



UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA

Purificación y estabilización de una línea endocriada, progenitor masculino en la producción de un híbrido sencillo de maíz

Cesar Arley Zuluaga Giraldo

Universidad Nacional de Colombia
Facultad de Ciencias Agropecuarias
Coordinación general de Posgrados
Palmira, Colombia

2014

Purificación y estabilización de una línea endocriada, progenitor masculino en la producción de un híbrido sencillo de maíz

Cesar Arley Zuluaga Giraldo

Tesis o trabajo de investigación presentado como requisito parcial para optar al título de:

**Magister en Ciencias Agrarias
Con énfasis en Fitomejoramiento**

Director:

Mario Augusto García

I.A M.Sc. Ph.D

Línea de Investigación:

Fitomejoramiento

Universidad Nacional de Colombia
Facultad de Ciencias Agropecuarias
Coordinación general de Posgrados
Palmira, Colombia

2014



UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA
SEDE PALMIRA

FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS

ACTA DE JURADO DE TESIS

MAESTRÍA EN CIENCIAS AGRARIAS
LINEA DE INVESTIGACIÓN FITOMEJORAMIENTO

En Palmira a los 09 días del mes de Junio de 2014, se reunió en esta Sede el Jurado Calificador de Tesis, integrado por los profesores EDGAR IVAN ESTRADA y CESAR RUIZ.

Para calificar la Tesis de Grado de:

CESAR ARLEY ZULUAGA GIRALDO

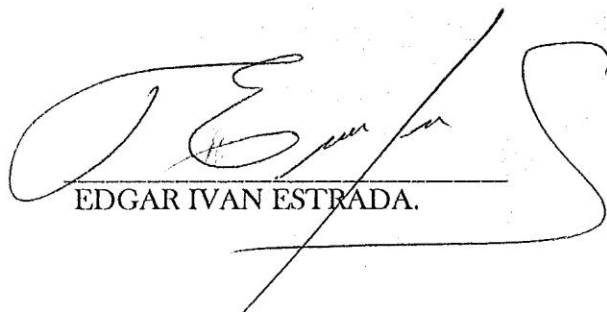
Titulada:

“PURIFICACIÓN Y ESTABILIZACIÓN DE UNA LÍNEA ENDOCRIADA, PROGENITOR MASCULINO EN LA PRODUCCIÓN DE UN HÍBRIDO SENCILLO DE MAÍZ”, bajo la dirección de Mario Augusto García Dávila, PhD.

Después de terminada la sustentación, el jurado evaluador compuesto por los investigadores EDGAR IVAN ESTRADA y CESAR RUIZ, mediante deliberación privada decidieron calificar la tesis como:

APROBADA

REPROBADA


EDGAR IVAN ESTRADA.


CESAR RUIZ.

“La Facultad y los jurados de la tesis

No se harán responsables de las

ideas emitidas por el autor”

Artículo 24, Resolución 04 de 1974.

Dedicatoria

A Dios como creador y facilitador de todas las circunstancias y momentos de la vida.

A mis padres por su buen ejemplo, su rectitud y su educación moral.

A mi hermanita por su compañía constante a través de mi vida.

A mi esposa por apoyar y seguirme cada una de mis decisiones y proyectos de mi vida.

Agradecimientos

A todo el equipo de Syngenta, en especial a Alvaro Munera por creer en mi trabajo y darme la oportunidad de terminar mi maestría, a Gilbert Argenta por autorizar y creer en el desarrollo del proyecto, a Jose Paini por apoyarme en la continuidad del trabajo dándome sus opiniones, a Mario Giraldo por acompañarme en los ciclos de selección y Jose Macias por apoyarme en la continuidad de mi proceso.

A mi equipo de campo, Jesús Lenis y Cesar Esparza, por el apoyo en las siembras, cosechas y toma de información.

A los doctores Francia Varón y Orlando Agudelo por el apoyo en la evaluación de polen y de enfermedades durante todos los ciclos de selección y evaluación.

A todo el equipo del Centro Internacional de Agricultura Tropical "CIAT" por ser los primeros en brindarme el apoyo, el conocimiento y las herramientas para desarrollarme como profesional.

Al profesor Mario García por su entrega y durante todo mi proceso de desarrollo de mi tesis, por su seguimiento continuo en los campos de investigación y por su especial dedicación a los análisis de datos y de protocolos a desarrollar durante la investigación.

A Juan Bosco Cuasquer por su soporte y ayuda incondicional durante todo el proceso de programación de modelos estadísticos y sus análisis e interpretación, por esa entrega tan profunda y tan profesional fue posible la presentación de resultados consistentes.

A los jurados de evaluación; Cesar Ruíz y Edgar Iván Estrada, por sus sugerencias y recomendaciones muy enriquecedoras para una mejor presentación de los resultados de mi proyecto de investigación.

Resumen

El híbrido simple H-4560 con un altísimo potencial en su rendimiento, presenta una baja producibilidad de semilla híbrida por el comportamiento negativo del progenitor masculino (L-1758).

La línea L-1758 (Progenitor masculino) ha venido presentado desuniformidad en todos sus caracteres agronómicos y promedios muy bajos en altura de planta y características de la “espiga”, lo que contribuye a una muy baja producción de polen y aun mal llenado de mazorcas.

Buscando una mayor producción de semilla, se inicia un programa de purificación de la línea, buscando fijar caracteres deseables de la “espiga” que aumenten la producción de polen. Mediante el establecimiento de familias y subfamilias de hermanos medios y de autopolinizaciones, se logra identificar a la sub-familia 30.AU.02 como la nueva versión de la línea. Además se logró identificar un modelo de regresión en donde los caracteres de sumatoria de ramificaciones de la “espiga”, ramificaciones de la “espiga” e índice de área efectivo de la “espiga” están relacionados con la producción de número de granos de polen, encontrándose un $R^2=0.96$.

Se logró mejorar la producibilidad del híbrido H-4560 mejorando el llenado de mazorcas pasando de un llenado del 21% a un llenado del 92%, lo que repercute en pasar de un rendimiento de 90 bolsas de semilla/ha a 256 bolsas. Se logró demostrar que el híbrido producido con esta nueva versión no presentó diferencias significativas con el híbrido actual.

Palabras claves: Hermanos medios, autopolinizaciones, número de ramificaciones de la “espiga”, sumatoria de las ramificaciones de la “espiga”, índice de área efectivo de la “espiga”, producibilidad de híbridos.

Abstract

The hybrid H-4560 presents a huge demand due the high yield potential, but the hybrid seeds production shows several problems due the low male parent performance.

The line L-1758 have been showing non-uniformity and low means in all the agronomic traits and tassel traits, it contributes to a low pollen production and low pollination affecting the ears filling.

Looking for higher yields of seeds productions, s purification program started trying to fix desirable tassel traits for improving pollen pollination. Trough half sib families and full inbreed families; the sub-family 30.AU.02 was identified like the new line version.

The regression model between pollen quantity and tassel traits (total branch length, number tassel branches, and tassel index area were calculated with a $R^2 = 0.96$.

Seeds production of H-4560 were improved, increasing the grain filling from 21% to 92% and yields from 90 seeds bags/ha to 256 seeds bags/ha.

The new hybrid was tested and not changes between new version and current version were detected, it means that the hybrid was not changed.

Keywords: Half sib, full sib, number of tassel branches, total tassel branches length, tassel index area and hybrid producibility.

Contenido

Introducción	1
1 Objetivos.....	5
1.1 Objetivo general	5
1.2 Objetivos específicos	5
2 Marco referencial.....	7
2.1 Producción de semilla	7
2.1.1 Control de calidad en la producción de semilla	9
2.1.2 Producción de semilla parental.....	10
2.1.3 Producción de semillas de híbridos comerciales.....	10
2.1.4 Arquitectura de “espiga” de maíz, viabilidad y cantidad de polen.....	13
2.2 Varianza genética y fenotípica.....	16
2.3 Heredabilidad	19
2.4 Interacción genotipo por ambiente	21
2.5 Heterosis.....	24
2.6 Endogamia	26
3 Diseño metodológico	31
3.1 Germoplasma.....	31
3.2 Localización	33
3.3 Metodología	34
3.3.1 Selección de plantas individuales	34
3.3.2 Evaluación de familias de autos.....	34
3.3.3 Evaluación de sub-familias de autos (AU), hermanos medios (HM) y cruzamientos entre familias (Entre)	35
3.3.4 Evaluación de la sub-familia elite (30.AU.02) en diferentes ambientes	36
3.3.5 Evaluación de la producibilidad del híbrido H-4560 con la línea mejorada (30.AU.02).....	37
3.3.6 Comparación entre el comportamiento del híbrido H-4560 producido con la línea mejorada (30AU02) y el híbrido producido con la línea actual	38
3.4 Características agronómicas y criterios de selección	40
3.4.1 Metodología de cuantificación de viabilidad de polen por “espiga”.....	41
3.4.2 Metodología de cuantificación de cantidad de producción de polen por “espiga”	42
4 Resultados y discusión	45
4.1 Propuesta metodológica para la purificación de líneas.....	45
4.2 Comportamiento de familias de autos seleccionadas	49
4.3 Comportamiento de sub-familias de autos (AU), hermanos medios (HM) y cruzamientos entre familias (Entre).....	54

4.4	Evaluación de polen en familias y sub-familias seleccionadas	83
4.4.1	Viabilidad de polen en familias de AU seleccionadas	83
4.4.2	Viabilidad de polen en sub-familias de AU y HM	84
4.4.3	Comportamiento de sub-familias para el carácter de producción de polen.....	86
4.4.4	Modelo de regresión entre características de “espiga” y producción de polen	88
4.5	Comportamiento de la línea-1758 versión mejorada en tres localidades.....	89
4.6	Productividad de semilla del híbrido H-4560 con línea L-1758 versión mejorada.	107
4.7	Evaluación del híbrido final con la nueva versión de la línea L-1758.....	109
4.8	Parámetros genéticos de la población de la familia 30 evaluada y seleccionada.	112
4.8.1	Estimación de heredabilidad por esperanza de cuadrados medios en familias de autos.	112
4.8.2	Estimación de heredabilidad por esperanza de cuadrados medios en sub- familias de la familia No 30.	115
4.8.3	Estimación de heredabilidad por esperanza de cuadrados medios de la sub- familia 30.AU.02 en tres localidades.	123
4.8.4	Estabilidad de Eberhart y Russell.	129
4.8.5	Ganancia obtenida por selección	142
5	Conclusiones y recomendaciones	150
6	Bibliografía	153

Lista de figuras

Figura 2-1. Crecimiento en los rendimientos de maíz a partir del uso de híbridos dobles, simples convencionales y con biotecnología.....8

Figura 2-2. Tinción de granos de polen de papa mediante el uso de Aceto carmín . 15

Figura 3-1. Esquema general de la metodología de purificación de la línea L-1758..39

Figura 3-2. Caracteres de la “Espiga” relacionados con producción de polen 43

Figura 4-1. Esquema de familias y sub-familias identificadas durante la purificación de la línea L-1758.48

Figura 4-2. Familia No 30 y No 50 durante el proceso de polinizaciones para la generación de sub-familias a evaluar en el segundo ciclo.....54

Figura 4-3. Distribución de familias y sub-familias con respecto a sus promedios y variaciones para el carácter altura de planta. 62

Figura 4-4. Distribución de familias y sub-familias con respecto a sus promedios y variaciones para el carácter de ramificaciones de la “espiga”..... 63

Figura 4-5. Distribución de familias y sub-familias con respecto a sus promedios y variaciones para el carácter de longitud de la “espiga”..... 63

Figura 4-6. Distribución de familias y sub-familias con respecto a sus promedios y variaciones para el carácter de ancho de la “espiga”.64

Figura 4-7. Distribución de familias y sub-familias con respecto a sus promedios y variaciones para el carácter de longitud de ejecución de la “espiga”..... 64

Figura 4-8. Distribución de familias y sub-familias con respecto a sus promedios y variaciones para sumatoria de ramificaciones de la “espiga”..... 65

Figura 4-9. Distribución de sub-familias de la familia 30 con respecto a sus promedios y su variación para altura de planta..... 79

Figura 4-10. Distribución de sub-familias de la familia 30 con respecto a sus promedios y su variación para número de ramificaciones de la “espiga”..... 79

Figura 4-11. Distribución de sub-familias de la familia 30 con respecto a sus promedios y su variación para longitud de la “espiga”..... 80

Figura 4-12. Distribución de sub-familias de la familia 30 con respecto a sus promedios y su variación para ancho de la “espiga”..... 80

Figura 4-13. Distribución de sub-familias de la familia 30 con respecto a sus promedios y su variación para longitud de ejecución de la “espiga”..... 81

Figura 4-14. Distribución de sub-familias de la familia 30 con respecto a sus promedios y su variación para sumatoria de ramificaciones de la "espiga"	81
Figura 4-15. Sub-familia 30.AU.02 en floración	82
Figura 4-16. Sub-familia proveniente de la familia 50	82
Figura 4-17. Línea actual a partir de semilla importada de Brasil	83
Figura 4-18. Tinción de granos de polen en la familia 30 y 50	84
Figura 4-19. Tinción de polen con baja y alta viabilidad	84
Figura 4-20. "Espiga" cubierta durante la floración durante la colecta de polen	88
Figura 4-21. Aspecto de mazorcas de la línea L-1758 nueva versión y línea actual.	104
Figura 4-22. Gráfica de estabilidad de Eberhart y Russell en la línea mejorada y la línea actual, para altura de planta.	130
Figura 4-23. Gráfica de estabilidad de Eberhart y Russell en la línea mejorada y la línea actual, para longitud de "espiga"	132
Figura 4-24. Gráfica de estabilidad de Eberhart y Russell en la línea mejorada y la línea actual, para ancho de "espiga".	133
Figura 4-25. Gráfica de estabilidad de Eberhart y Russell en la línea mejorada y la línea actual, número de ramificaciones de la "espiga".	135
Figura 4-26. Gráfica de estabilidad de Eberhart y Russell en la línea mejorada y la línea actual, para longitud de ejerción de la "espiga".	137
Figura 4-27. Gráfica de estabilidad de Eberhart y Russell en la línea mejorada y la línea actual, para porcentaje de llenado de mazorcas.....	139
Figura 4-28. Gráfica de estabilidad de Eberhart y Russell en la línea mejorada y la línea actual, para rendimiento en bolsas de semilla/ha.....	141
Figura 4-29. Distribución de poblaciones de la familia No30 durante 3 generaciones para el carácter de altura de planta.....	143
Figura 4-30. Distribución de poblaciones de la familia No30 durante 3 generaciones para el carácter de altura de mazorca.....	143
Figura 4-31. Distribución de poblaciones de la familia No30 durante 3 generaciones para el carácter de longitud de "espiga".	144
Figura 4-32. Distribución de poblaciones de la familia No30 durante 3 generaciones para el carácter de ancho de "espiga".	144
Figura 4-33. Distribución de poblaciones de la familia No30 durante 3 generaciones para el carácter de número de ramificaciones de la "espiga".	145
Figura 4-34. Distribución de poblaciones de la familia No30 durante 3 generaciones para el carácter de longitud de ejerción de la "espiga".	145
Figura 4-35. Distribución de poblaciones de la familia No50 durante 2 generaciones para el carácter de altura de planta.....	147
Figura 4-36. Distribución de poblaciones de la familia No50 durante 2 generaciones para el carácter de altura de mazorca.....	147
Figura 4-37. Distribución de poblaciones de la familia No50 durante 2 generaciones para el carácter de longitud de "espiga".	148
Figura 4-38. Distribución de poblaciones de la familia No50 durante 2 generaciones para el carácter de ancho de "espiga".	148

Figura 4-39 Distribución de poblaciones de la familia No50 durante 2 generaciones para el carácter de número de ramificaciones de la “espiga”.	149
Figura 4-40. Distribución de poblaciones de la familia No50 durante 2 generaciones para el carácter de longitud de ejerción de la “espiga”.	149

Lista de Tablas

Tabla 2-1. Distribución de las varianzas entre y dentro de líneas bajo endogamia continua y asumiendo $p=q=0.5$ y $F = 1 - (1/2)^n$	18
Tabla 2-2. Análisis de varianza y sus cuadrados medios esperados, para varias localidades y genotipos.....	19
Tabla 2-3. Varianza y heredabilidad en caracteres relevantes para el cultivo de maíz.	20
Tabla 2-4. Significado de los parámetros de estabilidad en la metodología de Eberhart y Russell.....	23
Tabla 2-5. Coeficientes de endogamia en diferentes generaciones y sistemas de cruzamiento.	28
Tabla 3-1. Familias de autos establecidas buscando el mejoramiento de la línea L-1758.....	31
Tabla 3-2. Cruzamientos realizados buscando fijar un mejor comportamiento de la línea L-1758 como progenitor polinizador.....	32
Tabla 3-3. Sub-familia seleccionada como L-1758 versión mejorada, evaluada en tres localidades junto con el control o testigo.....	32
Tabla 3-4. Parentales utilizados para la hibridación del híbrido H-4560.....	32
Tabla 3-5. Semilla experimental del híbrido H-4560.....	33
Tabla 3- 6. Variables de planta, mazorca y rendimiento, evaluadas a través de los ensayos.....	40
Tabla 3-7. Variables de “espiga”, evaluadas a través de los ensayos.....	41
Tabla 4- 1. Familias de autos seleccionadas buscando el mejoramiento de la línea L-1758.....	45
Tabla 4- 2. Sub-familias evaluadas buscando un mejor comportamiento de la línea L-1758 como progenitor polinizador.....	46
Tabla 4- 3. Sub-familia seleccionada como L-1758 versión mejorada, evaluada en tres localidades junto con el control o testigo.....	47
Tabla 4- 4. Comportamiento de cada una de las familias de autos seleccionadas de la línea L-1758.....	49
Tabla 4-5. Comportamiento de cada una de las familias de auto-hermanos completos seleccionadas de la línea L-1758.....	50

Tabla 4-6. Análisis de varianza para las familias (AU) seleccionadas de la línea L-1758.....	51
Tabla 4-7. Promedios para altura de planta en familias de autos seleccionadas.	52
Tabla 4-8. Promedios para altura de mazorca en familias de auto hermanos completos seleccionadas.	52
Tabla 4-9. Promedios para longitud de “espiga” en familias de autos seleccionadas.....	53
Tabla 4-10. Promedios para ancho de “espiga” en familias de autos seleccionadas.	53
Tabla 4-11. Promedios para número de ramificaciones de la “espiga” en familias de autos seleccionadas.	54
Tabla 4-12. Comportamiento de sub-familias de la familia 9 para cada carácter.	55
Tabla 4-13. Comportamiento de sub-familias de la familia 2 para cada carácter.	56
Tabla 4-14. Comportamiento de sub-familias de la familia 4 para cada carácter.	57
Tabla 4-15. Comportamiento de sub-familias de la familia 27 para cada carácter. ...	58
Tabla 4-16. Comportamiento de sub-familias de la familia 30 para cada carácter. ...	59
Tabla 4-17. Comportamiento de sub-familias de la familia 50 para cada carácter. ...	60
Tabla 4-18. Comportamiento de las diferentes fuentes de la línea actual para cada carácter.....	61
Tabla 4-19. Análisis de varianza para las sub-familias seleccionadas de la línea L-1758.....	66
Tabla 4-20 . Promedios de altura de planta en sub-familias seleccionadas.	67
Tabla 4-21. Promedios para la altura de mazorca en sub-familias seleccionadas. ...	67
Tabla 4-22. Promedios para longitud de “espiga” en sub-familias seleccionadas. ..	68
Tabla 4- 23. Promedios para ancho de “espiga” en sub-familias seleccionadas.....	69
Tabla 4-24. Promedios para número de ramificaciones de la “espiga” en sub-familias seleccionadas.	69
Tabla 4-25. Promedios para sumatoria de ramificaciones de la “espiga” en sub-familias seleccionadas.	70
Tabla 4-26. Promedios para índice de área efectiva de la “espiga” en sub-familias seleccionadas.....	70
Tabla 4-27. Promedios para altura de planta en la interacción familias y tipo de cruzamiento de la línea.....	72
Tabla 4-28. Promedios para altura de mazorca en la interacción familias y tipo de cruzamiento de la línea.....	73
Tabla 4- 29. Promedios para No de ramificaciones de la “espiga” en la interacción familias y tipo de cruzamiento.	74
Tabla 4-30. Promedios para longitud de “espiga” en la interacción familias y tipo de cruzamiento de la línea.....	75
Tabla 4-31. Promedios para sumatoria de las ramificaciones de la “espiga” en interacción familias y tipo de cruzamiento.....	76
Tabla 4-32. Promedios para índice de área efectiva de la “espiga” en interacción familias y tipo de cruzamiento de la línea.	77
Tabla 4-33. Porcentaje de viabilidad de polen en familias seleccionadas.	83

Tabla 4-34. Porcentaje de viabilidad de polen en sub-familias seleccionadas de la familia No2, No4, No9 y No27.	85
Tabla 4-35. Porcentaje de viabilidad de polen en sub-familias de la familia No30. ...	85
Tabla 4-36. Porcentaje de viabilidad de polen en cruzamientos entre familias.	86
Tabla 4-37. Análisis de varianza para peso de polen y número de granos de polen por “espiga” en sub-familias.....	86
Tabla 4-38. Promedios de peso de polen por “espiga” para sub-familias.	87
Tabla 4-39. Promedios de cantidad de polen por “espiga”.....	87
Tabla 4-40. Regresión múltiple entre peso de polen por “espiga” y caracteres de la “espiga”.....	88
Tabla 4-41. Regresión múltiple de ramificaciones de la “espiga”, sumatoria de ramificaciones de la “espiga” e índice de área efectiva de la “espiga” con logaritmo de número de millones de granos de polen por “espiga”.....	89
Tabla 4-42. Comportamiento de la sub-familia 30.AU.02 y de la línea actual en Candelaria.....	91
Tabla 4-43. Comportamiento de la sub-familia 30.AU.02 y de la línea actual en.....	92
Tabla 4-44. Comportamiento de la sub-familia 30.AU.02 y de la línea actual en.....	93
Tabla 4-45. Análisis de varianza de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades, para características de planta.	94
Tabla 4-46. Análisis de varianza de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades, para caracteres de rendimiento.	95
Tabla 4-47. Promedios de localidades de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual, para caracteres de planta.....	96
Tabla 4-48. Promedios de localidades de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual, para caracteres de rendimiento.....	97
Tabla 4-49. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual para caracteres de planta.	98
Tabla 4-50. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual para caracteres de rendimiento.....	99
Tabla 4-51. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades para altura de planta.	100
Tabla 4-52. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades para altura de mazorca.	100
Tabla 4-53. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades para longitud de “espiga”.....	101
Tabla 4-54. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades para ancho de “espiga”.....	101
Tabla 4-55. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades para longitud de ejerción de la “espiga”.....	102
Tabla 4-56. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades para número de ramificaciones de la “espiga”.....	103
Tabla 4-57. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades para porcentaje de grano.	103

Tabla 4-58 Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades para porcentaje de llenado de la mazorca.....	104
Tabla 4-59. Correlación de todas la variables evaluadas durante las pruebas multi-localidades.	106
Tabla 4-60. Comportamiento de caracteres de rendimiento en la producción de semilla del híbrido H-4560 con la sub-familia 30.AU.02 y a la línea actual como polinizadores.....	107
Tabla 4-61. Análisis de varianza de la producción de semilla de H.4560 con la línea L-1758 versión mejorada pata las diferentes variables.	108
Tabla 4-62. Promedios de productividad de semilla del híbrido H-4560 con la sub-familia 30.AU.02 y la línea actual como polinizadores.....	108
Tabla 4-63. Comportamiento del híbrido H-4560 producido con la línea mejorada y línea actual	110
Tabla 4-64. Análisis de varianza para del híbrido H-4560 producido con la línea L-1758 mejorada y en comparación con el híbrido producido con la línea actual.	111
Tabla 4-65. Comportamiento promedio de los dos híbridos producidos con los dos parentales.	112
Tabla 4-66. Varianza genética, fenotípica y heredabilidad entre y dentro de familias de autos, incluyendo en el análisis la línea actual o línea problema.....	113
Tabla 4-67. Varianza genética, fenotípica y heredabilidad entre y dentro de familias de autos, sin incluir en el análisis la línea actual o línea problema.....	114
Tabla 4-68. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para altura de planta, entre y dentro de los diferentes tipos de familias.	117
Tabla 4-69. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para longitud de “espiga”, entre y dentro de los diferentes tipos de familias.	118
Tabla 4-70. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para número de ramificaciones de la “espiga”, entre y dentro de los diferentes tipos de familias.....	119
Tabla 4-71. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para sumatoria de la longitud de las ramificaciones de la “espiga”, entre y dentro de los diferentes tipos de familias.	120
Tabla 4-72. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para longitud de la ejerción de la “espiga”, entre y dentro de los diferentes tipos de familias.....	121
Tabla 4-73. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para índice de área efectivo de la “espiga”, entre y dentro de los diferentes tipos de familias.....	122
Tabla 4-74. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para altura de planta en tres localidades incluyendo a la línea actual.	123

Tabla 4-75. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para altura de planta en tres localidades sin incluir a la línea actual.	123
Tabla 4-76. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para longitud de “espiga” en tres localidades incluyendo a la línea actual.	124
Tabla 4- 77. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para longitud de “espiga” en tres localidades sin incluir a la línea actual.	124
Tabla 4-78. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para número de ramificaciones de la “espiga” en tres localidades incluyendo a la línea actual.	125
Tabla 4-79. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para número de ramificaciones de la “espiga” en tres localidades sin incluir a la línea actual.	125
Tabla 4-80. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para longitud de ejerción de la “espiga” en tres localidades incluyendo a la línea actual.	126
Tabla 4- 81. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para longitud de ejerción de la “espiga” en tres localidades sin incluir a la línea actual.	126
Tabla 4-82. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para porcentaje de llenado de mazorcas en tres localidades incluyendo a la línea actual.	127
Tabla 4-83. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para porcentaje de llenado de mazorcas en tres localidades sin incluir a la línea actual.	127
Tabla 4- 84. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para rendimiento en número de bolsas/ha en tres localidades incluyendo a la línea actual.	128
Tabla 4-85. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para rendimiento en número de bolsas/ha en tres localidades sin incluir a la línea actual.	128
Tabla 4-86. Estabilidad de Eberhart y Russell para el carácter de altura de planta.	129
Tabla 4-87. Estabilidad de Eberhart y Russell para el carácter de longitud de “espiga”.	131
Tabla 4-88. Estabilidad de Eberhart y Russell para el carácter de ancho de “espiga”.	133
Tabla 4-89. Estabilidad de Eberhart y Russell para el carácter de número de ramificaciones de la “espiga”.	134
Tabla 4- 90. Estabilidad de Eberhart y Russell para el carácter de longitud de ejerción de la “espiga”	136

Tabla 4-91. Estabilidad de Eberhart y Russell para el carácter porcentaje de llenado de mazorcas.	138
Tabla 4-92 Estabilidad de Eberhart y Russell para el carácter rendimiento en bolsas de semilla/ha.....	140
Tabla 4-93. Ganancia genética por selección en la sub-familia 30	142
Tabla 4-94. Depresión por endogamia en la familia No 50.	146

Introducción

El mundo cuenta con más de 7000 millones de habitantes (CENSUS, 2013) pero según proyecciones actuales, la población mundial alcanzará aproximadamente los 9000 para el año 2050, lo que indica un crecimiento de la población en proporciones jamás antes conocidas, este crecimiento plantea desafíos a la producción y a la distribución de alimentos (FAO, 2001).

El maíz juega un papel muy importante al ser el segundo cultivo más plantado en el mundo con más de 170 millones de hectáreas, el alimento más producido en el mundo por encima del trigo, con cerca de 883 millones de toneladas, el maíz representa más de una tercera parte de la producción de cereales en el mundo (FAO, 2013). Estos indicadores hacen que este sea un cultivo que debe de ser explotado a fin de alimentar la creciente población mundial (Paliwal, 2001).

El maíz participa en un 65% en alimentación animal, un 15% en alimentación humana y el 20% restante en la industria, de allí a que las últimas dos décadas la producción mundial de maíz se ha incrementado cerca al 50%, por consiguiente cerca al 1.8% anual (UNDP, 2010). Para el caso específico de México, América central y el Caribe, el maíz se usa principalmente como alimentación humana en un 64%, como alimentación animal en un 22% e industria en un 14% (Paliwal, 2001)

Este cereal presenta una gran adaptabilidad que ha permitido que siendo un cultivo originario de la zona tropical, este se pueda cultivar hasta los 58° de latitud norte en Canadá y Rusia, y hasta los 40° de latitud sur en Argentina y Chile (Paliwal, 2001). Su alta tasa de multiplicación radica en que puede crecer en diferentes condiciones climáticas, responde muy bien al riego y a los fertilizantes, tiene alto ratio en su mejoramiento, es cultivo mecanizable en un 100%, tiene alta capacidad de producción (50% más que otros cereales). Es un cultivo con alta adaptación como monocultivo, se considera resistente a plagas, enfermedades y a sequía, además se conoce y se cultiva desde 7000 años atrás y su dispersión y aceptación en los continentes fue muy rápida (Dhary, 2012).

Para lograr incrementar la producción mundial de maíz en las mismas áreas cultivables tradicionales, se deben usar genotipos provenientes del mejoramiento genético, en donde los híbridos con un alto potencial de rendimiento juegan un papel muy importante

ya que con los cultivares o variedades locales no es posible lograr los altos rendimientos necesarios para la subsistencia humana.

Las primeras semillas de híbridos de maíz fueron producidas y cultivadas en Estados Unidos, logrando un incremento del 15% más sobre las variedades a libre polinización, las cuales llegaban a un rendimiento de menos de 2 tn/ha. Con la llegada de los híbridos dobles los rendimientos llegaron a 3.5 tn/ha y finalmente con la adopción de los híbridos simples se logró pasar de 3.5 tn/ha a 9.68 tn/ha. El crecimiento y adopción fue muy rápido y hoy en día el 100% de los cultivos de maíz de Estados Unidos son establecidos con semilla híbrida. Estudios de campo han demostrado que el crecimiento en los rendimientos de maíz se debe de un 50% a 60% a la adopción de germoplasma o genotipos de tipo híbrido (Duvick, 1999 y ICAR, 2010).

El éxito de los híbridos radica en su excelente potencial de rendimiento, su tolerancia a factores bióticos y abióticos, su resistencia al estrés hídrico y mayor respuesta a la fertilización debido a su excelente sistema radicular, su rápida germinación y capacidad de establecimiento, su crecimiento rápido, su uniformidad. Todas estas ventajas, contribuye a lograr producciones a menor costo (ICAR, 2010). La uniformidad otorgada por los híbridos es un carácter deseado en la agricultura moderna, ya que es esencial para la comercialización del producto terminado, la uniformidad en la madurez permite la planificación de labores, eficiencia en la mecanización y maximizar rendimientos (Janick, 1999). El uso de la hibridación contribuyó a que se lograra pasar de 1.65 tn/ha a 7.7 t/ha de maíz, llegando a un incremento del 467% en el rendimiento (Vallejo et al., 2010).

Actualmente la semilla mejorada ya sea de híbridos o variedades, se considera un elemento indispensable en la producción agrícola, y éste se debe desglosar en tres componentes: tecnológico en selección y mejoramiento, económico en la producción y comercialización de semillas y el legal, se refiere a las leyes y normas que regulan los aspectos anteriores (Larinde y Liboudo, 1993).

Sin embargo, el uso de semilla mejorada en el trópico y países en desarrollo es del menos del 40% del área total plantada, mientras que en ambientes templados y países desarrollados casi el 100% del área plantada está cubierta con semilla de híbridos de diferentes clases (dobles, triples o sencillos) (Paliwal, 2001).

Colombia no es autosuficiente en el abastecimiento interno de maíz, lo que lo ha llevado a incrementar sus importaciones progresivamente. En el año 2009, se produjeron solo 1'446.870 toneladas y para lograr abastecer los requerimientos, fueron importadas 3'212.000 toneladas, mostrando solo un auto abastecimiento del 31% del total requerido (Fenalce, 2010).

En el año 2011 se sembraron 510,058 ha de maíz, de las cuales solo el 17% del área total fue establecida con semilla certificada (en su mayoría semilla híbrida), el 74% del área sembrada se manejó de forma tradicional con un rendimiento de solo 1.497 Kg/ha y solo el 26% fue considerado como cultivo tecnificado con un rendimiento de 4.151 Kg/ha (Minagricultura, 2012).

La producción de semilla de un híbrido simple se logra al cruzar dos líneas endogámicas, en donde un parental actúa como progenitor masculino y el otro actúa como progenitor femenino (ICAR, 2010).

Para lograr una excelente producibilidad de los híbridos simples se requieren que sus dos parentales tengan caracteres deseables, lo cual impacta directamente a el costo de producción de la semilla (ICAR, 2010).

Colombia como productor de semilla certificada de maíz ha tenido un protagonismo poco participativo. En los años 2010, 2011, 2012 y 2013 se produjeron 208,770 bolsas, 150,833 bolsas, 167,558 bolsas y en 254,800 bolsas respectivamente, importante enfatizar que siempre la participación en la producción de semilla certificada de maíz fue mayor para los híbridos, con un 58% en el 2010, un 65% en 2011, un 68% en el 2012 y terminando el último año con un 75%. Al compararse con otras producciones de semilla en Colombia, para el caso de arroz, hoy día se producen 485,000 bolsas y para el caso de soya 126,000 bolsas. Es de considerar que las bolsas de semilla certificada de maíz se comercializan unidades de aproximadamente 17 Kg (60,000 semillas), las de arroz en unidades de 64 Kg y las de soya en unidades de 25 Kg (ICA, 2013).

Lo anterior indica que hay un gran potencial de crecimiento en el mercado de semillas que se debe explotar ya que en Colombia, en especial en el Valle del Cauca, se presentan las condiciones agroecológicas y técnicas ideales para la producción de semilla.

El híbrido H-4560 producido en Colombia a partir de germoplasma Brasileño, tiene un gran potencial por su rendimiento y es de gran adopción por los agricultores, la línea que actúa como progenitor masculino (L-1758) llegó a Colombia en el año 2010, para iniciar su programa de multiplicación en lotes aislados de aumentos y de hibridación en lotes comerciales para la producción del híbrido antes mencionado.

Inicialmente se observó un porcentaje mínimo de variabilidad en altura de planta en los campos, lo que indicaba la posibilidad de una baja homocigosis y pureza de la línea, sin embargo no presentó problemas en la hibridación ni en el comportamiento del híbrido final, mostrando siempre producciones aceptables como progenitor masculino en la formación del híbrido y como línea en los lotes aislados.

La línea a inicios del año 2011, ha ido mostrando un comportamiento negativo bajando notablemente su producción en los lotes de aumentos de básicos y observándose mal llenado en los sistemas de producción del híbrido H-4560, lo que ha llevado igualmente a la baja producción de semilla del híbrido H-4560. La línea L-1758 se empieza a observar en los campos de multiplicación de básicos y de producción de híbridos mucho más des uniforme en altura de planta, de mazorca y en arquitectura de “espigas”, se ha detectado muy mal establecimiento de la línea por el desarrollo de plantas anormales que no desarrollan raíces, baja producción de polen en donde en el mejor de los casos su duración es de 4 a 5 días, las “espigas” de la línea no poseen apertura externa de anteras evitando así que el polen se libere al medio ambiente, “espigas” con signos de andro-esterilidad por la ausencia de glumas y de turgencia de las mismas, “espigas” de poco tamaño, en aumentos de la línea se observa una protandria muy marcada lo que afecta el llenado de mazorcas, en donde el polen se libera en su totalidad sin haber

estigmas receptivos, en cuanto a su calidad fisiológica, presenta germinación anormal y baja, inclusive semilla recién cosechada.

Los problemas anteriores contribuyen a que la producción de semilla del híbrido H-4560 en lotes comerciales se haya vuelto inviable, ya que las mazorcas no llenan por el comportamiento negativo del progenitor masculino al no haber suficiente polen ni calidad del mismo para la fecundación de los estigmas del progenitor femenino.

Lo interesante es que el híbrido sembrado por los agricultores se comporta de una manera excepcional, con homogeneidad en todos sus caracteres y con altos rendimientos, lo que indica que los caracteres negativos de la línea no se expresan en el híbrido.

Después de dar a conocer la problemática de la línea se define la necesidad de hacer un programa de purificación y limpieza, mediante diversos sistemas de cruzamiento y de selección entre y dentro de familias, buscando la fijación de caracteres deseables en la línea L-1758 que contribuyan a el mejoramiento de la producibilidad del híbrido H-4560.

El trabajo tuvo como propósito general, contribuir con el conocimiento del manejo de líneas endogámicas en la producción de semilla parental y semilla híbrida certificada, además de la presentación de una propuesta metodológica para la estabilización y purificación de la línea endogámica L-1758, la cual actúa como parental masculino en la producción del híbrido H-4560 de interés particular.

1 Objetivos

1.1 Objetivo general

Recuperar la uniformidad y estabilidad fenotípica de una línea endocriada que actúa como progenitor masculino en la formación del híbrido simple H-4560.

1.2 Objetivos específicos

- Seleccionar plantas individuales de la línea L-1758 con características deseables para una mejor producibilidad de híbridos simples y mediante autopolinizaciones generar familias de auto-polinizaciones o autos (AU).
- Fijar caracteres de altura de planta y caracteres de la “espiga” que contribuyan a una mejor producción de polen, a través de familias de autopolinizaciones (AU) de las plantas auto-polinizadas en el ciclo anterior, seleccionar entre y dentro de las familias. Mediante autopolinizaciones, cruzamientos en cadena (hermanos medios) y cruzamientos entre familias promisorias, generar sub-familias para ser probadas en una siguiente generación.
- Fijar uniformidad de los caracteres de interés a través de sub-familias de autos, hermanos medios y cruzamientos entre familias, a partir de la semilla cosechada del ciclo anterior (producto de los cruzamientos), en las sub-familias establecidas, seleccionar entre y dentro de ellas, mediante auto-polinizaciones y cruzamientos en cadena generar la semilla fundamental de una única sub-familia elite para ser evaluada en diferentes localidades.
- Evaluar en diferentes ambientes los masales de autopolinizaciones y cruzamientos en cadena de la sub-familia seleccionada por su mejor desempeño y definida como semilla fundamental de la versión mejorada de la línea L-1758, estimando la estabilidad y adaptabilidad de la línea en varios ambientes.
- Evaluar la producibilidad del híbrido H-4560 con la versión mejorada de la línea L-1758 como progenitor masculino y evaluar el híbrido H-4560 producido con la nueva línea mejorada y los posibles cambios que el híbrido pueda presentar.

2 Marco referencial

2.1 Producción de semilla

El uso de semilla mejorada es un elemento clave en todos los países, para alcanzar niveles competitivos en la producción (Espinosa *et al*, 2004) y más conociendo las proyecciones del crecimiento de la población mundial, la industria semillera juega un papel importante, al proveer a los agricultores de semilla que genere altos rendimientos y ventajas agronómicas que permitan reducir el costo de producción (ASA, 2009).

Sin embargo, en la actualidad, la industria semillera se encuentra en un significativo proceso de evolución como reacción a los nuevos desafíos, América del Norte, Central y del Sur cumplen una función importante dentro de la región y a nivel global, con la producción y comercialización de semillas (ASA, 2009), ya que estas semillas provenientes del mejoramiento genético han sido factores cruciales en el aumento de la productividad del maíz y los ingresos de los productores de todo el mundo (CIMMYT, 2012). A raíz de esto se ha detectado el incremento significativo en el mercado de las semillas desde la década de 1960 (ASA, 2009).

Los híbridos empezaron a tomar protagonismo en Estados Unidos en 1920 y fueron reemplazando a todas las variedades de polinización abierta, inicialmente los híbridos tenían un rendimiento de un 15% más que las variedades a polinización abierta, pero su adopción por los agricultores seguía en crecimiento, ya que los híbridos presentaban resistencia al acame y la uniformidad, lo que permitía la implementación de la mecanización en los cultivos en 1930 (Figura 2-1) (Duvick, 1999).

A partir de allí, los híbridos fueron adoptados por los agricultores en países como Canadá con el mismo crecimiento e intensidad de Estados Unidos, posteriormente en Europa en el año 1950 y por último en países tropicales en el año de 1960 (Duvick, 1999).

Actualmente el 99% del maíz sembrado en Estados Unidos se hace con cultivares híbridos. Gracias al fenómeno de la globalización, esta tendencia se fue introduciendo a todos los demás países productores de maíz en el mundo, por ejemplo, en México en 1996 se reportó alrededor de 8'000.000 de hectáreas sembradas en maíz, en donde aún el 79% del área es sembrada con semilla multiplicada por el agricultor y por ende semilla no certificada, el 20% se siembra con híbridos y solo el 1% restante con variedades a polinización abierta (CIMMYT, 2008), en algunos países el porcentaje de participación de

las variedades sigue siendo representativo pero la tendencia a la disminución de estas se ha ido marcando año tras año.

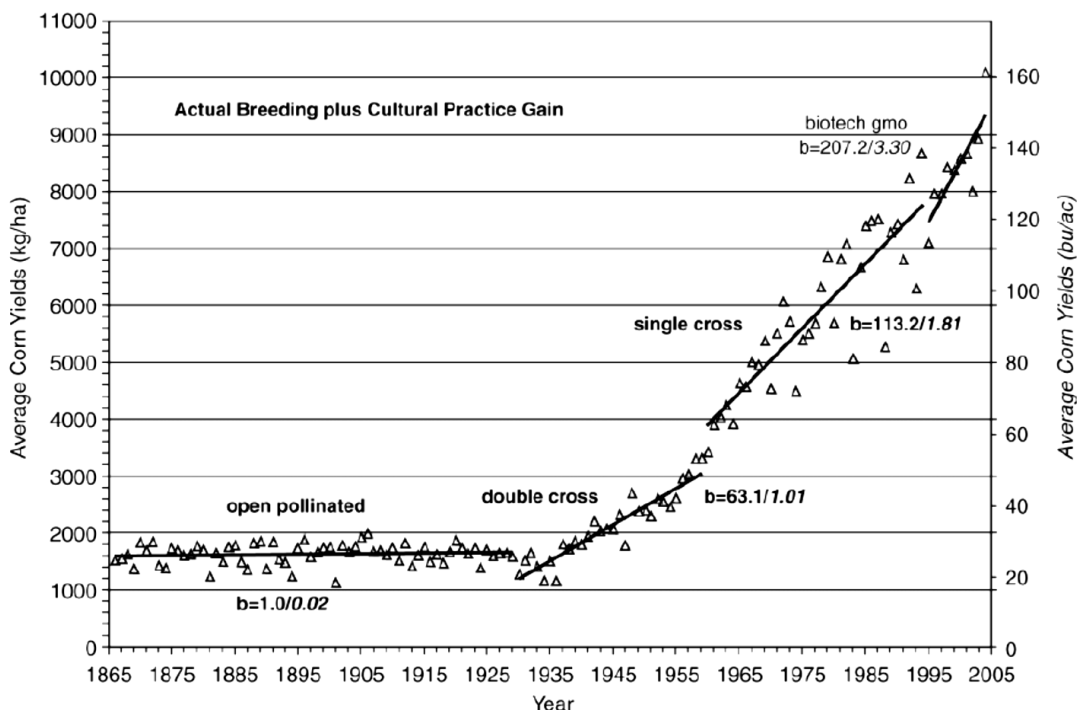


Figura 2-1. Crecimiento en los rendimientos de maíz a partir del uso de híbridos dobles, simples convencionales y con biotecnología (USDA-NASS, 2005).

La ventaja en rendimiento en los diferentes tipos de híbridos sobre las variedades a polinización abierta es de 46% en híbridos simples, 30% en híbridos triples, 37% en híbridos dobles y 28% híbrido cruce por variedad (Paliwal, 2001).

Los híbridos cultivados más competitivos sobrepasan a las variedades a polinización abierta entre un 50% a 100% el rendimiento (Kutka, 2011).

La selección del tipo de híbrido depende de su uniformidad, rendimiento, estabilidad y su simplicidad en la selección y evaluación del mismo (Hallauer *et al.*, 2010), el sistema de producción juega un papel importante ya que en áreas grandes y mecanizables se busca uniformidad y rendimiento, lo cual es otorgado por un híbrido simple, pero esa uniformidad puede ser una desventaja en zonas con alta incidencia de efectos adversos climáticos y de enfermedades en donde los híbridos dobles y triples toman protagonismo por su estabilidad o plasticidad (Hallauer *et al.*, 2010).

En la actualidad el mejoramiento convencional de maíz se basa principalmente en la hibridación, mediante el desarrollo de líneas puras por auto-polinización, la producción de cruzamientos entre las líneas derivadas, la identificación de híbridos que tienen un rendimiento estable y confiable a través de un gran número de ambientes, y la producción de los mejores híbridos para su utilización por parte del agricultor (Hallauer y Carena, 2009), por ende los programas de fitomejoramiento y las normativas en materia

de semillas provenientes del mejoramiento se convirtieron en herramientas estratégicas a la hora de brindar un entorno de respaldo para el uso de variedades mejoradas (ASA, 2009), para el caso de maíz híbridos mejorados.

Los híbridos frente a las variedades presentan diversas ventajas como: mayor producción de grano, uniformidad en floración, en altura de planta y maduración, plantas más cortas pero vigorosas, plantas con mayor resistencia al acame, mayor sanidad de mazorca y grano, mayor precocidad y desarrollo inicial (Castañedo, 1990).

El fenómeno extraordinario de la hibridación es posible por la aplicación e interacción de conceptos como heterosis, vigor híbrido y endogamia.

El primer híbrido comercial fue producido y vendido a comienzos de 1920 (Wych, 1988) y en 1926, el joven estudiante americano, Henry Wallace, que más tarde sería secretario de agricultura y vicepresidente de los Estados Unidos, y que ganara un premio de productividad de maíz en Iowa, fundó la compañía de semilla Pioneer Hybrid, primera empresa en comercializar semilla de maíz híbrido (Teichert y Villela, 2009), a partir de esta época la significativa diferencia de desempeño entre las variedades existentes en el mercado y los híbridos dobles recién lanzados despertó el interés de los agricultores americanos.

Empiezan a surgir los programas amplios de fitomejoramiento mediante la purificación, selección, mejoramiento y cruzamiento de líneas, buscando las mejores combinaciones, un alto nivel de producción, adaptación con características agronómicas favorables para mecanización de los grandes cultivares y resistencia a plagas y enfermedades (Teichert *et al.*, 2009).

2.1.1 Control de calidad en la producción de semilla

Los agricultores deben tener la seguridad que la semilla adquirida es de calidad adecuada y de un híbrido específico, debidamente identificada para su fácil reconocimiento. Para proporcionar esa garantía, se desarrollaron también programas de control de calidad en la producción de la semilla.

Las compañías productoras de semillas desarrollan su control interno de calidad, buscando la mejor pureza genética de la semilla parental y comercial. La pureza genética de los parentales contribuye a la reducción de costos en la producción comercial por la poca necesidad de rougin (Wych, 1988). El control de calidad también contribuye a conocer la trazabilidad de cada lote de semillas producido.

El control de calidad involucra la selección de semilla a comercializar, selección de lotes de producción, descontaminación y rotación de lotes para evitar la presencia de plantas espontáneas, determinación de humedades de cosecha, pruebas de germinación y de vigor, determinación de la eficiencia de los equipos usados en los procesos de producción y el registro continuo de todo el proceso (Teichert *et al.*, 2009).

Adicional a los controles internos, por legislación de cada uno de los países se requiere un control externo que está fuera de la influencia del productor de semillas, por lo general es ejecutado por los entes estatales.

