefg	50	40.35	i

VALOR DMS (0.5) = 50.1 (PRUEBA DE TUKEY)

CUADRO 2 A. Comparacion de medias y significancia estadistica para el carácter peso de grano / planta (FAMILIAS DE AUTOHERMANOS).

FAMILIA	PESO DE GRANO/PLANTA (g)		FAMILIA	PESO DE GRANO/PLANTA (g)	
155	121.37	a	148	44.72	cdefghijklmnopq
200	103.61	ab	189	43.75	cdefghijklmnopq
153	80.63	bc	151	43.59	cdefghijklmnopq
154	79.50	bcd	186	43.34	cdefghijklmnopq
180	78.00	bcde	197	42.79	cdefghijklmnopq
170	76.38	bcdef	113	42.65	cdefghijklmnopq
166	75.23	bcdefg	174	42.53	cdefghijklmnopq
159	75.16	bcdefg	149	42.51	cdefghijklmnopq
178	72.02	bcdefgh	122	42.38	cdefghijklmnopq
176	71.19	bcdefghi	110	42.33	cdefghijklmnopq
146	69.08	bcdefghij	165	41.58	cdefghijklmnopq
157	67.14	bcdefghijk	163	40.70	defghijklmnopq
164	67.10	bcdefghijk	169	40.42	defghijklmnopq
193	66.08	bcdefghijk	119	40.29	defghijklmnopq
107	61.91	cdefghijkl	190	39.85	efghijklmnopq
184	59.05	cdefghijkl	194	39.82	efghijklmnopq
187	58.03	cdefghijklm	181	39.60	efghijklmnopq
183	57.97	cdefghijklm	139	38.92	efghijklmnopq
134	57.39	cdefghijklm	120	38.76	efghijklmnopq
185	56.95	cdefghijklm	121	38.73	efghijklmnopq
102	55.42	cdefghijklmn	191	38.22	fghijklmnopq
177	55.29	cdefghijklmn	118	37.98	fghijklmnopq
175	55.06	cdefghijklmn	117	37.44	fghijklmnopq
171	54.39	cdefghijklmn	112	36.70	ghijklmnopq
105	53.87	cdefghijklmno	103	35.12	hijklmnopq
192	53.63	cdefghijklmno	173	34.42	hijklmnopq
167	53.08	cdefghijklmno	108	34.07	hijklmnopq
111	52.99	cdefghijklmno	150	32.85	hijklmnopq
116	52.86	cdefghijklmno	101	31.96	ijklmnopq
182	51.02	cdefghijklmno	115	31.57	jklmnopq
106	49.92	cdefghijklmnop	125	31.27	jklmnopq
133	49.22	cdefghijklmnop	131	30.60	jklmnopq
114	49.16	cdefghijklmnop	124	30.44	jklmnopq
136	49.09	cdefghijklmnop	137	29.97	jklmnopq
161	48.96	cdefghijklmnop	145	29.91	jklmnopq
160	48.94	cdefghijklmnop	188	29.90	jklmnopq
156	48.64	cdefghijklmnop	141	28.99	klmnopq
109	48.23	cdefghijklmnop	172	28.46	klmnopq
179	48.00	cdefghijklmnop	147	28.45	klmnopq
195	47.45	cdefghijklmnop	123	28.22	klmnopq
158	47.40	cdefghijklmnopq	130	25.82	lmnopq
196	47.37	cdefghijklmnopq	143	25.60	lmnopq
144	46.98	cdefghijklmnopq	142	25.49	lmnopq
138	46.85	cdefghijklmnopq	132	23.11	lmnopq
199	45.58	cdefghijklmnopq	135	22.84	lmnopq
198	45.38	cdefghijklmnopq	140	19.43	mnopq
162	45.28	cdefghijklmnopq	128	17.31	nopq
104	45.14	cdefghijklmnopq	129	14.58	opq
152	44.94	cdefghijklmnopq	126	11.25	pq
168	44.90	cdefghijklmnopq	127	8.06	q

VALOR DMS (.05) = 39.4 (PRUEBA DE TUKEY)