El control de calidad externo es el encargado de la certificación de semillas, haciendo un control sobre las generaciones de semillas y la fiscalización del comercio de las mismas, verificando su documentación y su calidad (Teichert *et al.*, 2009).

Como generaciones de semilla en el proceso de control de calidad externo se identifican: Semilla básica o parental: material proveniente de la genética, que sirve de base para semilla registrada; Semilla Registrada: material que sirve de base para la semilla certificada; Semilla Certificada: proveniente de la semilla registrada y es vendida para el agricultor (Teichert *et al.*, 2009).

2.1.2 Producción de semilla parental

Un requerimiento básico en la producción de híbridos es el adecuado abastecimiento de la semilla fundamental o semilla parental. Este departamento especializado en la producción de semilla parental es mantenido y manejado por todas las compañías de semillas, produce pequeñas cantidades de semilla parental desarrollada por los mejoradores para su posterior incremento a mayor escala y así abastecer las cantidades requeridas para la producción de semilla comercial (Wright, 1980).

La clave de una buena producción de semilla fundamental o parental se logra asegurando una fuente pura del parental suministrado por el fitomejorador y el mantenimiento de su alto grado de pureza durante sus incrementos, la cual se logra a través de la selección de lotes aislados, el rouging de plantas fuera de tipo y la cosecha de forma cuidadosa (Wright, 1980).

La semilla parental suministrada por el mejorador usualmente proviene de los masales de autopolinizaciones de materiales en generaciones de S8 a S10 ciclos de endogamia, el mejorador tiene la responsabilidad de asegurar la mayor homocigosis posible en dicha semilla parental, lo cual se verá representado en la uniformidad de los diversos rasgos agronómicos del material (Wych, 1988).

2.1.3 Producción de semillas de híbridos comerciales

La producción de semilla de un híbrido simple se logra al cruzar dos líneas endogámicas, en donde un parental actúa como progenitor masculino y el otro actúa como progenitor femenino (ICAR, 2010). Para lograr una excelente producibilidad de los híbridos simples se requieren que sus dos parentales tengan caracteres deseables para la producibilidad, lo cual impactada directamente a el costo de producción de la semilla (ICAR, 2010).

El parental que actúa como progenitor femenino debe de ser productivo, con mazorcas largas y ejercer amplia, altura baja de mazorca, “espigas” flojas y fáciles de remover,

con respuesta a la fertilización, presencia de stay green, que las plantas presenten hojas erectas, resistente o tolerante a estreses bióticos y abióticos y con buen sistema radicular para evitar volcamiento (ICAR, 2010), todo esto influye con el buen rendimiento de la línea hembra, que será la responsable directa en producción de la semilla híbrida, la cual fue polinizada por el progenitor masculino.

El parental que actúa como progenitor masculino debe presentar “espigas” grandes con un alto número de ramificaciones y largas, la línea debe tener la capacidad de producir y liberar polen con alta duración y cantidad, el color de grano debe de ser atractivo, las plantas deben de tener un buen sistema radicular, la línea debe de poseer un alto potencial en su rendimiento y debe de ser resistente o tolerante a el estrés por factores bióticos y abióticos (ICAR, 2010), todo esto influye sobre la polinización de la semilla híbrida logrando un buen llenado de mazorcas.

El establecimiento de los dos progenitores en los lotes de producción comercial debe tener características similares a los de producción de semilla parental, en donde el requerimiento más importante radica en la rotación con otros cultivos y su excelente aislamiento a fin de evitar contaminación genética a través de la polinización cruzada y contaminación mecánica durante la cosecha.

Cuando el aislamiento por distancia no se logra, se acude al aislamiento por tiempo o época de siembra, buscando que la floración de los parentales y de los genotipos contaminantes (variedad o híbrido) ocurra en épocas diferentes. Para el caso del maíz, una diferencia de 25 días es lo suficiente, siempre y cuando las emergencias ocurran de forma uniforme y no haya diferencia de ciclo entre los cultivares considerados (Teichert *et al.*, 2009).

El establecimiento de los parentales que actúan como hembras y machos se puede lograr en diferentes proporciones, buscando siempre una adecuada cantidad de polen en el ambiente cuando las flores femeninas (estigmas) están receptivas, la capacidad de producción de polen del parental masculino es la principal condición para la determinación de las proporciones de siembra, la cual se representa en duración y cantidad de la producción de polen, las proporciones más comunes son 2:1, 3:1 y 4:1 (Wright, 1980), las proporciones afectan la cantidad de área efectiva en la obtención de semilla híbrida F1, en donde proporciones mayores de hembra afectarían positivamente la producción al tener más área efectiva de cosecha y de obtención de semilla comercial.

La sincronización en la floración de los dos parentales es un factor importante en el éxito de la hibridación y obtención de semilla, ya que la mejor protección contra la fertilización por polen extraño es la presencia abundante de polen en el momento en que los estigmas se encuentren receptivos (Teichert *et al.*, 2009), los parentales que difieren en sus fechas de floración deben ser sembrados en forma escalonada o en Split, buscando sincronía en sus floraciones, sin embargo esto puede traer dificultades, aumentar costos y en ocasiones contribuir a que la producción de la semilla del híbrido sea inviable (Wright, 1980), sin embargo otros métodos como corte de hojas, variación en las

profundidades de siembra y diferencias en las tasas y dosis de fertilizantes, pueden generar retrasos en el desarrollo y por ende lograr sincronía floral entre los parentales (Wych, 1988).

Otra actividad clave en la producción de híbridos es la emasculación artificial o desespigue, ya sea de forma manual o a través de maquinaria, para asegurar los estándares de pureza genética se debe garantizar la remoción de las “espigas” de los surcos de hembras antes de la liberación de polen, los estándares de calidad más comunes en las compañías se logran cuando la presencia del 5% de estigmas receptivos de hembras están acompañados de un máximo de 1% de presencia de “espigas” no evacuadas emitiendo polen, algunas compañías exige un máximo de 0.5%, y se permite un máximo de 0.2% de plantas de macho fuera de tipo emitiendo polen y otras compañías admiten máximo el 0.1% (Wych, 1988).

La cosecha de semilla parental o semilla comercial requiere que se haga en el tiempo propicio y con la humedad ideal para evitar pérdidas por calidad, la humedad de cosecha ideal se logra entre 30% y 38%(Wright, 1980).

En la producción de semilla híbrida a nivel comercial es de relevancia la proporcionalidad de líneas que actúan como hembras y de líneas que actúan como machos, la posibilidad de mayores proporciones de hembra contribuye a una mejor producibilidad del híbrido y por ende a un mayor rendimiento que repercute en el costo de producción del híbrido. Proporciones de siembra 6:2 o mayores está restringido a la capacidad del parental masculino a la alta abundancia en la producción de polen (Peter, 1995).

El maíz al ser una planta monoica, tiene la característica de presentar de manera separada las floraciones estaminadas y pistiladas en la misma planta. La floración estaminada o masculina se origina en los meristemos apicales de la planta, mientras que la floración pistilada o femenina se origina en los meristemos axiales de la misma (Maiskomitee, 2003) citado por Aliu *et al.*, 2007.

Las flores masculinas denominadas panículas son las encargadas de la emisión de polen (gametos masculinos) y las flores femeninas denominadas espigas que posteriormente forman las mazorcas son encargadas de la emisión de estigmas (gametos femeninos), sin embargo en el lenguaje cotidiano y común de la agronomía las flores masculinas se conocen como “espigas” y las femeninas como mazorcas y así será identificará durante todo el trabajo de investigación escrito. Las “espiga” tiene la capacidad de producir hasta 25 millones de granos de polen (Poehlman and Sleper, 1995) citado por Aliu *et al.*, 2007.

El proceso de polinización en maíz solo se logra cuando el polen liberado por las “espigas” es capturado por los estigmas, esto toma importancia de la producción de semilla híbrida, lo que ha llevado a direccionar muchos esfuerzos para lograr la máxima producción de granos o semillas con los más altos estándares de pureza genética (Fonseca y Westgate, 2003).

“Espigas” pequeñas en el caso de parentales que actúan como macho en la producción de semilla puede causar problemas en la producción de semilla de híbridos F1 (Wych, 1988).

2.1.4 Arquitectura de “espiga” de maíz, viabilidad y cantidad de polen

La morfología de las “espigas” y sus componentes tienen una influencia directa sobre la cantidad de polen producido o liberado a el ambiente y puede ser un factor bien importante en la producción de semilla híbrida (Upadyayula *et al.*, 2006 y Aliu *et al.*, 2011).

En la producción de semilla híbrida F1, se requiere polinización cruzada, para asegurar una alta calidad y cantidad de semilla producida se desea un parental macho polinizador con una “espiga” grande que libere alto volumen de polen durante el mayor tiempo posible (Upadyayula *et al.*, 2006).

Sin embargo los mejoradores se han enfocado en seleccionar de forma indirecta genotipos con “espigas” pequeñas y cortas, con poco peso y bajo número de ramificaciones, debido a que hay una correlación inversa entre rendimiento de grano y tamaño de “espiga” (Lambert y Johnson 1977; Geraldini *et al.*, 1985; Fischer *et al.*, 1987). Esto ha llevado a que las líneas parentales con “espigas” pequeñas presenten problemas en su mantenimiento y problemas en la producción de semilla híbrida (Upadyayula *et al.*, 2006).

El manejo de la dispersión de polen en la producción de semilla es un factor clave, pero cuantificar y evaluar las cantidades de polen en condiciones de campo es difícil, básicamente porque la colecta y el conteo de granos de polen es una labor muy compleja, ya que en condiciones ambientales adversas la colecta de polen no se logra a cabalidad, lo que lleva a un incremento en el error estándar de los datos.

Existen diferentes técnicas de colecta de polen liberado por las “espigas”, entre las técnicas se destacan; la rotación de muestreos de impacto (Van Hout *et al.*, 2008), las trampas pasivas de polen (Westgate *et al.*, 2003), los filtros de polen masivo (Finck *et al.*, 2006) y la colecta en bolsas plásticas (Hall *et al.*, 1982; Struik and Makonnen, 1992), a partir de la toma de muestras en campo, es necesario el conteo de los granos de polen gastando tiempo laborioso y consumiendo costos en equipos especializados (Ricci *et al.*, 2012).

Sadras *et al.* (1985) y Westgate *et al.* (2003) cuantificaron cantidades de polen de maíz mediante el uso de microscopía, Bassetti y Westgate (1994) usaron formación de imágenes de video asistidas por computador, Fonseca *et al.* (2003) usaron microscopía de fluorescencia usando cámaras de alta precisión, Uriberralea *et al.* (2002) usaron escanografía de imágenes midiendo cantidades de polen a través de un software y Fonseca *et al.* (2004) usaron “pollen coulter multisizer” para sus mediciones.

Al encontrar la manera de predecir la producción de polen de las “espigas” de maíz, puede ser mucho más eficiente y práctico que las medidas directas del volumen de polen (Fonseca *et al*, 2003).

Fonseca *et al*. 2003 determinó la relación entre algunas características morfológicas de la “espiga” como longitud de la ramificación central (LRC), diámetro de la ramificación central (DRC), número de ramificaciones totales de la “espiga” (NRT) y longitud total de las ramificaciones calculada como sumatoria (LTR), al medir todas estas características morfológicas se logra calcular el índice de área efectiva de la “espiga” (IAE) mediante la fórmula:

$$IAE = \{ \pi \times DRC \text{ (mm)} \times LRC \text{ (cm)} \} + \{ \pi \times DRC \text{ (mm)} \times LTR \text{ (cm)} \}$$

Fonseca *et al*, 2003; mediante el uso de bolsas plásticas que permiten un intercambio de gases con el ambiente, logra coleccionar el polen liberado por “espigas” de maíz durante toda su floración, posterior a ello se evaluaron diferentes caracteres morfológicos de la “espiga” y logra encontrar correlaciones entre volumen de polen de un 80% con el diámetro de la ramificación central de la “espiga”, de un 62% con la longitud total de las ramificaciones de la “espiga”, de un 78% con la longitud de la ramificación central de la “espiga” y de un 89% con el índice de área efectiva de la “espiga”.

Ricci *et al*, 2012; encuentra mediante el análisis de componentes principales la explicación entre un 72% y 76% de la variación en la producción de polen y su correlación con diferentes caracteres de la “espiga”, como número de ramificaciones de la “espiga”, longitud de “espiga”, longitud total de ramificaciones de la “espiga” activas, número total de inflorescencias por “espiga”, índice de área efectiva de la “espiga”, longitud de la ramificación principal, longitud de ramificación principal de la “espiga” activa y área efectiva de la ramificación principal. Finalmente Ricci *et al.*, 2012; después de varios experimentos desde el año 2008 hasta el 2010, concluye que el mejor modelo de predicción de volumen de polen, se logra incluyendo solo la variable de número de ramificaciones de la “espiga”.

Aliu *et al.*, 2011 no logra encontrar en poblaciones locales de maíz correlaciones significativas entre producción de polen y las diferentes características de la “espiga”.

Sin embargo, logra encontrar una correlación entre longitud de la ramificación principal de un 36% con índice del área efectiva de la “espiga”, de un 31% con sumatoria de longitud de las ramificaciones de la “espiga”, además logra encontrar una correlación entre número de ramificaciones de la “espiga” de un 83% con sumatoria de longitud de las ramificaciones de la “espiga”, y de un 81% con índice de área efectiva de la “espiga”, logra encontrar una correlación entre sumatoria de longitud de las ramificaciones de la “espiga” de un 48% con el diámetro de la ramificación principal de la “espiga”, de un 92% con índice de área efectiva de la “espiga” y por último logra encontrar una correlación del 73% entre diámetro de la ramificación principal de la “espiga” e índice de área efectiva de la “espiga”.

Diversos autores lograron estimar la heredabilidad de caracteres importantes de la “espiga” sobre líneas endocriadas de maíz, Mock y Schuetz (1974) encontraron el 50% de heredabilidad sobre el carácter de número de ramificaciones de la “espiga”, Berke y Rocheford (1999) encontraron el 90%, Mickerlson *et al.* (2002) encontraron el 81% y Upadyayula *et al.* (2006) encontraron el 76%. Para el carácter de peso de “espiga”, Berke y Rocheford (1999) encontraron 81% de heredabilidad y Upadyayula *et al.* (2006) encontraron el 83%. Para longitud de “espiga”, al parecer solo Upadyayula *et al.* (2006) encontraron el 39% de heredabilidad.

Otro factor importante que se debe de tener en cuenta en la producción de semilla es la viabilidad del polen. En el caso en que el abastecimiento de polen viable descienda por debajo del 80%, la polinización puede ser una limitante en el rendimiento. En contraste con los efectos de las altas temperaturas sobre el polen (Paliwal, 2001).

Las altas temperaturas tienen un efecto directo sobre la polinización del maíz ya que la viabilidad del polen se reduce en forma importante por encima de temperaturas de 35°C. Dado que el derrame del polen ocurre en las primeras horas del día, las temperaturas a esa hora difícilmente llegan a un nivel que pueda causar daño; sin embargo, si se presentan altas temperaturas asociadas a una baja humedad matinal, la viabilidad del polen se puede reducir de tal manera que la formación del grano puede ser afectada (Paliwal, 2001).

La viabilidad de polen se refiere a la capacidad de los granos de polen de germinar en los estigmas y es uno de los más importantes aspectos para una eficiente reproducción sexual (Orrillo y Bonierbale, 2009).

En la metodología usada para flores de papa y descrita por Orrillo y Bonierbale en 2009, indica que los granos de polen funcionales (viables o fértiles) se observan claramente redondos con el citoplasma teñido uniformemente de rojo, con morfología normal, mientras que los granos abortivos, no viables o estériles, no se tiñen, o son poco coloreados, presentan el citoplasma granular y permanecen encogidos con el citoplasma retraído (Figura 2-2) (Orrillo y Bonierbale, 2009).

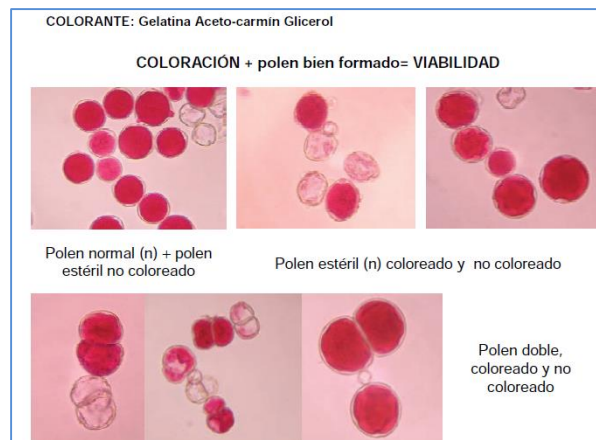


Figura 2-2. Tinción de granos de polen de papa mediante el uso de Aceto carmín (Orrillo y Bonierbale, 2009).

Al conocer el potencial de las líneas para la producción y liberación de polen, se puede diseñar el sistema ideal para la producción de semilla híbrida, asegurando la cantidad de polen en el momento indicado para la polinización de las flores femeninas, que actúan como progenitor femenino, buscando así un mejor rendimiento en la producción de la semilla híbrida y una mejor pureza de la misma.

2.2 Varianza genética y fenotípica

Todos los caracteres que se han estudiado en Genética Mendeliana se logran clasificar en clases bien distintas o discretas (coloraciones, formas y texturas) y estas clases pueden utilizarse para predecir el genotipo de los individuos y a dichos caracteres se le denominan cualitativos o discontinuos (Hartl y Jones, 2005). Los caracteres cualitativos se caracterizan por ser controlados por pocos genes, presentan segregación mendeliana, son caracteres poco afectados por el ambiente, son analizados generalmente por conteos y pruebas estadísticas simples y presentan una alta heredabilidad (Vallejo *et al.*, 2010).

Fuera de las variables discontinuas, existe otro tipo de características que no se pueden clasificar en categorías discretas, las cuales son medibles y se les asigna un valor cuantitativo, lo que los hace de naturaleza continua al no poderse categorizar.

Estas variables tienen una distribución que se asemeja a la curva en forma de campana adoptada en una distribución normal. Los caracteres cuantitativos y/o continuos a menudo se pueden medir y se les da un valor cuantitativo y no pueden analizarse de la misma manera que los caracteres discontinuos (Hartl y Jones, 2005).

Los caracteres cuantitativos se caracterizan por ser controlados o dominados por muchos genes, por presentar segregación continua, por ser muy afectados por el ambiente, son analizados a través de parámetros poblacionales como media, varianza, coeficientes de regresión y correlación y además poseen una baja heredabilidad (Vallejo *et al.*, 2010).

La cantidad de variación es medida y expresada como varianza, cuando los valores son expresados como desviaciones del promedio de una población, la varianza es simplemente la media de los cuadrados.

Las variaciones o varianzas pueden ser particionadas a partir de los componentes del valor o el carácter descrito, por ende se puede decir que la varianza genotípica es la variación de los valores genotípicos, que la varianza ambiental es la varianza de las desviaciones ambientales y la varianza total puede ser considerada como la varianza fenotípica. Basado en ello se puede concluir que la varianza fenotípica es igual a la varianza genética más la varianza ambiental (Fisher, 1918 y Falconer y Mackay, 1960) citado por Vallejo *et al.*, 2010.

$$\sigma^2_F = \sigma^2_G + \sigma^2_A \text{ (Fisher, 1918)}$$

Inicialmente el objetivo de los mejoradores era que partir de la varianza fenotípica se lograra separar a la varianza genética de la varianza ambiental y la interacción entre los mismos la cual es lo más complejo de manejar, sin embargo Fisher en 1918, logra demostrar que la varianza genética está compuesta por tres componentes: una porción aditiva, una porción dominante y una porción e interacciones o de efectos epistáticos (Hallauer *et al.*, 2010).

$$\sigma^2_G = + \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_{EP} \text{ (Fisher, 1918).}$$

La forma en que se distribuyen los componentes de la varianza genética contribuye a un estudio más detallado, y a que se entiendan mejor los diferentes tipos de acción génica.

- Acción génica de tipo aditiva: Cuando cada gen contribuye a la expresión del carácter en formas iguales, en consecuencia si por ejemplo cada gen contribuye con una unidad a el carácter, se puede considerar que $aabb=0$, $Aabb=1$, $AABb=3$ y $AABB=4$.

Para un locus (A, a) en forma heterocigota el cual se considera el comportamiento medio de los padres, se estima sea $AA=2$, $Aa=1$, $aa=0$.

Esto quiere decir que el fenotipo refleja el genotipo en forma de acción aditiva, asumiendo que para este caso hay ausencia de efectos ambientales, se considera una relación intra locus (Acquaah, 2007).

- Acción génica de tipo dominante: La acción génica de tipo dominante describe una relación de alelos en el mismo locus.

La varianza dominante tiene dos componentes; varianza debido a los alelos homocigotos y varianza debido a los alelos heterocigotos. Los efectos dominantes se consideran desviaciones de la aditividad, cuando la dominancia es completa, la población heterocigota y homocigota tienen la misma apariencia ($AA=Aa$) y esto hace que la selección no sea eficiente (Acquaah, 2007).

- Acción génica de tipo epistática: La acción génica en caracteres cuantitativos se describe como una interacción no alélica. Ocurre cuando varios genes interactúan, $Aabb=0$, $aaBB=0$ pero $A-B=4$ (Acquaah, 2007).

Los efectos epistáticos de la varianza genética ocurren cuando hay interacciones que involucran más de un locus. Esta varianza epistática se puede subdividir o redefinir basado en número de loci que intervienen en la interacción y se pueden expresar como:

$$\sigma^2_{AA}, \sigma^2_{AD}, \sigma^2_{DD}, \sigma^2_{AAA}, \sigma^2_{DD} \dots \dots \dots$$

Basado en los modelos observados anteriormente, Cockerman (1954) y Kempthorne (1954) citados por Hallauer *et al.*, 2010, logran desarrollar y demostrar que la varianza genética de una población se rige por los siguientes modelos:

$$\sigma^2_G = + \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_{AA} + \sigma^2_{DD} + \sigma^2_{AD} + \sigma^2_{AAA} + \sigma^2_{AAD} \dots \dots \dots$$

Varianza genética para un solo locus;

$$\sigma^2_G = 2 pqd [a^2 + 2(q - p)ad + (1-2pqb)d^2]$$

Cuando la población está en equilibrio, ($p=1/2$ y $q=1/2$) la varianza genética en una población F2 se explica en el siguiente modelo:

$$\sigma^2_G = (1/2) a^2 + (1/4) d^2 \text{ (Hallauer et al., 2010).}$$

Para el caso de líneas auto fecundadas de forma sucesiva empezando desde F3(S1) y llegando hasta F8(S6), la distribución de las varianzas entre y dentro de las líneas cambia dependiendo el coeficiente de endogamia [$F = 1 - (1/2)^n$], siendo “n” el número de generaciones con autopolinización continua.

Asumiendo $p=q=1/2$ el coeficiente de endogamia estaría muy cerca a cero y la varianza genética estaría definida como: $\sigma^2_G = 2 \sigma^2_A$ entre las líneas.

A medida que se avanza en el proceso de endogamia en línea de maíz, las diferencias entre líneas se aumenta y por ende se logra ser más eficiente en la selección e identificación de las mejores líneas, la varianza genética entre las líneas o familias se incrementa pero dentro de las familias se disminuye generación tras generación, la varianza genética total es el doble cuando el coeficiente de endogamia es igual a uno y la varianza es totalmente aditiva (Tabla 2-1) (Hallauer et al., Miranda, 2010).

Tabla 2-1. Distribución de las varianzas entre y dentro de líneas bajo endogamia continua y asumiendo $p=q=0.5$ y $F = 1 - (1/2)^n$.

Generación	F	Varianza entre líneas		Varianza dentro de líneas		Total	
		σ^2_A	σ^2_D	σ^2_A	σ^2_D	σ^2_A	σ^2_D
S1	1/2	1	1/4	1/2	1/2	3/2	3/4
S2	3/4	3/2	3/16	1/4	1/4	7/4	7/16
S3	7/8	7/4	7/64	1/8	1/8	15/8	15/64
S4	15/16	15/8	15/256	1/16	1/16	31/16	31/256
S5	31/32	31/16	31/1024	1/32	1/32	63/32	63/1024
S6	63/64	63/32	63/4096	1/64	1/64	127/64	127/4096
∞	1	2	0	0	0	2	0

Al analizar la varianza genética entre y dentro de hermanos medios y completos Hallauer y Miranda (1981) demostraron:

$$\sigma^2_{HM(entre)} = 1/4 \sigma^2_A$$

$$\sigma^2_{HM(dentro)} = 3/4 \sigma^2_A + \sigma^2_D$$

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

$$\sigma^2_{HC(dentro)} = 1/2 \sigma^2_A + 3/4 \sigma^2_D$$

Con el objetivo de hallar heredabilidad, es necesario poder estimar la varianza genética, existen diversos métodos y herramientas, se busca referenciar el que se usó durante el trabajo de investigación:

- Estimación de varianza genética mediante esperanza de cuadrados medios:
El método de análisis de varianza para estimar componentes de varianza genética fue presentado por Searle (1971) y consiste en igualar los cuadrados medios con sus esperanzas.
El desarrollo de las ecuaciones va a depender del modelo utilizado en el análisis de varianza, en donde para un modelo de varias localidades se haría de la siguiente manera (Tabla 2-2):

Tabla 2-2. Análisis de varianza y sus cuadrados medios esperados, para varias localidades y genotipos.

Fuente de variación	CM	E(CM)
Localidad	CM1	
Rep (Loc)	CM2	
Genotipo	CM3	$\sigma^2_e + r \sigma^2_{(G \times L)} + r l \sigma^2_{(G)}$
Genotipo x Localidad	CM4	$\sigma^2_e + 4 \sigma^2_{(G \times L)}$
Error		σ^2_e

Fuente: Vallejo *et al.*, 2010.

2.3 Heredabilidad

El mejorador cuando está en la tarea de identificar materiales superiores y capturar esa superioridad para ser transmitida y aprovechada, se encuentra con el efecto ambiental que contribuye a confundir al mejorador ya que debilita la asociación entre genotipo y fenotipo (Ceballos, 2003). El grado de asociación ente genotipo se mide por medio de la heredabilidad y se expresa como el grado de correspondencia entre el fenotipo y el genotipo, la mejor forma de evaluarlo y estimarlo es comparando la progenie con sus padres y observar el grado de correlación (Falconer y Mackay, 1960).

Cuando la heredabilidad es mayor, el fenotipo reflejará con más fidelidad al genotipo y garantiza que los fenotipos seleccionados son en realidad genéticamente superiores.

Los caracteres controlados por uno o por pocos genes son poco afectados por el ambiente y presentan una heredabilidad cercana al 100% (Ceballos, 2003).

La heredabilidad de un carácter depende de la naturaleza del carácter genético y del trabajo del mejorador (Ceballos, 2003).

La naturaleza del carácter impone la heredabilidad, pero la heredabilidad de un carácter se puede aumentar reduciendo la variabilidad de las parcelas, minimizando el error experimental, cambiando el tipo de unidad experimental y el tipo de familia utilizado en el mejoramiento del carácter.

La evaluación de medios hermanos da una heredabilidad menor que cuando se evalúan líneas con alto grado de endogamia (S1 o S2). Es importante considerar que la heredabilidad se atribuye a la población de referencia en que se midió y se mide o se calculó para las condiciones ambientales en que se realizó la evaluación (Ceballos, 2003).

Importante considerar que cuando los efectos epistáticos, de dominancia y ambientales están presentes, la heredabilidad es baja.

Hallauer y Miranda (1981) desarrollaron una lista de los caracteres más importantes en maíz y con ello dar a conocer el porcentaje de la varianza aditiva, varianza dominante y heredabilidad (Tabla 2-3).

Tabla 2-3. Varianza y heredabilidad en caracteres relevantes para el cultivo de maíz.

Carácter	σ^2_A	σ^2_D	$\sigma^2_D/\sigma^2_A=\%\sigma^2_D$	$\%\sigma^2_A$	$h^2 \%$
Rendimiento (g)	469.1	286.8	0.611	0.389	18.70
Altura de planta (cm)	212.9	36.2	0.170	0.830	56.70
Altura de mazorca (cm)	152.7	11.1	0.073	0.927	66.20
Número de mazorcas/planta	45.9	11.8	0.257	0.743	39.00
Longitud de mazorca (cm)	152.4	50.4	0.331	0.669	38.10
Diámetro de mazorca (cm)	4.6	0.9	0.196	0.804	36.10
Hileras de granos /mazorca	189	14.5	0.077	0.923	57.00
Peso de grano (gr)	34.9	9.5	0.272	0.728	41.80
Días a floración	4	-0.1	0.000	1.000	57.90
Humedad de grano (%)	7.2	0.5	0.069	0.931	62.00
Contenido de Aceite en grano (%)	82.2	8.7	0.106	0.894	76.70
Número de macollas	26.9	1.6	0.059	0.941	71.90
Profundidad del grano	18.7	4.2	0.225	0.775	29.20

Fuente: Hallauer y Miranda, 1981

La heredabilidad puede ser calculada en sentido amplio y en sentido estrecho, y se han desarrollado diferentes modelos para su estimación:

$$h^2 = \sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1} / \sigma^2_{F2} \text{ (Burton, 1951), Citado por Hallauer et al., 2010.}$$

Se considera heredabilidad en sentido amplio.

$$h^2 = [2\sigma^2_{F2} - (\sigma^2_{BC1} + \sigma^2_{BC2})] / \sigma^2_{F2} \text{ (Warner, 1952), Citado por Hallauer et al., 2010.}$$

Se considera heredabilidad en sentido estrecho

$$h^2 = \sigma^2_{F2} - (\sigma^2_{P1} \times \sigma^2_{P2}) / \sigma^2_{F2} \text{ (Mahmud and Kramer (1951), Citado por Hallauer et al., 2010. Se considera heredabilidad en sentido amplio.}$$

$h^2 = [\sigma^2_{F2} - (\sigma^2_{P1} \times \sigma^2_{P2} \times \sigma^2_{F1})^{1/3}] / \sigma^2_{F2}$ Weber and Moorthy (1952), Citado por Hallauer *et al.*, 2010. Se considera heredabilidad en sentido amplio.

Como modelo general para la estimación de heredabilidad se puede considerar:

$h^2 = \sigma^2_G / \sigma^2_F$, Heredabilidad en sentido amplio.

$h^2 = \sigma^2_A / \sigma^2_F$, Heredabilidad en sentido estrecho, en donde solo la porción de la varianza debida a efectos aditivos se considera heredable.

Al conocer los diferentes modelos para estimación de heredabilidad se puede concluir que la heredabilidad depende de la varianza genética que tenga la población de estudio, por ende para poder utilizar el modelo para calcular la heredabilidad en sentido amplio, es necesaria la estimación de la varianza ambiental, la varianza genética y la varianza fenotípica.

Un modelo muy usado para el cálculo de heredabilidad en sentido amplio es el que se basa en la ganancia genética por selección y el diferencial de selección, en donde (Hallauer *et al.*, 2010):

$$\Delta G = h^2 \times ds$$

Se considera:

ΔG : Ganancia genética por selección

$$\Delta G = F1 - F0$$

F1: Es la progenie

F0: Son los padres

ds: Diferencial de selección

$$ds = Fs - F0$$

Fs: Promedio de la población seleccionada

h^2 : heredabilidad en sentido amplio

2.4 Interacción genotipo por ambiente

La expresión fenotípica (F) de los diferentes caracteres depende del genotipo, del ambiente y de la interacción de ambos, generando así el modelo:

$$F = G + A + G \times A$$

Comprender la relación entre rendimiento y el medio ambiente ha sido un problema clave para mejoradores y genetistas (Bernal, 2011), ya que se dificultan las labores de selección de materiales, lo que lleva a generar materiales específicos para cada ambiente.

Se considera ambiente a todas las condiciones externas que pueden afectar el crecimiento y desarrollo de un organismo, el ambiente está conformado por factores ambientales predecibles y factores ambientales impredecibles (Vallejo y Estrada, 2002),

entender el comportamiento del ambiente, el cual está en un cambio constante y del genotipo es bien complejo, lo que lleva a que las bases biológicas de la interacción G x A sea mucho más compleja y también este en función de un cambio constante (Acquaah, 2007).

La interacción G x A ocurre cuándo dos o más genotipos al compararlos a través de diferentes ambientes muestran diferencias en su comportamiento (Bernal, 2011 y Acquaah, 2007).

Un genotipo puede tener el comportamiento más alto en un ambiente pero pobre en otros ambientes, en estos casos el comportamiento relativo del genotipo es inconsistente. La interacción G x A es un diferencial de la expresión genética a través de diversos ambientes, el efecto de la interacción se observa cuando la asociación entre fenotipo y genotipo es muy baja lo que conlleva a una selección basada en la adaptabilidad ya que la selección de materiales superiores en un ambiente pueden no comportarse igual al cambiarse de ambiente (Acquaah, 2007).

Durante los análisis de interacción genotipo-ambiente es muy común el uso de los términos adaptabilidad y estabilidad, que para este caso se consideran sinónimos y se refieren a la capacidad de un determinado genotipo para responder positivamente a condiciones ambientales favorables (Vallejo *et al.*, 2010).

Allard (1988), clasificó la interacción en tres patrones muy comunes usando para su explicación dos genotipos y dos ambientes.

La interacción ocurre cuando la diferencia entre los dos genotipos es inconsistente a través del ambiente:

- Ausencia de interacción G x A: Ocurre cuando un genotipo A consistentemente se comporta mejor que el genotipo B a través de los diferentes ambientes.
- Interacción no cruzada: Ocurre cuando el genotipo A supera consistentemente a el genotipo B a través de los ambientes, además la diferencia en el comportamiento a través de los ambientes no es la misma, en donde en algunas ambientes presenta una diferencia mayor que en otros.
- Interacción cruzada: Se considera la interacción más importante para los mejorados y ocurre cuando el genotipo A es más productivo en un ambiente y el genotipo B es más productivo en otro ambiente.
- Interacción combinada: Las tres interacciones mencionadas anteriormente son las más discutida y comunes, sin embargo la interacción combinada ocurre cuando uno de los factores considerados en los ejes se incrementa para un genotipo y se reduce para el otro.

Dada la importancia de estimar la interacción de genotipo x ambiente, se han desarrollado diferentes modelos y métodos, entre los cuales están:

- Análisis de varianza: Sprague y Federer (1951) usaron el análisis de varianza para calcular los componentes de la variación asociados a genotipos, ambientes y a la interacción genotipo por ambiente (Vallejo *et al.*, 2010).
- Estabilidad de Eberhart y Russell (1966): Eberhart y Russell en 1966 sugieren un modelo de regresión para la estimación de la interacción genotipo por ambiente, en donde se propone el siguiente modelo:

$X_{ij} = \mu_i + b_i l_j + d_{ij}$, en donde:

X_{ij} = Comportamiento promedio de la variedad i en el ambiente j

μ_i = Media de la variedad i a través de todos los ambientes

b_i = Coeficiente de regresión, el cual mide la respuesta del genotipo a cambios ambientales

l_j = Índice ambiental obtenido como la diferencia entre la media de todas las variedades en el ambiente j menos la media general

d_{ij} = Desviación de la regresión de la variedad i en el ambiente j

Adicional a los parámetros anteriores, con la metodología se logra estimar el parámetro de estabilidad aplicando el siguiente modelo:

$S^2 d_i = (d_i/l - 2) - (CM_{error}/r)$, en donde:

l = localidades

r = repeticiones

A partir del coeficiente de regresión y del el parámetro de estabilidad, se procede su interpretación (Tabla 2-4).

Tabla 2-4. Significado de los parámetros de estabilidad en la metodología de Eberhart y Russell.

Coeficiente de regresión	$S^2 d_i$	Significado
= 1	= 0	Genotipo estable y predecible
= 1	> 0	Genotipo estable pero impredecible
< 1	= 0	Mejor respuesta a ambientes desfavorables y predecible
< 1	> 0	Mejor respuesta a ambientes desfavorables e impredecible
> 1	= 0	Mejor respuesta a ambientes favorables y predecible
> 1	> 0	Mejor respuesta a ambientes favorables e impredecible

Fuente: Vallejo *et al.*, 2010.

- Metodología de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI): Crossa *et al.*, 1990 definen un modelo que se basa en la combinación del análisis de varianza para los componentes principales de los genotipos y ambientes con el análisis de componentes principales de la interacción de genotipo por ambiente.

La metodología AMMI sigue el siguiente modelo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + A_j + \sum B_n T_{in} \lambda_{jn} + E_{ij}, \text{ En donde:}$$

Y_{ij} = Rendimiento promedio del i -ésimo genotipo en el j -ésimo ambiente

μ = Efecto de media general

G_i = Efectos genotípicos principales

A_j = Efectos ambientales principales

N = Número de ejes retenidos en el modelo

B_n = Valor singular para cada componente principal

T_{in} = Valores de los vectores de los genotipos para cada componente principal

λ_{jn} = Valores de los vectores de los ambientes para cada componente principal

E_{ij} = Residuo que incluye el error experimental

2.5 Heterosis

La heterosis es el fundamento del mejoramiento moderno en maíz (Kendall *et al.*, 1952), Shull (1952) definió heterosis como la interpretación del incremento de vigor, tamaño, llenado de frutos, velocidad en el desarrollo, resistencia a plagas o a condiciones climáticas adversas, manifestado por cruzamientos entre dos parentales endocriados.

La heterosis en una definición más aplicada al mejoramiento, es la expresión genética de superioridad de un híbrido en relación con el promedio de sus padres (Miranda, 1997), este fenómeno originado en la hibridación es observable cuando sus parentales son genéticamente diferentes, la superioridad genética observada puede definirse como vigor híbrido, en donde la heterosis es un estímulo y el vigor híbrido su manifestación o su efecto (Vallejo y Estrada, 2002).

Según Hallauer *et al.*, (2010), para medir el comportamiento relativo de un híbrido comparado con sus padres se han propuesto dos modelos:

- Heterosis con respecto al promedio de los padres: Es el comportamiento de un híbrido con respecto al promedio de sus dos padres, expresado en porcentaje.

$$MPH = (F1 - MP / MP) \times 100$$

En donde:

MP = Promedio de los dos padres

F1 = Comportamiento del híbrido (F1)

- Heterosis con respecto al comportamiento del mejor padre: Es el comportamiento de un híbrido con respecto al mejor padre, expresado en porcentaje.

$$HPH = (F1 - HP / HP) \times 100$$

En donde:

HP = Promedio del mejor padre

F1 = Comportamiento del híbrido (F1)

La heterosis se ha venido midiendo a través del tiempo, y se ha venido obteniendo un mejoramiento progresivo en el comportamiento los híbridos con respecto a sus padres, esto se ha venido evaluando y observando generación tras generación.

En las primeras hibridaciones, las cuales fueron producidas por cruzamientos entre variedades se observa que la heterosis no tiene un efecto positivo representativo en todos los híbridos. La heterosis entre variedades fue tan solo de un poco más del 16%, sin embargo han habido muy pocos casos específicos con una alta heterosis al trabajar con variedades (Hallauer *et al.*, 2010). La heterosis se manifiesta por la existencia de varios fenómenos:

- Teoría de la sobre-dominancia: Shull y East (1908) afirmaron que la heterocigosidad de por sí, es necesaria para la completa expresión del vigor híbrido y por lo tanto el organismo más valioso es aquel que tiene más loci en estado heterocigoto, porque supone que hay estímulo fisiológico como consecuencia de la diversidad genética de los gametos ($Aa > AA$), en donde la condición heterocigótica de un locus es superior a cualquiera de las condiciones homocigóticas.

Esta teoría se basa en que la heterocigosidad como tal es la causa de la heterosis, la cual es una explicación no mendeliana (Hallauer y Miranda, 1982), East and Hayes (1912) y Shull (1912) soportaron esta teoría. East (1936) revisó esta evidencia y concluyó que efectivamente la dominancia y recesividad planteada por Mendel no puede ser la explicación a la heterosis.

La teoría mencionada supone que es una expresión por efectos intra-alélicos, al interaccionar las reacciones enzimáticas que desencadenan simultáneamente el gen dominante "A" y el recesivo "a", cuya reacción enzimática total es mayor en el híbrido F1, de las de cada gen homólogo dominante y recesivo por separado, suponiéndose así un estímulo fisiológico que se aumenta con la diversidad de los gametos que se unen, ya que el alelo "A" y "a" desempeñan funciones diferentes (Vallejo y Estrada, 2002).

- Teoría de dominancia: Davenport (1908), Bruce (1910), Keeble (1910) citados por Vallejo *et al.*, 2010, afirmaron que la heterosis se debe a la acción de genes con dominancia completa los cuales enmascaran los deletéreos recesivos. El vigor híbrido es el resultado de reunir genes dominantes favorables de los dos progenitores en la F1, por ende la heterosis se expresa si los padres difieren en sus frecuencias genéticas y que la dominancia este presente allí, es una teoría alineada con los postulados de Mendel (Bruce, 1910).

Teóricamente los individuos homocigotos para los genes favorables serán tan vigorosos como los heterocigotos para esos genes (Vallejo y Estrada, 2002).

- Teoría epistática: Las dos teorías anteriores se fundamentan en la relación intra-alélica para explicar los efectos de la heterosis. La teoría epistática se basa en las interacciones enzimáticas de genes que están en diferentes loci para dar una heterosis ya sea positiva o negativa para la expresión del carácter (Vallejo y Estrada, 2002).

Williams y Gilbert (1960), Adams y Duarte (1961) y Stoner y Thompson (1966), reportaron que en caracteres como rendimiento, la heterosis no solamente es un efecto de la sobre-dominancia o dominancia, sino que también puede ser el resultado de la interacción entre genes ubicados en diferentes loci.

- Teoría de acción conjunta de la dominancia y sobre-dominancia:

Crow (1948) y Strickberger (1982), han sugerido que los mecanismos de sobre-dominancia y dominancia pueden actuar conjuntamente, siendo algunos loci dominantes y otros sobre-dominantes.

La heterosis es más observable en plantas alógamas que en plantas autógamas debido a la alta diversidad geneática de la alógamas (Vallejo y Estrada, 2002).

El fenómeno de heterosis se puede expresar en cruzamientos entre líneas, variedades, razas, especies y géneros (Vallejo y Estrada, 2002).

Para el caso de los híbridos, teóricamente la mayor expresión de la heterosis en el rendimiento es en híbridos simples, seguido por híbridos triples y por último los híbridos dobles (Vallejo y Estrada, 2002).

El fenómeno de heterosis ha sido explotado intensamente en el mejoramiento de maíz. La heterosis y la depresión por endogamia son complementarios y ambos fenómenos son observados en el mismo estudio. La endogamia ha sido desarrollada para tomar ventaja en la manifestación de la heterosis en sus cruces (Hallauer y Miranda, 1982).

2.6 Endogamia

La endogamia se presenta cuando en una población, los individuos que se cruzan están relacionados genéticamente. La endogamia provoca el aumento de la homocigocidad media en todos los loci del genoma del individuo, generalmente en las plantas se presenta en sistemas de cruzamientos de autopolinización, retro-cruzamientos sucesivos, cruzamientos entre hermanos completos o cruzamientos entre hermanos medios, (Vallejo y Estrada, 2002).

La endogamia se mide a través del coeficiente de endogamia (F), el cual determina la probabilidad de que un individuo diploide lleve alelos idénticos por descendencia y la cantidad de autogocidad de una población con relación a la población ancestral (Vallejo y Estrada, 2012). Este coeficiente para el caso de puede ser mediado mediante el siguiente modelo:

$$F = W / (2 - W)$$

En donde:

W = Porcentaje de autofecundación natural.

La endogamia altera las frecuencias genotípicas de la población, pero no las frecuencias alélicas, por lo tanto se producen cambios en la media y en la varianza del carácter (Falconer y Mackay, 1981) y esto se calcula con el siguiente modelo:

$$m_f = m_o - 2F \sum dpq$$

En donde:

m_f = Media del carácter de la población filial.

m_o = Media del carácter de la población ancestral.

d = Desvío de dominancia: $A_1 A_2 - (A_1 A_1 + A_2 A_2) / 2$

p = Frecuencia del alelo A_1 en la población.

q = Frecuencia del alelo A_2 en la población.

Este aumento en las frecuencias genotípicas, aumentando básicamente la frecuencia de homocigotos produce un incremento de la variabilidad genética en la población aplicando el siguiente modelo sugerido por Falconer (1981):

$$\sigma_{gf} = 2pqa^2 (1 + F) = \sigma_{go} (1 + F)$$

En donde:

σ_{gf} = Varianza genética de la población filial

σ_{go} = Varianza genética de la población ancestral

p = Frecuencia del alelo A_1 de la población

q = Frecuencia del alelo A_2 de la población

a = Efecto genético aditivo $(A_1 A_1 + A_2 A_2) / 2$

La endogamia incrementa la variabilidad genética entre individuos en una población, permitiendo un eficiente mejoramiento genético, además la fijación de alelos deseables dando más oportunidades a una mejor selección en el mejoramiento genético (Hallauer y Miranda, 2010).

Shull (1909) determinó que el procedimiento de líneas puras por autofecundación o endogamia tiene dos importantes pasos; encontrar las mejores líneas puras y el uso práctico de las mismas en la producción de semilla.

El grado de endocria está estrechamente relacionado con la manifestación del vigor híbrido. Para la producción de híbridos en plantas alógamas, se necesita producir líneas endocriadas, en donde a mayor grado de endocria de estas líneas, posiblemente se obtenga un mayor vigor híbrido (Vallejo y Estrada, 2002).

La importancia más relevante de la endogamia en las plantas es que es una técnica que ha permitido producir e identificar líneas altamente homocigotas con alta habilidad combinatoria general y específica, lo cual facilitó el proceso significativo en el mejoramiento genético de cultivos mediante la explotación de los efectos aditivos (producción de variedades) y no aditivos (producción de híbridos) (Vallejo y Estrada, 2002).

La endocría en maíz es usualmente lograda por autopolinizaciones porque es un método rápido para llegar a la homocigosis. Dado que la planta de maíz tiene los órganos femeninos y masculinos separados en diferentes inflorescencias, es fácil manipular la autopolinización o la polinización cruzada de manera artificial. Las autopolinizaciones es el método más extremo de endogamia, pero hay otros métodos disponibles, la posibilidad de hacer estas polinizaciones de manera artificial permite mantener el parentesco en la semilla producida (Hallauer y Miranda, 2010)

Teóricamente menos restricción en el sistema de cruzamiento permite la fijación menos rápida de genes deletéreos, comparado con el sistema de autopolinización.

Si se usara algún sistema de cruzamiento de hermanos medios o completos para afectar la endocría o endogamia, la fijación de alelos deletéreos será menos y se lograrán mayores oportunidades en la selección, las ventajas y desventajas de los sistemas de autopolinizaciones deben de ser bien analizadas (Hallauer y Miranda, 2010).

Basados en investigaciones anteriores se puede concluir que se requieren cuatro generaciones de sistemas de hermanos completos y seis generaciones de hermanos medios para obtener teóricamente el mismo nivel de endogamia logrado en una generación de autopolinización (Tabla 2-5) (Hallauer y Miranda, 2010).

Tabla 2-5. Coeficientes de endogamia en diferentes generaciones y sistemas de cruzamiento.

Generación ID	Hermanos medios	Hermanos completos	Endogamia
0	0	0	0
1	0	0	0.5
2	0.125	0.25	0.75
3	0.219	0.375	0.875
4	0.305	0.5	0.938
5	0.381	0.594	0.969
6	0.448	0.672	0.984
7	0.509	0.734	0.992
10	0.654	0.859	0.999
	$(1/8)(1+6F'+F'')$	$(1/4)(1+2F'+F'')$	$(1/2)(1+F')$

Fuente: Hallauer *et al.*, 2010.

Los sistemas de hermanos medios y hermanos completos también requieren un ciclo adicional para desarrollar las familias y continuar con los cruzamientos. Para el caso de hermanos completos en la siguiente generación se espera semilla cosechada con un 25% de homocigosis, mientras que para el caso de hermanos medios se espera un 12.5% de homocigosis y finalmente para el caso de autopolinizaciones se estima un 75% de homocigosis (Hallauer y Miranda, 2010).

En el mejoramiento y selección de familias endogámicas, cuando el coeficiente de endogamia es $F=0.5$, la varianza genética total entre familias se debe solo a los efectos aditivos de los genes entre las medias de las familias, la cual será el doble que dentro de las familias, después de dos generaciones de autopolinización se logra un coeficiente de endogamia de $F=0.75$ y la varianza total entre familias es seis veces mayor que dentro de las familias. Por consiguiente la endogamia incrementa efectivamente la selección a través de las familias pero reduce sustancialmente la selección de individuos dentro de las familias (Hallauer y Miranda, 2010).

La eficiencia de cualquiera de los métodos que afecta la frecuencia de los alelos depende del balance entre la selección y la deriva genética. Un incremento de los genes desfavorables puede ser consecuencia de la selección lograda por el cambio de los efectos aditivos en complemento de efectos dominantes, ambos no siempre son complementarios (Hallauer y Miranda, 2010).

La endogamia causa efectos como manifestación de genes recesivos, pérdida de vigor, mayor mortalidad, aumento en la esterilidad y rápida diferenciación entre familias. Los caracteres más afectados por la endogamia son en general los de tipo reproductivo. La endogamia es el método para obtener líneas puras, por ende la homocigosis absoluta se restringe a un grado conveniente alcanzable en cierto periodo de tiempo y a su sensibilidad a la depresión por endogamia (Cubero, 2003).

Una línea pura es un conjunto de individuos absolutamente homocigóticos, estos individuos mantienen su linaje constante para todos sus caracteres a través de las generaciones de reproducción sexual ya sea por autofecundación o fecundación cruzada con otras plantas de la misma línea, el material de partida para la generación de líneas lo componen las variedades, razas locales o primitivas, variedades sintéticas e híbridos (Cubero, 2003).

Las plantas alógamas son fuertemente heterocigóticas, sus poblaciones tienden a ser altamente heterogéneas y las plantas individuales son heterocigóticas, estas se auto fecundan para así generar homocigosis y líneas puras (Cubero, 2003), el mejoramiento en alógamas se logra mediante la obtención de poblaciones mejoradas y la obtención de una generación F1 con vigor híbrido. Una población se considera mejorada cuando esta presenta una mayor frecuencia de genes favorables con comparación con la población original, esto se logra mediante diferentes métodos de selección (Vallejo y Estrada, 2002).

El aumento de las frecuencias génicas depende de factores como: la variabilidad genética presente en la población original, el método de selección empleado, el tamaño efectivo de la población, técnica y precisión de las evaluaciones de los genotipos, la influencia del ambiente, la interacción con el ambiente, entre otros.

Un híbrido F1 está constituido por el cruzamiento entre dos líneas endogámicas, esta superioridad es debida a la combinación favorable de los genes, por lo tanto la

superioridad solo se manifiesta en F1. El mejoramiento de poblaciones y la formación de híbridos son métodos complementarios ya que el éxito de un híbrido depende del uso de líneas provenientes de poblaciones mejoradas (Vallejo y Estrada, 2002).

Entre los métodos más usados en el mejoramiento de poblaciones de alógamas están: Selección entre y dentro de familias endogámicas, Selección entre y dentro de familias de medios hermanos, Selección entre y dentro de familias de hermanos completos y selección recurrente.

- Selección entre y dentro de familias endogámicas:

Las familias obtenidas provienen de plantas seleccionadas y auto-fecundas.

Estas familias se evalúan, se seleccionan las mejoras y posteriormente se recombinan. Esta metodología es muy recomendable para caracteres de baja heredabilidad ya que la endogamia hace aumentar la varianza genética entre familias (Vallejo y Estrada, 2002).

- Selección entre y dentro de familias de medios hermanos:

Los hermanos medios son aquellos que solo tienen un padre en común, por ende la semilla cosechada en las plantas seleccionadas constituyen las familias de medios hermanos. Esta selección constituye en elegir las mejores familias, cuyas semillas mezcladas equilibradamente constituirían la siguiente generación (Cubero, 2003).

- Selección entre y dentro de familias de hermanos completos:

Las familias se obtienen por medio de cruzamientos entre plantas de la población original, se hace la evaluación de la descendencia de cada uno de los hermanos completos. Esta selección constituye en elegir las mejores familias, cuyas semillas mezcladas equilibradamente constituirían la siguiente generación (Cubero, 2003).

- Selección recurrente:

Esta se basa en el proceso de re-selección generación tras generación con cruzamientos entre los materiales seleccionados con el fin de promover la recombinación genética, mediante esta metodología se busca aumentar la frecuencia de genes favorables a través de sucesivos ciclos de selección (Vallejo y Estrada, 2002), adicionalmente busca el mantenimiento de la variabilidad genética y la obtención de significativas ganancias genéticas (Hallauer *et al.*, 2010). La efectividad de la selección recurrente depende de la variabilidad genética, de las frecuencias alélicas y de la heredabilidad de los caracteres.

3 Diseño metodológico

3.1 Germoplasma

- Se seleccionaron 50 mazorcas provenientes de autopolinizaciones en un lote de producción de semilla parental de la línea L-1758, las mazorcas se manejaron de forma individual para el establecimiento y la generación de 50 familias de autos (AU). Solo las familias de autos (AU) con potencial en uniformidad y caracteres de la “espiga” que contribuyan a una mayor producción de polen llegaron a la fase de floración y de cruzamientos (Tabla 3-1).

Tabla 3-1. Familias de autos establecidas buscando el mejoramiento de la línea L-1758.

Familia ID	Tipo de familia
1 a la 50	Autos
Control	Línea actual

- A partir de las familias de autos (AU) seleccionadas se cruzaron por diferentes sistemas y así generaron sub-familias evaluadas en un segundo ciclo como autos (AU), hermanos medios (HM), cruzamientos entre familias (Entre) y parcelas que actuaron como los respectivos controles.

La selección de las sub-familias establecidas se basó en el comportamiento de sus padres, en donde se busca que ambos progenitores tuvieran un comportamiento mayor a la media general de cada familia.

En este ciclo de sub-familias se busca validar nuevamente la consistencia de las familias establecidas en el ciclo anterior, además de la continuidad en la expresión de sus caracteres en una siguiente generación de autopolinizaciones, de hermanos medios o de cruzamientos entre familias contrastantes (Tabla 3-2).

Tabla 3-2. Cruzamientos realizados buscando fijar un mejor comportamiento de la línea L-1758 como progenitor polinizador.

Tipo cruzamiento
Autos
Hermanos medios
Generación anterior
Masal Autos
Masal hermanos medios
Cruzamiento entre familias
Masal cruza/ entre familias
Hermanos medios a Libre polinización
Masal Hermanos medios LP
Semilla Actual por autopolinizaciones (Control)
Semilla Actual por libre polinización (Control)
Semilla Actual-Importada (Control)

- Después de evaluar todas las subfamilias se seleccionó una sola sub-familia en donde su siguiente generación se establecerá en diferentes localidades con semilla generada a partir de autopolinizaciones (AU) y cruzamientos en cadena o fraternales (Sibes). Como testigo o control, durante todos los experimentos se usó la semilla de la línea L-1758 proveniente de Brasil, la cual presenta los problemas típicos de la línea como des uniformidad y baja productividad (Tabla 3-3).

Tabla 3-3. Sub-familia seleccionada como L-1758 versión mejorada, evaluada en tres localidades junto con el control o testigo.

Sub-Familia ID	Tipo de semilla o cruzamiento
SubFamiliarID-AU	Semilla proveniente de Masal de Autopolinizaciones
SubFamiliarID-SI	Semilla proveniente de Masal de Sibes
Línea Actual-Semilla Brasil	Semilla proveniente Libre polinización

- A partir de las dos versiones de la línea L-1758 (versión mejorada y versión actual), se hizo la hibridación del H-4560, para así evaluar su producibilidad (Tabla 3-4).

Tabla 3-4. Parentales utilizados para la hibridación del híbrido H-4560.

Genotipo ID	
L-1000	Progenitor femenino del H-4560
L-1758 Actual	Semilla Brasil
L-1758 Versión mejorada	Libre polinización

- Con la semilla de las dos versiones del híbrido H-4560 producida, se estableció el ensayo de comparación de los dos materiales (Tabla 3-5).

Tabla 3-5. Semilla experimental del híbrido H-4560.

Genotipo ID	
H-4560/Línea actual	Híbrido F1 producido con la línea actual
H-4560/Línea mejorada	Híbrido F1 producido con la línea mejorada (30.AU.02)

3.2 Localización

El primer ciclo de selección y evaluación, a partir de familias de autos (AU), se estableció en la finca La María ubicada en Palmira, Valle del Cauca (Colombia 3°27'24" N, 76°21'20" O).

El segundo ciclo de selección y evaluación, a partir de sub-familias de autos (AU), de hermanos medios (HM) y de cruzamientos entre familias (Entre), se estableció en la finca Mi ranchito ubicada en Yumbo, Valle del Cauca (Colombia 3°39'19" N, 76°27'31" O).

Posterior a la identificación y obtención de la semilla de la línea L-1758 mejorada (Sub-familia 30.AU.02), se establecieron tres localidades de comparación entre la línea actual y la versión mejorada producida por autopolinizaciones y cruzamientos de hermanos medios en cadena (Sibes en cadena):

La primera localidad fue finca La Marina ubicada en Candelaria, Valle del Cauca (Colombia 3° 19' 55.22" N, 76° 20' 10.72" O).

La segunda localidad fue finca Canangua ubicada en Guacarí, Valle del Cauca (Colombia 3° 46' 33.23" N, 76° 22' 24.33" O).

La tercera localidad fue finca Cobo Sábila ubicada en Yumbo, Valle del Cauca (Colombia 3° 39' 05.39" N, 76° 27' 40.01" O).

Con el objetivo de evaluar la producibilidad del híbrido H-4560 con la nueva versión de la línea (sub-familia 30.AU.02) se estableció su hibridación en la finca Canangua ubicada en Guacarí, Valle del Cauca (Colombia 3° 46' 33.23" N, 76° 22' 24.33" O).

Después de comprobar el mejoramiento de la producibilidad del híbrido H-4560, se evaluó y se comparó el híbrido producido con la nueva versión con el híbrido producido a partir de la línea actual, para ello se estableció un ensayo en la finca La Marina ubicada en Candelaria, Valle del Cauca (Colombia 3° 19' 55.22" N, 76° 20' 10.72" O).

3.3 Metodología

El esquema general de trabajo y la metodología se logra observar y apreciar en la Figura 3-1. La metodología empleada se llevó a cabo en varios pasos o ciclos:

3.3.1 Selección de plantas individuales

En un campo de producción de semilla parental, en donde se estableció la línea L-1758 expresando todos los problemas mencionados anteriormente, se seleccionaron 100 plantas individuales promisorias por su buen comportamiento, la selección fue fenotípica y se basó en el vigor de planta, altura de planta y de mazorca, largo y ancho de “espiga”, apertura externa de anteras, presencia de entrenudos largos, ausencia de síntomas y signos de virosis, plantas con buen anclaje y sanidad.

Las plantas seleccionadas se auto-polinizaron para así lograr las fuentes para el establecimiento de familias de autos (AU), durante la cosecha, se hizo una nueva selección de solo 50 mazorcas, teniendo en cuenta el tamaño de mazorca, el porcentaje de llenado de la mazorca y la sanidad de la misma.

3.3.2 Evaluación de familias de autos

Se establecieron cincuenta mazorcas o familias de AU, en el sistema mazorca por parcela junto con el testigo o control (línea actual).

Las parcelas se establecieron en cinco surcos de cuatro metros de largo y una distancia entre surcos de 0.7 m, logrando parcelas de cuatro metros de longitud por 3.5 m de ancho, lo que equivale a un área de 14 m², la densidad de siembra fue de ocho semillas por metro lineal, logrando así una población de 32 plantas por surco, lo que equivale a 160 plantas por parcela.

Se utilizó un diseño completamente al azar con siete genotipos y un número variable de plantas que oscilo entre 30 y 90 plantas por genotipo.

Se evaluó y se seleccionó entre y dentro de las familias de Autos (AU), con una primera evaluación antes de floración y esta se basó en la capacidad de las plantas de cada familia para establecerse, su germinación, su vigor, homogeneidad de la familia en altura de planta y mazorca.

Todas las familias que no cumplieron con los criterios de selección fueron eliminadas antes de la floración, dejando solo seis familias de AU, las cuales presentaron potencial para lograr el mejoramiento de la línea.

Dentro de las seis familias seleccionadas se seleccionó al interior de ellas características deseables de la “espiga” en cuanto a tamaño y arquitectura, sincronía floral y la ausencia de signos de andro-esterilidad.

En las familias y plantas seleccionadas se hicieron autopolinizaciones, cruzamientos en cadena y cruzamientos entre familias. A cada planta que participó en los cruzamientos, se le tomaron datos agronómicos para ser analizados y así hacer selección a partir de datos.

Los datos fueron analizados a partir del software SAS 9.3:

Se realizó un análisis descriptivo de todos los caracteres evaluados, y un análisis de varianza siguiendo el modelo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + P_j + E_{ij}$$

Dónde:

μ = Media poblacional,

G_i = Efecto genotipo (Familias de Autos)

P_j = Efecto plantas individuales

E_{ij} = Error experimental

Posteriormente se realizó la prueba de diferencia mínima significativa de Duncan.

Se utilizó el análisis de varianza como modelo aleatorio y se estimó la esperanza de cuadrados medios y estimaciones y heredabilidad; $h^2 = \sigma_g^2 / \sigma_f^2$

3.3.3 Evaluación de sub-familias de autos (AU), hermanos medios (HM) y cruzamientos entre familias (Entre)

Con la cosecha del ciclo anterior, se analizaron los datos y se seleccionaron las plantas que hicieron parte de las sub-familias, la selección se hizo buscando que las plantas generadoras de las sub-familias presentaron un promedio mayor a la familia de donde provenían.

Se establecieron 134 mazorcas o sub-familias distribuidas en AU, HM y Entre, en sistema mazorca por parcela junto con los diferentes testigos (diferentes fuentes de la línea actual y masales de los diversos cruzamientos).

Las parcelas se establecieron en cinco surcos de cuatro metros de largo y una distancia entre surcos de 0.7 m, logrando parcelas de cuatro metros de longitud por 3.5 m de ancho, lo que equivale a un área de 14 m², la densidad de siembra fue de ocho semillas por metro lineal, logrando así una población de 32 plantas por surco y 160 plantas por parcela.

Se utilizó un diseño completamente al azar, con 150 genotipos y un número variable de plantas, en donde la unidad experimental fueron las plantas.

En prefloración se hizo selección entre y dentro de las sub-familias promisorias, buscando potencial en el mejoramiento de la línea.

Las parcelas no seleccionadas no participaron en los sistemas de cruzamiento para avanzar a la siguiente generación, pero sí en la toma de datos y análisis complementarios.

En cada una de las sub-familias y plantas dentro de cada familia seleccionadas se produjeron autopolinizaciones (AU) y cruzamientos en cadena (Sibes).

Los datos fueron analizados a partir del software SAS 9.3 realizando un análisis descriptivo de todos los caracteres evaluados, análisis de varianza siguiendo el modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + F_i + C_j + C_{j(i)} + R_{k(i \times j)} + E_{ijk}$$

Dónde:

μ = Media poblacional,

F_i = Efecto familia ID

C_j = Efecto tipo de cruzamiento (AU, HM y Entre)

$C_{j(i)}$ = Efecto tipo de cruzamiento dentro de las Familias ID

$R_{k(i \times j)}$ = Efecto repeticiones dentro de la interacción familia x tipo de cruzamiento = Plantas

E_{ijk} = Error experimental

Se realizó un análisis de varianza para producción de polen con el modelo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + E_{ij}$$

Dónde:

μ = Media poblacional,

G_i = Efecto genotipo

P_j = Efecto plantas individuales

E_{ij} = Error experimental,

Se realizó una prueba de medias de Duncan y estimación de esperanza de cuadrados medios y de heredabilidad; $h^2 = \sigma_g^2 / \sigma_f^2$

3.3.4 Evaluación de la sub-familia elite (30.AU.02) en diferentes ambientes

Se seleccionó la sub-familia 30.AU.02 como la versión mejorada de la línea L-1758, se cosecharon de forma masal sus autopolinizaciones (AU) y sus cruzamientos en cadena (Sibes), con esta semilla se establecieron tres experimentos en tres localidades contrastantes, en parcelas con cinco surcos de cuatro metros de largo y una distancia entre surcos de 0.7 m, logrando parcelas de cuatro metros de longitud por 3.5 m de ancho, lo que equivale a un área de 14 m², la densidad de siembra fue de ocho semillas por metro lineal, logrando así una población de 32 plantas por surco y 160 plantas por parcela.

Se utilizó un diseño de bloques completos al azar a través de localidades con tres genotipos y cuatro bloques, en donde la unidad experimental fueron las parcelas. Durante esta evaluación se estableció a la línea actual como testigo.

Los datos fueron analizados a partir del software SAS 9.3; se realizó un análisis descriptivo de todos los caracteres evaluados, análisis de varianza siguiendo el modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + L_j + B_{k(i)} + G_i \times L_j + P_{k(ij)} + E_{ijk}$$

Dónde:

μ = Media poblacional

G_i = Efecto genotipo

L_j = Efecto localidad

$B_{k(j)}$ = Efecto bloque o repetición dentro de cada localidad

$G_i \times L_j$ = Efecto Interacción genotipo x localidad

$P_{k(ij)}$ = Efecto plantas individuales

E = Error experimental,

Pruebas de diferencia mínima significativa de Duncan, correlación entre los diferentes caracteres evaluados, análisis de estabilidad de Eberhart y Russell siguiendo el modelo:

$$X_{ij} = \mu_i + b_i l_j + d_{ij}$$

Dónde:

X_{ij} = Comportamiento promedio del genotipo i en el ambiente j

μ_i = Media de la variedad i a través de todos los ambientes

b_i = Coeficiente de regresión, el cual mide la respuesta del genotipo i a los cambios ambientales

l_j = Índice ambiental obtenido como la diferencia entre la media de todas las variedades en el ambiente j menos la media general

d_{ij} = Desviación de la regresión del genotipo i en el ambiente j , estimación de esperanza de cuadrados medios y heredabilidad; $h^2 = \sigma_g^2 / \sigma_f^2$

Con el objetivo de tener un dato real de las ganancias obtenidas partiendo de una línea actual con la problemática ya mencionada se procedió a calcular la ganancia genética por selección para los caracteres de altura de planta, número de ramificaciones de la "espiga" y longitud de "espiga", los cuales fueron los primeros parámetros de selección usados para el mejoramiento de la línea L-1758.

Esto se logró a partir de los promedios obtenidos en cada ciclo de selección, si el porcentaje calculado fuese negativo, en lugar de ganancia se obtendría depresión, se usó la fórmula:

$$\Delta G = (S_n - S_{n+1}) / S_n \text{ en donde:}$$

ΔG : Ganancia por selección

S_n : Padres

S_{n+1} : Hijos

3.3.5 Evaluación de la producibilidad del híbrido H-4560 con la línea mejorada (30.AU.02)

Posterior a la comprobación de la estabilidad de la línea, se evaluó la producibilidad del híbrido H-4560 con la nueva línea actuando como polinizador, esto se estableció en parcelas de hibridación en una proporción 4:2 (cuatro surcos de hembra y dos de macho) y con siembra escalonada "Split" de -3, 0, 0 (tres días antes un primer macho y posterior a ello un macho junto con la hembra).

Se establecieron unidades experimentales en parcelas con cuatro surcos de cuatro de largo y una distancia entre surcos de 0.7 m, logrando parcelas de parental femenino

recibiendo polen de la línea mejorada, de cuatro metros de longitud por 3.5 m de ancho, lo que equivale a un área de 14 m², la densidad de siembra fue de ocho semillas por metro lineal, logrando así una población de 32 plantas por surco y 160 plantas por parcela.

Se utilizó un diseño de bloques completos al azar, con dos tratamientos y cuatro repeticiones, en donde la unidad experimental fueron parcelas. Durante esta evaluación se estableció la hibridación con la línea actual como testigo.

Los datos fueron analizados a partir del software SAS 9.3; análisis descriptivo de todos los caracteres evaluados, análisis de varianza siguiendo el modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B_j + E_{ij}$$

Dónde:

μ = Media poblacional.

G_i = Efecto genotipo.

B_j = Efecto bloque o repetición.

E_{ij} = Error experimental,

Pruebas de diferencia mínima significativa de Duncan

3.3.6 Comparación entre el comportamiento del híbrido H-4560 producido con la línea mejorada (30AU02) y el híbrido producido con la línea actual

Con el objetivo de verificar el cambio o no del híbrido, se estableció un diseño de bloques completos al azar con cuatro repeticiones y dos tratamientos o genotipos y se evaluó el híbrido producido con el parental masculino mejorado utilizando al el híbrido producido con la línea actual o línea problema como testigo.

Se establecieron las unidades experimentales en parcelas con cuatro surcos de cuatro metros de largo y una distancia entre surcos de 0.7 m, logrando parcelas de cuatro metros de longitud por 3.5 m de ancho, lo que equivale a un área de 14 m², la densidad de siembra fue de cinco semillas por metro lineal, logrando así una población de más o menos 20 plantas por surco y 80 plantas por parcela.

Se realizó análisis descriptivo de todos los caracteres evaluados, análisis de varianza siguiendo el modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B_j + E_{ij}$$

Dónde:

μ = Media poblacional.

G_i = Efecto genotipo.

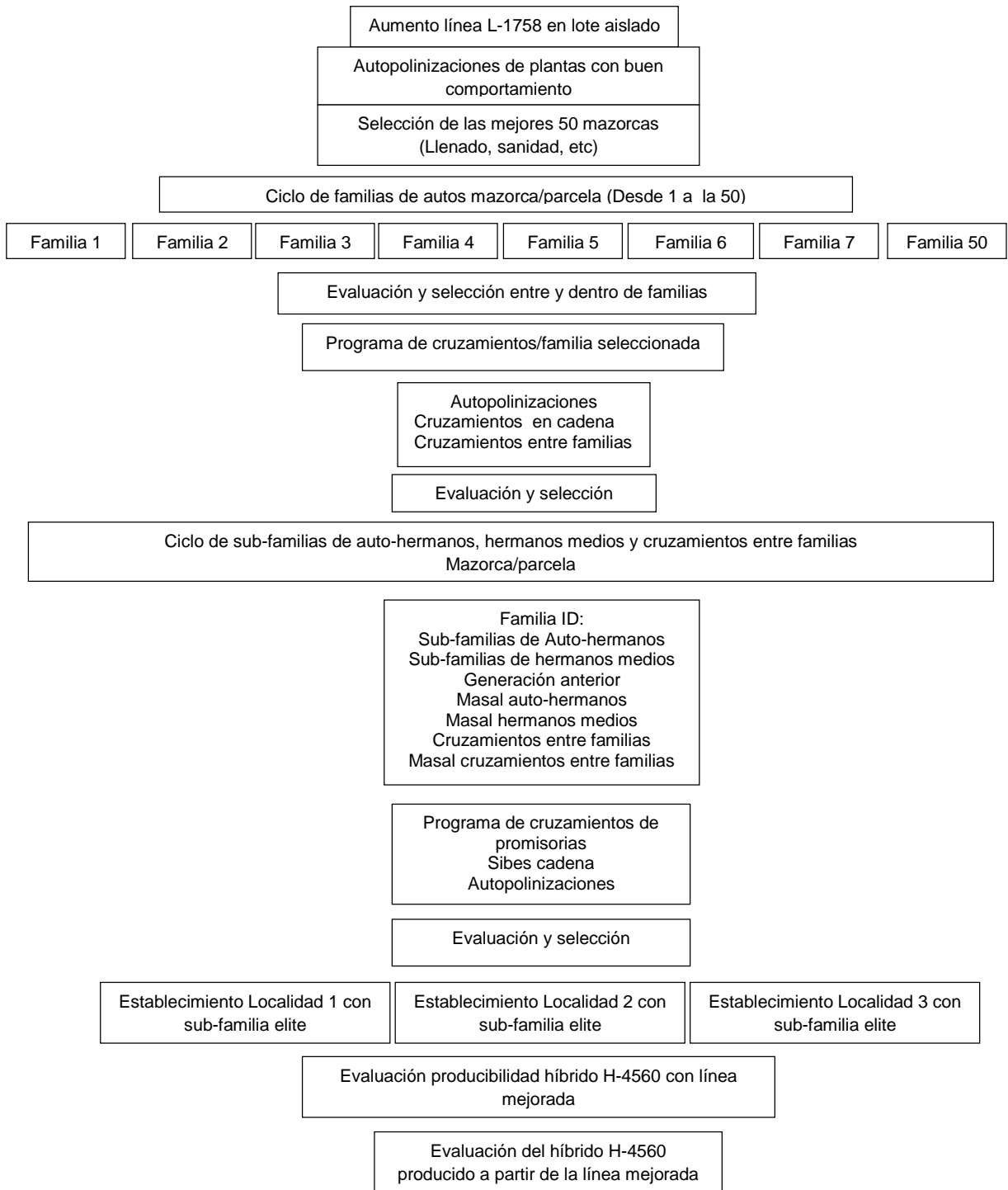
B_j = Efecto bloque o repetición.

E_{ij} = Error experimental,

Pruebas de diferencia mínima significativa de Duncan.

Se utilizó el software SAS 9.3 para todos los análisis.

Figura 3-1. Esquema general de la metodología de purificación de la línea L-1758.



3.4 Características agronómicas y criterios de selección

Durante los diferentes ciclos de mejoramiento de la línea se hicieron diferentes evaluaciones agronómicas (Tablas 3-6 y 3-7).

Tabla 3- 6. Variables de planta, mazorca y rendimiento, evaluadas a través de los ensayos.

CARACTERÍSTICAS	VARIABLES DE EVALUACIÓN	UNIDAD	CICLO DE EVALUACIÓN
CARÁCTERES DE PLANTA	Altura de planta (AltPlant)	cm	Familias
			Sub-familias
			Localidades
			Comparación H-4560
	Proliferación	%	Comparación Híbrido H560
	Hojas/ planta	No	Comparación Híbrido H560
	Hojas/ arriba de la mazorca	No	Comparación Híbrido H560
	Altura de mazorca (AltMzca)	cm	Familias
			Sub-familias
			Localidades
Comparación H-4560			
CARÁCTERES DE MAZORCAS	Llenado mazorcas	%	Localidades
			Producibilidad H-4560
	Longitud mazorcas	cm	Comparación Híbrido H560
	Diámetro mazorca	cm	Comparación Híbrido H560
	Hileras/mazorca	No	Comparación Híbrido H560
Granos/hilera	No	Comparación Híbrido H560	
RENDIMIENTO	Porcentaje grano	%	Localidades
	Mazorcas/parcela	Kg	Producibilidad H-4560
	Grano/parcela	Kg	Producibilidad H-4560
	Rend. grano/ha	Kg	Localidades
			Comparación H-4560
	Rend. semilla/ha	Kg	Localidades
	Rend. de semilla/ha	Bol	Localidades
Producibilidad H-4560			

Tabla 3-7. Variables de “espiga”, evaluadas a través de los ensayos.

CARACTERÍSTICAS	VARIABLES DE EVALUACIÓN	UNIDAD	CICLO DE EVALUACIÓN
CARÁCTERES DE “ESPIGAS”	Longitud de “espiga” (LongEs)	cm	Familias
			Sub-familias
			Localidades
			Comparación H-4560
	Ancho de “espiga” (AnEs)	cm	Familias
			Sub-familias
			Localidades
	Ram. de la “espiga” (NoRam)	No	Familias
			Sub-familias
			Localidades
			Comparación H-4560
	Long. Ex. de la “espiga” (LonEx)	cm	Familias
			Sub-familias
			Localidades
Sumatoria de Ramificaciones de la “Espiga” (SumRam)	cm	Sub-familias	
Índice de área efectivo de la “espiga” (IAE)	NA	Sub-familias	
Viabilidad de polen	%	Familias	
		Sub-familias	
Polen/”espiga”	Granos	Sub-familias	
Polen/”espiga”	mg	Sub-familias	

3.4.1 Metodología de cuantificación de viabilidad de polen por “espiga”

Durante la evaluación de familias de autos en el primer ciclo de purificación de la línea y evaluación de sub-familias de autos, hermanos medios y cruzamientos entre familias en el segundo ciclo de purificación de la línea se siguió el respectivo protocolo de muestreo en campo para la evaluación de viabilidad de polen.

Cuando las “espigas” estuvieron muy próximas a su apertura de anteras se tomó muestras de diferentes ramificaciones de la “espiga” y de diferentes plantas (cinco muestras por parcela), se identificaron muy bien en campo, se pusieron en bolsas de papel y se refrigeraron antes de su llegada al laboratorio.

Adaptando la metodología seguida por Orrillo y Bonierbale (2009), en el laboratorio se cogieron al azar flores o glumas de arriba, de la mitad y de abajo.

Se hicieron incisiones de las glumas para lograr la salida del polen almacenando en las anteras y que estaba muy próxima a liberarse al ambiente.

El polen extraído de las glumas se colectó en placas de portaobjetos y se tiñó con acetato carmín al 1% para su posterior cuantificación.

Los granos de polen teñidos fueron llevados al microscopio para realizar la cuantificación de los granos viables y no viables a 10X.

Los granos viables se observan completos, llenos y brillantes, mientras que los inviables se ven deformados, más claros y deteriorados.

La viabilidad se cuantificó en cinco campos oculares por cada muestra (se contó el total de granos viables y el total de granos no viables y se llevó a porcentaje).

3.4.2 Metodología de cuantificación de cantidad de producción de polen por “espiga”

Durante la evaluación de sub-familias de autos, hermanos medios y cruzamientos entre familias, se realizó la cuantificación de producción de polen por “espiga” en las parcelas establecidas como controles.

En las parcelas establecidas como masales (controles) de subfamilias de autos, hermanos medios, cruzamientos entre familias, línea actual y generación anterior de cada familia, al inicio de la floración siguiendo la metodología de Fonseca (2003), se cubrieron las “espigas” de dos plantas por cada parcela hasta finalizar su floración con bolsas plásticas especiales que permiten intercambio de gases con el ambiente, para no generar aumento de la humedad interna por transpiración. Con estas parcelas se tuvo un muestreo de toda la población y estarían todos los tipos de “espigas” que se manifestaron en las sub-familias y en la línea actual, para obtener suficientes puntos de comparación.

Al finalizar la floración las bolsas se retiraron junto con el polen y a las “espigas” se le evaluaron todos sus caracteres morfológicos.

El polen se separó cuidadosamente de todos los residuos de anteras y se dejó a temperatura ambiente por dos días para quitar exceso de humedad.

En el laboratorio se pesó en una balanza electrónica el polen sin residuos que se pudo extraer de cada bolsa, por ende de cada “espiga”.

Se tomaron sub-muestras de 20 mg diluidas en 20 ml de agua destilada estéril, hasta completar 16 observaciones o lecturas, como dispersante se le agregó una gota de reactivo Twen 20.

En el microscopio se cuantificaron los granos de polen con la cámara de Neubauer.

Mediante la fórmula: $Y = E \times 2 \times 1000$ se calculó el número de granos de polen en 20 mg de polen.

En dónde; Y es igual a número de granos en 20 mg de polen, se multiplicó por 20 porque el valor que da la cámara de Neubauer es por cc de dilución y utilizamos 20 cc, el valor de E obtenido en la lectura y 2 y 1000 son valores constantes.

Con el número de granos en 20 mg de polen, mediante una regla de tres se calculó el número total de granos para cada peso total de polen en mg para cada muestra.

Los datos fueron analizados a partir del software SAS 9.3 realizando un análisis de varianza siguiendo el modelo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + E_{ij}$$

Dónde:

μ = Media poblacional,

G_i = Efecto genotipo (Familias)

E_{ij} = Error experimental, una prueba de diferencia mínima significativa de Duncan, además se realizó una regresión múltiple entre cantidad de polen y caracteres de la “espiga”, siguiendo el modelo:

$$Y_i = \beta(X_1) + \alpha(X_2) + \gamma(X_3) + b(X_4) + \dots$$

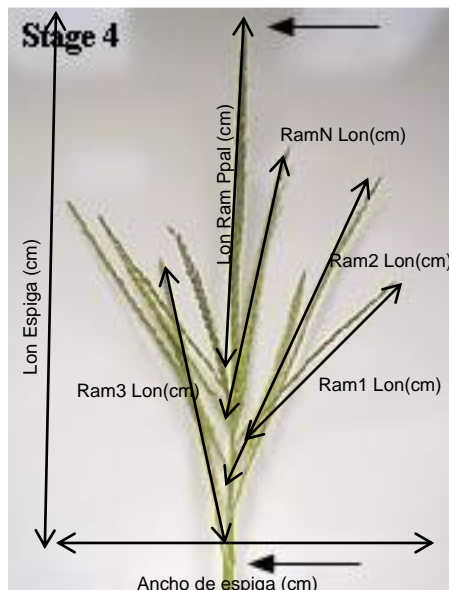
Dónde:

Y_i = Variable respuesta

$\beta, \alpha, \gamma, b, \dots$ = Estimadores de los parámetros

$X_1, X_2, X_3, X_4, \dots$ = Variables que explican significativamente el comportamiento de Y_i

Con el objetivo de correlacionar cantidad de polen con caracteres de la “espiga”, se evaluaron diversos caracteres de la “espiga” que se ilustran en la figura 3-2.



Longitud de “espiga” = Lon “Espiga” (cm)

Longitud de la ramificación principal = Lon RamPpal (cm)

Lon (cm) (Ram1 + Ram2 + Ram3 + RamN) =
Sumatoria de las ramificaciones de la “espiga”

Figura 3- 2. Caracteres de la “Espiga” relacionados con producción de polen (Fonseca y Westgate, 2003).

4 Resultados y discusión

4.1 Propuesta metodológica para la purificación de líneas

- De las 50 familias evaluadas se lograron identificar solo seis familias con mejor comportamiento en desarrollo, uniformidad y caracteres de la “espiga” que la línea actual o línea problema (Tabla 4-1).

Tabla 4- 1. Familias de autos seleccionadas buscando el mejoramiento de la línea L-1758.

Familia ID	Tipo de familia
2	Auto
4	Auto
9	Auto
27	Auto
30	Auto
50	Auto
Control	Línea actual

- Las familias seleccionadas presentaron alta capacidad de establecimiento presentando alta germinación y vigor, uniformidad en altura de planta, son familias que presentaron mayor longitud de “espiga” y mayor número de ramificaciones de la “espiga” que la línea actual.

En las seis familias seleccionadas se hizo selección al interior de ellas eliminando plantas indeseables por presentar bajo desarrollo y por generar des-uniformidad en la familia.

En cada una de las seis familias seleccionadas se realizaron autopolinizaciones, cruzamientos en cadena o hermanos medios (HM) y cruzamientos entre familias contrastantes.

- A partir de las mazorcas o sub-familias generadas, se evaluaron sus padres y se seleccionaron 134 sub-familias por presentar unos padres mayores al promedio general de cada una de sus respectivas familias, estas sub-familias fueron evaluadas en el siguiente ciclo (Tabla 4-2).

Tabla 4- 2. Sub-familias evaluadas buscando un mejor comportamiento de la línea L-1758 como progenitor polinizador.

Familia ID	Tipo cruzamiento	No de parcelas o sub-familias
2	Autos	8
	Hermanos medios	10
	Generación anterior	1
	Masal Autos	1
	Masal hermanos medios	1
4	Autos	8
	Hermanos medios	10
	Generación anterior	1
	Masal Autos	1
	Masal hermanos medios	1
4//2	Cruzamiento entre familias	6
	Masal cruza/ entre	1
9	Hermanos medios LP	5
	Generación anterior	1
	Masal Hermanos medios LP	1
27	Autos	4
	Hermanos medios	10
	Generación anterior	1
	Masal Autos	1
	Masal hermanos medios	1
30	Autos	15
	Hermanos medios	15
	Generación anterior	1
	Masal Autos	1
	Masal hermanos medios	1
30//27	Cruzamiento entre familias	4
	Masal cruza/ entre	1
50	Autos	10
	Hermanos medios	15
	Generación anterior	1
	Masal Autos	1
	Masal hermanos medios	1
50//9	Cruzamiento entre familias	7
	Masal cruza/ entre	1
Controles	Semilla Actual-Autopolinizaciones	1
	Semilla Actual-LP	1
	Semilla Actual-Importada	1
TOTAL SUB-FAMILIAS O PARCELAS		150

- Después de evaluar todas las subfamilias se seleccionó una sola sub-familia (Sub-familia 30.AU.02) que sería la primera generación de aumento de semilla producida por autopolinizaciones (AU) y cruzamientos en cadena o fraternales (Sibes) de la versión mejorada de la línea L-1758. Se establecieron diferentes ambientes con los respectivos controles. Como testigo o control, durante todos los experimentos se usó la semilla de la línea L-1758 proveniente de Brasil, la cual presenta los problemas típicos de la línea como des uniformidad y baja productividad (Tabla 4-3).

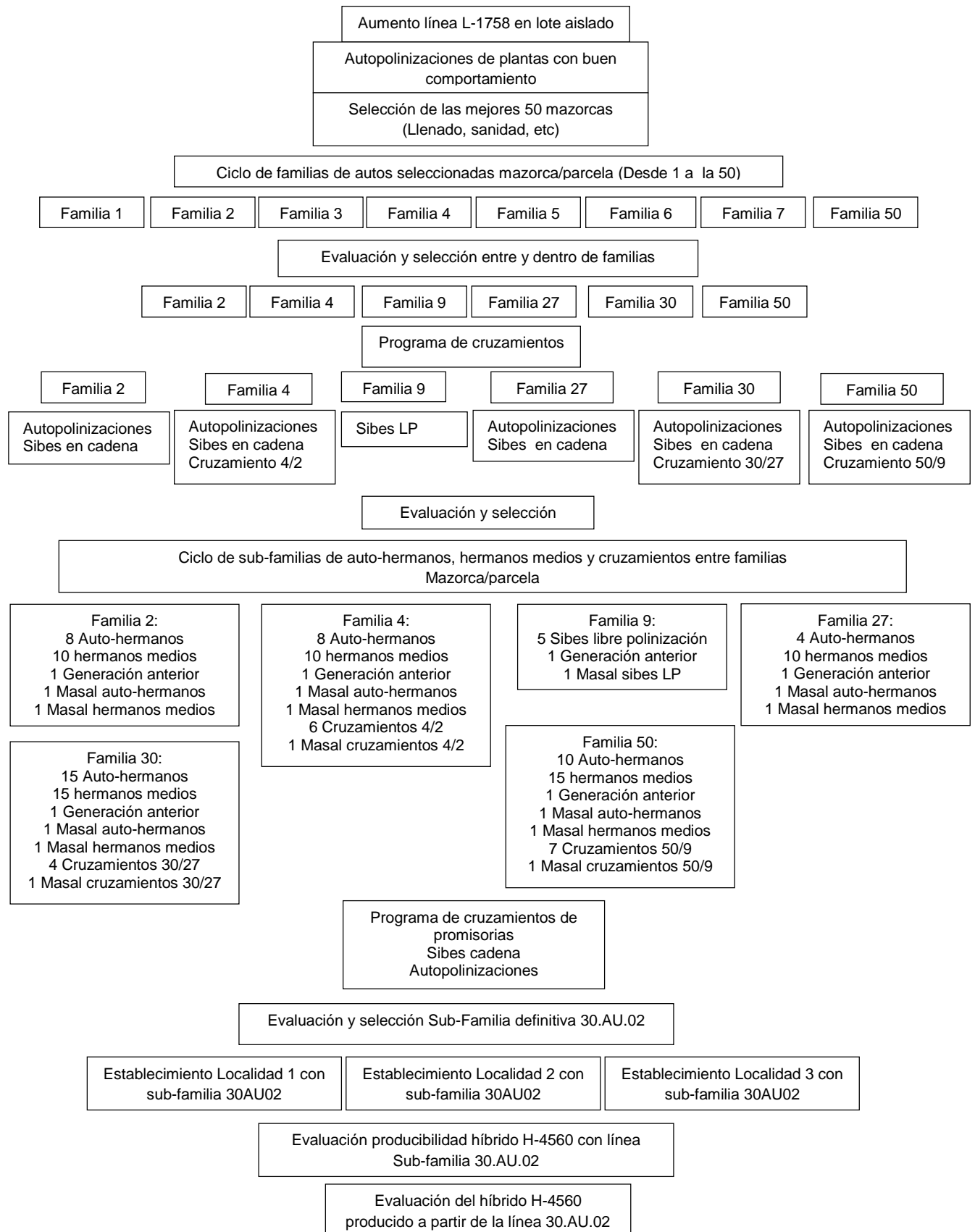
La sub-familia seleccionada presentó una uniformidad mayor a la de sus padres en donde los coeficientes de variación fueron más bajos, además presentó ganancia genética con respecto a sus padres y por ende consistencia en los caracteres evaluados de “espiga” (longitud de “espiga” y número de ramificaciones de la “espiga”) y de desarrollo (alturas).

Tabla 4- 3. Sub-familia seleccionada como L-1758 versión mejorada, evaluada en tres localidades junto con el control o testigo.

Sub-Familia ID	Tipo de semilla o cruzamiento
30.AU.02.AU	Semilla proveniente de Masal de Autopolinizaciones
30.AU.02.SI	Semilla proveniente de Masal de Sibes
Línea Actual-Semilla Brasil	Semilla proveniente Libre polinización

En la figura 4-1 se observa un diagrama de la metodología utilizada y las familias y sub-familias identificadas en cada uno de los ciclos de purificación y estabilización de la línea L-1758.

Figura 4- 1. Esquema de familias y sub-familias identificadas durante la purificación de la línea L-1758.



4.2 Comportamiento de familias de autos seleccionadas

En todas las familias seleccionadas se observaron valores medios más altos y coeficientes de variación más bajos al compararlas con la línea actual para cada uno de los caracteres evaluados, esto indica el potencial de las familias seleccionadas al mejorar notablemente el comportamiento de la línea, lográndose un mejor desarrollo medido en altura y mejores caracteres de la “espiga” para una mejor polinización en la producción del híbrido H-4560.

El carácter de ejercer de la “espiga” presentó la mayor variabilidad (Tablas 4-4 y 4-5).

Tabla 4- 4. Comportamiento de cada una de las familias de autos seleccionadas de la línea L-1758.

Familia ID	Variable	Media	Dev Std	CV %	Valor t	Mín.	Máx.	Rango
2	Altplant (cm)	188.69	9.94	5.27	123.02	168.00	210.00	42.00
	Altmzca (cm)	86.43	8.22	9.51	68.17	68.00	100.00	32.00
	LongEs (cm)	29.64	2.26	7.63	84.96	25.00	35.00	10.00
	AnEs (cm)	10.17	1.58	15.50	41.81	7.00	13.00	6.00
	LonEx (cm)	1.70	1.42	83.34	7.78	0.00	5.00	5.00
	NoRam	22.40	3.13	13.98	46.36	17.00	29.00	12.00
4	Altplant (cm)	180.62	10.64	5.89	113.84	155.00	198.00	43.00
	Altmzca (cm)	84.11	8.77	10.43	64.32	55.00	101.00	46.00
	LongEs (cm)	28.73	2.16	7.51	89.34	23.00	33.00	10.00
	AnEs (cm)	8.76	1.42	16.18	41.46	6.00	12.00	6.00
	LonEx (cm)	1.42	1.17	82.09	8.17	0.00	4.00	4.00
	NoRam	21.56	2.78	12.88	52.09	16.00	27.00	11.00

Tabla 4-5. Comportamiento de cada una de las familias de auto-hermanos completos seleccionadas de la línea L-1758.

Familia ID	Variable	Media	Dev Std	CV %	Valor t	Mín.	Máx.	Rango
9	Altplant (cm)	164.50	7.91	4.81	65.80	151.00	178.00	27.00
	Altmzca (cm)	69.20	5.55	8.03	39.40	60.00	80.00	20.00
	LongEs (cm)	29.20	2.66	9.10	34.74	23.00	32.00	9.00
	AnEs (cm)	13.10	2.02	15.46	20.46	10.00	17.00	7.00
	LonEx (cm)	1.35	0.91	67.73	4.67	0.00	3.00	3.00
	NoRam	22.60	3.37	14.93	21.19	17.00	28.00	11.00
27	Altplant (cm)	147.93	12.01	8.12	66.32	130.00	171.00	41.00
	Altmzca (cm)	67.31	7.64	11.35	47.45	55.00	81.00	26.00
	LongEs (cm)	26.76	2.89	10.79	49.92	22.00	34.00	12.00
	AnEs (cm)	8.76	1.48	16.89	31.87	6.00	12.00	6.00
	LonEx (cm)	1.47	1.48	100.69	5.35	0.00	5.00	5.00
	NoRam	24.41	3.75	15.35	35.09	15.00	33.00	18.00
30	Altplant (cm)	184.46	9.54	5.17	144.63	160.00	204.00	44.00
	Altmzca (cm)	85.07	7.83	9.21	81.28	65.00	102.00	37.00
	LongEs (cm)	30.96	3.09	9.97	75.08	18.00	37.00	19.00
	AnEs (cm)	9.50	1.57	16.55	45.21	6.00	13.00	7.00
	LonEx (cm)	1.78	1.35	75.94	9.77	0.00	5.00	5.00
	NoRam	21.40	3.51	16.40	45.22	13.00	28.00	15.00
50	Altplant (cm)	171.85	12.17	7.08	127.05	141.00	198.00	57.00
	Altmzca (cm)	82.06	8.27	10.08	89.31	59.00	100.00	41.00
	LongEs (cm)	27.48	3.18	11.57	77.81	20.00	33.00	13.00
	AnEs (cm)	8.27	1.60	19.40	46.39	5.00	13.00	8.00
	LonEx (cm)	1.70	1.29	75.91	11.86	0.00	5.00	5.00
	NoRam	18.76	2.89	15.42	58.34	13.00	26.00	13.00
Línea actual	Altplant (cm)	111.40	35.67	32.02	9.88	65.00	177.00	112.00
	Altmzca (cm)	50.20	19.28	38.41	8.23	30.00	80.00	50.00
	LongEs (cm)	20.20	5.86	29.01	10.90	12.50	28.50	16.00
	AnEs (cm)	6.55	3.42	52.20	6.06	2.00	13.00	11.00
	LonEx (cm)	0.90	1.91	212.44	1.49	0.00	6.00	6.00
	NoRam	18.10	6.47	35.75	8.84	7.00	25.00	18.00

Al observar el análisis de varianza se identificaron diferencias altamente significativas entre valores medios para la mayoría de caracteres agronómicos evaluados, sin embargo

para el carácter longitud de ejerción de la “espiga”, no presentó diferencia significativa entre las familias. Dentro de las familias seleccionadas (plantas individuales) no hubo diferencia significativa, lo que indica uniformidad de las plantas de cada familia (Tabla 4-6).

Tabla 4-6. Análisis de varianza para las familias (AU) seleccionadas de la línea L-1758.

Variable	Fuente de variación	GL	SC	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
Altura de planta (cm)	Familia	6	70227.40	11704.57**	74.22	<.0001
	PlantID	80	12621.88	157.77	1	0.489
Altura de mazorca (cm)	Familia	6	14974.63	2495.77**	30.92	<.0001
	PlantID	80	5241.87	65.52	0.81	0.8555
Longitud de “espiga” (cm)	Familia	6	1198.32	199.72**	23.51	<.0001
	PlantID	80	772.47	9.66	1.14	0.2399
Ancho de espiga (cm)	Familia	6	300.61	50.10**	19.04	<.0001
	PlantID	80	246.17	3.08	1.17	0.195
Longitud de ejerción de la “espiga” (cm)	Familia	6	15.11	2.52	1.44	0.1998
	PlantID	80	153.07	1.91	1.1	0.3021
Ramificaciones de la “espiga” (cm)	Familia	6	600.73	100.12**	9.21	<.0001
	PlantID	80	939.12	11.73	1.08	0.3319

**** Altamente significativo a el nivel de probabilidad del $p < 0.05$**

La línea actual siempre se comportó diferente a las demás familias (Tablas 4-7, 4-8, 4-9 y 4-10), a excepción del carácter de número de ramificaciones de la “espiga”, el cual se comportó igual que la familia 50 (Tabla 4-11)

Se apreció siempre un comportamiento negativo de la línea actual, mostrando siempre los promedios más bajos con respecto a las familias de autos seleccionadas.

Se pudo observar como la familia 30 muestra potencial para casi todos los caracteres evaluados (Tablas 4-7, 4-8, 4-9, 4-10 y 4-11), estuvo siempre entre las familias con promedios más altos, a excepción del número de ramificaciones de la “espiga”.

Para los caracteres altura de planta y de mazorca las familias que se comportaron mejor fueron la No 2 y No 30, en donde sus diferencias con la línea actual fue muy amplia (Tablas 4-7 y 4-8). La familia No 2 y No 30 presentaron una diferencia con la línea actual en altura de 77.29 cm y 73.06 cm respectivamente, para el caso de altura de mazorca las diferencias de las familias No 2 y No 30 con la línea actual fueron de 36.23 cm y 34.87 respectivamente. Esto indica el potencial en crecimiento y desarrollo de las familias seleccionadas.

Tabla 4-7. Promedios para altura de planta en familias de autos seleccionadas.

Variable	Agrupamiento Duncan	Media (cm)	N	FliID	Grupo ID
Altura de planta (cm)	A	188.69	42	2	1
	B	184.46	56	30	2
	B	180.62	45	4	3
	C	171.85	81	50	4
	C	164.50	10	9	
	D	147.93	29	27	5
	E	111.40	10.00	Línea Actual	6

DMS = 7.38

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Tabla 4-8. Promedios para altura de mazorca en familias de auto hermanos completos seleccionadas.

Variable	Agrupamiento Duncan	Media (cm)	N	FliID
Altura de mazorca (cm)	A	86.43	42	2
	A	85.07	56	30
	A	84.11	45	4
	A	82.06	81	50
	B	69.20	10	9
	B	67.31	29	27
	C	50.20	10	Línea Actual

DMS=5.28

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

En el carácter longitud de “espiga” se observó nuevamente el potencial de la familia 30, en donde presentó la “espiga” con una longitud mucho mayor a la línea actual, lo cual indica su potencial para la producción y liberación de polen (Tabla 4-9).

El ancho de “espiga” se evaluó con el objetivo de estimar la apertura de ramificaciones de la “espiga”, se observaron diferencias muy pequeñas entre las familias, lo cual podría indicar que el carácter no es muy influyente en la producción, sin embargo se observó como la línea actual presentó una apertura muy baja con respecto a las demás familias (Tabla 4-10).

Para número de ramificaciones de la “espiga”, la línea actual mostró el promedio más bajo, lo cual se asocia con su baja capacidad para producir y liberar polen (Tabla 4-11).

Tabla 4-9. Promedios para longitud de “espiga” en familias de autos seleccionadas.

Variable	Agrupamiento Duncan	Media (cm)	N	FialID	Grupo ID
Longitud de “espiga” (cm)	A	30.96	56	30	1
	B A	29.64	42	2	2
	B A C	29.20	10	9	3
	B C	28.73	45	4	4
	D C	27.48	81	50	5
	D	26.76	29	27	6
	E	20.20	10	Línea Actual	7

DMS=1.71

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Tabla 4-10. Promedios para ancho de “espiga” en familias de autos seleccionadas.

Variable	Agrupamiento Duncan	Media (cm)	N	FialID	Grupo ID
Ancho de “espiga” (cm)	A	13.10	10	9	1
	B	10.17	42	2	2
	C B	9.50	56	30	3
	C D	8.76	29	27	4
	C D	8.76	45	4	4
	D	8.27	81	50	5
	E	6.55	10	Línea Actual	6

DMS=0.95

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Tabla 4-11. Promedios para número de ramificaciones de la “espiga” en familias de autos seleccionadas.

Variable	Agrupamiento Duncan	Media (No)	N	FliadD	Grupo ID
Ramificaciones de la “espiga”	A	24.41	29	27	1
	B	22.60	10	9	2
	B	22.41	42	2	
	B	21.56	45	4	3
	B	21.40	55	30	
	C	18.76	81	50	4
C	18.10	10	Línea Actual		

DMS=2.06

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Durante el primer ciclo de purificación a través de familias de autos, se observó el mayor potencial en las familias No 30 y No 50, las cuales presentaron caracteres en su desarrollo y en sus “espigas”, deseables para mejorar la producibilidad del híbrido H-4560 (Figura 4-2).



Figura 4-2. Familia No 30 y No 50 durante el proceso de polinizaciones para la generación de sub-familias a evaluar en el segundo ciclo (Autor, 2012).

4.3 Comportamiento de sub-familias de autos (AU), hermanos medios (HM) y cruzamientos entre familias (Entre)

Se observó cómo en las sub-familias de las familias No 2, 4, 9, 27 y 50 los promedios de todos los caracteres evaluados bajaron notablemente al ser comparados con sus padres (generación anterior), además se presentó aumento en los coeficientes de variación, en

donde se observó de nuevo la des-uniformidad típica de la línea (Tablas 4-12, 4-13, 4-14, 4-15 y 4-17). Esto indica que las familias No 2, 4, 9, 27 y 50 seleccionadas en el ciclo anterior en una siguiente generación presentaron depresión, llegando inclusive a tener un comportamiento similar o pero al de la línea actual.

En las sub-familias (AU, HM y Entre) provenientes de la familia No 30, se observó un comportamiento muy positivo con respecto a las demás sub-familias, en donde los promedios tienden a ser similares a sus padres (generación anterior) y sus coeficientes de variación a ser igual de bajos.

Esto indica claramente el potencial de las sub-familias de la familia 30, mostrando consistencia en sus promedios y uniformidad en sus parcelas o sub-familias (Tabla 4-16).

La línea actual en todos los caracteres evaluados presentó unos promedios muy bajos y un coeficiente de variación alto, lo que indicó la desuniformidad de la línea y su comportamiento deficiente. Al observar las diferentes fuentes de semilla usada para establecer la línea actual, se pudo observar que para las tres fuentes usadas, los comportamientos en sus promedios fueron igualmente negativos y sus variaciones fueron altísimas (Tabla 4-18).

Tabla 4-12. Comportamiento de sub-familias de la familia 9 para cada carácter.

Sub-Familia ID	Variable	Media	Dev Std	CV %	Valor t	Mín.	Máx.	Ran.
Familia 9 (Generación anterior)	AltPlant (cm)	134.5	31.6	23.5	13.5	80.0	170.0	90.0
	AltMzca (cm)	69.7	15.6	22.4	14.1	40.0	90.0	50.0
	NoRam (cm)	20.2	5.6	27.7	11.4	5.0	25.0	20.0
	Long Es (cm)	21.6	7.4	34.5	9.2	7.0	29.0	22.0
	AnEs (cm)	7.1	2.8	39.6	8.0	1.5	10.0	8.5
	LonEx (cm)	0.3	0.5	194.4	1.6	0.0	1.5	1.5
	SumRam (cm)	118.3	56.9	48.1	6.6	7.0	184.5	177.5
	IAE	1579.3	519.2	32.9	8.6	530.9	2336.6	1805.6
Sub-Familias de HM LP de la Familia 9	AltPlant (cm)	113.3	26.8	23.7	29.9	61.0	169.0	108.0
	AltMzca (cm)	47.4	13.8	29.0	24.4	22.0	75.0	53.0
	No Ram (cm)	18.4	4.5	24.3	29.2	9.0	29.0	20.0
	Long Es (cm)	22.6	4.4	19.5	36.4	12.0	31.0	19.0
	AnEs (cm)	8.1	3.2	39.6	17.9	2.0	15.0	13.0
	LonEx (cm)	0.9	1.2	133.5	5.3	0.0	5.0	5.0
	SumRam (cm)	136.0	61.7	45.4	15.6	27.5	287.5	260.0
	IAE	1515.5	842.2	55.6	12.6	131.9	3436.9	3305.0

Tabla 4-13. Comportamiento de sub-familias de la familia 2 para cada carácter.

Sub Familia ID	Variable	Media	Dev Std	CV %	Valor t	Mín.	Máx.	Ran.
Familia 2 (Generación anterior)	AltPlant (cm)	170.5	12.7	7.4	44.7	145.0	187.0	42.0
	AltMzca (cm)	87.1	7.2	8.3	40.0	75.0	102.0	27.0
	NoRam (cm)	16.5	4.3	26.0	12.8	10.0	23.0	13.0
	LongEs (cm)	23.8	5.3	22.2	14.9	13.0	31.0	18.0
	AnEs (cm)	10.7	3.4	31.5	10.5	4.0	16.0	12.0
	LonEx (cm)	1.0	1.2	125.0	2.7	0.0	3.0	3.0
	SumRam (cm)	119.4	49.7	41.6	8.0	39.5	210.5	171.0
	IAE	1281.9	585.2	45.6	7.3	336.2	2285.5	1949.4
Sub-Familias de HC de la Familia 2	AltPlant (cm)	127.6	26.3	20.6	43.7	72.0	182.0	110.0
	AltMzca (cm)	62.0	13.0	21.0	42.8	35.0	95.0	60.0
	NoRam (cm)	16.4	4.3	26.2	34.4	5.0	27.0	22.0
	LongEs (cm)	21.5	5.0	23.4	38.4	6.0	29.0	23.0
	AnEs (cm)	7.4	2.5	34.3	26.2	2.0	12.0	10.0
	LonEx (cm)	0.8	1.1	148.9	6.1	0.0	6.0	6.0
	SumRam (cm)	105.7	49.6	47.0	19.1	16.5	217.5	201.0
	IAE	1189.0	602.2	50.6	17.2	141.4	2721.4	2580.0
Sub-Familias de HM de la Familia 2	AltPlant (cm)	137.7	26.3	19.1	52.4	76.0	184.0	108.0
	AltMzca (cm)	65.4	12.4	19.0	52.6	40.0	94.0	54.0
	NoRam (cm)	16.6	3.9	23.6	42.4	6.0	24.0	18.0
	LongEs (cm)	22.8	4.9	21.7	46.1	8.0	31.0	23.0
	AnEs (cm)	8.5	3.0	34.7	28.8	2.0	14.0	12.0
	LonEx (cm)	1.1	1.3	116.2	8.6	0.0	4.5	4.5
	SumRam (cm)	112.7	45.9	40.7	24.5	15.5	261.5	246.0
	IAE	1157.4	561.6	48.5	20.3	92.7	3416.5	3323.8

Tabla 4-14. Comportamiento de sub-familias de la familia 4 para cada carácter

Sub Familia ID	Variable	Media	Dev Std	CV %	Valor t	Mín.	Máx.	Ran.
Familia 4 (Generación anterior)	AltPlant (cm)	164.9	15.7	9.5	33.3	134.0	190.0	56.0
	AltMzca (cm)	88.0	6.6	7.6	41.9	75.0	96.0	21.0
	NoRam (cm)	21.1	3.2	15.2	20.8	15.0	25.0	10.0
	LongEs (cm)	25.1	2.3	9.3	34.1	21.0	28.0	7.0
	AnEs (cm)	9.6	3.2	33.0	9.6	5.0	14.0	9.0
	LonEx (cm)	0.9	1.5	171.0	1.9	0.0	4.0	4.0
	SumRam (cm)	155.5	42.8	27.5	11.5	100.0	233.5	133.5
	IAE	1782.0	521.6	29.3	10.8	1009.2	2622.5	1613.2
Sub-Familias de HC de la Familia 4	AltPlant (cm)	99.3	20.3	20.4	43.8	60.0	150.0	90.0
	AltMzca (cm)	41.7	9.7	23.3	38.4	20.0	62.0	42.0
	NoRam (cm)	16.1	4.4	27.6	32.4	4.0	25.0	21.0
	LongEs (cm)	19.2	5.1	26.6	33.7	7.0	29.0	22.0
	AnEs (cm)	6.3	2.4	38.3	23.3	1.5	12.0	10.5
	LonEx (cm)	0.3	0.7	229.1	3.9	0.0	5.0	5.0
	SumRam (cm)	99.1	48.2	48.6	18.4	14.0	233.0	219.0
	IAE	1165.4	614.2	52.7	16.1	155.5	2913.8	2758.3
Sub-Familias de HM de la Familia 4	AltPlant (cm)	116.4	29.4	25.3	39.6	57.0	165.0	108.0
	AltMzca (cm)	53.7	17.2	32.1	31.2	20.0	90.0	70.0
	NoRam (cm)	18.0	4.7	26.3	38.0	5.0	29.0	24.0
	LongEs (cm)	21.4	6.4	29.9	33.4	7.0	31.0	24.0
	AnEs (cm)	7.4	3.1	41.4	24.2	1.5	15.0	13.5
	LonEx (cm)	0.5	0.8	164.1	6.1	0.0	3.5	3.5
	SumRam (cm)	126.7	60.0	47.3	21.1	19.0	243.0	224.0
	IAE	1444.2	807.3	55.9	16.7	110.0	3191.9	3081.9
Cruza/ 04//02	AltPlant (cm)	124.8	27.8	22.3	34.7	65.0	175.0	110.0
	AltMzca (cm)	59.1	16.7	28.2	27.4	20.0	100.0	80.0
	NoRam (cm)	18.4	4.8	26.2	29.5	7.0	27.0	20.0
	LongEs (cm)	22.6	6.0	26.6	29.1	7.0	31.5	24.5
	AnEs (cm)	7.8	2.9	36.9	20.7	2.0	14.0	12.0
	LonEx (cm)	1.0	1.3	133.1	5.8	0.0	5.0	5.0
	SumRam (cm)	132.8	62.5	47.1	16.5	14.5	246.0	231.5
	IAE	1460.6	771.1	52.8	14.3	66.0	2787.4	2721.4

Tabla 4-15. Comportamiento de sub-familias de la familia 27 para cada carácter.

Sub Familia ID	Variable	Media	Dev Std	CV %	Valor t	Mín.	Máx.	Ran.
Familia 27 (Generación anterior)	AltPlant (cm)	123.7	25.1	20.3	15.6	90.0	161.0	71.0
	AltMzca (cm)	64.1	13.7	21.3	14.8	40.0	84.0	44.0
	No Ram (cm)	20.8	6.0	28.9	10.9	11.0	31.0	20.0
	Long Es (cm)	19.3	5.8	30.2	10.5	12.0	30.0	18.0
	An Es (cm)	6.8	2.8	40.9	7.7	3.5	11.0	7.5
	Lon Ex (cm)	0.5	1.0	194.4	1.6	0.0	3.0	3.0
	Sum Ram (cm)	123.1	73.9	60.0	5.3	27.0	269.0	242.0
	IAE	1347.5	1079.4	80.1	4.0	105.2	3056.8	2951.5
Sub-Familias de HC de la Familia 27	AltPlant (cm)	93.3	26.5	28.4	22.3	57.0	156.0	99.0
	AltMzca (cm)	39.2	12.4	31.6	20.0	20.0	70.0	50.0
	No Ram (cm)	18.2	5.6	30.7	20.6	8.0	30.0	22.0
	Long Es (cm)	19.0	5.6	29.3	21.6	8.0	32.0	24.0
	An Es (cm)	6.7	3.4	51.4	12.3	2.0	13.0	11.0
	Lon Ex (cm)	0.7	1.3	179.7	3.5	0.0	5.0	5.0
	Sum Ram (cm)	115.2	70.9	61.6	10.3	11.0	294.0	283.0
	IAE	1379.7	1050.3	76.1	7.6	110.7	3606.6	3495.8
Sub-Familias de HM de la Familia 27	AltPlant (cm)	81.5	25.0	30.6	32.6	9.0	168.0	159.0
	AltMzca (cm)	29.5	10.9	36.8	27.2	5.0	65.0	60.0
	No Ram (cm)	15.9	5.3	33.1	30.2	6.0	32.0	26.0
	Long Es (cm)	17.8	5.1	28.7	34.9	3.0	31.0	28.0
	An Es (cm)	6.3	3.3	52.6	19.0	2.0	18.0	16.0
	Lon Ex (cm)	0.5	1.1	201.4	5.0	0.0	5.0	5.0
	Sum Ram (cm)	103.2	60.3	58.5	17.1	17.0	297.0	280.0
	IAE	973.6	770.9	79.2	11.9	197.9	3595.6	3397.6

Tabla 4-16. Comportamiento de sub-familias de la familia 30 para cada carácter.

Sub Familia ID	Variable	Media	Dev Std	CV %	Valor t	Mín	Máx	Ran.
Familia 30 (Generación anterior)	AltPlant (cm)	163.0	13.9	8.5	99.4	102.0	185.0	83.0
	AltMzca (cm)	78.2	8.2	10.4	81.4	54.0	98.0	44.0
	NoRam (cm)	20.3	3.4	16.6	51.2	11.0	27.0	16.0
	LongEs (cm)	27.4	3.5	12.8	66.5	19.0	35.0	16.0
	AnEs (cm)	10.2	2.3	22.1	38.5	5.0	15.0	10.0
	LonEx (cm)	1.0	1.3	129.4	6.6	0.0	4.0	4.0
	SumRam (cm)	150.0	37.7	25.1	33.8	41.0	224.0	183.0
	IAE	1568.2	525.8	33.5	25.3	383.3	2708.1	2324.8
Sub-Familias de HC de la Familia 30	AltPlant (cm)	160.2	21.2	13.2	142.0	71.0	196.0	125.0
	AltMzca (cm)	77.1	12.8	16.6	116.3	35.0	103.0	68.0
	NoRam (cm)	19.1	3.2	16.6	116.3	2.0	30.0	28.0
	LongEs (cm)	27.4	3.8	14.0	135.1	13.0	36.0	23.0
	AnEs (cm)	10.7	2.3	21.9	88.1	3.5	18.0	14.5
	LonEx (cm)	1.1	1.2	111.1	17.4	0.0	5.0	5.0
	SumRam (cm)	179.9	46.4	25.8	74.6	35.0	295.5	260.5
	IAE	2080.6	707.6	34.0	55.2	190.1	4403.7	4213.7
Sub-Familias de HM de la Familia 30	AltPlant (cm)	163.5	13.3	8.2	319.3	21.0	189.0	168.0
	AltMzca (cm)	79.2	9.6	12.1	220.3	18.0	105.0	87.0
	NoRam (cm)	19.3	2.9	14.9	179.1	6.0	28.0	22.0
	LongEs (cm)	28.6	3.0	10.6	248.1	1.0	38.5	37.5
	AnEs (cm)	10.9	7.6	69.8	37.8	0.0	204.0	204.0
	LonEx (cm)	4.7	85.5	181.7	1.5	0.0	2271.4	2271.4
	SumRam (cm)	179.4	80.0	44.6	59.0	65.5	2068.7	2003.2
	IAE	1928.8	521.9	27.1	95.6	30.0	3801.3	3771.3
Cruzamiento 30//27	AltPlant (cm)	123.1	14.9	12.1	36.9	96.0	160.0	64.0
	AltMzca (cm)	54.0	8.4	15.5	28.8	40.0	67.0	27.0
	NoRam (cm)	18.9	4.3	22.8	27.7	9.0	26.0	17.0
	LongEs (cm)	24.1	3.5	14.7	43.0	16.0	30.5	14.5
	AnEs (cm)	10.3	2.5	24.2	25.9	5.0	16.0	11.0
	LonEx (cm)	1.2	1.1	89.8	7.0	0.0	4.0	4.0
	SumRam (cm)	154.1	55.8	36.2	17.0	79.5	386.0	306.5
	IAE	1623.1	592.7	36.5	16.7	656.6	3939.6	3283.0

Tabla 4-17. Comportamiento de sub-familias de la familia 50 para cada carácter.

Sub Familia ID	Variable	Media	Dev Std	CV %	Valor t	Mín.	Máx.	Ran.
Familia 50 (Generación anterior)	AltPlant (cm)	156.5	13.2	8.4	37.5	129.0	176.0	47.0
	AltMzca (cm)	74.8	6.7	8.9	35.5	64.0	84.0	20.0
	No Ram (cm)	20.5	3.9	19.1	16.5	13.0	25.0	12.0
	Long Es (cm)	27.2	3.1	11.5	27.5	20.0	30.5	10.5
	An Es (cm)	10.8	2.3	21.7	14.6	8.0	16.0	8.0
	Lon Ex (cm)	1.1	1.4	131.8	2.4	0.0	3.0	3.0
	Sum Ram (cm)	153.1	43.1	28.1	11.3	74.5	212.5	138.0
	IAE	1453.7	580.2	39.9	7.9	506.6	2287.1	1780.5
Sub-Familias de HC de la Familia 50	AltPlant (cm)	101.4	27.8	27.5	36.2	50.0	158.0	108.0
	AltMzca (cm)	44.2	15.1	34.1	29.2	20.0	80.0	60.0
	No Ram (cm)	15.4	4.6	29.9	33.3	2.0	25.0	23.0
	Long Es (cm)	19.6	5.9	29.9	33.3	5.0	33.5	28.5
	An Es (cm)	7.1	2.9	40.9	24.2	1.0	13.0	12.0
	Lon Ex (cm)	0.8	1.2	147.7	6.7	0.0	5.0	5.0
	Sum Ram (cm)	103.2	48.8	47.3	21.0	3.0	272.5	269.5
	IAE	1079.5	537.0	49.7	18.4	47.1	2710.4	2663.3
Sub-Familias de HM de la Familia 50	AltPlant (cm)	92.0	19.4	21.1	57.5	48.0	147.0	99.0
	AltMzca (cm)	38.8	9.2	23.6	51.3	4.0	60.0	56.0
	No Ram (cm)	15.4	4.0	26.2	46.3	4.0	25.0	21.0
	Long Es (cm)	18.6	4.8	25.9	46.8	6.0	33.0	27.0
	An Es (cm)	6.6	2.4	36.8	33.0	1.0	12.0	11.0
	Lon Ex (cm)	0.4	0.8	194.5	6.2	0.0	3.5	3.5
	Sum Ram (cm)	103.0	40.9	39.7	23.9	18.5	194.5	176.0
	IAE	912.3	466.9	51.2	17.8	130.4	2287.1	2156.7
Cruzamiento 50//09	AltPlant (cm)	102.0	26.3	25.8	32.5	56.0	163.0	107.0
	AltMzca (cm)	42.8	16.0	37.5	22.3	15.0	80.0	65.0
	No Ram (cm)	16.1	4.1	25.7	32.6	8.0	25.0	17.0
	Long Es (cm)	21.6	5.8	26.8	31.3	12.0	46.0	34.0
	An Es (cm)	7.3	2.9	40.1	20.8	3.0	17.0	14.0
	Lon Ex (cm)	0.5	0.9	173.6	4.8	0.0	4.5	4.5
	Sum Ram (cm)	111.8	57.9	51.8	16.2	35.0	278.5	243.5
	IAE	1055.3	677.4	64.2	12.9	249.8	2945.3	2695.5

Tabla 4-18. Comportamiento de las diferentes fuentes de la línea actual para cada carácter.

Sub Familia ID	Variable	Media	Dev Std	CV %	Valor t	Mín.	Máx.	Ran.
Línea actual (Semilla Brasil)	AltPlant (cm)	115.7	30.5	26.3	28.2	65	177	112
	AltMzca (cm)	52.5	14.8	28.1	26.4	30	82	52
	No Ram	18.5	5.7	30.8	24.1	6	28	22
	Long Es (cm)	20.8	6.6	31.5	23.5	6	33	27
	Ancho Es (cm)	7.3	4.0	55.7	13.3	2	18	16
	Lon Ex (cm)	0.6	1.1	197.7	3.8	0	6	6
	Sum Ram (cm)	113.8	66.9	58.9	12.6	14.5	285	270.5
	IAE	1212.3	822.9	67.9	10.8	62.047	2987.7	2925.6
Línea actual (Producida a libre polinización)	AltPlant (cm)	110.0	26.5	24.1	24.2	65	162	97
	AltMzca (cm)	44.7	11.4	25.5	22.9	25	70	45
	No Ram	17.2	4.3	25.1	23.2	8	26	18
	Long Es (cm)	23.4	6.6	28.3	20.6	8	34.5	26.5
	Ancho Es (cm)	7.8	2.9	37.4	15.6	2.5	16	13.5
	Lon Ex (cm)	0.6	1.0	152.8	3.8	0	3.5	3.5
	Sum Ram (cm)	128.3	62.4	48.6	12.0	24.5	276	251.5
	IAE	1440.9	825.4	57.3	10.2	51.051	3430.6	3379.6
Línea actual (Producida por autos)	AltPlant (cm)	106.7	26.9	25.2	30.2	60	162	102
	AltMzca (cm)	46.4	12.5	27.0	28.2	25	73	48
	No Ram (cm)	16.0	5.4	33.5	22.7	5	27	22
	Long Es (cm)	21.1	6.6	31.5	24.2	8.5	32	23.5
	Ancho Es (cm)	7.5	3.3	44.2	17.2	1	16	15
	Lon Ex (cm)	0.4	0.7	166.1	4.6	0	2.5	2.5
	Sum Ram (cm)	109.6	59.5	54.2	14.0	12.5	221	208.5
	IAE	1262.4	809.6	64.1	11.7	35.343	2814.9	2779.5

Al analizar la distribución de las sub-familias establecidas y generadas a partir de las seis familias iniciales se observaron tendencias bien definidas en sus comportamientos. El carácter altura de planta, en la gran mayoría de las seis familias seleccionadas en el ciclo anterior (denominadas generación anterior), se agruparon en un área en donde se caracteriza por la presencia de promedios altos y desviaciones bajas, muy diferente el caso de la semilla actual la cual está en un área de promedios más bajos y desviaciones muy altas lo cual se relaciona con la desuniformidad de la línea que se ha venido mencionando. Esto indica que la selección en el ciclo anterior fue efectiva, esto debido a que las familias seleccionadas en una localidad y semestre anterior siguieron siendo consistentes y similares en un siguiente semestre y en otra localidad, esto se logró ya

que en definitiva lo observado fue debido a efectos genéticos y no debido a efectos ambientales (Figura 4-3).

Al observar la figura 4-3 se observó que las sub-familias de la familia 30 producidas por autos (AU) y hermanos medios (HM) siguen mostrando potencial para lograr el mejoramiento del comportamiento de la línea (mejor desarrollo y caracteres deseables en la “espiga”) ubicándose con promedios altos y coeficientes de variación bajos, además dichas sub-familias se ubicaron cerca a sus padres que para este caso se identifican como generación anterior, sin embargo cuando la familia 30 se cruzó con la familia 27 su comportamiento fue negativo y muy similar a la línea actual.

Para el caso de las demás sub-familias se observó claramente que en todos los tipos de sub-familias o cruzamientos (autos, hermanos medios y cruzamientos), sus comportamientos fueron negativos, observándose claramente una depresión por endogamia, bajando los promedios con respecto a sus padres (generación anterior) e incrementándose las variaciones, esto lleva a concluir que las familias No 2, No 4, No 9, No 27 y No 50 no deben continuar en el proceso de purificación de la línea, las únicas sub-familias útiles serán las que provienen de la No 30 (Figura 4-3).

Para el resto de caracteres evaluados la tendencia fue igual, en donde solo los autos y hermanos medios que provienen de la familia No 30 presentaron potencial para contribuir al mejoramiento de la línea L-1758 (Figuras 4-4, 4-5, 4-6, 4-7 y 4-8)

Importante resaltar que el carácter longitud de ejerción de la “espiga” es un carácter con una variación muy alta lo cual se considera un carácter complejo de fijar (Figura 4-7).

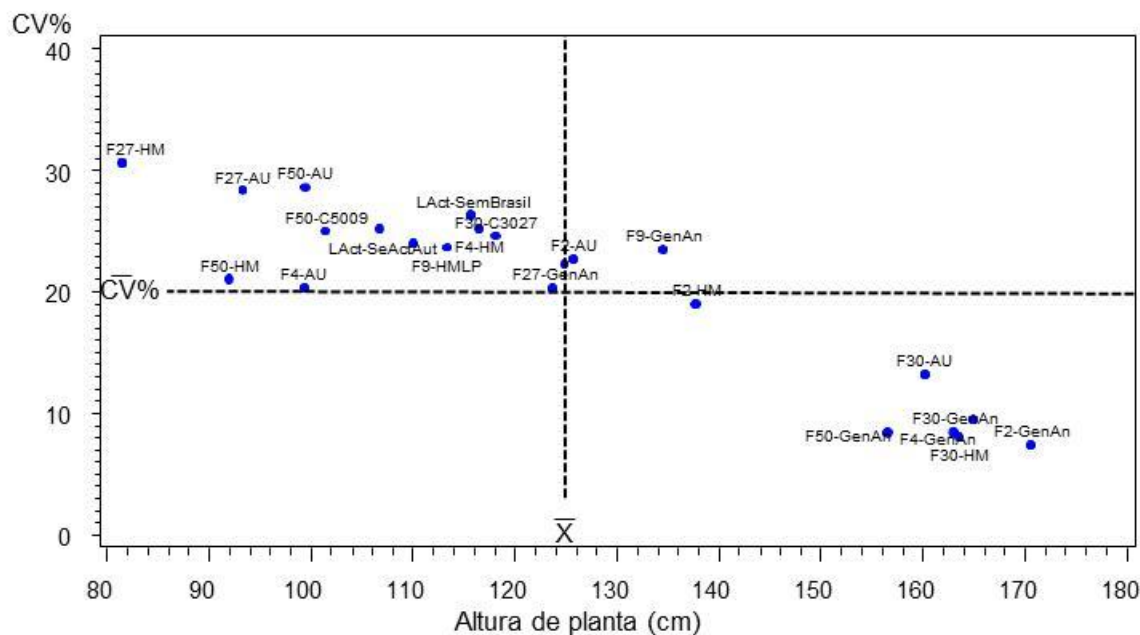


Figura 4-3. Distribución de familias y sub-familias con respecto a sus promedios y variaciones para el carácter altura de planta.

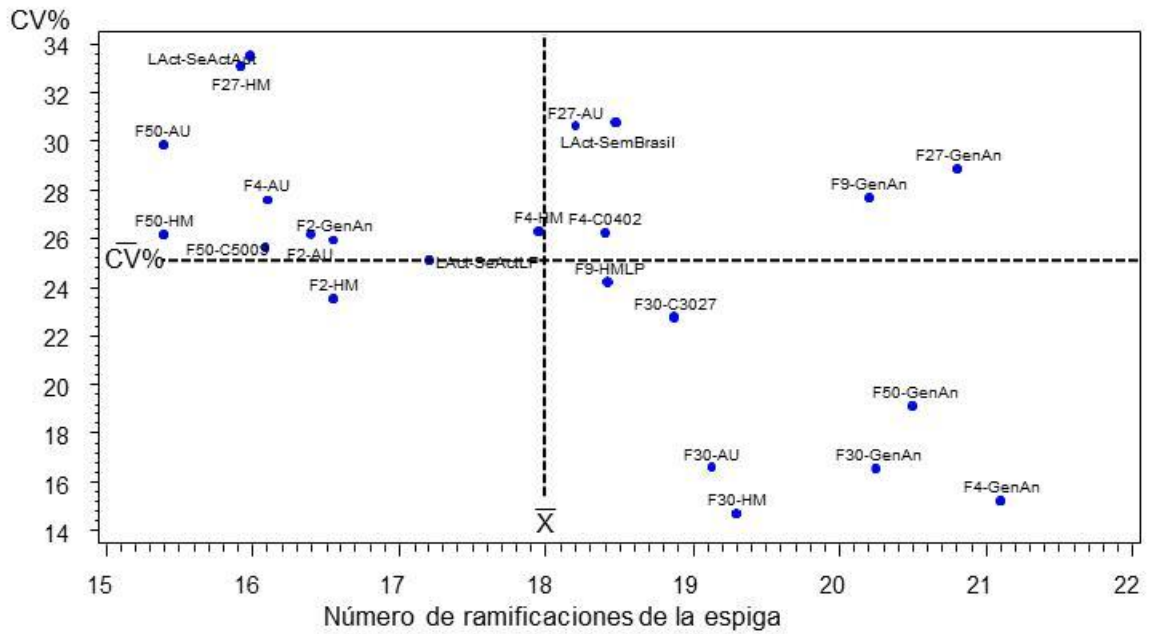


Figura 4-4. Distribución de familias y sub-familias con respecto a sus promedios y variaciones para el carácter de ramificaciones de la “espiga”.

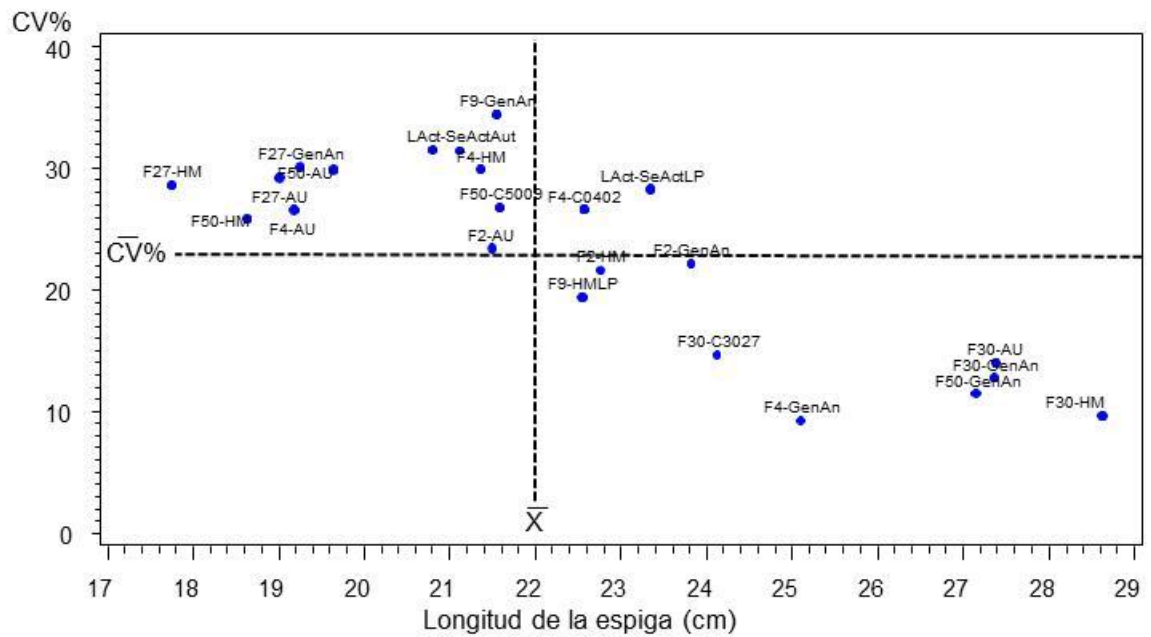


Figura 4-5. Distribución de familias y sub-familias con respecto a sus promedios y variaciones para el carácter de longitud de la “espiga”.

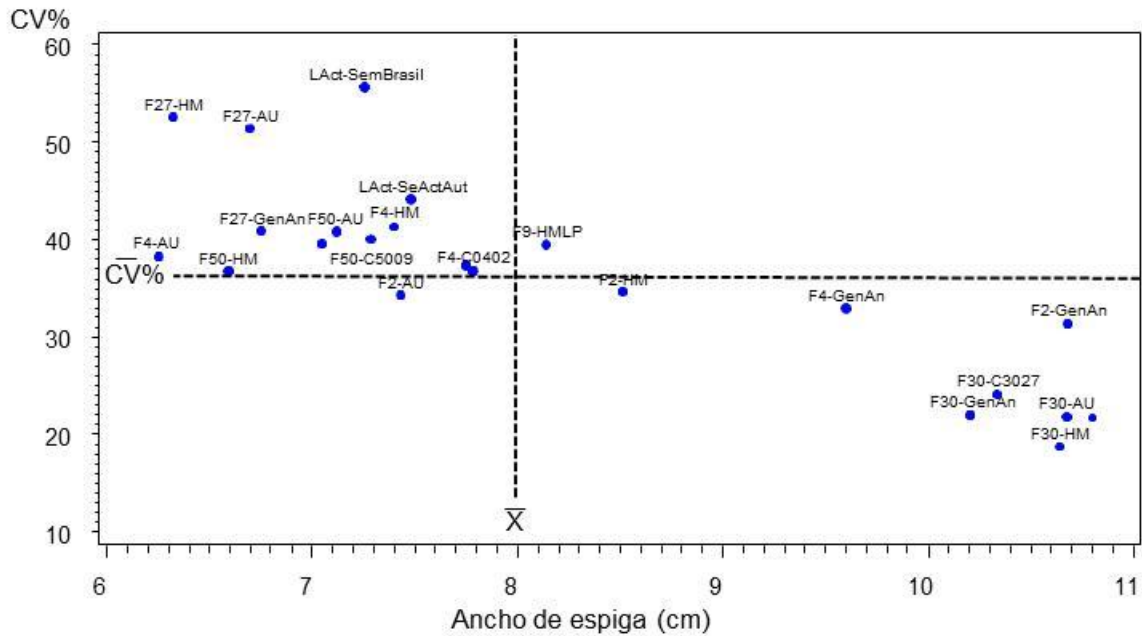


Figura 4-6. Distribución de familias y sub-familias con respecto a sus promedios y variaciones para el carácter de ancho de la “espiga”.

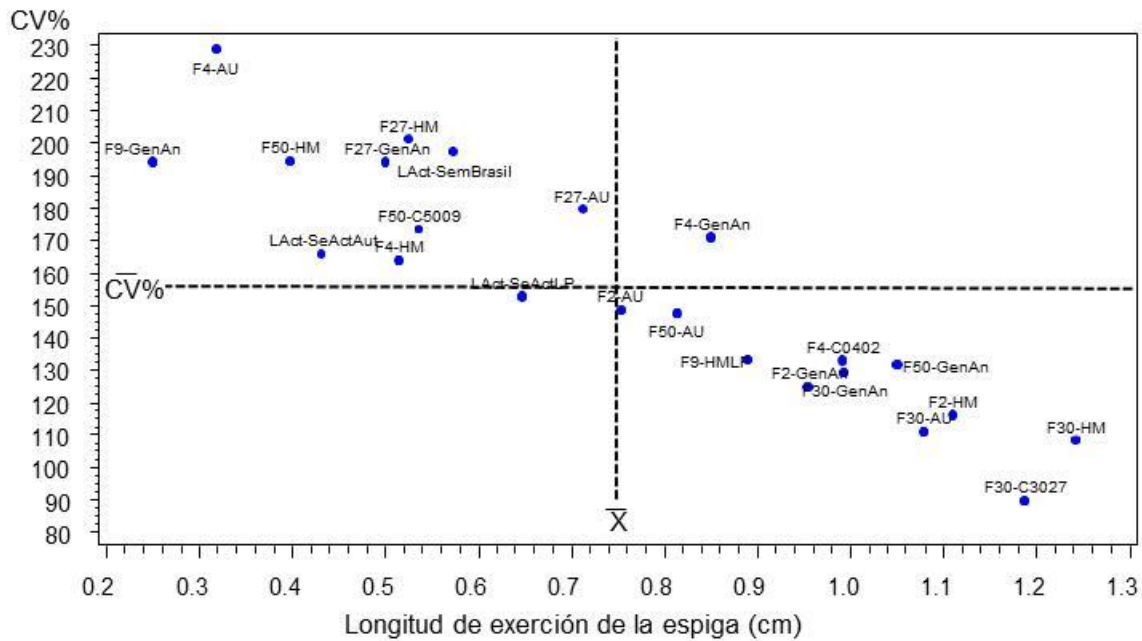


Figura 4-7. Distribución de familias y sub-familias con respecto a sus promedios y variaciones para el carácter de longitud de exención de la “espiga”.

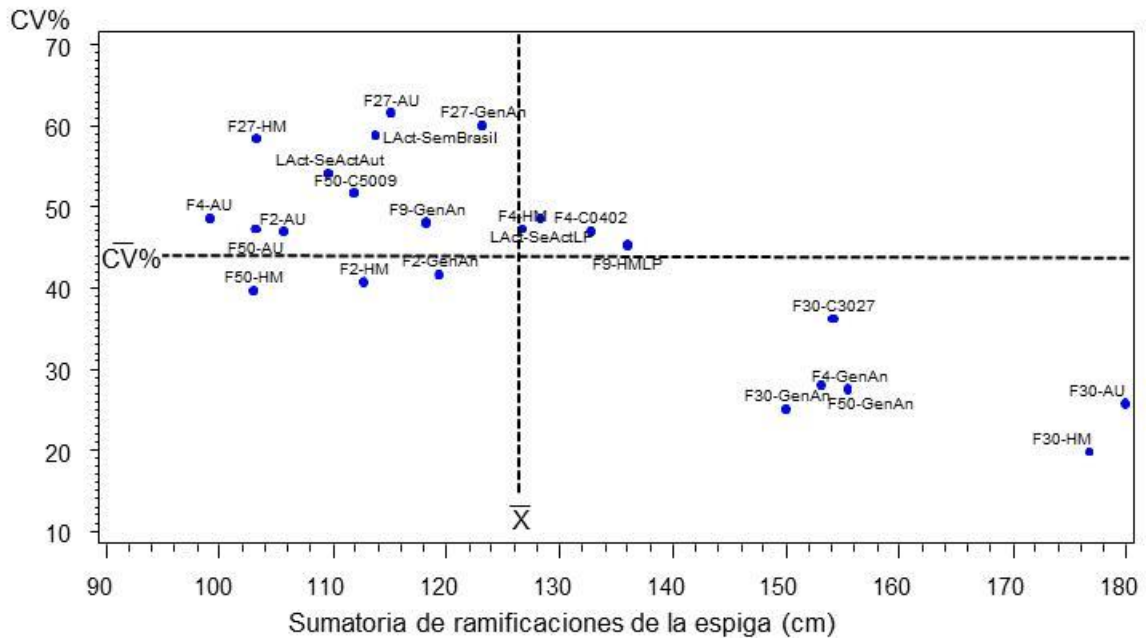


Figura 4-8. Distribución de familias y sub-familias con respecto a sus promedios y variaciones para sumatoria de ramificaciones de la “espiga”.

En el análisis de varianza, para los caracteres de altura de planta y de mazorca, longitud y ancho de “espiga”, número de ramificaciones de la “espiga”, sumatoria de las ramificaciones de la “espiga”, longitud de ejercerión de la “espiga” e índice de área efectivo de la “espiga” se logró identificar de forma significativa efecto familia, efecto cruzamiento e interacción cruzamiento dentro de familia (Tabla 4-19).

Tabla 4-19. Análisis de varianza para las sub-familias seleccionadas de la línea L-1758.

Variable	Fte de variación	GL	SC	CM	F-Valor	Pr > F
Altura de planta (cm)	Familia	6	1719693.9	286615.7**	1169.4	<.0001
	TipoCruza	4	47220.4	11805.1**	48.17	<.0001
	TipoCruza(FlialD)	4	26487.9	6622**	27.02	<.0001
	Plantas	111	435013.4	3919**	15.99	<.0001
Altura de mazorca (cm)	Familia	6	583454.5	97242.4**	1371.7	<.0001
	TipoCruza	4	18167.6	4541.9**	64.07	<.0001
	TipoCruza(FlialD)	4	11554.6	2888.6**	40.75	<.0001
	Plantas	111	154460.5	1391.5**	19.63	<.0001
Longitud de "espiga" (cm)	Familia	6	31990.6	5331.8**	358.25	<.0001
	TipoCruza	4	1510.4	377.6**	25.37	<.0001
	TipoCruza(FlialD)	4	454.0	113.5**	7.63	<.0001
	Plantas	113	10891.7	96.4**	6.48	<.0001
Ancho de "espiga" (cm)	Familia	6	6519.2	1086.5**	203.7	<.0001
	TipoCruza	4	57.5	14.4**	2.69	0.0295
	TipoCruza(FlialD)	4	126.3	31.6**	5.92	<.0001
	Plantas	113	3046.9	27**	5.05	<.0001
No de ramificación de la "espiga"	Familia	6	4390.9	731.8**	59.6	<.0001
	TipoCruza	4	114.2	28.5*	2.32	0.0545
	TipoCruza(FlialD)	4	298.6	74.6**	6.08	<.0001
	Plantas	113	6378.6	56.4**	4.6	<.0001
Longitud de ejerción de la "espiga" (cm)	Familia	6	173.1	28.8**	21.36	<.0001
	TipoCruza	4	17.2	4.3**	3.18	0.0128
	TipoCruza(FlialD)	4	22.3	5.6**	4.12	0.0025
	Plantas	113	280.1	2.5**	1.84	<.0001
Sumatoria de ramificación de la "espiga" (cm)	Familia	6	2177589.1	362931.5**	212.61	<.0001
	TipoCruza	4	40067.8	10016.9**	5.87	0.0001
	TipoCruza(FlialD)	4	41991.6	10497.9**	6.15	<.0001
	Plantas	107	1283533.9	11995.6**	7.03	<.0001
Índice del área efectiva de la "espiga" (IAE)	Familia	6	313542938.5	52257156.4**	172.99	<.0001
	TipoCruza	4	10011935.7	2502983.9**	8.29	<.0001
	TipoCruza(FlialD)	4	8710409.5	2177602.4**	7.21	<.0001
	Plantas	106	224125612.7	2114392.6**	7	<.0001

*,** Significativo al nivel de probabilidad $p < 0.1$ y $p < 0.05$

En el carácter altura de planta y de mazorca, las sub-familias generadas a partir de la familia 30 mostraron un comportamiento superior a todas las demás sub-familias para ambos caracteres, también se observó cómo en esta generación las sub-familias provenientes de las familias No 50, No 27 y los cruzamientos 50/9 se comportaron inferior a la línea actual, lo que indica que la familia 30 fue la única que mantuvo consistencia (Tablas 4-20 y 4-21).

Tabla 4-20 . Promedios de altura de planta en sub-familias seleccionadas.

Variable	Agrupamiento Duncan	Media	N	FlialDS1	Grupo ID	
Altura de planta (cm)	A	159.81	1252	30	1	
	B	135.59	212	2	2	
	B	132.30	10	(30/27)		
	C	124.40	10	(4/2)	3	
	C	D	115.79	70	9	4
	C	D	114.91	270	4	
	E	D	110.84	147	Línea actual	5
	E	F	103.40	10	(50/9)	6
	F		98.59	346	50	7
G		86.96	170	27	8	

DMS=10.88

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Tabla 4-21. Promedios para la altura de mazorca en sub-familias seleccionadas.

Variable	Agrupamiento Duncan	Media	N	FlialDS1	Grupo ID		
Altura de mazorca (cm)	A	77.26	1305	30	1		
	B	65.54	212	2	2		
	B	64.90	10	(30/27)			
	C	58.60	10	(4/2)	3		
	D	C	52.75	270	4	4	
	D	E	51.44	70	9		
	D	E	F	48.29	147	Línea actual	6
	E	F	45.60	10	(50/9)	7	
	F		42.38	346	50	8	
	G		34.94	170	27	9	

DMS=5.89

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Para el carácter de longitud de “espiga”, se demostró una vez más el potencial de las sub-familias de la 30, en donde el promedio de todas sus sub-familias es superior a las demás sub-familias, la línea actual muestra un promedio deficiente y por debajo de ella se encuentran las sub-familias No 50, 27 y 50/9, lo que indicó su depresión (Tabla 4-22).

Tabla 4-22. Promedios para longitud de “espiga” en sub-familias seleccionadas.

Variable	Agrupamiento Duncan	Media	N	FliIDS1	Grupo ID	
Longitud de “espiga” (cm)	A	27.53	1287	30	1	
	B	24.50	10	(30/27)	2	
	B	24.50	10	(4/2)		
	C	B	22.18	212	2	3
	C		21.91	70	9	4
	C		21.51	147	Línea actual	
	C		20.94	270	4	
	C		20.40	10	(50/9)	
	C	D	19.70	346	50	5
	D	17.81	170	27	6	

DMS=2.32

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Para el carácter ancho de “espiga”, no se encontraron grandes diferencias, se logró observar una superioridad de algunas sub-familias sobre la línea actual y los agrupamientos solo generaron 2 grupos y allí nuevamente la siguiente generación de la familia No 30 vuelve a ser superior (Tabla 4-23).

Para el carácter ramificaciones de la “espiga”, se observaron cómo algunas familias y cruzamientos son superiores que la línea actual y como varias sub-familias muestran un comportamiento inferior a la línea actual (Tabla 4-24).

Tabla 4- 23. Promedios para ancho de “espiga” en sub-familias seleccionadas.

Variable	Agrupamiento Duncan		Media	N	FlialDS1	Grupo ID
Ancho de “espiga” (cm)		A	10.57	1305	30	1
	B	A	8.75	10	(50/9)	2
	B	A	8.60	10	(30/27)	
	B	A	8.60	10	(4/2)	
	B	A	8.07	212	2	
	B		7.71	70	9	3
	B		7.46	147	Línea actual	
	B		7.14	268	4	
	B		6.98	345	50	
	B		6.22	170	27	

DMS=2.35

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Tabla 4-24. Promedios para número de ramificaciones de la “espiga” en sub-familias seleccionadas.

Variable	Agrupamiento Duncan		Media	N	FlialDS1	Grupo ID	
No de ramificaciones de la “espiga”		A	20.90	10	(30/27)	1	
		A	20.90	10	(4/2)		
	B	A	19.21	1321	30	2	
	B	C	18.66	70	9	3	
	B	C	D	17.57	270	4	4
	B	C	D	17.20	147	Línea actual	
		C	D	16.88	170	27	5
		C	D	16.80	212	2	
		C	D	16.70	10	(50/9)	
		D		15.70	346	50	

DMS=2.01

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Para los caracteres sumatoria de ramificaciones de la “espiga” e índice de área efectiva de la “espiga” se observó claramente la superioridad de las sub-familias generadas a partir de la familia No 30 (Tablas 4-25 y 4-26), estos dos caracteres mencionados están altamente correlacionados con el volumen de producción de polen.

Tabla 4-25. Promedios para sumatoria de ramificaciones de la “espiga” en sub-familias seleccionadas.

Variable	Agrupamiento Duncan	Media	N	FliatDS1	Grupo ID
Sumatoria de las ramificaciones de la “espiga” (cm)	A	171.53	1301	30	1
	B	142.20	10	(4/2)	2
	B	138.30	10	(30/27)	3
	B	129.25	70	9	
	B	118.52	270	4	
	B	115.49	147	Línea actual	
	B	110.63	211	2	
	B	110.00	10	(50/9)	
	C	105.84	289	50	4
C	104.89	170	27		

DMS=30.99

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Tabla 4-26. Promedios para índice de área efectiva de la “espiga” en sub-familias seleccionadas.

Variable	Agrupamiento	Media	N	FliatDS1	Grupo ID
Índice del área efectivo de la “espiga” (IAE)	A	1882.80	1256	30	1
	B	1448.10	67	9	2
	B	1427.90	10	(30/27)	
	C	1343.80	245	4	3
	C	1309.00	10	(4/2)	
	C	1285.70	144	Línea actual	
	C	1189.80	202	2	
	C	1104.30	10	(50/9)	
	C	1091.10	146	27	
	C	1024.30	266	50	4

DMS=324

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Se observó cómo el crecimiento y desarrollo evaluado con alturas de planta y de mazorca, en la familia No 30 generación anterior y las sub-familias producidas por cruzamientos en cadena y por autopolinizaciones no presentó diferencias significativas, lo que indica el potencial de la familia 30 al no deprimirse por ninguno de los dos sistemas de cruzamiento. Es de suma importancia ratificar el buen comportamiento de las familias seleccionadas en el ciclo anterior, las cuales en otra localidad y otra época de siembra siguen mostrando un mejor comportamiento con respecto a la línea actual (Tablas 4-27 y 4-28).

En el mismo análisis se observaron cómo las familias No 50, No 27, No 4 y No 9 seleccionadas como promisorias en un ciclo anterior, en esta siguiente generación cayeron sus promedios y se halló un parecido de nuevo con la línea actual, indicando un retroceso en la purificación de la línea al usar estas sub-familias, esto reivindica a la familia No 30 y a sus sub-familias como la única fuente disponible para lograr la estabilidad de la línea L-1758 (Tablas 4-27 y 4-28).

Igualmente los cruzamientos entre familias contrastantes no generaron ningún comportamiento superior al de sus padres, lo que indica ausencia de heterosis y ausencia de diferencias genéticas grandes entre las familias (Tablas 4-27 y 4-28).

En el carácter número de ramificaciones de la “espiga”, el cual es bien importante para lograr una mayor producción de polen, se logró observar como las generaciones anteriores o las familias se comportan igual de bien que en la localidad en que se seleccionaron, sin embargo no ocurre lo mismo con sus sub-familias, en donde las únicas sub-familias de AU y HM mostraron buen comportamiento son las provenientes de la familia No 30. Allí se logró observar como las sub-familias de la familia No 50 llegaron a tener un comportamiento igual de negativo al de la línea actual (Tabla 4-29).

Para el carácter longitud de “espiga” se logró observar de nuevo el potencial de las sub-familias de la familia No 30, en donde no hay diferencias significativas entre las que provienen de AU y las que provienen de HM, además siguen manteniendo sus caracteres deseables observados en la anterior localidad en donde se hicieron los cruzamientos y la selección de estas familias (Tabla 4-30).

En el carácter sumatoria de ramificaciones de la “espiga”, se observó claramente la misma tendencia en donde las sub-familias provenientes de la familia No 30 siguen mostrando potencial al presentar promedios altos, el carácter de sumatoria de las ramificaciones de la “espiga” es un carácter asociado con la producción de polen (Tabla 4-31).

Para el caso de índice de área efectiva de la “espiga”, se mostró claramente como el carácter no presentó diferencias entre las sub-familias de autos y hermanos medios provenientes de la familia No 30, lo cual mostró que en definitiva el camino para lograr la estabilidad de la línea se debe enfocar en las sub-familias provenientes de la familia No 30, el resto de sub-familias no presentaron potencial alguno ya que han mostrado comportamientos similares a la línea actual lo que indica una ganancia genética por selección muy pobre (Tabla 4-32).

Tabla 4-27. Promedios para altura de planta en la interacción familias y tipo de cruzamiento de la línea.

FlialDS1	Tipo de Cruza	N	Media (cm)	Agrupamiento Duncan		Grupo ID
2	Generación Anterior	11	170.55	A		1
4	Generación Anterior	10	164.90	A		
30	H. Medios	678	163.46	A		
30	Generación Anterior	72	163.00	A		
30	Autos	353	160.19	A		
50	Generación Anterior	10	156.50	A		
2	H. Medios	100	137.74	B		2
9	Generación Anterior	10	134.50	B C		3
2	Autos	81	127.63	C D		4
04//2	Cruzamiento entre	60	124.82	D		5
27	Generación Anterior	10	123.70	D E		6
30//27	Cruzamiento entre	20	123.05	D E F		7
4	H. Medios	100	116.42	E F G		8
Control	Semilla Brasil	55	115.69	F G		9
9	H.M LP	50	113.28	G H		10
Control	Semilla Actual LP	34	110.03	G H		
Control	Semilla Actual por autos	58	106.72	H I		11
50//09	Cruzamiento entre	70	101.97	I		12
50	Autos	99	101.39	I		
4	Autos	80	99.33	I J		13
27	Autos	40	93.25	J		14
50	H. Medios	147	91.98	J		
27	H. Medios	100	81.46	K		15

DMS=7.82

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Tabla 4-28. Promedios para altura de mazorca en la interacción familias y tipo de cruzamiento de la línea.

FlialDS1	CruzaTypeS1	N	Media (cm)	Agrupamiento Duncan			Grupo ID
4	Generación Anterior	10	88.00	A			1
2	Generación Anterior	11	87.09	A			
30	H. Medios	710	79.16	B			2
30	Generación Anterior	72	78.24	B C			3
30	Autos	374	77.06	B C			
50	Generación Anterior	10	74.80	C			4
9	Generación Anterior	10	69.70	D			5
2	H. Medios	100	65.44	E			6
27	Generación Anterior	10	64.10	E			
2	Autos	81	61.95	E F			7
04//02	Cruzamiento entre	60	59.08	F			8
30//27	Cruzamiento entre	20	54.00	G			9
4	H. Medios	100	53.65	G			
Control	Semilla Brasil	55	52.51	G			
9	H.M LP	50	47.40	H			10
Control	Semilla Actual por autos	58	46.40	H I			11
Control	Semilla Actual LP	34	44.68	H I J			12
50//09	Cruzamiento entre	99	44.20	H I J			
50	Autos	70	42.77	I J K			13
4	Autos	80	41.71	J K			14
27	Autos	40	39.20	K			15
50	H. Medios	147	38.77	K			
27	H. Medios	100	29.54	L			16

DMS=4.23

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Tabla 4- 29. Promedios para No de ramificaciones de la “espiga” en la interacción familias y tipo de cruzamiento.

FliID1	CruzaTypeS1	N	Media (No)	Agrupamiento Duncan				Grupo ID
4	Generación Anterior	10	21.10	A				1
27	Generación Anterior	10	20.80	A				
50	Generación Anterior	10	20.50	A		B		2
30	Generación Anterior	72	20.25	A	B	C		
9	Generación Anterior	10	20.20	A	B	C	D	4
30	H. Medios	709	19.29	B C D E				
30	Autos	373	19.13	C D E				6
30//27	Cruzamiento entre	40	18.88	D E				
Control	Semilla Brasil	55	18.47	E F				8
9	H. Medios LP	50	18.42	E F				
4//2	Cruzamiento entre	60	18.40	E F				
27	Autos	40	18.20	E F				
4	H. Medios	100	17.95	E F				
Control	Semilla Actual LP	34	17.21	F G				9
2	H. Medios	100	16.55	G H				
2	Generación Anterior	11	16.55	G H				10
2	Autos	81	16.40	G H				
4	Autos	80	16.10	G H				
50//09	Cruzamiento entre	70	16.09	G H				
Control	Semilla Actual por Autos	58	15.98	G H				
27	H. Medios	100	15.92	G H				11
50	H. Medios	147	15.39	H				
50	Autos	99	15.39	H				

DMS=1.36

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Tabla 4-30. Promedios para longitud de “espiga” en la interacción familias y tipo de cruzamiento de la línea

FlialDS1	CruzaTypeS1	N	Media (cm)	Agrupamiento Duncan	Grupo ID
30	Sibes Cadena	688	28.56	A	
30	Autos	360	27.38	A	1
30	Generación Anterior	72	27.36	A	
50	Generación Anterior	10	27.15	A	
4	Generación Anterior	10	25.10	B	2
30//27	Cruzamiento entre	40	24.13	B C	3
2	Generación Anterior	11	23.82	B C D	4
Control	Semilla Actual LP	34	23.35	C D	5
2	Sibes Cadena	100	22.76	C D E	6
04//02	Cruzamiento entre	60	22.58	C D E F	7
9	Sibes LP	50	22.55	D E F	8
50//09	Cruzamiento entre	70	21.59	E F G	
9	Generación Anterior	10	21.55	E F G	9
2	Autos	81	21.50	E F G	
4	Sibes Cadena	100	21.37	E F G	
Control	Semilla Actual por autos	58	21.11	F G H	10
Control	Semilla Brasil	55	20.80	G H I	11
50	Autos	99	19.64	H I J	12
27	Generación Anterior	10	19.25	I J K	13
4	Autos	80	19.18	J K	
27	Autos	40	19.01	J K	14
50	Sibes Cadena	147	18.63	J K	
27	Sibes Cadena	100	17.76	K	

DMS=1.57

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Tabla 4-31. Promedios para sumatoria de las ramificaciones de la “espiga” en interacción familias y tipo de cruzamiento.

FlialDS1	CruzaTypeS1	N	Media	Agrupamiento Duncan					Grupo ID
30	Autos	371	179.90	A					1
30	H. Medios	693	179.35	A					
4	Generación Anterior	10	155.45	B					2
30//27	Cruzamiento entre	38	154.12	B					
50	Generación Anterior	10	153.10	B		C			3
30	Generación Anterior	72	149.97	B		C			
9	H. Medios LP	50	136.00	B	C	D			4
04//02	Cruzamiento entre	60	132.75	C			D E		5
Control	Semilla Actual LP	34	128.31	D			E F		6
4	H. Medios	100	126.70	D			E F G		7
27	Generación Anterior	10	123.10	D			E F G H		8
2	Generación Anterior	11	119.41	D			E F G H I		
9	Generación Anterior	10	118.25	D			E F G H I		9
27	Autos	40	115.15	D			E F G H I		
Control	Semilla Brasil	55	113.75	E			F G H I		10
2	H. Medios	100	112.71	E			F G H I		
50//09	Cruzamiento entre	70	111.84	E			F G H I		11
Control	Semilla Actual por autos	58	109.62	F			G H I		
2	Autos	80	105.67	G			H I		12
27	H. Medios	100	103.22	H			I		13
50	Autos	99	103.19	H			I		
50	H. Medios	90	102.98	I					14
4	Autos	80	99.15	I					

DMS 21.09

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Tabla 4-32. Promedios para índice de área efectiva de la “espiga” en interacción familias y tipo de cruzamiento de la línea.

FlialDS1	CruzaTypeS1	N	Media	Agrupamiento Duncan	Grupo ID
30	Autos	352	2080.55	A	1
30	H. Medios	669	1928.75	A B	2
4	Generación Anterior	10	1781.99	B C	3
30//27	Cruzamiento entre	37	1623.10	C D	4
9	Generación Anterior	8	1579.34	C D E	5
30	Generación Anterior	72	1568.19	C D E F	6
9	H. Medios LP	49	1515.47	D E F	7
04//02	Cruzamiento entre	57	1460.61	D E F G	
50	Generación Anterior	10	1453.70	D E F G	
4	H. Medios	87	1444.15	D E F G	8
Control	Semilla Actual LP	34	1440.86	D E F G	
27	Autos	33	1379.66	E F G H	9
27	Generación Anterior	10	1347.51	F G H I	10
2	Generación Anterior	11	1281.92	G H I J	11
Control	Semilla Actual por autos	56	1262.35	G H I J K	12
Control	Semilla Brasil	54	1212.25	H I J K	13
2	Autos	76	1189.03	H I J K L	
4	Autos	72	1165.40	H I J K L	14
2	H. Medios	97	1157.42	I J K L	15
50	Autos	84	1079.52	J K L M	16
50//09	Cruzamiento entre	69	1055.32	K L M	17
27	H. Medios	88	973.61	L M	18
50	H. Medios	83	912.28	M	19

DMS 221.9

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Al graficar la distribución de las sub-familias de la familia 30, se logra observar que hay varias sub-familias promisorias, debido a que presentaron promedios altos y variaciones bajas y se observan otras sub-familias con un comportamiento de regular a malo en sus promedios y en sus variaciones altas.

Para altura de planta la sub-familia denominada 30AU02 (Autopolinización No 2) presentó un promedio muy alto y un coeficiente de variación bajo en altura de planta, lo que hace que esta sub-familia presente un alto potencial para el mejoramiento de la productividad de semilla del híbrido H-4560, importante resaltar como las parcelas conformadas por los masales de autos y hermanos medios respectivamente presentan promedios más bajos en altura de planta y mayor variabilidad, lo que indica que al hacer un masal de las diferentes familias se observa la gran variabilidad que hay entre ellas (Figura 4-9).

Para el carácter de número de ramificaciones de la “espiga”, es importante resaltar como dos cruzamientos entre las familias 30 y 27 presentaron un comportamiento deseable (mayor a 15 ramificaciones de la “espiga”) y una variación baja, en esta ocasión la sub-familia AU02 presentó un comportamiento dentro del promedio general de la población y una variación media a la que presenta toda la población (Figura 4-10).

Para el carácter longitud de “espiga” la sub-familia AU02 presentó un excelente comportamiento con una “espiga” de longitud cercana a los 30 cm, la cual va a contribuir al aumento en la producción de polen, además de una variación muy baja (Figura 4-11)

Se consideró en la evaluación el carácter ancho de “espiga” ya que es posible que al haber una mayor apertura de ramificaciones (se mide como ancho de “espiga”), pueda haber una mayor producción de polen, sin embargo no hay estudios que consideren este carácter importante para la producción de polen, pero si se observa una correlación entre longitud de “espiga” y ancho de “espiga” ($R^2=0.92$). En este carácter la sub-familia AU02 vuelve a sobresalir (Figura 4-12).

El carácter longitud de ejerción de “espiga”, es un carácter bien complejo por su alta variabilidad, además no hay estudios que demuestren su importancia para la producción de polen, sin embargo en observaciones de campo se pudo apreciar que plantas con una baja ejerción tienden a encapsular el polen en las hojas que están muy cerca a la “espiga”, dificultando así la liberación de polen al ambiente. Para este caso la sub-familia 30AU2 presentó un comportamiento cercano a la media general de la población (Figura 4-13).

Para el carácter sumatoria de las ramificaciones de la “espiga” se observó cómo la sub-familia AU02 presentó promedios altos y variaciones bajas, haciendo de esta sub-familia un recurso importante para mejorar la producción de polen en la hibridación del genotipo H-4560 (Figura 4-14).

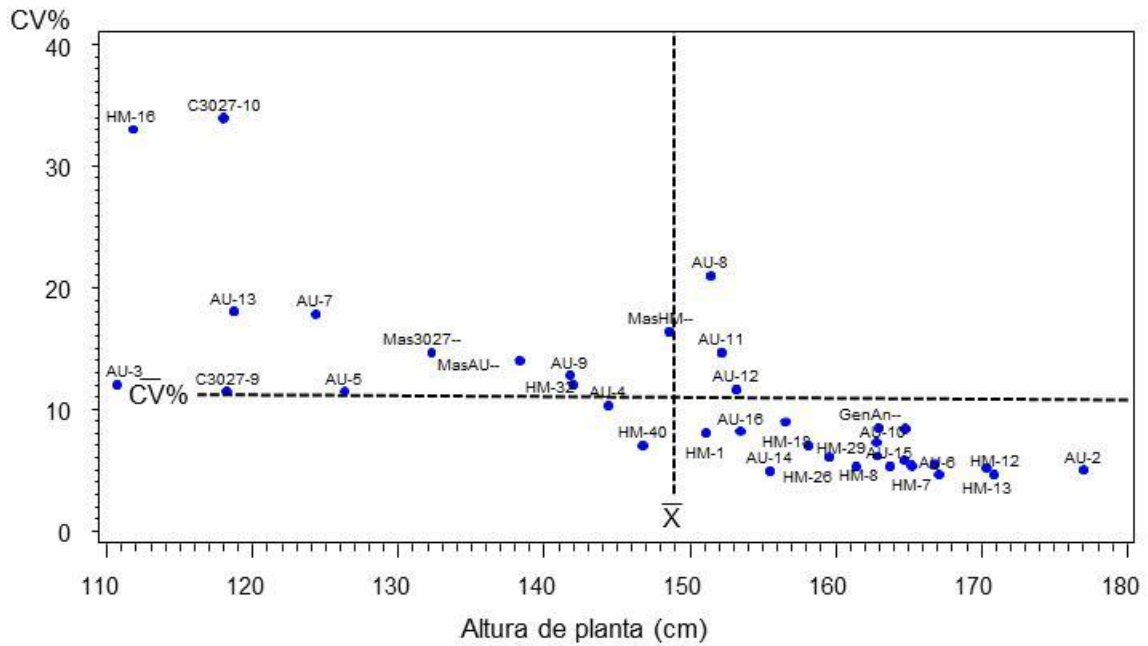


Figura 4-9. Distribución de sub-familias de la familia 30 con respecto a sus promedios y su variación para altura de planta.

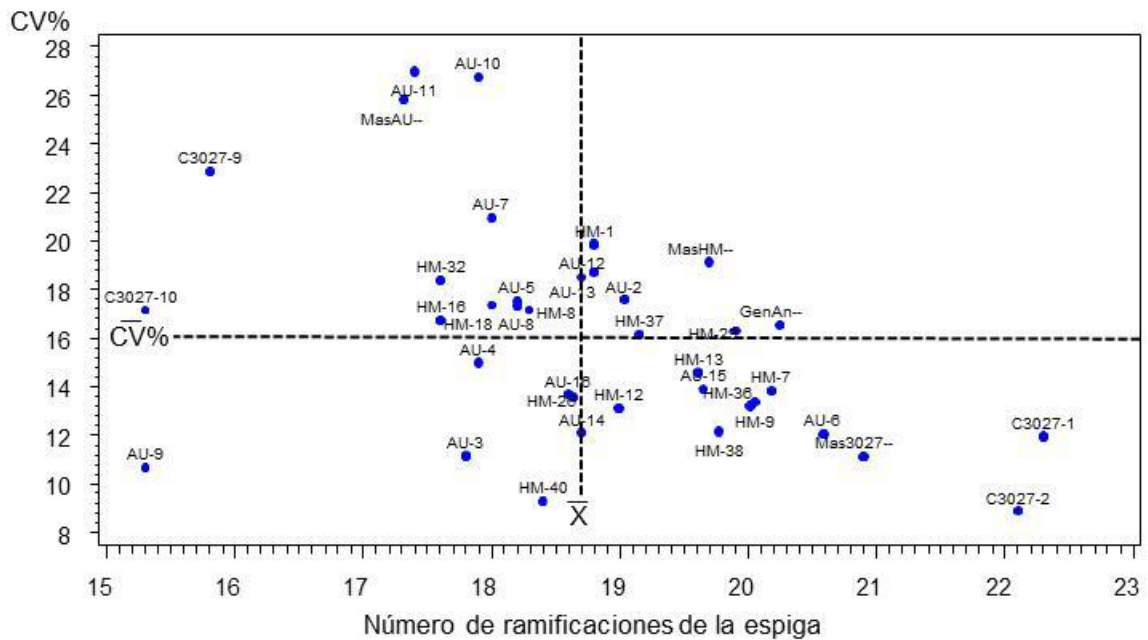


Figura 4-10. Distribución de sub-familias de la familia 30 con respecto a sus promedios y su variación para número de ramificaciones de la “espiga”.

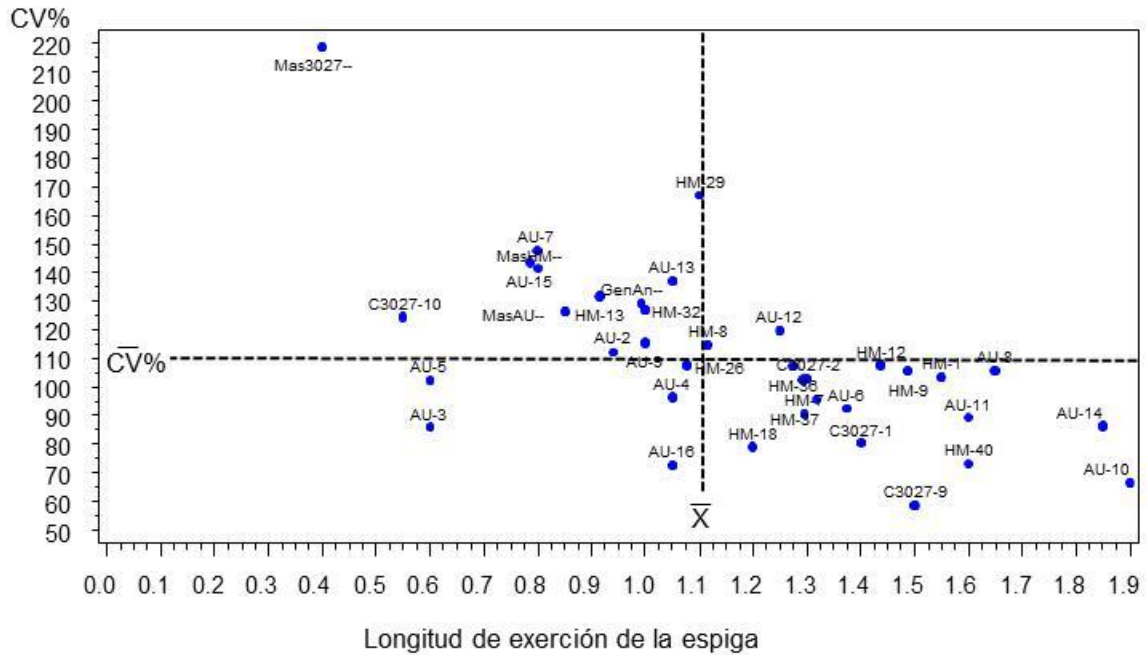


Figura 4-13. Distribución de sub-familias de la familia 30 con respecto a sus promedios y su variación para longitud de ejerción de la “espiga”.

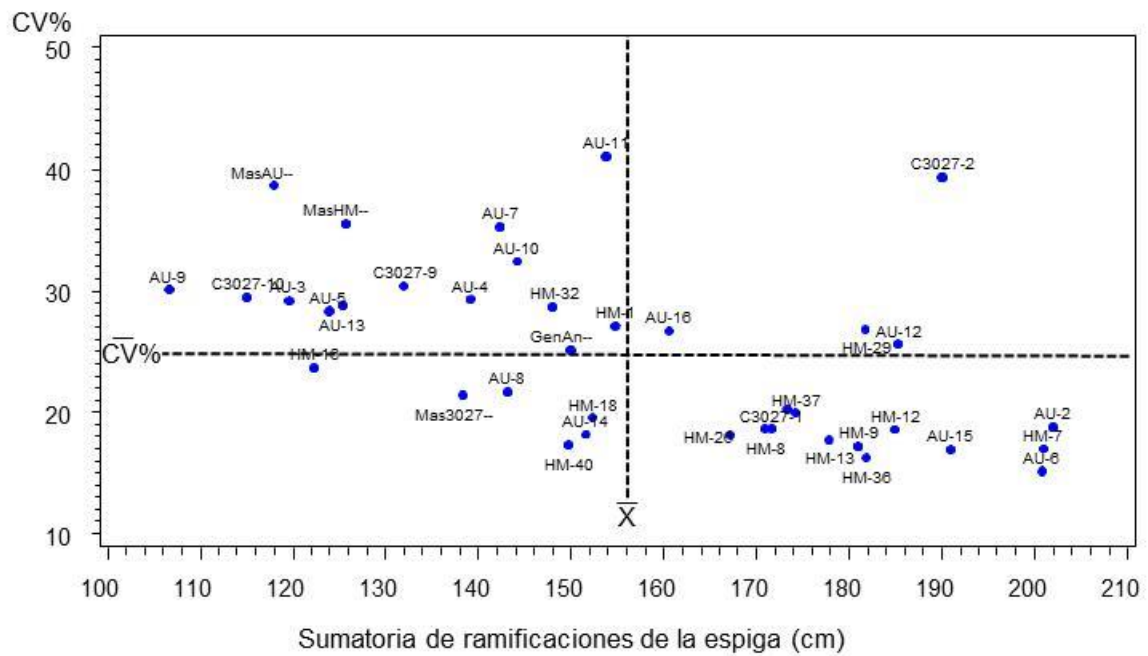


Figura 4-14. Distribución de sub-familias de la familia 30 con respecto a sus promedios y su variación para sumatoria de ramificaciones de la “espiga”.

Durante el segundo ciclo de purificación de la línea L-1758 (evaluación de sub-familias), se logró identificar el gran potencial de la sub-familia 30.AU.02 para su uso como parental masculino del híbrido comercial, debido a su uniformidad en todos sus caracteres, buen desarrollo y excelentes características de “espiga” que contribuyen a una alta producción de polen (Figura 4-15).

Caso contrario se observó en las sub-familias de la familia 50, después de avanzar el siguiente ciclo, las sub-familias de la No 50, presentaron un comportamiento igual o peor al que presentó la línea actual (Figura 4-17), eso indica que la familia 50 presentó problemas de depresión por endogamia, las plantas quedan de porte muy bajo, susceptibles a virosis, desarrollo anormal de las plantas, signos de andro-esterilidad en las “espigas”, plantas que no desarrollan raíces y plantas que no sincronizan en su floración (Figura 4-16).



Figura 4-15. Sub-familia 30.AU.02 en floración (Autor, 2013).



Figura 4-16. Sub-familia proveniente de la familia 50 (Autor, 2013).



Figura 4-17. Línea actual a partir de semilla importada de Brasil (Autor, 2013).

4.4 Evaluación de polen en familias y sub-familias seleccionadas

4.4.1 Viabilidad de polen en familias de AU seleccionadas

A las familias seleccionadas se le hizo análisis de polen, en donde en forma general se pudo observar que todas las familias presentaron una viabilidad de regular a buena, según Paliwal (2001) la viabilidad por debajo del 80% se considera indeseable y que genera problemas de llenado y rendimiento en producciones de maíz (Tabla 4-33).

Tabla 4-33. Porcentaje de viabilidad de polen en familias seleccionadas.

Familia ID	Viabilidad Promedia de polen (%)
2	76%
4	82%
9	72%
27	74%
30	77%
50	81%

Siguiendo la metodología de Orrillo y Bonierbale (2009), metodología utilizada en el cultivo de la papa, pero la cual se usó y se adaptó a las condiciones de maíz. Se establecieron diferencias en la tinción de granos de polen, observando diferencias entre familias, pero por la limitante en el número de muestras, no se logró hacer un análisis de varianza (4-18 y 4-19)

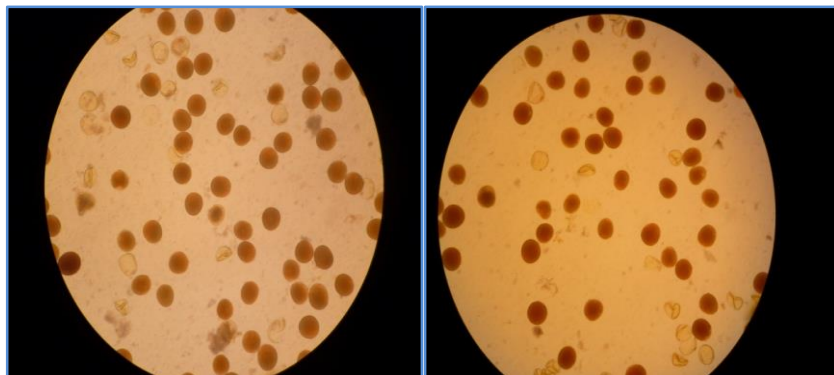


Figura 4-18. Tinción de granos de polen en la familia 30 y 50 (Agudelo y Varón, 2013).

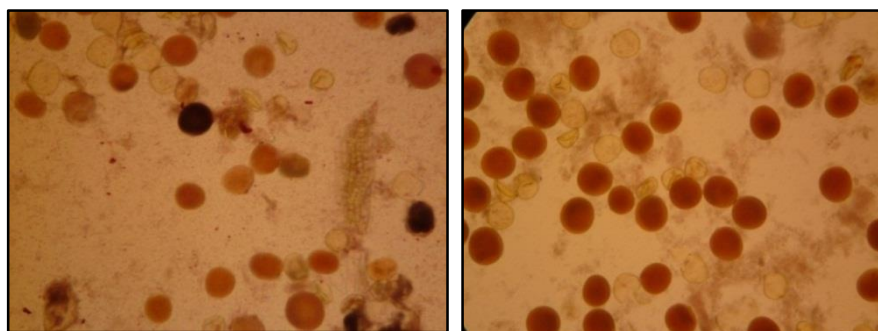


Figura 4-19 Tinción de polen con baja y alta viabilidad. (Agudelo y Varón, 2012).

4.4.2 Viabilidad de polen en sub-familias de AU y HM

En algunas de las sub-familias de interés y a la línea actual se le tomaron la respectiva muestra para el análisis de viabilidad de polen (Tablas 4-34, 4-35 y 4-36).

La media general del muestreo fue de 84.1%, con una desviación estándar de 4.1% y un coeficiente de variación de 5% en viabilidad de polen.

Se considera que a pesar del mal desarrollo y comportamiento de algunas sub-familias y de la línea actual, estas presentaron una buena viabilidad de polen, en su mayoría buena, según Paliwal (2001), viabilidades arriba del 80% se consideran ideales para la producción de maíz.

Tabla 4-34. Porcentaje de viabilidad de polen en sub-familias seleccionadas de la familia No2, No4, No9 y No27.

Familia ID	Tipo Cruzamiento o Sub-familia	Viabilidad de polen (%)
2	AU2	84.3%
2	Masal AU	79.5%
2	AU12	85.8%
2	Masal HM	84.8%
2	Generación anterior	86.6%
4	Masal AU	80.5%
4	HM12	86.3%
4	HM24	78.7%
4	HM25	87.0%
4	Masal HM	85.0%
4	Generación anterior	81.4%
9	Masal HM-LP	80.9%
9	Generación anterior	80.7%
27	Masal Autos	76.4%
27	Masal HM	82.9%
27	Generación anterior	81.3%

Tabla 4-35. Porcentaje de viabilidad de polen en sub-familias de la familia No30.

Familia ID	Tipo Cruzamiento o Sub-familia	Viabilidad de polen (%)
30	Masal AU	87.0%
30	Masal HM	81.9%
30	AU2	85.3%
30	AU6	86.2%
30	AU15	86.1%
30	HM7	98.7%
30	HM8	81.6%
30	HM9	87.7%
30	HM12	85.3%
30	HM13	90.5%
30	HM26	86.3%
30	HM36	84.1%
30	HM37	84.8%
30	HM38	85.0%
30	Generación anterior	85.7%

Tabla 4-36. Porcentaje de viabilidad de polen en cruzamientos entre familias.

Familia ID	Tipo Cruzamiento o Sub-familia	Viabilidad de polen (%)
(04/02)	Cruza1/(4/2)	85.2%
(04/02)	Cruza2/(4/2)	85.5%
(30/27)	Cruza1/(30/27)	84.8%
(30/27)	Cruza2/(30/27)	89.6%
(30/27)	Masal (30/27)	75.1%
(04/02)	Masal (4/2)	83.4%
(50/09)	Cruza2/ (50/9)	79.8%
(50/09)	Cruza5/ (50/9)	80.0%
(50/09)	Masal entre flias	95.1%
50	Masal AU	78.9%
50	Masal HM	81.6%
50	AU6	85.5%
50	AU9	79.7%
50	Generación anterior	80.8%
Control	Línea Actual por LP	83.5%
Control	Línea Actual por Autos	81.5%
Control	Linea actual (Semilla Brasil)	90.6%

4.4.3 Comportamiento de sub-familias para el carácter de producción de polen

Para el carácter cantidad de polen producido por “espiga” para cada una de las sub-familias de las familias, se encontraron diferencias significativas (Tabla 4-37).

Tabla 4-37. Análisis de varianza para peso de polen y número de granos de polen por “espiga” en sub-familias.

Variable	Fuente de variación	GL	SC	CM	F Value	Pr > F
Peso de polen (mg)	FamilialD	11	914828.7	83166.24**	5.21	0.0001
	Plantald	2	14880.3	7440.152	0.47	0.6319
Cantidad de Polen (Millones/”espiga”)	FamilialD	11	8.653099	7.866454**	3.22	0.0047
	Plantald	2	4.991499	2.495749	1.02	0.3712

** Significativo al nivel de probabilidad $p < 0.05$.

Se observó un comportamiento mejor de la familia No 30 para peso de polen y número de granos de polen por “espiga” (Tablas 4-38 y 4-39).

Tabla 4-38. Promedios de peso de polen por “espiga” para sub-familias.

Agrupamiento Duncan	Media (mg)	N	Familia ID	Grupo ID	
	A	492	6	F30	1
B	A	291.4	6	F2	2
B	C	209.1	6	F4	
B	C	183.9	2	F30027	
B	C	155.7	6	F27	
B	C	91.2	6	F50	3
B	C	79.6	2	F402	
B	C	62.2	2	L. Actual por Autos	
B	C	61	3	F9	
	C	40.7	2	L. Actual LP	
	C	39	2	F5009	4
	C	29.3	3	Semilla Brasil	

DMS=210.2

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Tabla 4-39. Promedios de cantidad de polen por “espiga”.

Agrupamiento Duncan	Media (No)	N	FamilialID	Grupo ID	
	A	14,250,486	6	F30	1
B	A	11,371,448	6	F2	2
B	A	9,531,638	2	F30/27	
B	A	6,473,285	6	F4	3
B	C	4,860,817	6	F27	
B	C	3,692,938	2	F402	
B	C	3,538,369	6	F50	4
B	C	2,165,042	3	F9	
B	C	2,039,844	2	L. Actual por Autos	
	C	1,302,400	2	L. Actual LP	
	C	940,425	2	F50/09	5
	C	799,050	3	Semilla Brasil	

DMS=8'217,684

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%

En la figura 4-20 se logra ver a una “espiga” cubierta por la bolsa especial mencionada, la cual permite intercambio gaseoso y permite recoger allí todo el polen producido durante el periodo de floración.



Figura 4-20. “Espiga” cubierta durante la floración durante la colecta de polen (Restrepo, 2013).

4.4.4 Modelo de regresión entre características de “espiga” y producción de polen

A partir de la regresión múltiple entre caracteres de la “espiga” y peso de polen por “espiga” (Tabla 4-40), se estimó el modelo para calcular el peso de polen que libera la línea L-1758 a partir de determinado número de ramificaciones y determinada sumatoria de las ramificaciones de la “espiga”, en donde solo estas dos características fueron significativas, por ende estaban directamente correlacionadas con la producción de polen por “espiga” medida en miligramos. Los caracteres de longitud de “espiga”, longitud de ejerción e índice de área efectiva de la “espiga” no presentaron correlación con la producción de polen media en miligramos. Con el modelo estimado se logró un $R^2=0.66$. Modelo estimado:

$$Y_{(mg)} = -13.51(Ram) + 3.27 (SumLonRam).$$

Tabla 4-40. Regresión múltiple entre peso de polen por “espiga” y caracteres de la “espiga”.

Variable	Estimador del parámetro	Error Estándar	Suma de cuadrados	F-Valor	Pr > F
Ram (No)	-13.51457	5.6611	133731**	5.7	0.021
SumLonRam (cm)	3.27282	0.78829	404488**	17.24	0.0001

** Significativo al nivel de probabilidad $p<0.05$

Se estimó el modelo para calcular el número de granos de polen que libera una “espiga” de la línea L-1758 a partir de una determinada sumatoria de las ramificaciones de la “espiga”, número de ramificaciones de la misma e índice de área efectivo de la “espiga” (Tabla 4-41). Por la naturaleza de la variable de número de granos de polen, el cual son valores muy grandes, se procedió a hacer una transformación de la variable a partir de la función logaritmo. Con el modelo estimado se logra un $R^2=0.96$.

Modelo estimado:

$$\text{Log}(Y_{\text{(millones de granos)}}) = 0.45(\text{NoRam}) + 0.040(\text{SumLonRam}) + 0.00345(\text{IAE})$$

Tabla 4-41. Regresión múltiple de ramificaciones de la “espiga”, sumatoria de ramificaciones de la “espiga” e índice de área efectiva de la “espiga” con logaritmo de número de millones de granos de polen por “espiga”.

Variable	Estimador del parámetro	Error Estándar	Suma de cuadrados	F-Valor	Pr > F
No Ramificaciones	0.45	0.10515	134.92**	18.36	0.0001
SumLonRam (cm)	0.040	0.01446	57.65**	7.84	0.0076
IAE	0.00345	0.00192	23.73*	3.23	0.0794

*,** Significativo al nivel de probabilidad $p<0.10$ y $p<0.05$

4.5 Comportamiento de la línea-1758 versión mejorada en tres localidades.

A simple vista, sin el análisis de varianza y sin las pruebas de significancia, se observó en las tres localidades la superioridad de la sub-familia 30.AU.02 tanto por autos (AU) y por cruzamientos en cadena o fraternos (Sibes) (Tablas 4-42, 4-43, 4-44).

Se observó que las diferencias de los promedios entre la versión mejorada de la línea producida por hermanos medios y producida por autos es mínima, pero si hubo diferencia entre las dos fuentes de la línea mejorada y la línea actual, la cual presentó promedios bajos y variaciones muy altas (Tablas 4-42, 4-43, 4-44).

En las tres localidades la variación del carácter de longitud de la exercción de la “espiga” siempre fue alta. La línea actual presentó promedios más bajos y coeficientes de variación altos al ser comparada con la versión mejorada (Tablas 4-42, 4-43, 4-44).

El análisis de varianza mostró que para todos los caracteres de planta y de rendimiento hubo efecto localidad y efecto genotipo (Tablas 4-45 Y 4-46).

Para todos los caracteres de planta hubo diferencia entre las localidades, en donde la localidad Candelaria obtuvo los mejores promedios seguido de la localidad Guacarí y quedando la localidad Yumbo como la de peor comportamiento. Sin embargo para el

carácter longitud de “espiga” no hubo diferencia significativa entre las localidades Guacarí y Yumbo (Tabla 4-47).

Con respecto a los caracteres relacionados con el rendimiento; porcentaje de grano, porcentaje de llenado de mazorcas, rendimiento de grano en Kg/ha, rendimiento de semilla en Kg/ha y bolsas/ha, entre las localidades Yumbo y Guacarí no hubo diferencias significativas y la localidad Yumbo si se comportó diferente a las dos anteriores (Tabla 4-48).

Con respecto al efecto genotipo se observó que para altura de planta y para todos los caracteres relacionados con la “espiga”, la versión mejorada de la línea producida por autopolinizaciones presentó un comportamiento mejor con respecto a la línea producida por cruzamientos en cadena o fraternos (Sibes), sin embargo para el carácter altura de mazorca no hubo diferencias significativas entre la versión mejorada producida por sibes y producida por autopolinizaciones, también se observó que para las variables mencionadas anteriormente, la línea actual siempre estuvo con el promedio más bajo (Tablas 4-49).

Para los caracteres relacionados con el rendimiento como; porcentaje de llenado de mazorcas, rendimiento de grano en Kg/ha, rendimiento de semilla en Kg/ha y bolsas/ha, no se observaron diferencias significativas entre la línea producida por autopolinizaciones y la línea producida por fraternos en cadena. El porcentaje de grano si presentó diferencias entre la línea producida autopolinizaciones y la línea producida por fraternos, en donde la línea producida pos autopolinizaciones presentó mejor comportamiento para el carácter mencionado.

Para todos los caracteres mencionados anteriormente la línea actual siempre presentó el comportamiento más bajo (Tablas 4-49 y 4-50).

Tabla 4-42. Comportamiento de la sub-familia 30.AU.02 y de la línea actual en Candelaria.

Genotipo	Variable	Media	Dev Std	CV %	Valor t	Mín.	Máx.	Ran.
30.AU.02 Masal AU	Altplant (cm)	184.2	14.1	7.6	143.2	151.0	214.0	63.0
	Altmzca (cm)	83.5	8.8	10.5	104.4	60.0	108.0	48.0
	LongEs (cm)	31.5	2.7	8.7	125.6	24.0	40.0	16.0
	AnEspí (cm)	16.8	4.1	24.3	45.0	8.0	28.0	20.0
	No Ram	24.9	3.1	12.4	88.6	17.0	36.0	19.0
	LonEx (cm)	1.4	1.7	118.0	9.3	0.0	5.5	5.5
	% Grano	76.2	0.7	1.0	203.3	75.1	76.8	1.7
	% Llenado	81.9	9.2	11.2	17.8	74.9	95.2	20.3
	Grano Kg/ha	5388.7	864.0	16.0	12.5	4786.6	6620.7	1834.1
	Semilla Kg/ha	4311.0	691.2	16.0	12.5	3829.3	5296.6	1467.3
	Semilla Bol/ha	215.5	34.7	16.1	12.4	191.0	265.0	74.0
30.AU.02 Masal Sibes	Altplant (cm)	182.4	15.1	8.3	131.9	142.0	210.0	68.0
	Altmzca (cm)	82.0	9.5	11.6	94.1	55.0	103.0	48.0
	LongEs (cm)	31.6	3.9	12.4	88.3	1.5	38.5	37.0
	AnEspí (cm)	18.3	3.8	21.0	52.2	9.0	26.0	17.0
	No Ram	21.6	2.9	13.4	82.1	15.0	29.0	14.0
	LonEx (cm)	1.6	1.8	112.7	9.7	0.0	7.0	7.0
	% Grano	66.4	6.7	10.1	19.7	56.4	70.8	14.5
	% Llenado	66.4	17.1	25.8	7.7	40.8	77.1	36.2
	Grano Kg/ha	4784.1	1731.6	36.2	5.5	2214.3	5985.9	3771.6
	Semilla Kg/ha	3827.3	1385.3	36.2	5.5	1771.4	4788.7	3017.3
	Semilla Bol/ha	191.5	69.0	36.0	5.6	89.0	239.0	150.0
Línea Actual	Altplant (cm)	136.3	28.1	20.6	53.2	73.0	200.0	127.0
	Altmzca (cm)	64.3	14.2	22.0	49.7	35.0	100.0	65.0
	LongEs (cm)	21.8	5.7	26.3	41.7	9.0	37.5	28.5
	AnEspí (cm)	10.1	4.7	46.8	23.4	2.0	22.0	20.0
	No Ram	19.9	5.6	28.1	39.0	6.0	30.0	24.0
	LonEx (cm)	0.7	1.1	147.7	7.4	0.0	4.5	4.5
	% Grano	60.6	0.4	0.7	270.0	60.2	61.2	1.0
	% Llenado	30.6	4.3	14.3	13.9	27.3	36.7	9.3
	Grano Kg/ha	1827.1	131.0	7.2	27.9	1666.7	1960.8	294.1
	Semilla Kg/ha	1461.7	104.8	7.2	27.9	1333.3	1568.6	235.3
	Semilla Bol/ha	73.0	5.0	6.8	29.4	67.0	78.0	11.0

Tabla 4-43. Comportamiento de la sub-familia 30.AU.02 y de la línea actual en Guacarí.

Genotipo	Variable	Media	Dev Std	CV %	Valor t	Mín.	Máx.	Rango
30.AU.02 Masal AU	Altplant (cm)	175.2	11.7	6.6	164.8	130.0	198.0	68.0
	Altmzca (cm)	78.3	7.1	9.0	121.5	60.0	96.0	36.0
	LongEs (cm)	29.6	2.4	8.2	132.9	22.5	36.0	13.5
	AnEspí (cm)	16.9	3.7	22.0	49.7	7.0	26.0	19.0
	No Ram	20.4	2.9	14.3	76.9	13.0	28.0	15.0
	LonEx (cm)	2.1	1.6	79.8	13.7	0.0	6.0	6.0
	% Grano	79.8	1.5	1.9	107.7	78.7	81.9	3.1
	% Llenado	86.6	2.40	2.7	71.9	83.2	88.6	5.4
	Grano Kg/ha	5290.2	182.9	3.5	57.8	5174.8	5563.4	388.6
	Semilla Kg/ha	4232.2	146.3	3.5	57.8	4139.9	4450.7	310.8
	Semilla Bol/ha	211.5	7.7	3.6	55.1	207.0	223.0	16.0
30.AU.02 Sibes	Altplant (cm)	173.0	13.3	7.7	142.3	136.0	198.0	62.0
	Altmzca (cm)	81.5	7.7	9.5	115.9	60.0	98.0	38.0
	LongEs (cm)	28.9	2.6	8.9	122.7	23.0	34.5	11.5
	AnEspí (cm)	15.7	4.0	25.8	42.5	5.0	24.0	19.0
	No Ram	18.3	2.8	15.4	71.2	12.0	26.0	14.0
	LonEx (cm)	1.3	1.3	96.7	11.3	0.0	4.5	4.5
	% Grano	76.4	0.9	1.2	169.5	75.1	77.0	1.9
	% Llenado	96.0	1.4	1.5	137.8	94.8	97.7	2.9
	Grano Kg/ha	4241.1	336.0	7.9	25.2	3936.6	4658.3	721.7
	Semilla Kg/ha	3392.9	268.8	7.9	25.2	3149.3	3726.6	577.4
	Semilla Bol/ha	169.5	13.5	8.0	25.1	157.0	186.0	29.0
Línea Actual	Altplant (cm)	131.7	26.1	19.8	55.2	80.0	190.0	110.0
	Altmzca (cm)	59.7	13.2	22.0	49.7	34.0	94.0	60.0
	LongEs (cm)	22.0	6.5	29.3	37.4	8.0	33.5	25.5
	AnEspí (cm)	10.7	5.2	48.1	22.8	2.0	23.0	21.0
	No Ram	19.2	5.1	26.4	41.5	5.0	29.0	24.0
	LonEx (cm)	0.9	1.3	148.0	7.4	0.0	5.0	5.0
	% Grano	67.4	1.4	2.1	96.4	66.7	69.5	2.8
	% Llenado	37.7	4.4	11.7	17.2	33.6	43.9	10.3
	Grano Kg/ha	1885.7	297.9	15.8	12.7	1488.6	2164.2	675.6
	Semilla Kg/ha	1508.6	238.3	15.8	12.7	1190.8	1731.3	540.5
	Semilla Bol/ha	75.5	11.8	15.7	12.8	60.0	87.0	27.0

Tabla 4-44. Comportamiento de la sub-familia 30.AU.02 y de la línea actual en Yumbo.

Genotipo	Variable	Media	Dev Std	CV %	Valor t	Mínimo	Máximo	Rango
30.AU.02 Masal AU	Altplant (cm)	175.8	10.9	6.2	176.6	143.0	198.0	55.0
	Altmzca (cm)	75.0	7.6	10.2	107.4	50.0	95.0	45.0
	LongEs (cm)	29.8	2.6	8.6	128.0	24.0	36.0	12.0
	AnEspí (cm)	17.3	3.4	19.9	55.2	8.0	24.0	16.0
	No Ram	20.0	3.0	15.1	72.6	14.0	27.0	13.0
	LonEx (cm)	1.6	1.5	92.4	11.9	0.0	5.0	5.0
	% Grano	81.6	0.4	0.4	445.7	81.3	82.1	0.8
	% Llenado	95.6	2.1	2.1	93.2	94.0	98.4	4.4
	Grano Kg/ha	3470.5	275.5	7.9	25.2	3198.8	3842.9	644.1
	Semilla Kg/ha	2776.4	220.4	7.9	25.2	2559.0	3074.3	515.2
	Semilla Bol/ha	139.0	11.1	8.0	25.0	128.0	154.0	26.0
30.AU.02 Masal Sibes	Altplant (cm)	160.6	15.0	9.4	117.0	120.0	187.0	67.0
	Altmzca (cm)	69.3	7.9	11.4	96.2	50.0	90.0	40.0
	LongEs (cm)	27.0	3.2	11.8	92.6	18.0	34.5	16.5
	AnEspí (cm)	11.7	3.8	32.2	34.0	4.0	22.0	18.0
	No Ram	18.3	2.5	13.8	79.7	12.0	24.0	12.0
	LonEx (cm)	0.9	1.2	129.2	8.5	0.0	4.5	4.5
	% Grano	82.2	0.2	0.3	759.3	81.9	82.4	0.5
	% Llenado	92.4	2.0	2.2	92.2	89.9	94.3	4.4
	Grano Kg/ha	3758.9	737.2	19.6	10.2	2756.1	4380.9	1624.8
	Semilla Kg/ha	3007.1	589.8	19.6	10.2	2204.9	3504.7	1299.9
	Semilla Bol/ha	150.0	29.5	19.6	10.2	110.0	175.0	65.0
Línea Actual	Altplant (cm)	117.4	18.9	16.1	67.9	82.0	171.0	89.0
	Altmzca (cm)	48.9	9.6	19.7	55.7	22.0	72.0	50.0
	LongEs (cm)	22.6	4.8	21.3	51.5	9.0	34.0	25.0
	AnEspí (cm)	7.6	3.1	40.7	26.9	2.0	17.0	15.0
	No Ram	17.4	4.0	22.8	47.9	7.0	26.0	19.0
	LonEx (cm)	0.4	0.7	185.8	5.9	0.0	3.0	3.0
	% Grano	64.5	3.6	5.5	36.1	60.5	68.6	8.0
	% Llenado	25.7	5.2	20.1	10.0	19.9	32.2	12.3
	Grano Kg/ha	689.1	183.4	26.6	7.5	422.8	840.3	417.6
	Semilla Kg/ha	551.3	146.7	26.6	7.5	338.2	672.3	334.0
	Semilla Bol/ha	27.8	7.5	26.9	7.4	17.0	34.0	17.0

Tabla 4-45. Análisis de varianza de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades, para características de planta.

Variable	Fuente	GL	SC	CM	F-Valor	Pr > F
Altura de planta	LocID	2	48296.3	24148.1**	78.0	<.0001
	RepID(LocID)	9	7857.9	873.1**	2.8	0.0028
	Genotipo	2	532119.6	266059.8**	859.6	<.0001
	Genotipo*LocID	4	9816.7	2454.2**	7.9	<.0001
	PlantID	18	15844.9	880.3**	2.8	<.0001
Altura de mazorca	LocID	2	28421.8	14210.9**	157.4	<.0001
	RepID(LocID)	9	2248.6	249.8**	2.8	0.0033
	Genotipo	2	102206.3	51103.1**	566.1	<.0001
	Genotipo*LocID	4	3356.6	839.2**	9.3	<.0001
	PlantID	18	6245.4	347**	3.8	<.0001
Longitud de "espiga"	LocID	2	746.0	373**	23.7	<.0001
	RepID(LocID)	9	84.3	9.4	0.6	0.8027
	Genotipo	2	14148.0	7074**	448.9	<.0001
	Genotipo*LocID	4	984.5	246.1**	15.6	<.0001
	PlantID	18	352.7	19.6	1.2	0.2183
Ancho de "espiga"	LocID	2	1640.6	820.3**	51.7	<.0001
	RepID(LocID)	9	357.6	39.7**	2.5	0.0078
	Genotipo	2	11254.3	5627.2**	354.7	<.0001
	Genotipo*LocID	4	1643.1	410.8**	25.9	<.0001
	PlantID	18	471.7	26.2**	1.7	0.0422
Ramificaciones de la "espiga"	LocID	2	2542.9	1271.5**	93.8	<.0001
	RepID(LocID)	9	168.3	18.7	1.4	0.1925
	Genotipo	2	1726.8	863.4**	63.7	<.0001
	Genotipo*LocID	4	510.3	127.6**	9.4	<.0001
	PlantID	18	226.6	12.6	0.9	0.543
Longitud de exerción de la "espiga"	LocID	2	40.4	20.2**	10.9	<.0001
	RepID(LocID)	9	46.3	5.1**	2.8	0.0033
	Genotipo	2	197.5	98.8**	53.1	<.0001
	Genotipo*LocID	4	33.5	8.4**	4.5	0.0013
	PlantID	18	55.7	3.1**	1.7	0.0402

** Significativo al nivel de probabilidad $p < 0.05$

Tabla 4-46. Análisis de varianza de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades, para caracteres de rendimiento.

Variable	Fuente	GL	SC	CM	F-Valor	Pr > F
Porcentaje de grano	LocID	2	475.06	475.06**	33.09	<.0001
	RepID(LocID)	9	62.91	62.91	0.97	0.492
	Genotipo	2	1448.15	1448.15**	100.88	<.0001
	Genotipo*LocID	4	189.04	189.04**	6.58	0.002
Porcentaje llenado de mazorcas	LocID	2	1322.23	661.11**	10.03	0.0012
	RepID(LocID)	9	193.36	21.48	0.33	0.9551
	Genotipo	2	24398.53	12199.26**	185.05	<.0001
	Genotipo*LocID	4	1438.58	359.65**	5.46	0.0047
Rendimiento de grano/ha (Kg)	LocID	2	12994647.52	12994647.52**	10.15	0.001
	RepID(LocID)	9	2427727.01	2427727.01	0.42	0.907
	Genotipo	2	74282951.71	74282951.71**	58.02	<.0001
	Genotipo*LocID	4	2084527.67	2084527.67	0.81	0.533
Rendimiento de semilla en Kg/ha	LocID	2	8316574.42	8316574.42**	10.15	0.001
	RepID(LocID)	9	1553745.28	1553745.28	0.42	0.907
	Genotipo	2	47541089.09	47541089.09**	58.02	<.0001
	Genotipo*LocID	4	1334097.71	1334097.71	0.81	0.533
Rendimiento de semilla en Bolsas/ha	LocID	2	20791.44	20791.44**	10.15	0.001
	RepID(LocID)	9	3884.36	3884.36	0.42	0.907
	Genotipo	2	118852.72	118852.72**	58.02	<.0001
	Genotipo*LocID	4	3335.24	3335.24	0.81	0.533

** Significativo al nivel de probabilidad $p < 0.05$

Tabla 4-47. Promedios de localidades de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual, para caracteres de planta.

Variable	Genotipo	Media	N	Agrupamiento Duncan
Altura de planta (cm) DMS=4.98	Candelaria	167.653	360	A
	Guacarí	159.983	360	B
	Yumbo	151.283	360	C
Altura de mazorca (cm) DMS=2.66	Candelaria	76.5639	360	A
	Guacarí	73.1583	360	B
	Yumbo	64.3861	360	C
Longitud de "espiga" (cm) DMS=0.51	Candelaria	28.2861	360	A
	Guacarí	26.8208	360	B
	Yumbo	26.4486	360	B
Ancho de "espiga" (cm) DMS=1.063	Candelaria	15.0625	360	A
	Guacarí	14.4361	360	A
	Yumbo	12.1917	360	B
Número de ramificaciones de la "espiga" (No) DMS=0.72	Candelaria	22.1194	360	A
	Guacarí	19.275	360	B
	Yumbo	18.5694	360	C
Longitud de ejerción de la "espiga" (cm) DMS=0.38	Candelaria	1.41	360	A
	Guacarí	1.24	360	A
	Yumbo	0.95	360	B

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%

Tabla 4-48. Promedios de localidades de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual, para caracteres de rendimiento.

Variable	Genotipo	Media	N	Agrupamiento Duncan
Porcentaje grano (%) DMS=2.44	Yumbo	76.091	12	A
	Guacarí	74.504	12	A
	Candelaria	67.715	12	B
Porcentaje llenado de mazorcas (%) DMS=4.28	Guacarí	73.48	12	A
	Yumbo	71.23	12	A
	Candelaria	59.65	12	B
Rendimiento grano Kg/ha DMS=479	Candelaria	4000	12	A
	Guacarí	3805.7	12	A
	Yumbo	2639.5	12	B
Rendimiento sem Kg/ha DMS=383.7	Candelaria	3200	12	A
	Guacarí	3044.5	12	A
	Yumbo	2111.6	12	B
Rendimiento sem Bolsas/ha DMS=18.19	Candelaria	160	12	A
	Guacarí	152.17	12	A
	Yumbo	105.58	12	B

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%

Tabla 4-49. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual para caracteres de planta.

Variable	Genotipo	Media	N	Agrupamiento Duncan
Altura de planta (cm) DMS=2.57	30AU02Au	178.425	360	A
	30AU02Si	172.028	360	B
	Línea Actual	128.467	360	C
Altura de mazorca (cm) DMS=1.39	30AU02Au	78.9028	360	A
	30AU02Si	77.5722	360	A
	Línea Actual	57.6333	360	B
Longitud de "espiga" (cm) DMS=0.58	30AU02Au	30.2736	360	A
	30AU02Si	29.1528	360	B
	Línea Actual	22.1292	360	C
Ancho de "espiga" (cm) DMS=0.58	30AU02Au	17.0194	360	A
	30AU02Si	15.2194	360	B
	Línea Actual	9.4514	360	C
Número de ramificaciones de la "espiga" (No) DMS=0.53	30AU02Au	21.7417	360	A
	30AU02Si	19.4139	360	B
	Línea Actual	18.8083	360	C
Longitud de ejerción de la "espiga" (cm) DMS=0.19	30AU02Au	1.67	360	A
	30AU02Si	1.29	360	B
	Línea Actual	0.64	360	C

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%

Tabla 4-50. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual para caracteres de rendimiento.

Variable	Genotipo	Media	N	Agrupamiento Duncan
Porcentaje grano (%) DMS=2.29	30AU02Au	79.201	12	A
	30AU02Si	74.969	12	B
	Línea Actual	64.14	12	C
Porcentaje de llenado de mazorcas (%) DMS=6.96	30AU02Au	88.06	12	A
	30AU02Si	84.96	12	A
	Línea Actual	31.35	12	B
Rendimiento grano Kg/ha DMS=686.2	30AU02Au	4716.5	12	A
	30AU02Si	4261.4	12	A
	Línea Actual	1467.3	12	B
Rendimiento sem Kg/ha DMS=549	30AU02Au	3773.2	12	A
	30AU02Si	3409.1	12	A
	Línea Actual	1173.9	12	B
Rendimiento sem Bolsas/ha DMS=27.45	30AU02Au	188.67	12	A
	30AU02Si	170.33	12	A
	Línea Actual	58.75	12	B

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%

Con respecto a la interacción genotipo x localidad, se observó que para altura de planta, de la línea actual se comportó diferente en las tres localidades, en donde su mejor comportamiento estuvo en Candelaria, seguido por Guacarí y como último lugar Yumbo. Es importante considerar que la línea actual presentó el comportamiento más bajo de todos para todos los caracteres de planta y de rendimiento evaluados.

La versión mejorada producida por autos tuvo un comportamiento diferencial a través de las localidades, en donde la mejor localidad fue Candelaria, seguido por Guacarí y Yumbo. Importante resaltar que en Candelaria no hubo diferencias entre la línea producida por autos y producida por fraternos (sibes) (Tabla 4-51).

Para altura de mazorca, la tendencia fue similar al carácter altura de planta, pues son variables altamente correlacionadas positivamente (Tabla 4-52) con un R^2 de 0.96.

Tabla 4-51. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades para altura de planta.

Localidad	Genotipo	Media (cm)	Agrupamiento Duncan	Grupo ID
Candelaria	30.AU.02 Masal autos	184.21	A	1
Candelaria	30.AU.02 Masal sibes	182.43	A	
Yumbo	30.AU.02 Masal autos	175.83	B	2
Guacarí	30.AU.02 Masal autos	175.23	B	
Guacarí	30.AU.02 Masal sibes	173.03	B	
Yumbo	30.AU.02 Masal sibes	160.63	C	3
Candelaria	Línea Actual	136.33	D	4
Guacarí	Línea Actual	131.69	E	5
Yumbo	Línea Actual	117.38	F	6

DMS=4.45

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%

Tabla 4-52. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades para altura de mazorca.

Localidad	Genotipo	Media (cm)	Agrupamiento Duncan	Grupo ID
Candelaria	30.AU.02 Masal autos	83.46	A	1
Candelaria	30.AU.02 Masal sibes	81.98	A	
Guacarí	30.AU.02 Masal sibes	81.48	A	
Guacarí	30.AU.02 Masal autos	78.25	B	2
Yumbo	30.AU.02 Masal autos	75.00	C	3
Yumbo	30.AU.02 Masal sibes	69.26	D	4
Candelaria	Línea Actual	64.26	E	5
Guacarí	Línea Actual	59.74	F	6
Yumbo	Línea Actual	48.90	G	7

En longitud de “espiga” se observó que la línea actual se comportó igual en las tres localidades, el comportamiento más deficiente entre los tres genotipos lo presentó la línea actual.

La versión mejorada producida por autos se comportó mejor en Candelaria que en Guacarí y Yumbo, en donde en estas dos localidades no hubo diferencia.

La versión mejorada producida por fraternos (sibes) se comportó mejor en Candelaria, seguido por Guacarí y de último Yumbo. Importante resaltar que en Candelaria no hubo diferencias entre la línea producida por autos y producida por fraternos (sibes) (Tabla 4-53).

Para ancho de “espiga”, la tendencia no difiere mucho a lo observado en longitud de “espiga”, pues es de saberse que son variables altamente correlacionadas (Tabla 4-54) con un R^2 de 0.92.

Tabla 4-53. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades para longitud de “espiga”.

Localidad	Genotipo	Media (cm)	Agrupamiento Duncan	Grupo ID
Candelaria	30.AU.02 Masal sibes	31.59	A	1
Candelaria	30.AU.02 Masal autos	31.47	A	
Yumbo	30.AU.02 Masal autos	29.80	B	2
Guacarí	30.AU.02 Masal autos	29.56	B	
Guacarí	30.AU.02 Masal sibes	28.88	B	
Yumbo	30.AU.02 Masal sibes	26.99	C	3
Yumbo	Línea Actual	22.56	D	4
Guacarí	Línea Actual	22.03	D	
Candelaria	Línea Actual	21.80	D	

DMS=1.00

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Tabla 4-54. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades para ancho de “espiga”.

Localidad	Genotipo	Media (cm)	Agrupamiento Duncan	Grupo ID
Candelaria	30.AU.02 Masal sibes	18.28	A	1
Yumbo	30.AU.02 Masal autos	17.28	A B	2
Guacarí	30.AU.02 Masal autos	16.94	B	3
Candelaria	30.AU.02 Masal autos	16.83	B	
Guacarí	30.AU.02 Masal sibes	15.65	C	4
Yumbo	30.AU.02 Masal sibes	11.73	D	5
Guacarí	Línea Actual	10.72	E	6
Candelaria	Línea Actual	10.08	E	
Yumbo	Línea Actual	7.56	G	7

DMS=1.00

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Para longitud de la ejerción de la “espiga”, se observó que la línea actual se comportó similar en las tres localidades, en donde en Guacarí y candelaria no se observaron diferencias pero Yumbo difiere de estas dos localidades.

La versión mejorada producida por autos se comportó mejor en Guacarí seguido por Yumbo y Candelaria con un comportamiento igual. La versión mejorada producida por fraternos (sibes) se comportó mejor en Candelaria y Guacarí, seguido por Yumbo (Tabla 4-55). El carácter evaluado es de mucha complejidad, por ende no se observa una tendencia clara.

Tabla 4-55. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades para longitud de ejerción de la “espiga”.

Localidad	Genotipo	Media (cm)	Agrupamiento Duncan	Grupo ID
Guacarí	30.AU.02 Masal autos	2.05	A	1
Candelaria	30.AU.02 Masal sibes	1.63	B	
Yumbo	30.AU.02 Masal autos	1.58	B	2
Candelaria	30.AU.02 Masal autos	1.40	B	
Guacarí	30.AU.02 Masal sibes	1.34	B	
Yumbo	30.AU.02 Masal sibes	0.92	C	
Guacarí	Línea Actual	0.86	C	3
Candelaria	Línea Actual	0.72	C	
Yumbo	Línea Actual	0.35	D	4

DMS=0.34

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

En el número de ramificaciones de la “espiga” se observó que la línea actual tuvo su mejor comportamiento en Candelaria y Guacarí sin diferencias, seguido por Yumbo con el comportamiento más deficiente.

La versión mejorada producida por autos y por fraternos (sibes) se comportó mejor en Candelaria, seguido por Guacarí y Yumbo sin diferencias (Tabla 4-56).

Tabla 4-56. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades para número de ramificaciones de la “espiga”.

Localidad	Genotipo	Media (No)	Agrupamiento Duncan	Grupo ID
Candelaria	30.AU.02 Masal autos	24.91	A	1
Candelaria	30.AU.02 Masal sibes	21.59	B	2
Guacarí	30.AU.02 Masal autos	20.35	C	3
Yumbo	30.AU.02 Masal autos	19.97	C D	4
Candelaria	Línea Actual	19.86	C D	
Guacarí	Línea Actual	19.17	D E	5
Yumbo	30.AU.02 Masal sibes	18.34	E F	6
Guacarí	30.AU.02 Masal sibes	18.31	E F	
Yumbo	Línea Actual	17.40	F	7

DMS=0.93**Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.**

En porcentaje de grano, se observó que la línea producida por autos y por sibes se comportó mejor en Yumbo, seguida por Guacarí y por último Candelaria.

La línea actual presentó su mejor comportamiento en Guacarí seguido por Yumbo y Candelaria (Tabla 4-57).

Para los demás caracteres de rendimiento no se observó interacción genotipo ambiente, por ende no se hicieron las pruebas de significancia.

Tabla 4-57. Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades para porcentaje de grano.

Localidad	Genotipo	Media (%)	Agrupamiento Duncan	Grupo ID
Yumbo	30.AU.02 Masal sibes	82.16	A	1
Yumbo	30.AU.02 Masal autos	81.64	A	
Guacarí	30.AU.02 Masal autos	79.77	A B	2
Guacarí	30.AU.02 Masal sibes	76.37	B	3
Candelaria	30.AU.02 Masal autos	76.19	B	
Guacarí	Línea Actual	67.37	C	4
Candelaria	30.AU.02 Masal sibes	66.38	C	
Yumbo	Línea Actual	64.48	C D	5
Candelaria	Línea Actual	60.58	D	6

DMS= 3.9**Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.**

Tabla 4-58 Promedios de la sub-familia 30.AU.02 y línea actual a través de localidades para porcentaje de llenado de la mazorca.

Localidad	Genotipo	Media (%)	Agrupamiento Duncan	
Guacarí	30.AU.02 Masal sibes	96.03	A	1
Yumbo	30.AU.02 Masal autos	95.57	A	
Yumbo	30.AU.02 Masal sibes	92.42	A B	2
Guacarí	30.AU.02 Masal autos	86.69	A B	
Candelaria	30.AU.02 Masal autos	81.93	B	3
Candelaria	30.AU.02 Masal sibes	66.43	C	4
Guacarí	Línea Actual	37.73	D	5
Candelaria	Línea Actual	30.6	D	
Yumbo	Línea Actual	25.73	D	

DMS=12.06

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

Al lograr una visión general de todas las localidades, se concluye que la versión mejorada presentó promedios más altos y uniformidad mayor, contraria a la línea actual la cual tuvo un comportamiento negativo para todos sus caracteres, observándose bajo desarrollo en sus alturas, “espigas” de bajo tamaño y sin potencial en la producción de polen y bajo porcentaje de llenado de mazorcas, por ende bajo rendimiento debido a la problemática de la línea para establecerse y producir polen (Figura 4-21).

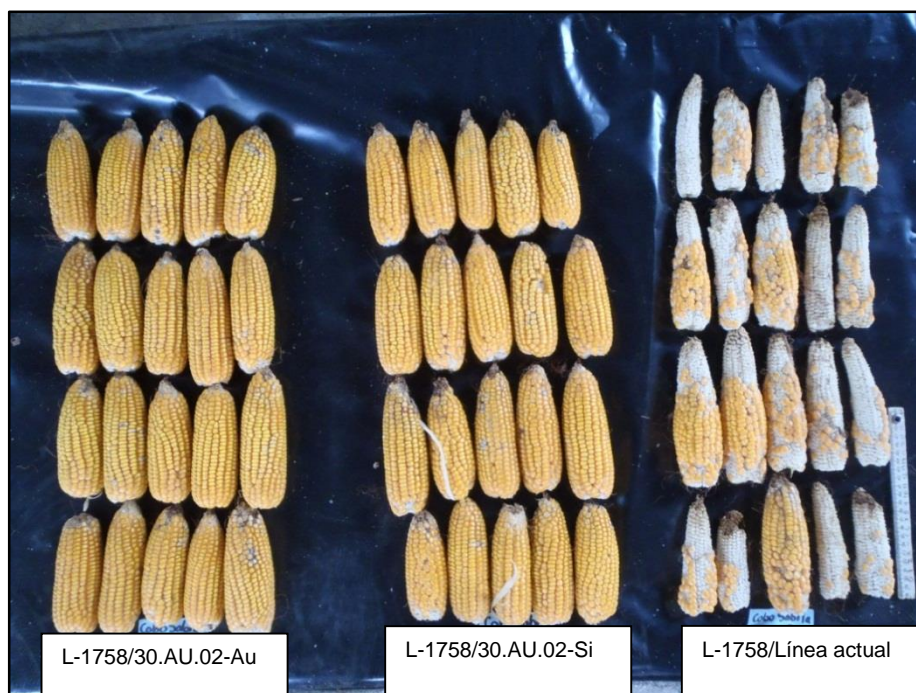


Figura 4-21. Aspecto de mazorcas de la línea L-1758 nueva versión y línea actual. (Autor, 2013).

Al analizar la correlación entre todas las variables evaluadas en las tres localidades, cuando se tiene como objetivo el mejoramiento de la longitud de “espiga” buscando una mayor polinización en lotes de producción de semilla, es indispensable hacer la selección de líneas a favor de plantas con mayor altura de planta ($R^2=0.94$) y mayor altura de mazorca ($R^2=0.87$) (Tabla 4-59).

Al buscar un mejor llenado de mazorcas en producciones es indispensable la búsqueda de líneas con caracteres de “espiga” que contribuyan a una mayor liberación de polen y por ende a un mejor llenado. El llenado de mazorcas presentó un $R^2=0.77$ con longitud de “espiga”, un $R^2=0.71$ con ancho de “espiga” y un $R^2=0.61$ con ejerción de la “espiga” (Tabla 4-59).

El carácter de número de ramificaciones de la “espiga” presentó correlaciones más bajas, un $R^2=0.56$ con rendimiento de bolsas de semilla por ha, un $R^2=0.57$ con longitud de “espiga” y un $R^2=0.57$ con ancho de “espiga” (Tabla 4-59).

En la correlación observada se enfatiza en la necesidad de tener líneas con mayor altura ya que estas presentaron correlaciones muy altas con todos los caracteres evaluados de arquitectura de planta y rendimiento (Tabla 4-59).

Tabla 4-59. Correlación de todas la variables evaluadas durante las pruebas multi-localidades.

	PorGrano	Rend Grano Kg/ha	Rend Sem Kg/ha	Rend Sem Bol/ha	Altplant	Altmzca	LongEs	AnEspí	NRam	LonEx	%Llenado
PorGrano	1	0.6377	0.6377	0.6377	0.6249	0.51347	0.57711	0.5077	0.1046	0.5097	0.90584
PorGrano		<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	0.0014	0.0002	0.0016	0.5438	0.0015	<.0001
RendGranoKg/ha	0.63774	1	1	1	0.9036	0.88908	0.84511	0.8276	0.5608	0.7419	0.79785
RendGranoKg/ha	<.0001		<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	0.0004	<.0001	<.0001
Rend semKg/ha	0.63774	1	1	1	0.9036	0.88908	0.84511	0.8276	0.5608	0.7419	0.79785
Rend semKg/ha	<.0001	<.0001		<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	0.0004	<.0001	<.0001
Rend bolsas/ha	0.63774	1	1	1	0.9036	0.88908	0.84511	0.8276	0.5608	0.7419	0.79785
Rend bolsas/ha	<.0001	<.0001	<.0001		<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	0.0004	<.0001	<.0001
Altplant	0.62491	0.9036	0.9036	0.9036	1	0.96626	0.94941	0.9468	0.5912	0.7382	0.83349
Altplant	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001		<.0001	<.0001	<.0001	0.0001	<.0001	<.0001
Altmzca	0.51347	0.8891	0.8891	0.8891	0.9663	1	0.87729	0.9103	0.6002	0.6832	0.76661
Altmzca	0.0014	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001		<.0001	<.0001	0.0001	<.0001	<.0001
LongEs	0.57711	0.8451	0.8451	0.8451	0.9494	0.87729	1	0.9257	0.5785	0.6946	0.77792
LongEs	0.0002	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001		<.0001	0.0002	<.0001	<.0001
AnEspí	0.50774	0.8276	0.8276	0.8276	0.9468	0.9103	0.9257	1	0.5768	0.7695	0.71889
AnEspí	0.0016	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001		0.0002	<.0001	<.0001
NRam	0.1046	0.5608	0.5608	0.5608	0.5912	0.60021	0.57854	0.5768	1	0.3638	0.21079
NRam	0.5438	0.0004	0.0004	0.0004	0.0001	0.0001	0.0002	0.0002		0.0292	0.2172
LonEx	0.50966	0.7419	0.7419	0.7419	0.7382	0.68315	0.69463	0.7695	0.3638	1	0.63874
LonEx	0.0015	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	0.0292		<.0001
% Llenado	0.90584	0.7979	0.7979	0.7979	0.8335	0.76661	0.77792	0.7189	0.2108	0.6387	1
mazorcas	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	0.2172	<.0001	

4.6 Productividad de semilla del híbrido H-4560 con línea L-1758 versión mejorada.

La producción de semilla híbrida con la fuente mejorada presentó promedios más altos y variaciones más bajas, mostrando claramente un mejor llenado en el progenitor femenino al usar como polinizador la línea mejorada (Tabla 4-60).

Tabla 4-60. Comportamiento de caracteres de rendimiento en la producción de semilla del híbrido H-4560 con la sub-familia 30.AU.02 y a la línea actual como polinizadores.

Genotipo	Variable	Media	Dev Std	CV %	Valor t	Mín.	Máx.	Ran.
Producibilidad H-4560 con línea actual	% Llenado	21.1	27.1	128.5	4.2	0	10	100
	PesoMzcas (Kg)	3.6	0.4	12.3	15.7	3.0	4.0	1.0
	Pesograno (Kg)	2.2	0.2	13.8	14.5	1.0	2.0	0.0
	Rend (Bolsas/ha)	41.8	5.5	13.2	15.2	36.7	47.9	10.2
Producibilidad H-4560 con línea mejorada	% Llenado	92.4	7.4	8.0	78.6	70.0	100.0	30.0
	PesoMzcas (Kg)	16.8	0.7	4.0	46.3	15.5	17.5	1.0
	Pesograno (Kg)	13.5	0.7	5.4	34.5	12.5	14.5	1.0
	Rend (Bolsas/ha)	256.4	14.5	5.9	35.5	237.8	270.2	32.0

El análisis de varianza de la productividad de semilla del híbrido H-4560 mostró que hay diferencia altamente significativa entre los rendimientos de las dos producciones de semilla del híbrido H-4560 con dos líneas diferentes (Línea actual y línea mejorada), en donde para los pesos de mazorca y grano por parcela, el porcentaje de llenado de mazorcas y el rendimiento por hectárea fueron altamente significativos (Tabla 4-61).

Tabla 4-61. Análisis de varianza de la producción de semilla de H.4560 con la línea L-1758 versión mejorada para las diferentes variables.

Variable	Fuente	GL	SC	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
% Llenado de mazorcas	RepID	3	199.64	66.55	0.16	0.9211
	TraitID	1	101745.11	101745.11**	248.82	<.0001
Peso Mazorcas (Kg)	RepID	3	0.78	0.26	0.56	0.6755
	TraitID	1	349.4	349.4**	753.39	<.0001
Peso Grano (Kg)	RepID	3	0.9	0.3	0.73	0.6
	TraitID	1	258.21	258.21**	624.24	<.0001
Rendimiento de semilla en Bolsas/ha	RepID	3	314.31	104.77	0.75	0.58
	TraitID	1	92074.13	92074.13**	661.95	<.0001

** Altamente significativo al nivel de probabilidad $p < 0.05$

Para todas las variables hubo diferencia significativa entre los dos tratamientos (hibridación con línea actual e hibridación con sub-familia 30.AU.02)

Para todos los caracteres evaluados la producción del híbrido H-4560 con la línea mejorada tuvo un comportamiento mejor que cuando se usa la línea actual (Tabla 4-62). En los promedios se puede observar como al usar la semilla actual los rendimientos de semilla híbrida es de solo 41 bolsas por hectárea y llenado de las mazorcas de solo un 21%, haciendo de esta una producción inviable por sus bajos rendimientos de semilla lo que se verá reflejado en los costos de producción, haciendo que una semilla híbrida con tanto potencial no pueda estar presente en los mercados. Cuando se usó como progenitor masculino a la línea mejorada se observó un promedio de llenado de mazorcas del 92.4% y un rendimiento de 256 bolsas de semilla empacadas por 17 Kg, lo cual hace de este un híbrido producible por sus buenos rendimientos (Tabla 4-62).

Tabla 4-62. Promedios de productividad de semilla del híbrido H-4560 con la sub-familia 30.AU.02 y la línea actual como polinizadores.

Variable	Agrupamiento Duncan	Media	N	Genotipo
% Llenado DMS=9	A	92.45	40	H4560-Con línea mejorada
	B	21.125	40	H4560-Con línea Actual
Peso mazorcas (Kg) DMS=1.5	A	16.81	4	H4560-Con línea mejorada
	B	3.59	4	H4560-Con línea Actual
Peso grano (Kg) DMS=1.44	A	13.56	4	H4560-Con línea mejorada
	B	2.2	4	H4560-Con línea Actual
Rendimiento (Bolsas/ha) DMS=26.54	A	256.4	4	H4560-Con línea mejorada
	B	41.83	4	H4560-Con línea Actual

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%.

4.7 Evaluación del híbrido final con la nueva versión de la línea L-1758

Durante la evaluación del híbrido final, se procedió a su caracterización agronómica con la nueva fuente del parental L-1758, estableciendo como testigo a el híbrido producido con la línea actual o línea problema.

Fenotípicamente se observó que entre los dos híbridos no hay grandes diferencias (Tabla 4-63).

En el análisis de varianza se observó que la mayoría de las variables analizadas no presentaron diferencias significativas, a excepción de la longitud de mazorca, diámetro de mazorca y número de granos por hilera (Tabla 4-64).

El carácter diámetro de la mazorca no presentó diferencias significativas entre los dos híbridos (Tabla 4-65).

En el caso de longitud de “espiga” se observó que el híbrido H-4560 producido con la línea mejorada tuvo un comportamiento mejor que el híbrido producido con el parental actual (testigo), la diferencia significativa observada fue de 1.32 cm entre los dos materiales (Tabla 4-65).

En el caso de número de granos por hilera, el híbrido producido con la línea mejorada presentó 3.03 granos por encima al ser comparado con el testigo (Tabla 4-65).

Después de analizar los diferentes caracteres se ha llegado a la conclusión que al mejorar la productividad de semilla del híbrido H-4560 mejorando el progenitor masculino, el híbrido final no presenta cambios en sus características fenotípicas, lo que lleva a la posibilidad de no hacer cambios en los registros ni en las inscripciones del material.

Tabla 4-63. Comportamiento del híbrido H-4560 producido con la línea mejorada y línea actual

Genotipo	Variable	Media	Dev St	CV %	Val-t	Mín.	Máx.	Rango
H-4560 /Línea actual	Proliferación (%)	7.6	0.67	8.69	23.0	7.2	8.6	1.4
	Rendimiento Kg/ha	10043.8	618.65	6.16	32.4	9473.8	10759.7	1285.9
	Altura de planta (cm)	269.1	21.45	7.97	79.3	238.0	309.0	71.0
	Altura de mazorca (cm)	131.9	22.62	17.14	36.9	22.0	167.0	145.0
	No de hojas	15.8	0.85	5.40	117.1	14.0	17.0	3.0
	No de hojas x arriba de la mazorca	6.0	0.60	9.87	64.0	5.0	7.0	2.0
	Longitud de “espiga” (cm)	38.3	2.99	7.78	81.3	33.0	44.5	11.5
	No de ramificaciones de la “espiga”	25.2	4.00	15.84	39.9	19.0	39.0	20.0
	Longitud de mazorca (cm)	15.9	2.24	14.06	44.9	10.0	20.5	10.5
	Diámetro de mazorca (cm)	5.2	0.30	5.65	111.8	4.3	6.0	1.7
	No de hileras de granos (No)	19.6	2.02	10.28	61.5	14.0	22.0	8.0
No de granos por hilera (No)	29.3	5.18	17.62	35.8	20.0	42.0	22.0	
H-4560 /Línea Mejorada	Proliferación (%)	9.1	1.12	12.31	16.2	7.5	10.1	2.6
	Rendimiento Kg/ha	9862.2	598.69	6.07	32.9	9266.0	10563.7	1297.7
	Altura de planta (cm)	265.6	13.63	5.13	123.2	232.0	296.0	64.0
	Altura de mazorca (cm)	126.5	19.79	15.65	40.4	32.0	167.0	135.0
	No de hojas	15.6	0.80	5.08	124.3	14.0	17.0	3.0
	No de hojas x arriba de la mazorca	6.1	0.59	9.68	65.3	5.0	7.0	2.0
	Longitud de “espiga” (cm)	38.2	3.09	8.09	78.1	33.0	44.5	11.5
	No de ramificaciones de la “espiga”	24.4	2.76	11.30	55.9	19.0	29.0	10.0
	Longitud de mazorca (cm)	17.2	1.38	7.99	79.1	13.5	19.0	5.5
	Diámetro de mazorca (cm)	5.3	0.28	5.29	119.5	4.4	6.0	1.6
	No de hileras de granos (No)	19.0	1.75	9.15	69.13	16.0	22.0	6.0
No de granos por hilera (No)	32.4	4.28	13.22	47.8	23.0	40.00	17.00	

Tabla 4-64. Análisis de varianza para del híbrido H-4560 producido con la línea L-1758 mejorada y en comparación con el híbrido producido con la línea actual.

Variable	Fuente de variación	GL	SC	CM	F-Valor	Pr > F
Proliferación (%)	Genotipo	1	4.04	4.04	5.22	0.1065
	Repetición	3	2.79	0.93	1.2	0.4417
Rendimiento Kg/ha	Genotipo	1	65949.18	65949.18	0.14	0.7342
	Repetición	3	798124.15	266041.38	0.56	0.6772
Altura de planta (cm)	Genotipo	1	245.00	245	1.12	0.2944
	Repetición	3	8701.25	2900.42	13.2	<.0001
Altura de mazorca (cm)	Genotipo	1	594.05	594.05	1.43	0.2358
	Repetición	3	4027.05	1342.35	3.23	0.0272
Número de hojas (No)	Genotipo	1	0.31	0.31	0.96	0.3306
	Repetición	3	28.74	9.58	29.4	<.0001
Número de hojas por encima de la mazorca (No)	Genotipo	1	0.05	0.05	0.21	0.6471
	Repetición	3	9.75	3.25	13.73	<.0001
Longitud de "espiga" (cm)	Genotipo	1	0.45	0.45	0.05	0.8273
	Repetición	3	17.16	5.72	0.61	0.611
Número de ramificaciones de la "espiga" (No)	Genotipo	1	12.80	12.8	1.56	0.2159
	Repetición	3	305.10	101.7	12.38	<.0001
Longitud de mazorca (cm)	Genotipo	1	34.45	34.45**	11.1	0.0013
	Repetición	3	36.30	12.1	3.9	0.012
Diámetro de mazorca (cm)	Genotipo	1	0.23	0.23*	3.15	0.08
	Repetición	3	1.07	0.36	4.87	0.0038
Número de hileras de granos en la mazorca (No)	Genotipo	1	6.61	6.61	2.01	0.1601
	Repetición	3	31.54	10.51	3.2	0.0281
Número de granos por hilera en la mazorca (No)	Genotipo	1	183.01	183.01**	8.66	0.0043
	Repetición	3	175.84	58.61	2.77	0.0472

***,** Altamente significativo al nivel de probabilidad $p < 0.10$ y $p < 0.05$**

Tabla 4-65. Comportamiento promedio de los dos híbridos producidos con los dos parentales.

Variable	Agrupamiento Duncan	Media	N	Genotipo
Longitud de mazorca (cm) DMS=0.78	A	17.22	40	H4560/Línea Mejorada
	B	15.9075	40	H4560/Línea Actual
Número de granos/hilera en la mazorca (No) DMS=2.04	A	32.4	40	H4560/Línea Mejorada
	B	29.375	40	H4560/Línea Actual
Diámetro de mazorca (cm) DMS=0.12	A	5.36	40	H4560/Línea Mejorada
	A	5.25	40	H4560/Línea Actual

Promedios con igual letra no difieren significativamente al nivel del 5%

4.8 Parámetros genéticos de la población de la familia 30 evaluada y seleccionada.

4.8.1 Estimación de heredabilidad por esperanza de cuadrados medios en familias de autos.

Al incluir en el análisis de varianza a la línea actual, para los diferentes caracteres se observaron varianzas genéticas considerables. Para altura de planta, se obtuvo una heredabilidad del 70% entre las diferentes familias, pero dentro de ellas la varianza genética fue baja (Tabla 4-66).

En altura de mazorca con la varianza genética observada entre familias, se puede lograr explotar una heredabilidad del 48% pero al interior de las familias hubo ausencia de varianza genética (Tabla 4-66).

La tendencia fue similar para longitud de "espiga", ancho de "espiga" y número ramificaciones de la "espiga", logrando estimar heredabilidades entre familias de 41%, 36% y 23% respectivamente (Tabla 4-66).

El carácter longitud de ejercicio de la "espiga", presentó entre y dentro de las familias una heredabilidad muy baja de 1% y 3% respectivamente (Tabla 4-66).

Al excluir del análisis a la línea actual, la cual al parecer es una línea con una varianza genética muy alta que puede estar enmascarando resultados de las familias de interés, se observó como para todos los caracteres, las varianzas genéticas y la heredabilidad entre familias disminuyeron con respecto al análisis cuando se incluye a la línea actual (Tabla 4-67).

La altura de planta, altura de mazorca, longitud de “espiga”, ancho de “espiga” y ramificaciones de la espiga presentaron heredabilidades entre familias, de un 64%, 39%, 25%, 27%, 0% y 16% respectivamente entre las (Tabla 4-67).

Las varianzas genéticas entre familias de autos fue mayor que la varianza genética dentro de las familias, esto debido a que las autopolinizaciones es el cruzamiento que más genera endogamia, logrando mayor homocigosis (homocigosis=baja varianza genética) dentro de las familias pero aumentando las diferencias genéticas entre ellas.

Esto concuerda con lo reportado por Hallauer y Miranda, 1981.

Tabla 4-66. Varianza genética, fenotípica y heredabilidad entre y dentro de familias de autos, incluyendo en el análisis la línea actual o línea problema.

Variable	Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	Pr > F	σ^2_g	σ^2_f	h^2
Altura de planta	Familia	6	11704.5	$\sigma^2_e + 32 \sigma^2_F$	<.0001	360.84	518.54	0.70
	PlantID	80	157.7	$\sigma^2_e + 3.325 \sigma^2_P$	0.489	0.02	157.72	0.00
	Error	186	157.7	σ^2_e				
Altura de mazorca	Familia	6	2495.7	$\sigma^2_e + 32 \sigma^2_F$	<.0001	75.47	156.19	0.48
	PlantID	80	65.5	$\sigma^2_e + 3.325 \sigma^2_P$	0.8555	0.00	80.72	0.00
	Error	186	80.7	σ^2_e				
Longitud de “espiga”	Familia	6	199.7	$\sigma^2_e + 32 \sigma^2_F$	<.0001	5.98	14.47	0.41
	PlantID	80	9.6	$\sigma^2_e + 3.325 \sigma^2_P$	0.2399	0.35	8.84	0.04
	Error	186	8.4	σ^2_e				
Ancho de “espiga”	Familia	6	50.1	$\sigma^2_e + 32 \sigma^2_F$	<.0001	1.48	4.11	0.36
	PlantID	80	3.0	$\sigma^2_e + 3.325 \sigma^2_P$	0.195	0.13	2.76	0.05
	Error	186	2.6	σ^2_e				
Longitud de ejerción de la “espiga”	Familia	6	2.5	$\sigma^2_e + 31.83 \sigma^2_F$	0.1998	0.02	1.76	0.01
	PlantID	80	1.9	$\sigma^2_e + 3.31 \sigma^2_P$	0.3021	0.05	1.79	0.03
	Error	186	1.7	σ^2_e				
Ramificaciones de la “espiga”	Familia	6	114.6	$\sigma^2_e + 31.83 \sigma^2_F$	<.0001	3.26	14.12	0.23
	PlantID	80	11.8	$\sigma^2_e + 3.31 \sigma^2_P$	0.5657	0.30	11.16	0.03
	Error	186	10.8	σ^2_e				

Tabla 4-67. Varianza genética, fenotípica y heredabilidad entre y dentro de familias de autos, sin incluir en el análisis la línea actual o línea problema.

Variable	Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	Pr > F	σ^2_g	σ^2_f	h^2
Altura de planta	Familia	5	7143.9	$\sigma^2_e + 36.4 \sigma^2_F$	<.0001	193.28	301.65	0.64
	PlantID	80	141.5	$\sigma^2_e + 3.21 \sigma^2_P$	0.074	10.33	118.70	0.09
	Error	17 7	108.3	σ^2_e				
Altura de mazorca	Familia	5	1621.9	$\sigma^2_e + 36.4 \sigma^2_F$	<.0001	42.70	110.42	0.39
	PlantID	80	61.5	$\sigma^2_e + 3.21 \sigma^2_P$	0.682	0.00	67.72	0.00
	Error	17 7	67.7	σ^2_e				
Longitud de "espiga"	Familia	5	95.6	$\sigma^2_e + 36.4 \sigma^2_F$	<.0001	2.43	9.62	0.25
	PlantID	80	9.6	$\sigma^2_e + 3.21 \sigma^2_P$	0.057	0.76	7.95	0.10
	Error	17 7	7.1	σ^2_e				
Ancho de "espiga"	Familia	5	31.7	$\sigma^2_e + 36.4 \sigma^2_F$	<.0001	0.81	3.00	0.27
	PlantID	80	3.0	$\sigma^2_e + 3.21 \sigma^2_P$	0.037	0.27	2.45	0.11
	Error	17 7	2.1	σ^2_e				
Longitud de exención de la "espiga"	Familia	5	1.7	$\sigma^2_e + 36.2 \sigma^2_F$	0.383	0.00	1.66	0.00
	PlantID	80	1.8	$\sigma^2_e + 3.2 \sigma^2_P$	0.235	0.07	1.73	0.04
	Error	17 7	1.6	σ^2_e				
Ramificaciones de la "espiga"	Familia	5	73.2	$\sigma^2_e + 36.2 \sigma^2_F$	<.0001	1.77	10.89	0.16
	PlantID	80	12.1	$\sigma^2_e + 3.2 \sigma^2_P$	0.566	0.93	10.05	0.09
	Error	17 7	9.1	σ^2_e				

4.8.2 Estimación de heredabilidad por esperanza de cuadrados medios en sub-familias de la familia No 30.

Al evaluar los caracteres más relevantes durante todo el proceso de estabilización y purificación de la línea L-1758 se analizaron los parámetros genéticos de los diferentes caracteres.

Para altura de planta se observó varianza genética y una heredabilidad mayor entre familias de autopolinizaciones ($h^2=53\%$), seguido por hermanos medios ($h^2=35\%$) y por último por los cruzamientos entre familias ($h^2=12\%$) (Tabla 4-68).

La línea actual no presenta grandes diferencias entre los tipos de semilla y pero si una mayor variación al interior de ellas, indicando que la línea actual es el material con mayor varianza genética al interior de los genotipos o familias (Tabla 4-68).

En longitud de “espiga” la varianza entre familias de autos presentó la varianza más alta, seguido de los cruzamientos entre familias, de hermanos medios y por último la línea actual dando una heredabilidad del 31%, 13%, 11% y 3% respectivamente (Tabla 4-69).

Para el carácter número de ramificaciones de la “espiga”, entre familias de autopolinizaciones, hermanos medios y en la línea, la varianza genética fue muy baja, obteniéndose una heredabilidad de solo el 5% para los tres casos, muy diferente en el caso de los cruzamientos, en donde la heredabilidad llegó al el 67%.

Dentro de las familias de autopolinizaciones hubo una varianza considerable con una heredabilidad del 10% y dentro de los cruzamientos entre familias una heredabilidad del 9%, esto indica que al interior de las familias de autos y cruzamientos entre las dos familias se sigue presentando desuniformidad para el carácter, desuniformidad debida a causas genéticas, sin embargo se a pesar de que en ambos casos la varianza genética son similares, es muy probable que la varianza genética dentro de los cruzamientos se debe a desvíos de dominancia ya que puede haber allí una pequeña heterosis y la varianza genética dentro de las autopolinizaciones se debe en su mayoría a efectos aditivos los cuales son la porción heredable de la varianza genética (Tabla 4-70).

Para sumatoria de ramificaciones de la “espiga” e índice efectivo de la “espiga”, las tendencias en las varianzas genéticas y en la heredabilidad entre las familias fue: Entre cruzamientos > Entre AU > Entre HM > entre fuentes de la línea actual. Esto indica que entre los cruzamientos se presentó una alta varianza genética que se puede explotar pero es muy posible que sea de tipo dominante, entre las familias de autopolinizaciones se logran encontrar diferencias muy notables las cuales se deben a causas genéticas y es muy probable que el efecto que predomine sea el de tipo aditivo, diferenciando claramente unas familias de otras, para el caso de familias de hermanos medios la varianza genética entre ellas es mucho menor, esto debido a que hay compartimiento de parentales, lo que hace que haya un acercamiento genético entre las familias, a pesar de que hay variabilidad debida a causas genéticas, las familias son similares, para el caso de la línea actual, en definitiva todas las fuentes de semilla utilizada presentan el mismo comportamiento, lo que indica una muy baja varianza genética entre ellas, por ende

cualquiera de las fuentes de esta línea problema a usar, presentan el mismo comportamiento.

Al interior de las familias las varianzas y heredabilidades bajan notablemente obteniéndose la tendencia: Dentro cruzamientos > Dentro de Línea actual > Dentro AU > Dentro HM (Tablas 4-71 y 4-73). Esto indica como los cruzamientos generaron desuniformidad y varianza genética que puede ser explotada, pero es muy probable que esta varianza observada allí sea de tipo dominante y no aditiva, posterior a ello dentro de la línea actual se presentó una alta varianza genética, lo cual comprueba que su desuniformidad y su problemática se debe a factores genéticos, posteriormente se observa las varianzas dentro de familias de autos y de hermanos medios como las más bajas, sus valores son muy pequeños, por ende se podrían considerar iguales, esto indica como las familias son uniformes y con poca variabilidad genética, por ende al interior de las familias hay muy poca varianza que explotar.

Para el carácter de longitud de la ejerción de la “espiga”, se observó cómo la varianza genética entre y dentro de las poblaciones fue muy baja, sin embargo la varianza fenotípica en campo fue muy amplia, esto indicó que la varianza del carácter se debe más a condiciones ambientales que genéticas, a excepción de la línea actual la cual si presentó una varianza al interior de las fuentes, obteniéndose una heredabilidad considerada como baja de solo el 15% (Tabla 4-72).

Tabla 4-68. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para altura de planta, entre y dentro de los diferentes tipos de familias.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	Pr > F	σ^2_g	σ^2_f	h^2
Cruza/ 30/27	1	470.45	$\sigma^2_e + 10 \sigma^2_{FA}$	0.163	26.67	230.45	0.12
Plantas o Rep	9	213.61	$\sigma^2_e + 2 \sigma^2_P$	0.4726	4.91	208.69	0.02
Error cruza/	9	203.78	σ^2_e	.			
Familias AU	14	3896.04	$\sigma^2_e + 18.21 \sigma^2_{FA}$	<.0001	203.87	387.43	0.53
Plantas o Rep	97	98.14	$\sigma^2_e + 3.48 \sigma^2_P$	0.9997	0.00	183.56	0.00
Error AU	241	183.56	σ^2_e	.			
Familias HM	14	2258.73	$\sigma^2_e + 41.78 \sigma^2_{FA}$	<.0001	51.81	146.93	0.35
Plantas o Rep	94	85.75	$\sigma^2_e + 7.07 \sigma^2_P$	0.7297	0.00	95.12	0.00
Error HM	571	95.12	σ^2_e	.			
Línea actual	2	1110.14	$\sigma^2_e + 44.5 \sigma^2_{FA}$	0.2133	9.09	714.92	0.01
Plantas o Rep	57	931.63	$\sigma^2_e + 2.52 \sigma^2_P$	0.1202	89.60	795.43	0.11
Error Línea actual	87	705.83	σ^2_e	.			

Tabla 4-69. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para longitud de “espiga”, entre y dentro de los diferentes tipos de familias.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	Pr > F	σ^2_g	σ^2_f	h^2
Cruza/ 30/27	3	26.10	$\sigma^2_e + 9.66 \sigma^2_{FA}$	0.0874	1.59	12.31	0.13
Plantas o Rep	10	14.22	$\sigma^2_e + 3.6 \sigma^2_P$	0.2683	0.97	11.69	0.08
Error Cruza/	26	10.72	σ^2_e	.			
Familias AU	14	88.16	$\sigma^2_e + 18.5 \sigma^2_{FA}$	<.0001	4.25	13.76	0.31
Plantas o Rep	100	8.04	$\sigma^2_e + 3.45 \sigma^2_P$	0.832	0.00	9.51	0.00
Error AU	245	9.51	σ^2_e	.			
Familias HM	14	43.07	$\sigma^2_e + 42.5 \sigma^2_{FA}$	<.0001	0.85	7.66	0.11
Plantas o Rep	95	5.98	$\sigma^2_e + 7.11 \sigma^2_P$	0.7818	0.00	6.81	0.00
Error HM	581	6.81	σ^2_e	.			
Línea actual	2	95.53	$\sigma^2_e + 44.5 \sigma^2_{FA}$	0.087	1.29	39.32	0.03
Plantas o Rep	57	52.21	$\sigma^2_e + 2.5263 \sigma^2_P$	0.0902	5.63	43.66	0.13
Error Línea actual	87	38.03	σ^2_e	.			

Tabla 4-70. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para número de ramificaciones de la “espiga”, entre y dentro de los diferentes tipos de familias.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	Pr > F	σ^2_g	σ^2_f	h²
Cruza/ 30/27	3	146.11	$\sigma^2_e + 9.66 \sigma^2_{FA}$	<.0001	14.40	21.44	0.67
Plantas o Rep	10	9.55	$\sigma^2_e + 3.6 \sigma^2_P$	0.2544	0.70	7.74	0.09
Error Cruza/	26	7.04	σ^2_e	.			
Familias AU	14	17.09	$\sigma^2_e + 19.42 \sigma^2_{FA}$	0.0142	0.45	8.73	0.05
Plantas o Rep	100	11.75	$\sigma^2_e + 3.58 \sigma^2_P$	0.0149	0.97	9.25	0.10
Error AU	258	8.28	σ^2_e	.			
Familias HM	14	26.52	$\sigma^2_e + 44 \sigma^2_{FA}$	<.0001	0.42	8.26	0.05
Plantas o Rep	95	7.27	$\sigma^2_e + 7.33 \sigma^2_P$	0.6694	0.00	7.83	0.00
Error HM	602	7.83	σ^2_e	.			
Línea actual	2	87.50	$\sigma^2_e + 44.5 \sigma^2_{FA}$	0.0459	1.35	28.75	0.05
Plantas o Rep	57	28.40	$\sigma^2_e + 2.52 \sigma^2_P$	0.4342	0.40	27.79	0.01
Error Línea actual	87	27.40	σ^2_e	.			

Tabla 4-71. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para sumatoria de la longitud de las ramificaciones de la “espiga”, entre y dentro de los diferentes tipos de familias.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	Pr > F	σ^2_g	σ^2_f	h^2
Cruza/ 30/27	3	13032.0	$\sigma^2_e + 9 \sigma^2_{FA}$	0.004	1199.65	3434.83	0.35
Plantas o Rep	10	2856.9	$\sigma^2_e + 3.4 \sigma^2_P$	0.296	182.87	2418.05	0.08
Error Cruza/	24	2235.1	σ^2_e	.			
Familias AU	14	11890.0	$\sigma^2_e + 19.28 \sigma^2_{FA}$	<.0001	547.62	1879.43	0.29
Plantas o Rep	100	1393.8	$\sigma^2_e + 3.56 \sigma^2_P$	0.383	17.41	1349.22	0.01
Error AU	256	1331.8	σ^2_e	.			
Familias HM	14	8969.2	$\sigma^2_e + 42.85 \sigma^2_{FA}$	<.0001	183.76	1278.75	0.14
Plantas o Rep	95	1087.1	$\sigma^2_e + 7.16 \sigma^2_P$	0.503	0.00	1094.99	0.00
Error HM	586	1094.9	σ^2_e	.			
Línea actual	2	7940.8	$\sigma^2_e + 44.5 \sigma^2_{FA}$	0.122	95.61	3781.83	0.03
Planta o Rep	57	4406.5	$\sigma^2_e + 2.52 \sigma^2_P$	0.224	285.83	3972.05	0.07
Error Línea actual	87	3686.2	σ^2_e	.			

Tabla 4-72. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para longitud de la ejerción de la “espiga”, entre y dentro de los diferentes tipos de familias.

Fuentes de variación	GL	CM	E(CM)	Pr > F	σ^2_g	σ^2_f	h²
Cruza/ 30/27	3	1.83	$\sigma^2_e + 9.66 \sigma^2_{FA}$	0.188	0.08	1.14	0.07
Plantas o Rep	10	1.10	$\sigma^2_e + 3.6 \sigma^2_P$	0.441	0.01	1.08	0.01
Error Cruza/	26	1.06	σ^2_e	.			
Familias AU	14	2.63	$\sigma^2_e + 19.42 \sigma^2_{FA}$	0.027	0.06	1.45	0.04
Plantas o Rep	100	1.37	$\sigma^2_e + 3.58 \sigma^2_P$	0.519	0.00	1.38	0.00
Error AU	258	1.39	σ^2_e	.			
Familias HM	14	3.71	$\sigma^2_e + 44.07 \sigma^2_{FA}$	<.0001	0.04	1.83	0.02
Plantas o Rep	95	1.86	$\sigma^2_e + 7.34 \sigma^2_P$	0.782	0.01	1.80	0.01
Error HM	603	1.79	σ^2_e	.			
Línea actual	2	1.09	$\sigma^2_e + 44.5 \sigma^2_{FA}$	0.252	0.01	0.78	0.01
Plantas o Rep	57	1.11	$\sigma^2_e + 2.5263 \sigma^2_P$	0.063	0.13	0.91	0.15
Error Línea actual	87	0.77	σ^2_e	.			

Tabla 4-73. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para índice de área efectivo de la “espiga”, entre y dentro de los diferentes tipos de familias.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	Pr > F	σ^2_g	σ^2_f	h^2
Cruza/ 30/27	3	1591642	$\sigma^2_e + 8.66 \sigma^2_{FA}$	0.00	156517.67	392716.67	0.40
Plantas o Rep	10	316162	$\sigma^2_e + 3.3 \sigma^2_P$	0.26	24231.21	260430.21	0.09
Error Cruza/	23	236199	σ^2_e	.			
Familias AU	14	3324927	$\sigma^2_e + 17.92 \sigma^2_{FA}$	<.0001	168599.89	472216.89	0.36
Plantas o Rep	100	334571	$\sigma^2_e + 3.37 \sigma^2_P$	0.27	9185.16	312802.16	0.03
Error AU	237	303617	σ^2_e	.			
Familias HM	14	2050455	$\sigma^2_e + 41.07 \sigma^2_{FA}$	<.0001	44615.80	262699.80	0.17
Plantas o Rep	95	229402	$\sigma^2_e + 6.90 \sigma^2_P$	0.359	1640.29	219724.29	0.01
Error HM	561	218084	σ^2_e	.			
Línea actual	2	1257436	$\sigma^2_e + 43 \sigma^2_{FA}$	0.119	15828.79	592626.79	0.03
Plantas o Rep	57	806559	$\sigma^2_e + 2.47 \sigma^2_P$	0.08	93020.65	669818.65	0.14
Error Línea actual	84	576798	σ^2_e	.			

4.8.3 Estimación de heredabilidad por esperanza de cuadrados medios de la sub-familia 30.AU.02 en tres localidades.

Tabla 4-74. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para altura de planta en tres localidades incluyendo a la línea actual.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	σ^2_g	σ^2_f	h^2
Localidad	2	24148.14	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)} + 120 \sigma^2_{(G \times L)} + 90 \sigma^2_{R(L)} + 360 \sigma^2_{(L)}$			
Repetición (Localidad)	9	873.09	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)} + 90 \sigma^2_{R(L)}$			
Genotipo	2	266059.79	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)} + 120 \sigma^2_{(G \times L)} + 360 \sigma^2_{(L)}$	732.24	1054.89	0.6941
Genotipo x Localidad	4	2454.17	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)} + 120 \sigma^2_{(G \times L)}$	13.12		
Plantas	18	880.27	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)}$	19.02	341.67	0.0557
Error	1044	309.53				

Tabla 4-75. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para altura de planta en tres localidades sin incluir a la línea actual.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	σ^2_g	σ^2_f	h^2
Localidad	2	13867.11	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)} + 120 \sigma^2_{(G \times L)} + 90 \sigma^2_{R(L)} + 360 \sigma^2_{(L)}$			
Repetición (Localidad)	9	1118.75	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)} + 90 \sigma^2_{R(L)}$			
Genotipo	1	7366.40	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)} + 120 \sigma^2_{(G \times L)} + 360 \sigma^2_{(L)}$	10.77	191.68	0.05618
Genotipo x Localidad	2	3489.70	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)} + 120 \sigma^2_{(G \times L)}$	21.48		
Plantas	9	911.82	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)}$	25.08	205.99	0.12175
Error	696	159.42				

Tabla 4-76. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para longitud de “espiga” en tres localidades incluyendo a la línea actual.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	σ^2_g	σ^2_f	h^2
Localidad	2	373.00	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)} + 120 \sigma^2_{(G \times L)} + 90 \sigma^2_{R(L)} + 360 \sigma^2_{(L)}$			
Repetición (Localidad)	9	9.36	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)} + 90 \sigma^2_{R(L)}$			
Genotipo	2	7074.01	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)} + 120 \sigma^2_{(G \times L)} + 360 \sigma^2_{(L)}$	18.97	36.61	0.51801
Genotipo x Localidad	4	246.13	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)} + 120 \sigma^2_{(G \times L)}$	1.89		
Plantas	18	19.60	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)}$	0.13	17.78	0.0072
Error	1044	15.76				

Tabla 4- 77. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para longitud de “espiga” en tres localidades sin incluir a la línea actual.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	σ^2_g	σ^2_f	h^2
Localidad	2	689.42	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)} + 120 \sigma^2_{(G \times L)} + 90 \sigma^2_{R(L)} + 360 \sigma^2_{(L)}$			
Repetición (Localidad)	9	17.99	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)} + 90 \sigma^2_{R(L)}$			
Genotipo	1	194.27	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)} + 120 \sigma^2_{(G \times L)} + 360 \sigma^2_{(L)}$	0.10	8.50	0.01204
Genotipo x Localidad	2	157.43	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)} + 120 \sigma^2_{(G \times L)}$	1.20		
Plantas	9	13.53	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(G \times L)}$	0.21	8.61	0.02451
Error	696	7.20				

Tabla 4-78. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para número de ramificaciones de la “espiga” en tres localidades incluyendo a la línea actual.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	σ^2_g	σ^2_f	h^2
Localidad	2	1271.47	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)} + 120 \sigma^2_{(GxL)} + 90 \sigma^2_{R(L)} + 360 \sigma^2_{(L)}$			
Repetición (Localidad)	9	18.70	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)} + 90 \sigma^2_{R(L)}$			
Genotipo	2	863.38	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)} + 120 \sigma^2_{(GxL)} + 360 \sigma^2_{(L)}$	2.04	16.55	0.123527801
Genotipo x Localidad	4	127.59	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)} + 120 \sigma^2_{(GxL)}$	0.95		
Plantas	18	12.59	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)}$	0.00	14.50	0
Error	1044	13.55				

Tabla 4-79. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para número de ramificaciones de la “espiga” en tres localidades sin incluir a la línea actual.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	σ^2	σ^2_f	h^2
Localidad	2	1287.18	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)} + 120 \sigma^2_{(GxL)} + 90 \sigma^2_{R(L)} + 360 \sigma^2_{(L)}$			
Repetición (Localidad)	9	17.29	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)} + 90 \sigma^2_{R(L)}$			
Genotipo	1	975.34	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)} + 120 \sigma^2_{(GxL)} + 360 \sigma^2_{(L)}$	2.58	10.98	0.234870233
Genotipo x Localidad	2	46.61	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)} + 120 \sigma^2_{(GxL)}$	0.29		
Plantas	9	11.23	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)}$	0.10	8.51	0.012214138
Error	696	8.11				

Tabla 4-80. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para longitud de ejerción de la “espiga” en tres localidades incluyendo a la línea actual.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	σ^2	σ^2_f	h^2
Localidad	2	20.22	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)} + 120 \sigma^2_{(GxL)} + 90 \sigma^2_{R(L)} + 360 \sigma^2_{(L)}$			
Repetición (Localidad)	9	5.14	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)} + 90 \sigma^2_{R(L)}$			
Genotipo	2	98.75	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)} + 120 \sigma^2_{(GxL)} + 360 \sigma^2_{(L)}$	0.25	2.16	0.116470289
Genotipo x Localidad	4	8.38	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)} + 120 \sigma^2_{(GxL)}$	0.04		
Plantas	18	3.09	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)}$	0.04	1.95	0.021106268
Error	1044	1.86				

Tabla 4- 81. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para longitud de ejerción de la “espiga” en tres localidades sin incluir a la línea actual.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	σ^2	σ^2_f	h^2
Localidad	2	12.06	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)} + 120 \sigma^2_{(GxL)} + 90 \sigma^2_{R(L)} + 360 \sigma^2_{(L)}$			
Repetición (Localidad)	9	4.21	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)} + 90 \sigma^2_{R(L)}$			
Genotipo	1	26.64	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)} + 120 \sigma^2_{(GxL)} + 360 \sigma^2_{(L)}$	0.03	2.38	0.011754276
Genotipo x Localidad	2	16.55	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)} + 120 \sigma^2_{(GxL)}$	0.09		
Plantas	9	5.70	$\sigma^2_e + 30 \sigma^2_{R(GxL)}$	0.11	2.47	0.046327108
Error	696	2.27				

Tabla 4-82. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para porcentaje de llenado de mazorcas en tres localidades incluyendo a la línea actual.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	σ^2_g	σ^2_f	h^2
Localidad	2	661.11	$\sigma^2_e + 4 \sigma^2_{(G \times L)} + 3 \sigma^2_{R(L)} + 12 \sigma^2_{(L)}$			
Repetición (Localidad)	9	21.48	$\sigma^2_e + 3 \sigma^2_{R(L)}$			
Genotipo	2	12199.26	$\sigma^2_e + 4 \sigma^2_{(G \times L)} + 12 \sigma^2_{(G)}$	986.63	1125.99	0.876239269
Genotipo x Localidad	4	359.65	$\sigma^2_e + 4 \sigma^2_{(G \times L)}$	73.43		
Error	18	65.92				

Tabla 4-83. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para porcentaje de llenado de mazorcas en tres localidades sin incluir a la línea actual.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	σ^2	σ^2_f	h^2
Localidad	2	926.18	$\sigma^2_e + 4 \sigma^2_{(G \times L)} + 3 \sigma^2_{R(L)} + 12 \sigma^2_{(L)}$	51.48	218.95	
Repetición (Localidad)	9	15.60	$\sigma^2_e + 3 \sigma^2_{R(L)}$	0.00	167.46	
Genotipo	1	57.78	$\sigma^2_e + 4 \sigma^2_{(G \times L)} + 12 \sigma^2_{(G)}$	0.00	164.08	0
Genotipo x Localidad	2	308.37	$\sigma^2_e + 4 \sigma^2_{(G \times L)}$	48.10	215.56	
Error	9	115.98				

Tabla 4- 84. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para rendimiento en número de bolsas/ha en tres localidades incluyendo a la línea actual.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	σ^2	σ^2_f	h^2
Localidad	2	10395.72	$\sigma^2_e + 4 \sigma^2_{(G \times L)} + 3 \sigma^2_{R(L)} + 12 \sigma^2_{(L)}$			
Repetición (Localidad)	9	431.60	$\sigma^2_e + 3 \sigma^2_{R(L)}$			
Genotipo	2	59426.36	$\sigma^2_e + 4 \sigma^2_{(G \times L)} + 12 \sigma^2_{(G)}$	4866.84	5891.11	0.82613
Genotipo x Localidad	4	833.81	$\sigma^2_e + 4 \sigma^2_{(G \times L)}$	0.00	1024.27	
Error	18	1024.27				

Tabla 4-85. Esperanza de cuadrados medios, estimaciones de varianzas y heredabilidad en sentido amplio para rendimiento en número de bolsas/ha en tres localidades sin incluir a la línea actual.

Fuente de variación	GL	CM	E(CM)	σ^2	σ^2_f	h^2
Localidad	2	7666.44	$\sigma^2_e + 4 \sigma^2_{(G \times L)} + 3 \sigma^2_{R(L)} + 12 \sigma^2_{(L)}$			
Repetición (Localidad)	9	483.52	$\sigma^2_e + 3 \sigma^2_{R(L)}$			
Genotipo	1	1988.39	$\sigma^2_e + 4 \sigma^2_{(G \times L)} + 12 \sigma^2_{(G)}$	5.52	1927.72	0.00286
Genotipo x Localidad	2	1484.56	$\sigma^2_e + 4 \sigma^2_{(G \times L)}$	0.00	1922.21	
Error	9	1922.21				

Durante todos los análisis de heredabilidad de los caracteres asociados a la “espiga” se logró encontrar heredabilidades para número de ramificaciones de la “espiga” y longitud de “espiga” muy bajas (Tablas 4-69 y 4-70), lo cual difiere de lo encontrado por Rocheford (1999) Mickerlson *et al.* (2002) y Upadyayula *et al.* (2006).

Cuando en el análisis de heredabilidad se incluyó a la línea actual, las varianzas genéticas se incrementaron al igual que la heredabilidad, con el análisis incluyendo solo a la línea mejorada, la varianza genética al igual que la heredabilidad fueron muy bajas (Tablas 4-68, 4-69, 4-70, 4-71, 4-72, 4-73, 4-74, 4-75, 4-76, 4-77, 4-78, 4-79, 4-80, 4-81, 4-82, 4-83, 4-84 y 4-85). Esto indica que la línea actual presentó una varianza genética muy alta pero la versión mejorada presentó una varianza genética muy baja, lo cual permite que ya no haya muchas ganancias en los siguientes ciclos.

4.8.4 Estabilidad de Eberhart y Russell.

En el carácter de altura de planta se observó que para los tres genotipos las desviaciones con respecto a la recta de la regresión fueron negativas, que deben de ser consideradas como cero (Tabla 4-86).

Al presentar desviaciones de cero, se consideran genotipos predecibles para los diferentes ambientes.

Adicional a la predictibilidad, se calculó el coeficiente de regresión para cada genotipo, en donde la línea mejorada a partir de semilla fundamental por autopolinizaciones presentó un coeficiente de 0.49, la línea mejorada producida por fraternos (sibes) presentó un coeficiente de 1.33 y la línea actual presentó un coeficiente de 1.168 (Tabla 4-86).

La línea mejorada producida por autopolinizaciones, al presentar un coeficiente de regresión (b) menor a cero, se puede considerar una línea con mejor respuesta a ambientes desfavorables para el carácter de altura de planta y predecible al poseer una desviación de cero (Tabla 4-86).

La línea mejorada producida por “sibes” y la línea actual, presentaron un coeficiente de regresión (b) mayor a uno, se puede considerar una genotipo con mejor respuesta a ambientes favorables y predecible al poseer una desviación de cero (Tabla 4-86).

Tabla 4-86. Estabilidad de Eberhart y Russell para el carácter de altura de planta.

Genotipo	Candelaria	Guacarí	Yumbo	Total genotipos	Xij x lj	σ^2i	di	S ² di
30Au02Au	736.83	700.93	703.33	2141.09	67	50.3	16.9	-60.40
30Au02Sibes	729.70	692.10	642.53	2064.33	179	238.9	0.4	-76.94
Línea Actual	545.30	526.76	469.53	1541.59	157	195.0	11.9	-65.41
Total Ambientes	2011.83	1919.79	1815.39	5747.01				
Índices Ambientales	8.01	0.34	-8.36					
SC Índices Amb.	134.17						M.G.	159.64

b (30Au02Au)	0.499
b (30Au02Sibes)	1.333
b (LíneaActual)	1.168

Para el carácter altura de planta, la localidad más desfavorable fue Yumbo, la localidad intermedia fue Guacarí y la mejor localidad fue Candelaria. También importante considerar que el comportamiento de la línea producida por autos y producida por frateros fue diferente y que el peor desarrollo en altura lo presentó la línea actual. (Figura 4-22).

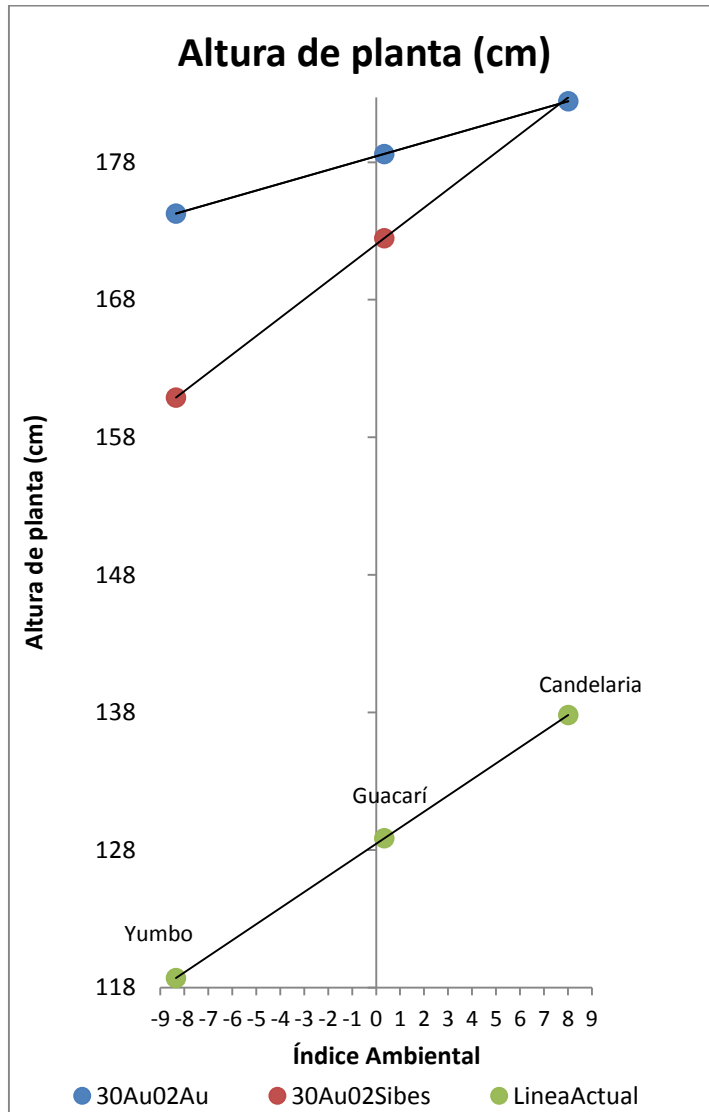


Figura 4-22. Gráfica de estabilidad de Eberhart y Russell en la línea mejorada y la línea actual, para altura de planta.

En el carácter longitud de “espiga” se observó que para los tres genotipos las desviaciones con respecto a la recta de la regresión fueron negativas, por ende fueron consideradas como cero indicando que son genotipos predecibles (Tabla 4-87).

La línea mejorada producida por autopolinizaciones, presentó un coeficiente de regresión (b) muy cerca de uno y aproximándolo a uno, se puede considerar una línea estable el carácter de longitud de “espiga” y predecible al poseer una desviación de cero (Tabla 4-87).

La línea mejorada producida por “sibes”, al presentar un coeficiente de regresión (b) mucho mayor a uno para el carácter de longitud de “espiga”, para este caso fue de 2.34, se puede considerar un genotipo con mejor respuesta a ambientes favorables, además de considerarse predecible al poseer una desviación de cero (Tabla 4-87).

La línea actual, presentó un coeficiente mucho menor a uno, lo que hace que el genotipo presente mejor respuesta a ambientes desfavorables y sigue siendo predecible (Tabla 4-87).

Tabla 4-87. Estabilidad de Eberhart y Russell para el carácter de longitud de “espiga”.

Genotipo	Candelaria	Guacarí	Yumbo	Total genotipos	Xij x lj	σ^2i	di	S ² di
30Au02Au	125.86	118.23	119.18	363.27	2	2.16	0.19	-3.75
30Au02Sibes	127.35	115.51	107.95	350.81	5	11.95	0.54	-3.40
Línea Actual	87.20	88.10	90.25	265.55	-1	0.31	0.52	-3.42
Total Ambientes	340.41	321.84	317.38	979.63				
Índices Ambientales	1.16	-0.39	-0.76					
SC Índices Amb.	2.07						M.G.	27.2119

b _(30Au02Au)	0.976
b _(30Au02Sibes)	2.347
b _(LíneaActual)	-0.323

Para el carácter longitud de “espiga”, la localidad más desfavorable fue Yumbo, la localidad intermedia fue Guacarí y la mejor localidad fue Candelaria, esto para la línea mejorada por “sibes” y por autos. Para la línea actual la mejor localidad fue Yumbo y la peor fue Candelaria. El comportamiento de la línea producida por autos y producida por fraternos fue diferente y la “espiga” con menor longitud lo presentó la línea actual. (Figura 4-23).

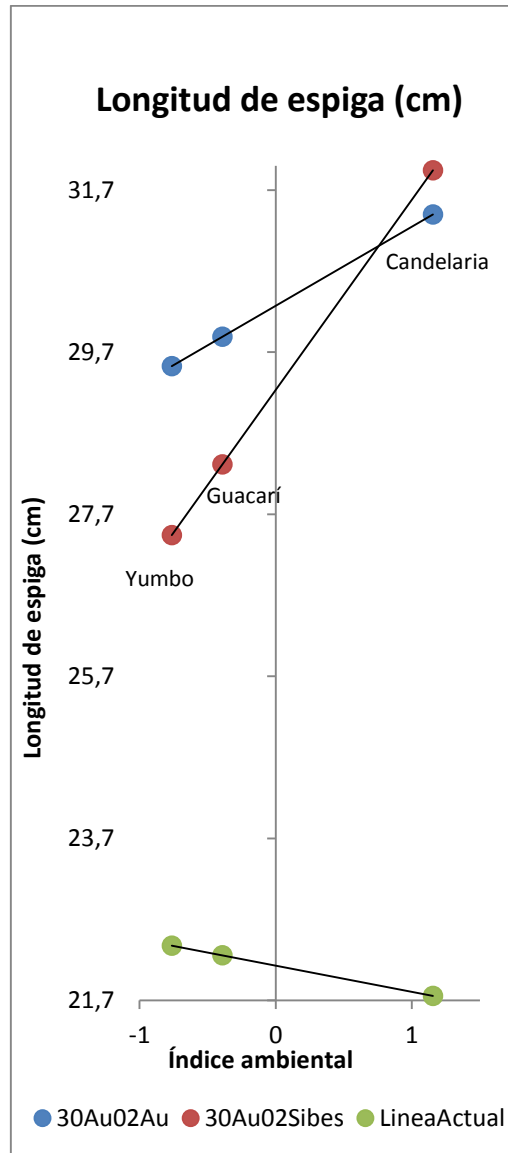


Figura 4-23. Gráfica de estabilidad de Eberhart y Russell en la línea mejorada y la línea actual, para longitud de “espiga”.

Igualmente se calculó para el ancho de “espiga” (Tabla 4-88), en donde se considera una variable de poca relevancia en la producción de polen, ya que “espigas” con amplia apertura y poca apertura tienen potencial en la producción de polen siempre y cuando el carácter tenga alto número de ramificaciones.

Para la línea mejorada por “sibes” y la línea actual o línea problema, la localidad con la apertura de ramificaciones más baja fue Yumbo, seguido por Guacarí y la mejor apertura de ramificaciones (ancho de “espiga”) se presentó en Candelaria

El comportamiento de la línea mejorada por autos fue diferente de los dos genotipos mencionados anteriormente, en donde la mejor localidad fue Yumbo y la peor fue Candelaria (Figura 4-24).

Tabla 4-88. Estabilidad de Eberhart y Russell para el carácter de ancho de “espiga”.

Genotipo	Candelaria	Guacarí	Yumbo	Total genotipos	$X_{ij} \times l_j$	σ^2_i	d_i	$S^2 d_i$
30Au02Au	67.33	67.76	69.13	204.22	-1	0.11	0.00	-3.96
30Au02Sibes	73.10	62.60	46.93	182.63	10	21.68	0.86	-3.10
Línea Actual	40.31	42.86	30.23	113.40	5	5.58	0.85	-3.11
Total Ambientes	180.74	173.22	146.29	500.25				
Índices Ambientales	1.17	0.54	-1.71					
SC Índices Amb.	4.56							

M.G.	13.896
------	--------

$b_{(30Au02Au)}$	-0.156
$b_{(30Au02Sibes)}$	2.137
$b_{(LíneaActual)}$	1.018

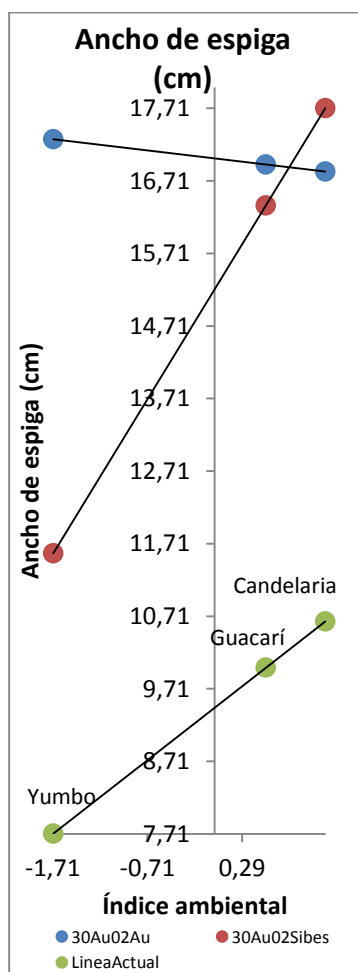


Figura 4-24. Gráfica de estabilidad de Eberhart y Russell en la línea mejorada y la línea actual, para ancho de “espiga”.

En el carácter número de ramificaciones de la “espiga” se observó que para los tres genotipos las desviaciones con respecto a la recta de la regresión fueron negativas y fueron consideradas como cero, indicando que fueron genotipos predecibles (Tabla 4-89). La línea mejorada producida por autopolinizaciones, presentó un coeficiente de regresión (b) mayor a uno (b=1.45), se consideró como una línea con una mejor respuesta a ambientes favorables para el carácter de ramificaciones de la “espiga” y predecible al poseer una desviación de cero (Tabla 4-89).

La línea mejorada producida por sibes, presentó un coeficiente de regresión (b) muy cerca de uno y aproximándolo a uno (b=0.98=1) para el carácter de ramificaciones de la “espiga”, se consideró un genotipo estable y predecible a través de los ambientes, al poseer una desviación de cero (Tabla 4-89).

La línea actual, presentó un coeficiente mucho menor a uno, lo que hace que el genotipo presente mejor respuesta a ambientes desfavorables y sigue siendo predecible (Tabla 4-89).

Tabla 4-89. Estabilidad de Eberhart y Russell para el carácter de número de ramificaciones de la “espiga”.

Genotipo	Candelaria	Guacarí	Yumbo	Total genotipos	Xij x lj	σ^2i	di	S ² di
30Au02Au	99.63	81.40	79.86	260.89	10	15.12	0.21	-3.18
30Au02Sibes	86.36	73.23	73.36	232.95	7	7.11	0.27	-3.11
Línea Actual	79.43	76.66	69.60	225.69	4	3.21	0.97	-2.42
Total Ambientes	265.42	231.29	222.82	719.53				
Índices Ambientales	2.13	-0.71	-1.42					
	7.06							
							M.G.	19.9869

b _(30Au02Au)	1.453
b _(30Au02Sibes)	0.984
b _(LíneaActual)	0.563

Para el carácter número de ramificaciones de la “espiga”, la localidad más desfavorable fue Yumbo, la localidad intermedia fue Guacarí y la mejor localidad fue Candelaria, esto para los tres genotipos evaluados (Figura 4-25).

Importante considerar que siempre el mejor comportamiento de la línea mejorada fue a partir de semilla producida por autopolinizaciones y que el peor comportamiento para todos los caracteres evaluados fue en la línea actual (Figura 4-25).

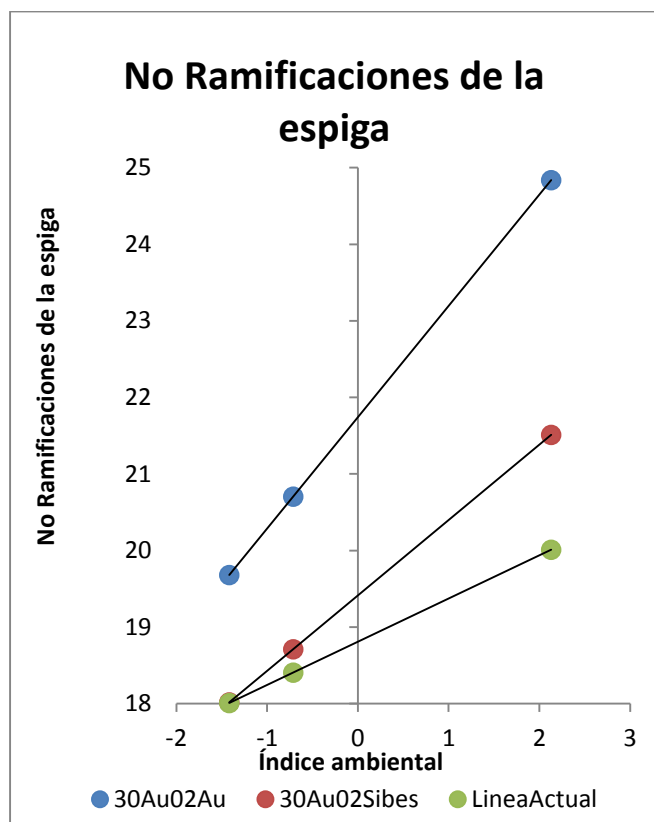


Figura 4-25. Gráfica de estabilidad de Eberhart y Russell en la línea mejorada y la línea actual, número de ramificaciones de la “espiga”.

En el carácter longitud de la ejerción de la “espiga” se observó que para los tres genotipos las desviaciones con respecto a la recta de la regresión fueron negativas.

La línea mejorada producida por autopolinizaciones, al presentar un coeficiente de regresión menor de uno ($b=0.83$), se puede considerar una línea con una mejor respuesta a ambientes desfavorables para el carácter de longitud de ejerción de la “espiga” y predecible (Tabla 4-90).

La línea mejorada producida por sibes, al presentar un coeficiente de regresión de uno ($b=1.05$), se consideró un genotipo estable y predecible (Tabla 4-90).

La línea actual, presentó un coeficiente mayor a uno ($b=1.10$), lo que hace que el genotipo presente mejor respuesta a ambientes favorables y predecible (Tabla 4-90).

En el carácter porcentaje de llenado de mazorcas, se observó que las desviaciones fueron mayores a cero en la línea producida por autopolinizaciones y en la línea actual, lo que indica que estos dos genotipos no fueron predecibles. La línea producida por sibes presentó una desviación menor a cero, lo que hace de este genotipo un material predecible (Tabla 4-91).

La línea mejorada producida por autopolinizaciones ($b=0.61$), se consideró una línea con una mejor respuesta a ambientes desfavorables para el carácter porcentaje de grano en la mazorca y predecible (Tabla 4-91).

La línea mejorada producida por autos y la línea actual al presentar un coeficiente de regresión menor a uno ($b=0.56$ y $b=0.19$) se consideraron como genotipos con mejor comportamiento en ambientes desfavorables y no son predecibles a través de los ambientes, al poseer una desviación de mayor de cero (Tabla 4-91).

La línea mejorada producida por sibes ($b=2.2$) se consideró un genotipo con mejor comportamiento en ambientes favorables y es predecible a través de los ambientes (Tabla 4-91).

Tabla 4- 90. Estabilidad de Eberhart y Russell para el carácter de longitud de ejerción de la “espiga”.

Genotipo	Candelaria	Guacarí	Yumbo	Total genotipos	$X_{ij} \times l_j$	σ^2_i	d_i	$S^2 d_i$
30Au02Au	5.61	8.21	6.31	20.13	0.094	0.23	0.15	-0.32
30Au02Sibes	6.50	5.35	3.68	15.53	0.119	0.25	0.13	-0.34
Línea Actual	2.86	3.45	1.40	7.71	0.125	0.14	0.00	-0.46
Total Ambientes	14.97	17.01	11.39	43.37				
Índices Ambientales	0.04	0.21	-0.26					
	0.11							

M.G.	1.20472
------	---------

$b_{(30Au02Au)}$	0.832
$b_{(30Au02Sibes)}$	1.059
$b_{(LíneaActual)}$	1.109

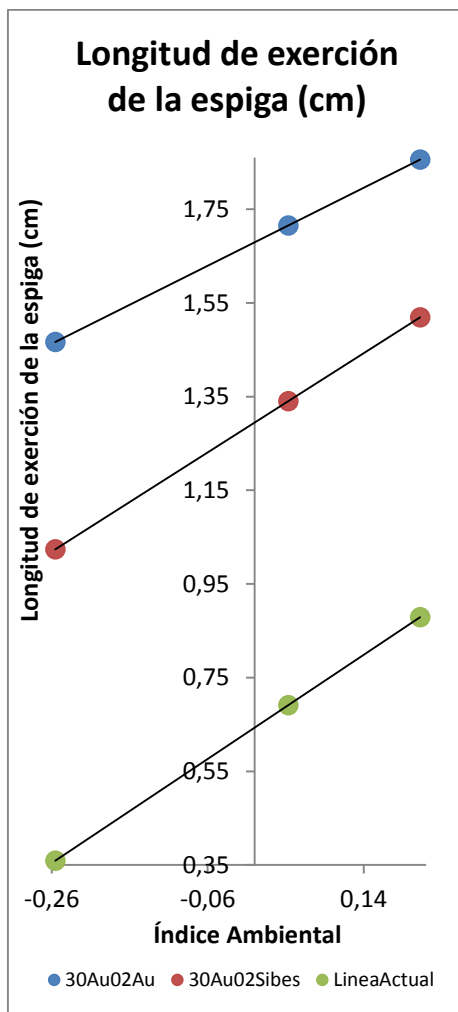


Figura 4-26. Gráfica de estabilidad de Eberhart y Russell en la línea mejorada y la línea actual, para longitud de ejerción de la “espiga”.

Tabla 4-91. Estabilidad de Eberhart y Russell para el carácter porcentaje de llenado de mazorcas.

Genotipo	Candelaria	Guacarí	Yumbo	Total genotipos	Xij x lj	σ^2i	di	S ² di
30Au02Au	328	347	382	1057	75	93.79	51.31	34.83
30Au02Sibes	252	384	370	1006	293	657.17	1.20	-15.28
Línea Actual	122	151	103	376	25	73.04	68.24	51.76
Total Ambientes	702	882	855	2439				
Indices Ambientales	-9.25	5.75	3.50					
	130.88							
							M.G.	67.75

b (30Au02Au)	0.569723018
b (30Au02Sibes)	2.238777459
b (LíneaActual)	0.191499522

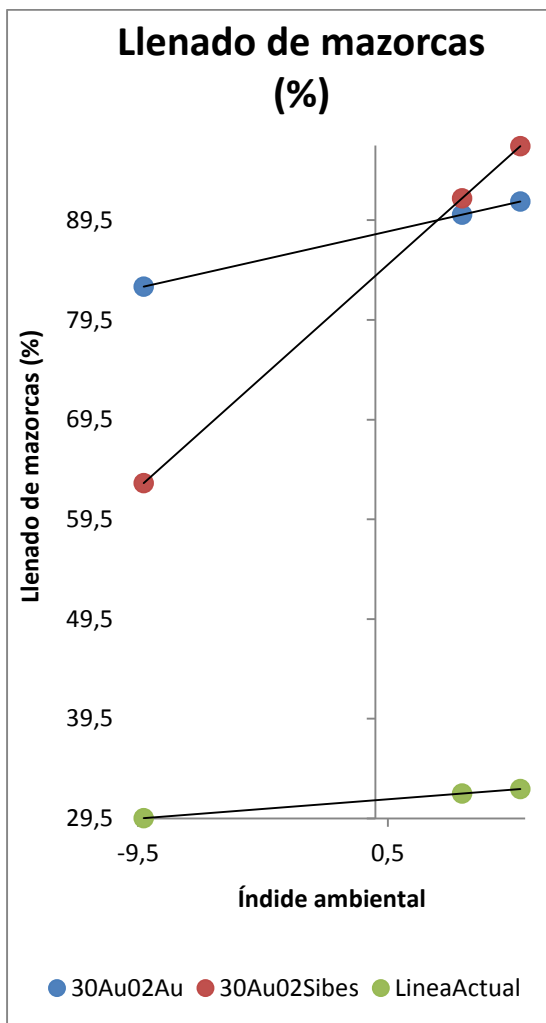


Figura 4-27. Gráfica de estabilidad de Eberhart y Russell en la línea mejorada y la línea actual, para porcentaje de llenado de mazorcas.

Para el carácter rendimiento en bolsas por hectárea se encontró que los tres genotipos fueron predecibles a través de ambientes, al poseer una desviación menor a cero.

La línea mejorada producida por autopolinizaciones se consideró una línea ideal para ambientes favorables ya que su pendiente fue mayor a uno, la línea mejorada producida por sibes y la línea actual se consideraron materiales ideales para ambientes desfavorables, al poseer una pendiente menor a uno (Tabla 4-92).

Tabla 4-92 Estabilidad de Eberhart y Russell para el carácter rendimiento en bolsas de semilla/ha.

Genotipo	Candelaria	Guacarí	Yumbo	Total genotipos	$X_{ij} \times l_j$	σ^2_i	d_i	$S^2 d_i$
30Au02Au	862	846	555	2263	2536	3733.0	26.4	-287.2
30Au02Sibes	765	679	601	2045	1103	841.1	140.6	-172.9
Línea Actual	292	302	110	704	1567	1460.1	45.1	-268.4
Total Ambientes	1919	1827	1266	5012				
Indices Ambientales	20.69	13.03	-33.72					
	1735.17							
							M.G.	139.2222

$b_{(30Au02Au)}$	1.4615
$b_{(30Au02Sibes)}$	0.6353
$b_{(LíneaActual)}$	0.9030

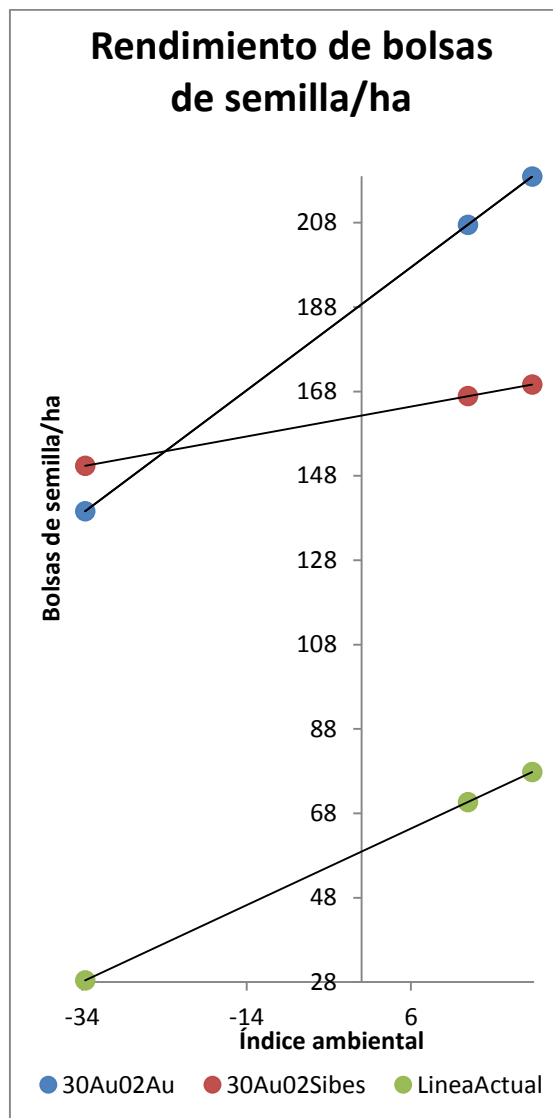


Figura 4-28. Gráfica de estabilidad de Eberhart y Russell en la línea mejorada y la línea actual, para rendimiento en bolsas de semilla/ha.

4.8.5 Ganancia obtenida por selección

En la tabla 4-93 se logra observar que para la mayoría de casos hubo ganancia, lo que ratifica la gran variabilidad de la línea y la posibilidad de eliminar más genes deletéreos. La ganancia genética por selección se va reduciendo conforme se avanza los ciclos de autopolinización, hasta llegar al punto en donde no se logran ganancias, esto indica el éxito de haber fijado y purificado una línea (Tabla 4-93).

Tabla 4-93. Ganancia genética por selección en la sub-familia 30

Variable	Población ID	Media	Diferencias	ΔG
Altura de planta (cm)	Línea actual	110.84	S3 - Lactual	67.59
	S1	163	S1 - Lactual	52.16
	S2	177.06	S2 - S1	14.06
	S3	178.43	S3 - S2	1.37
Altura de mazorca (cm)	Línea actual	48.29	S3 - Lactual	30.61
	S1	78.24	S1 - Lactual	29.95
	S2	87.48	S2 - S1	9.24
	S3	78.9	S3 - S2	-8.58
Longitud de "espiga" (cm)	Línea actual	21.51	S3 - Lactual	8.76
	S1	27.36	S1 - Lactual	5.85
	S2	29.56	S2 - S1	2.2
	S3	30.27	S3 - S2	0.71
Ancho de "espiga" (cm)	Línea actual	7.46	S3 - Lactual	0
	S1	10.21	S1 - Lactual	1.76
	S2	11.97	S2 - S1	1.76
	S3	17.02	S3 - S2	5.05
Longitud de ejerción de la "espiga" (cm)	Línea actual	0.53	S3 - Lactual	1.15
	S1	0.99	S1 - Lactual	0.46
	S2	0.94	S2 - S1	0.05
	S3	1.68	S3 - S2	0.74
No Ramificaciones de la "espiga"	Línea actual	17.2	S3 - Lactual	4.54
	S1	20.25	S1 - Lactual	3.05
	S2	19.04	S2 - S1	-1.21
	S3	21.74	S3 - S2	2.7

En las figuras 4-29, 4-30, 4-31, 4-32, 4-33 y 4-34 se observó cómo la varianza fenotípica de la línea actual es bastante amplia y como la varianza va disminuyendo y así mismo los promedios se van incrementando. Esto indica que al trabajar sobre la familia 30AU02 no se

observó depresión por endogamia, se contribuyó al aumento de los promedios y a la disminución en las varianzas, esto aplica para todas las variables analizadas, a excepción del carácter de longitud de ejerción de la “espiga”, el cual fue muy variable.

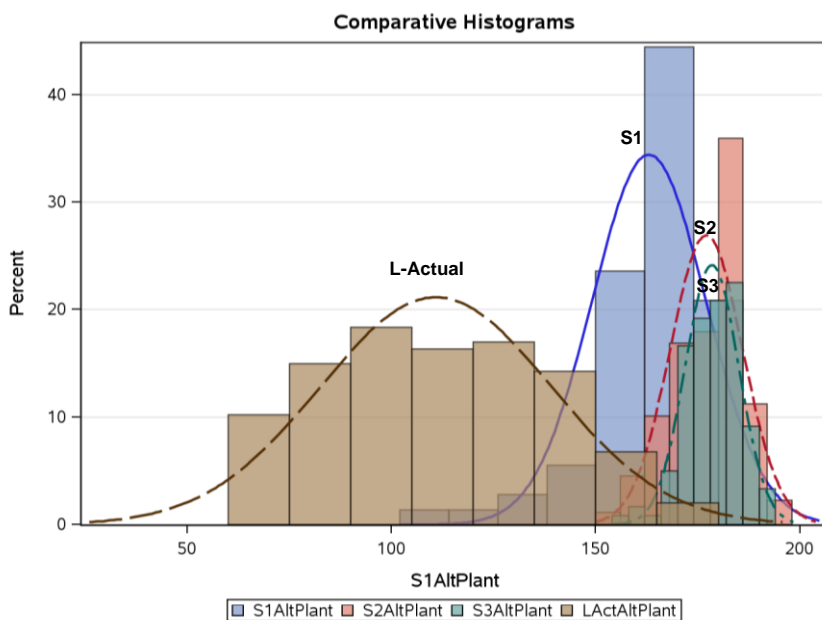


Figura 4-29. Distribución de poblaciones de la familia No30 durante 3 generaciones para el carácter de altura de planta.

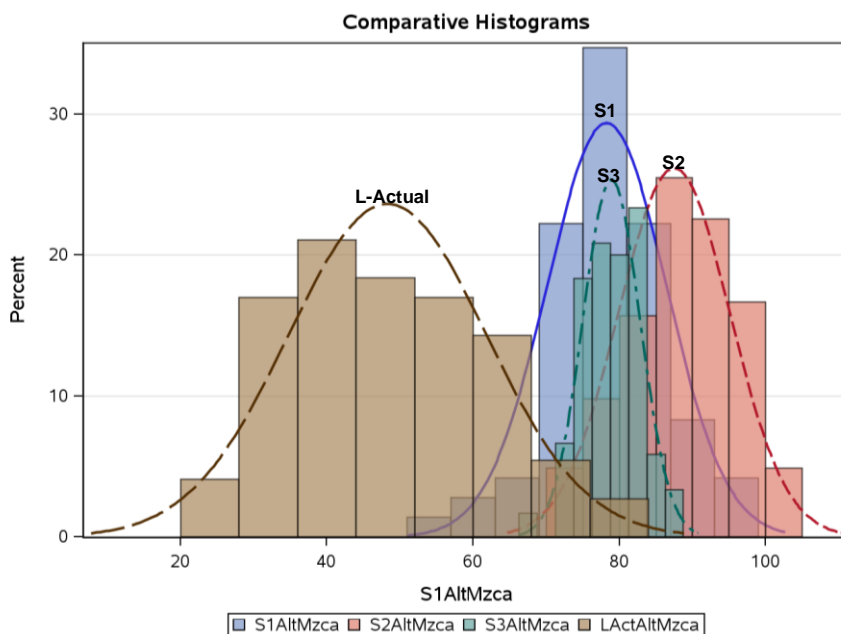


Figura 4-30. Distribución de poblaciones de la familia No30 durante 3 generaciones para el carácter de altura de mazorca.

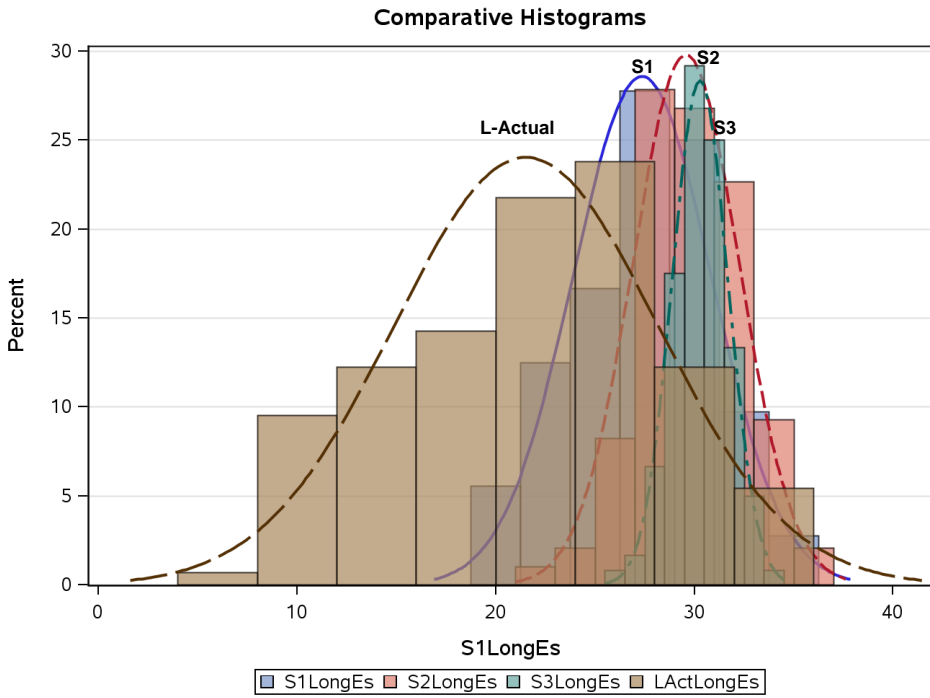


Figura 4-31. Distribución de poblaciones de la familia No30 durante 3 generaciones para el carácter de longitud de “espiga”.

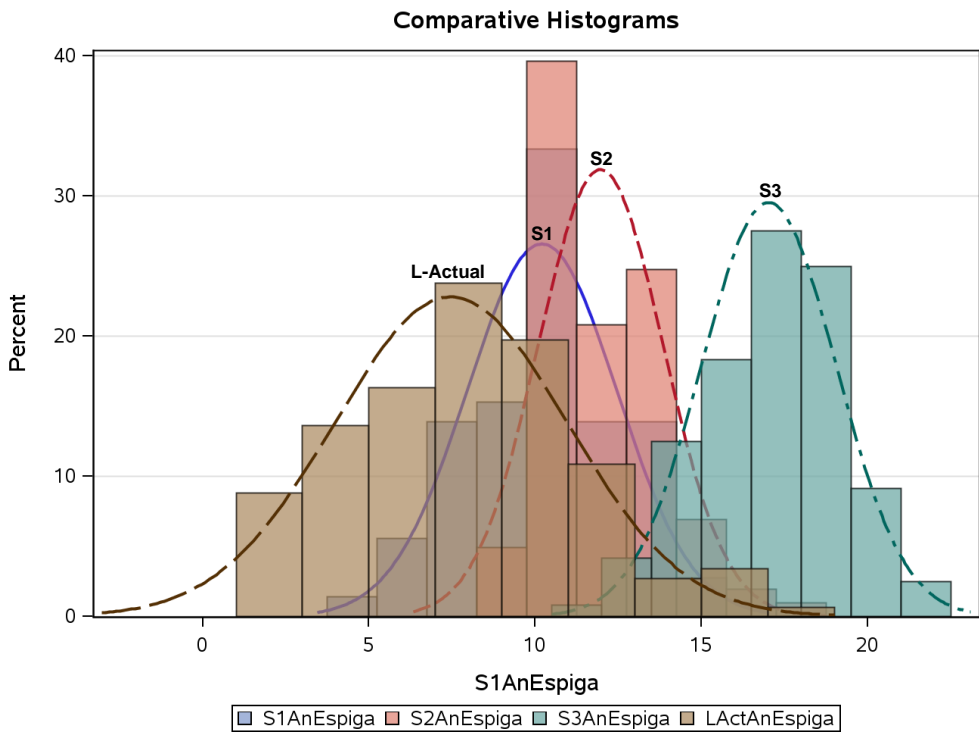


Figura 4-32 Distribución de poblaciones de la familia No30 durante 3 generaciones para el carácter de ancho de “espiga”.

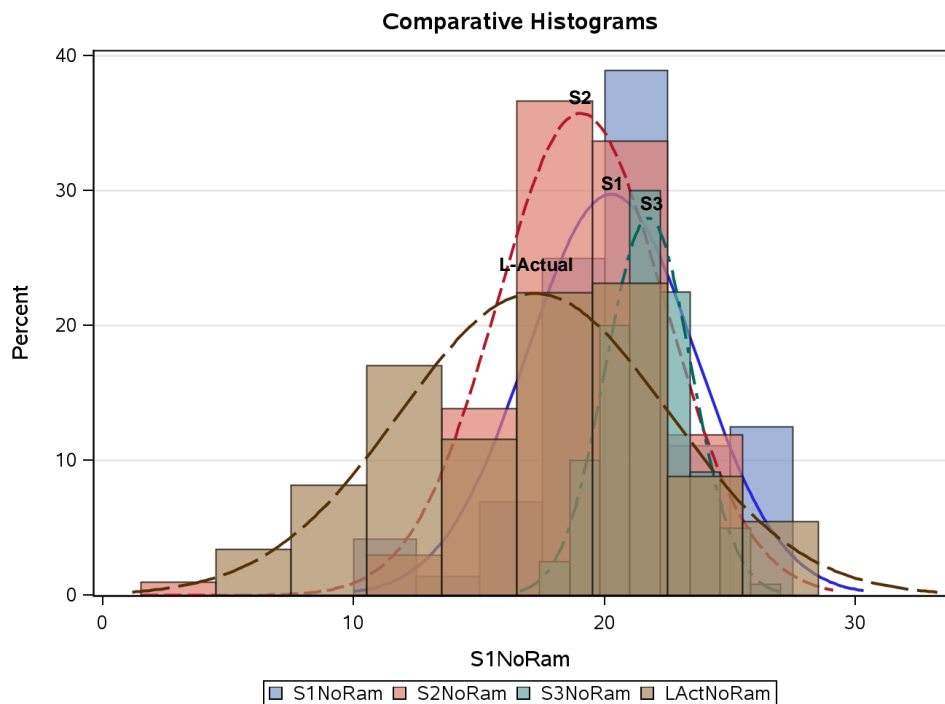


Figura 4-33. Distribución de poblaciones de la familia No30 durante 3 generaciones para el carácter de número de ramificaciones de la “espiga”.

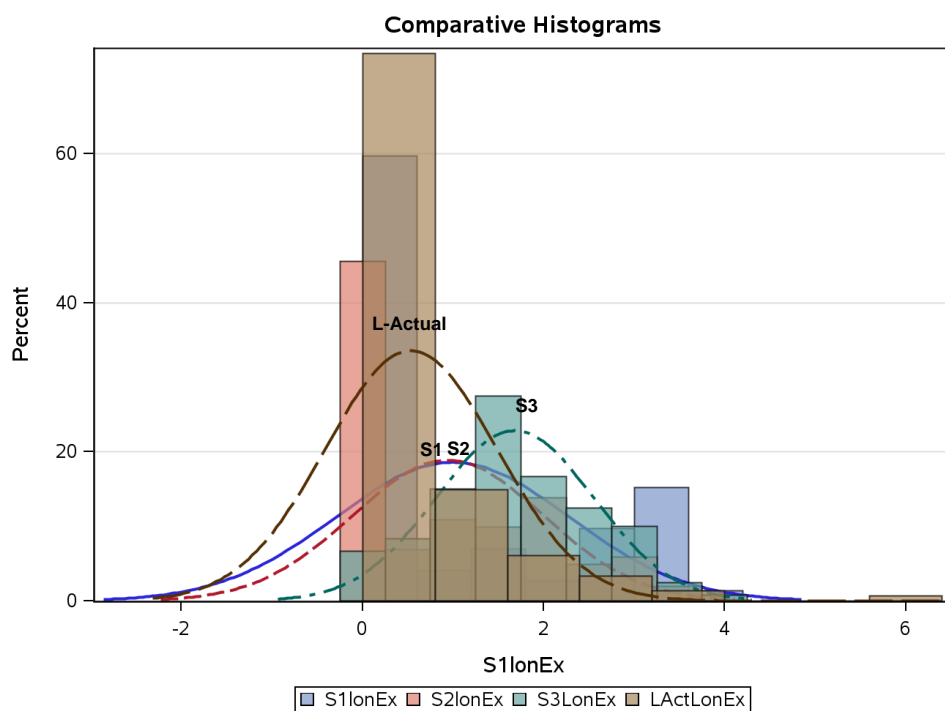


Figura 4-34. Distribución de poblaciones de la familia No30 durante 3 generaciones para el carácter de longitud de ejecución de la “espiga”.

Al analizar el comportamiento de familia No 50, no hubo ganancia genética, hubo depresión por endogamia (Tabla 4-94).

Tabla 4-94. Depresión por endogamia en la familia No 50.

Variable	Población ID	Media	Depresión por endogamia
Altura de planta (cm)	Línea actual	110.8	
	S1	170.2	-0.437176775
	S2	95.77	
Altura de mazorca (cm)	Línea actual	48.29	
	S1	81.26	-0.496062023
	S2	40.95	
Longitud de "espiga" (cm)	Línea actual	21.51	
	S1	27.45	-0.306739526
	S2	19.03	
Ancho de "espiga" (cm)	Línea actual	7.46	
	S1	8.55	-0.204678363
	S2	6.8	
Longitud de ejerción de la "espiga" (cm)	Línea actual	0.53	
	S1	1.63	-0.650306748
	S2	0.57	
No Ramificaciones de la "espiga"	Línea actual	17.2	
	S1	18.96	-0.188291139
	S2	15.39	

Al observar la distribución de la población para cada variable evaluada, se observó que para todos los caracteres hubo depresión por endogamia, la familia en la generación S1 se observó superior a la línea actual, sin embargo en la siguiente generación bajó notablemente su comportamiento, siendo muy parecida a la línea actual y en ocasiones inferior a la misma (Figuras 4-35, 4-36, 4-37, 4-38, 4-39 y 4-40).

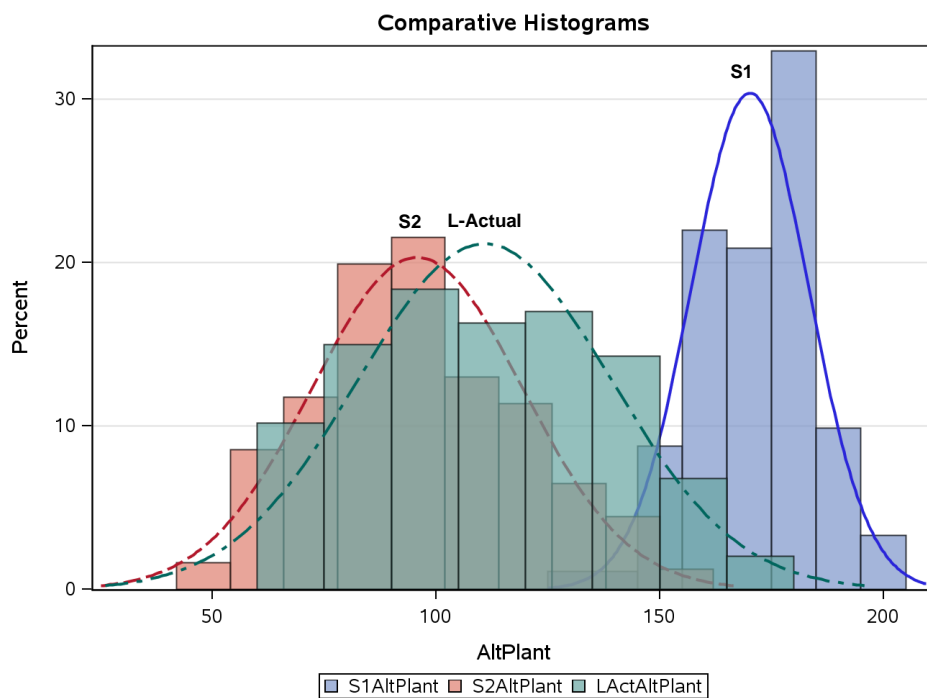


Figura 4-35 Distribución de poblaciones de la familia No50 durante 2 generaciones para el carácter de altura de planta.

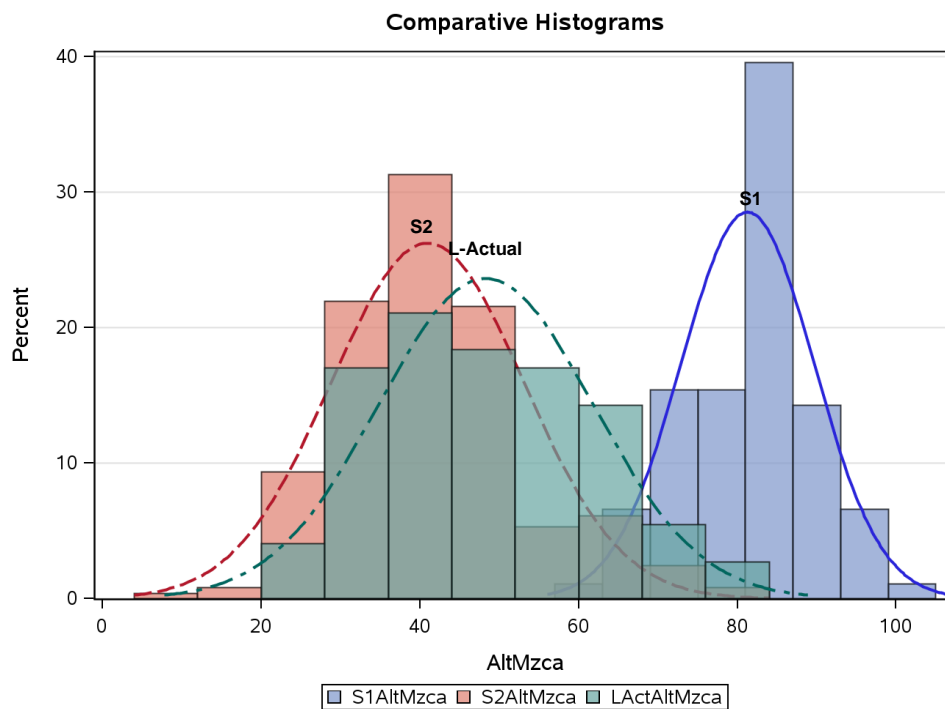


Figura 4-36. Distribución de poblaciones de la familia No50 durante 2 generaciones para el carácter de altura de mazorca.

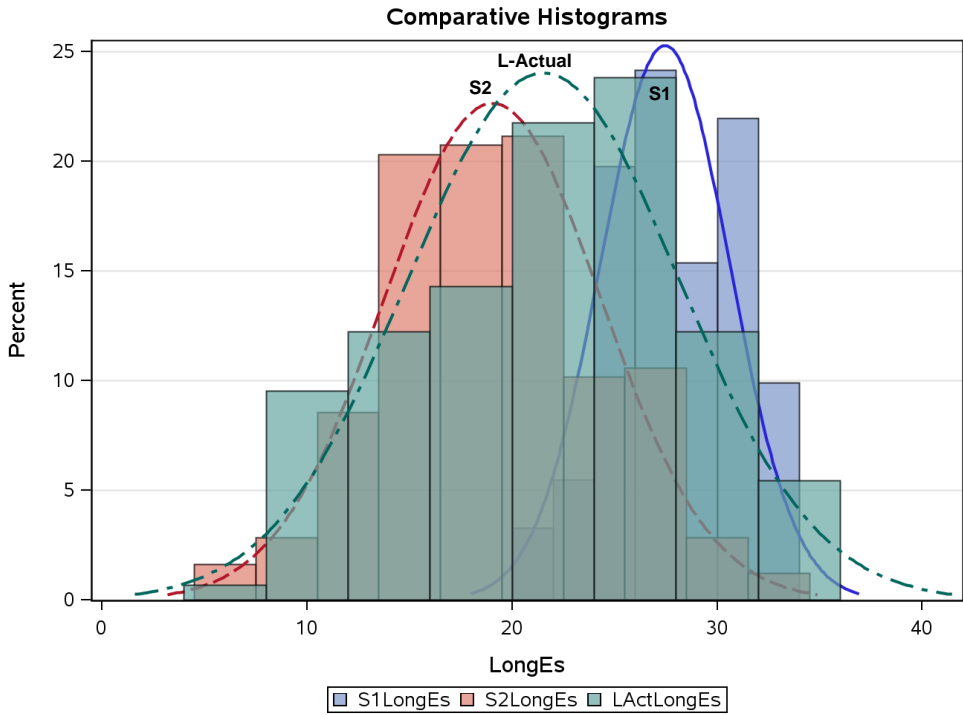


Figura 4-37. Distribución de poblaciones de la familia No50 durante 2 generaciones para el carácter de longitud de “espiga”.

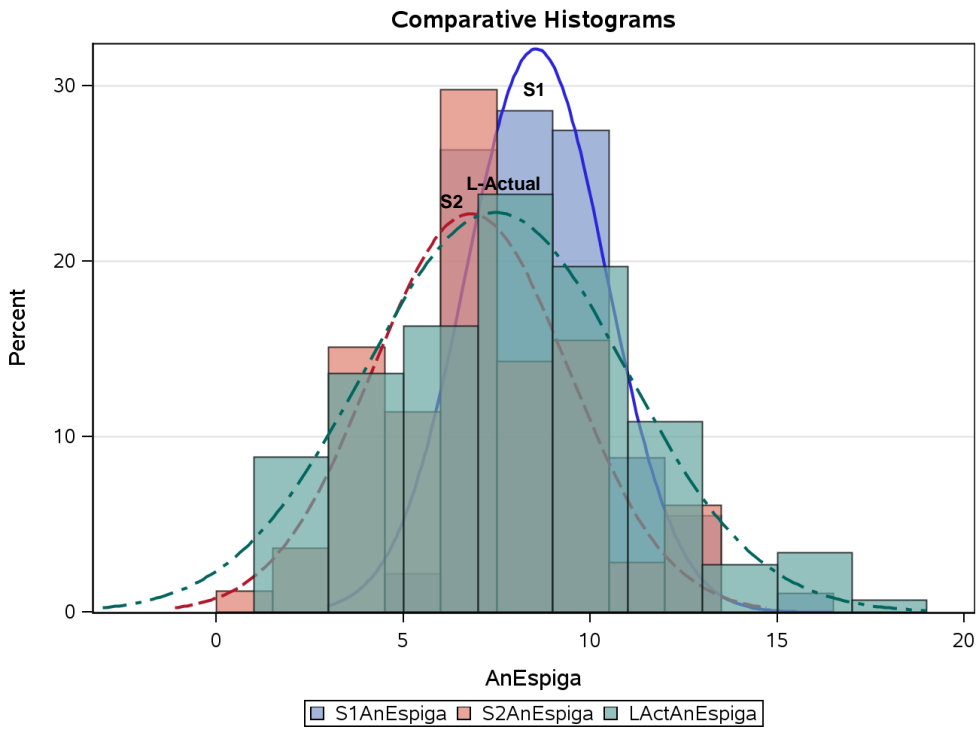


Figura 4-38. Distribución de poblaciones de la familia No50 durante 2 generaciones para el carácter de ancho de “espiga”.

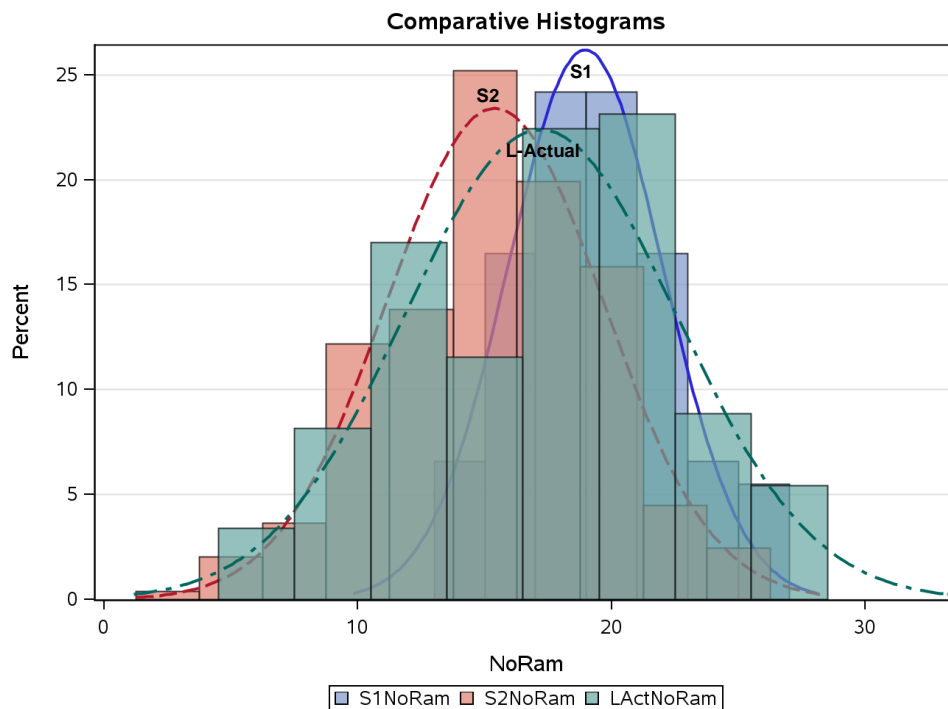


Figura 4-39 Distribución de poblaciones de la familia No50 durante 2 generaciones para el carácter de número de ramificaciones de la “espiga”.

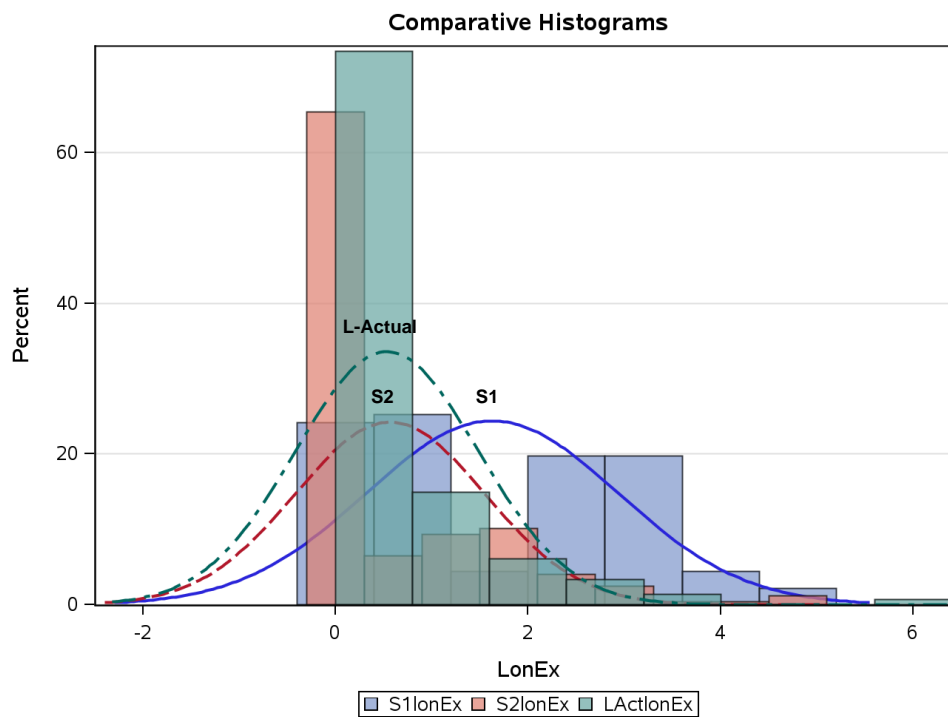


Figura 4-40. Distribución de poblaciones de la familia No50 durante 2 generaciones para el carácter de longitud de ejerción de la “espiga”.

5 Conclusiones y recomendaciones

Durante el primer ciclo de purificación de la línea L-1758, se logró identificar familias de autos-hermanos (AU) muy superiores en todos los caracteres a la línea actual, en donde las varianzas genéticas entre familias fueron amplias, pero al interior de ellas fueron más bajas.

En el segundo ciclo de purificación de la línea, se pudo observar que todas las familias a excepción de la No 30, presentaron depresión por endogamia, en donde su comportamiento en esta siguiente generación fue muy similar a la línea actual.

Se reitera el potencial de las sub-familias derivadas de la familia No 30, en donde se observó potencial para una mayor producción de polen y características deseables de la “espiga”.

Se identificó con éxito a la sub-familia 30.AU.02, la cual fue considerada como la línea versión mejorada.

La producción de polen en una “espiga” tiene una relación y asociación muy alta con el número de ramificaciones de la “espiga”, sumatoria de ramificaciones de la “espiga” e índice del área efectivo de la “espiga”, en donde los tres caracteres logran un modelo integrado con un alto coeficiente de determinación ($R^2=0.96$). Esto indica que los caracteres mencionados anteriormente son los que se deben tener en cuenta en un programa de selección que busque mejorar la productividad de semilla híbrida buscando una mejor polinización.

La versión mejorada y la línea actual al ser evaluadas en tres localidades se consideraron genotipos predecibles a través de las localidades. La línea actual, a pesar de ser predecible, sus promedios no son útiles para la producción de semilla.

La productividad de semilla del híbrido H-4560 se mejoró considerablemente en donde al utilizar el nuevo parental polinizador se logró llegar a un potencial de 256 bolsas de semilla del híbrido H.4560/ha, mientras que utilizando como polinizador a la línea actual, se llegó a una producción de tan solo 92 bolsas de semilla/ha.

El comportamiento del híbrido H-4560 producido con el nuevo parental polinizador, no presentó diferencias significativas al ser comparado con el híbrido actual. Esto indica que la línea nueva no presenta grandes diferencias genéticas con la línea actual.

Se identificó y se aplicó con éxito una metodología basada en sistemas de generación de endogamia para la recuperación de la uniformidad y de la estabilidad de líneas endogámicas, que por la deficiencia en los sistemas óptimos de producción de semilla parental se ha venido perdiendo los caracteres típicos de la línea y aumentando la desuniformidad de las líneas en la producción comercial de híbridos.

Es indispensable la continuidad en las observaciones ya que la complejidad del material lo amerita, por ende es bien importante seguir las evaluaciones generación tras generación y estandarizar un sistema de producción de semilla parental que contribuya al mantenimiento de la pureza sin generar endogamia o depresión.

6 Bibliografía

ACQUAAH, GEORGE. Principles of Plant Genetics and Breeding. 1st edition, 2007. 584 pág.

ADAMS. M., DUARTE R. Nature of heterosis for a complex trait in a field bean crosses. Crop Science, 1961. Pág 380.

AGUDELO, O., VARON, F. Informe de análisis de viabilidad de polen en la línea L-1758. No publicado, 2012.

AGUDELO, O., VARON, F. Informe de análisis de viabilidad de polen en la línea L-1758. No publicado, 2013.

ALLARD, R. Genetic changes associated with the evolution of adaptedness in cultivated plant and wild progenitors. J. Hereditary, 1988. Pág 225–238

ALIU, S., FETAHU, S., RUSINOVCI, I., BISLIMI, K., ZEKA, D., Tassel morphology and pollen productivity in some maize (*Zea mays* L.) local populations. Plant Breeding, 2011. 4 pág.

ASOCIACIÓN DE SEMILLAS DE LAS AMÉRICAS., Movimiento de semillas en las Américas, 2009. 29 Pág.

BASSETTI, P., WESTGATE M, Floral Asynchrony and Kernel Set in Maize Quantified by Image Analysis. Agronomy Journal, 1994. 5 pág.

BERKE, T., ROCHEFORD, T. Quantitative Trait Loci for Tassel Traits in Maize. Crop Sci, 1999. 5 pág.

BERNAL, FRUTOS. Interacción genotipo-ambiente: GGE Biplot y modelos AMMI. Tesis de maestría: Universidad de Salamanca, 2011. Pág 6-11.

BRUCE, A. The Mendelian theory of the heredity and the argumentation of vigor. Science, 1910. Pág 627-628.

CASTAÑEDO P. El maíz y su cultivo. Editorial AGT Editor, 1990. Pág 248-256.

CEBALLOS, H. Genética cuantitativa y fitomejoramiento. Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira, 2003. 524 pág.

CENSUS, 2013 [Citado el 5 de Mayo de 2013] Disponible en:
<http://www.census.gov/popclock/>

CIMMYT., México y el CIMMYT, 2008. 44 Pág.

CIMMYT., El potencial de mercado de las semillas mejoradas de maíz en México, 2012.
30 Pág.

COCKERHAM, C. 1954. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariance among relatives when epistasis is present. *Genetics*, 1954. Pág 859-882.

CROSSA, J., GAUCH J, ZOBEL, R. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Sci*, 1990. Pág 493-500.

CROW, J. Alternative hypothesis of hybrid vigor. *Genetics*, 1948. Pág 477-478.

CUBERO, J. Introducción a la mejora genética vegetal. Universidad de Córdoba-España, 2003. 567 pág.

DAVENPORT, C. Degeneration, albinism and inbreeding. *Science*, 1908. Pág 454-455.

DHARY M. Importance of maize cropping, 2012.

DUVICK N.D. Commercial Strategies for Exploitation of Heterosis. En: *The genetics and exploitation of heterosis in crops*, American Society of Agronomy, 1999. Pág 295-303.

EBERHART, S., RUSSELL, W. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci*, 1966. Pág 36-40.

EAST, E., HAYES, K. Heterozygosis in evolution and in plant breeding. *Plant Ind. Bull*, 1912. Pág 243-258.

EAST, E., Heterosis. *Genetics*, 1936. Pág 375–397.

ESPINOSA, A., TADEO, M., SIERRA, M., GÓMEZ, N., COUTIÑO, B., PALAFOX, A., *Mejoramiento Genético y Conservación de Biodiversidad del Maíz en México*, 2004. Pág 2-3.

FALCONER D., MACKAY T. *Introduction to quantitative genetics*. Prentice hall 1st edition, 1960. 464 pág.

FALCONER D., MACKAY T. *Introduction to quantitative genetics*. Prentice hall 1st edition, 1981. 464 pág.

FENALCE., *El cultivo del maíz, historia e importancia*, 2010.

FINCK, M., SEITZ, H., BEISMANN, H. Concepts for general surveillance: Proposals standardization and harmonization in the field of gmo-monitoring, 2006. Pág 11-14.

FISHER, R. The correlation between relatives on the supposition of mendelian inheritance, 1918. Pág 399-433.

FISHER, KS., EDMEADES, GO., JOHNSON, EC. Recurrent selection for reduced tassel branch number and reduced leaf area density above the ear in tropical maize populations. *Crop Sci*, 1987. Pág 1150-1156.

FONSECA, A., WESTGATE, M. Tassel Morphology as an Indicator of Potential Pollen Production in Maize. *Plant Management Network*, 2003. 15 pág.

FONSECA, A., LIZASO, J., WESTGATE, M., GRASS, L., DORNBOS, D. Simulating Potential Kernel Production in Maize Hybrid Seed Fields. *Crop Sci*, 2004. 14 pág.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. Cuestiones éticas en los sectores de la alimentación y la agricultura, 2001.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS, 2013 [Citado el 5 de Mayo de 2013] Disponible en <http://faostat.fao.org/DesktopDefault.aspx?PageID=339&lang=es>.

GERALDI, IO., MIRANDA, F., VENCOVSKY, R. Estimates of Genetic parameters for tassel characters in maize (*Zea mays* L) and breeding perspectives. *Maydica*, 1985. Pág 1-14.

HALL, A., VILELLA, F., TRAPANI, N., CHIMENTI, C., The effects of water stress and genotype on the dynamics of pollen-shedding and silking in maize. *Field crops*, 1982. Pág 349-363.

HALLAUER, A., CARENA, J., MIRANDA. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press. Estados Unidos, 2010. 661 pág.

HALLAUER, A., MIRANDA. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press. USA, 1982. 661 pág.

HALLAUER, A., CARENA, J. Maize Breeding en: *Handbook of Plant Breeding: Cereals*. Springer, New York, 2009. Pág 3-98.

HARTL, D., JONES, E. The Genetic Basis of Complex inheritance in: *Genetics: analysis of genes and genomes*, 6^{ta} edición, 2005. 854 pág.

ICA. Comunicación personal. Fecha de consulta Marzo del 2014.

INDIAN COUNCIL OF AGRICULTURAL RESEARCH (ICAR)., *Inbred-Hybrid Technology in Maize*. Directorate of Maize Research, 2010. 39 pág.

JANICK J., Exploitation of Heterosis: Uniformity and Stability. En: COORS G., James y PANDEY S., The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops, 1999. p. 319-333.

KEMPTHORNE, O. The correlations between relatives in a random mating population O. 1954. Phil. R. Soc. Lond. Pág 103-113.

KENDALL R., LAMKEY, EDWARDS J. Heterosis: Theory estimation, 1952.

KEEBLE, F. The mode of inheritance of stature and of time of flowering in paes. Genetics, 1910. Pág 47-56.

KUTKA F., Open pollinated vs. Hybrid maize cultivars. Sustainability, 2011. Pág 1531-1554.

LAMBERT, R.J., JOHNSON, RR. Leaf angle, tassel morphology and the performance of maize hybrids. Crop Sci, 1977. Pág 499–502.

LARINDE A, Michael., IIBOUDO P, Jean., Quality declared seed: Technical guidelines for standards and procedures. FAO, 1993, 117 pág.

MAISKOMITEE, A., Fachinfo Morphologie. http://www.maskomitee.de/fb_fachinfo.htm.

MICKELSON, S., STUBER, C., SENIOR, L., KAEPLER, S. Quantitative Trait Loci Controlling Leaf and Tassel Traits in a B73 x Mo17 Population of Maize. Crop Sci, 2002. 8 pág.

MINISTERIO DE AGRICULTURA Y DESARROLLO RURAL DE COLOMBIA., Anuario estadístico del sector agropecuaria, 2012.

MIRANDA J. Inbreeding and heterosis in: The genetics and exploitation of heterosis in crops, 1997.

MOCK, J., SCHUETZ, S. Inheritance of Tassel Branch Number in Maize. Crop Sci, 1974. 4 pág.

ORRILLO, M., BONIERBALE, M. Biología reproductiva y citogenética de la papa. Manual técnico, 2009.

PALIWAL, L., El maíz en los trópicos: Mejoramiento y producción. Organización de las Naciones Unidas para la agricultura y la Alimentación. FAO, 2001. 367 pág.

PETER, R., Cultural practices for Optimizing Maize Seed Yield and Quality in Production Fields. 1 Department of Horticulture and Crop Science, The Ohio State University, Columbus, 1995. Pág 49-55.

POEHLMAN, J., SLEPER, D. POEHLMAN J.M., Breeding field crops. Iowa state university Press, 1995. 494 pág.

RESTREPO, A. Fotografía sobre la metodología de cuantificación de granos de polen. No publicado, 2013.

RICCI, B., MONOD, H., GUÉRIN, D., MESSÉAN, A., MATON, C., BALIQUE, B., ANGEVINA, F. Predicting maize pollen production using tassel morphological characteristics. Field Crops Research, 2012. Pág 107-115.

SADRAS, V., HALL, A., SCHLICHTER, T. Kernel set of the uppermost ear in maize: A simulation model of effects of water stress. Maydica, 1985. Pág 49-66.

SEARLE, S. R. Linear models. Jhon Willey and sons. New York, 1971.

SPRAGUE, G., FEDERER, W. A comparison of variance components in corn yield trials. ii: error, year x variety, location x variety and variety components. Agron J, 1951. Pág 535-541.

STRUIK, P., MAKONNEN, T. Effects of timing, intensity and duration of pollination.

on kernel set and yield in maize (zea mays l.) under temperate conditions. J. Agric. Sci, 1992. Pág 409-429.

STRICKBERGER, M. Genetics, 1982. 937 pág.

SEARLE, S. R. Linear models. Jhon Willey and sons. New York, 1971.

SHULL G. Beginnings of the heterosis concept, 1952.

SHULL G. A pure line method of corn breeding, 1909.

SHULL G. The influence of inbreeding on vigor in *Hydatina senta*, 1912.

STONER, A., THOMPSON, A. A diallel analysis of solids in tomatoes . Euphytica, 1966. Pág 377-382.

TEICHERT, P., AMARAL, V., BAUDET, L., SOUZA, A., Tecnología de producción de semillas de maíz en: Curso de especialización en producción de maíz. Universidad de Pelotas y Prosemillas. Santa Cruz-Bolivia, 2009. 70 pág.

USDA-NASS. Annual crop production estimate. Washington, DC, 2005.

URIBELARREA, M., CÁRCOVA, J., OTEGUI, M., WESTGATE, M. Pollen Production, Pollination Dynamics, and Kernel Set in Maize. Crop Sci, 2002. 9 pág.

UPADYAYULA, N., SILVA, H., BOHN, T., ROCHEFORD, T. Genetic and QTL analysis of maize tassel and ear inflorescence architecture. Theor Appl Genet, 2006. 15 pág.

VALLEJO, Franco., ESPITIA, Miguel., ESTRADA, Edgar., RAMIREZ, Hernando., Genética Vegetal Avanzada. Universidad Nacional de Colombia sede Palmira, 2010. 384 pág.

VALLEJO, F., ESTRADA, E. Mejoramiento genético de plantas. Universidad Nacional de Colombia sede Palmira, 2002. 402 pág.

VAN HOUT, R., CHAMECKI, M., BRUSH, G., KATZ, J., PARLANGE, M.B., The influence of local meteorological conditions on the circadian rhythm of corn (zea mays l.) pollen emission. Agric Forest Meteorol, 2008. Pág 1078-1092.

WESTGATE, M.E., LIZASO, J., BATCHELOR, W. Quantitative relationships between pollen shed density and grain yield in maize. Crop Sci, 2003. Pág 934-942.

WILLIAMS, W., GILBERT, N. Heterosis and the inheritance of yield in the tomato. Heredity, 1960. Pág 133-145.

WRIGHT, HAROLD., Commercial Hybrid Seed Production in: Hybridization of Crop Plants. American Society of Agronomy, 1980. Pág 161-176.

WYCH, ROBERT., Production of Hybrid Seed Corn in: Corn and Corn Improvement. Agronomy Monograph. USA, 1988. Pág 565-607.