

UNIVERSIDAD DE SAN CARLOS DE GUATEMALA
FACULTAD DE AGRONOMIA

DETERMINACION DE APTITUD COMBINATORIA GENERAL
Y ESPECIFICA PARA RENDIMIENTO DE SEIS PROGENITORES
DE HIBRIDOS DE MAIZ (Zea mays L.)

TESIS

Presentada a la Honorable Junta Directiva de la
Facultad de Agronomía de la
Universidad de San Carlos de Guatemala

Por

JOSE LUIS QUEME DE LEON

Al conferírsele el título de
INGENIERO AGRONOMO
En el grado académico de
LICENCIADO EN CIENCIAS AGRICOLAS

Guatemala, julio 1982

DL
01
T(683)

UNIVERSIDAD DE SAN CARLOS DE GUATEMALA

Rector

Dr. Eduardo Meyer

JUNTA DIRECTIVA DE LA FACULTAD DE AGRONOMIA

Decano :	Dr. Antonio Sandoval S.
Vocal 1° :	Ing. Agr. Oscar René Leiva Ruano
Vocal 2° :	Ing. Agr. Gustavo Adolfo Méndez G.
Vocal 3° :	Ing. Agr. Néstor Fernando Vargas
Vocal 4° :	Prof. Leonel Enríquez Durán
Vocal 5° :	P.A. Roberto Enrique Morales
Secretario:	Ing. Agr. Carlos R. Fernández P.

TRIBUNAL QUE REALIZO EL EXAMEN GENERAL PRIVADO

Decano :	Dr. Antonio Sandoval S.
Examinador:	Ing. Agr. Alberto Castañeda
Examinador:	Ing. Agr. Manuel Martínez
Examinador:	Ing. Agr. Rolando Aguilera
Secretario :	Ing. Agr. Carlos R. Fernández P.

SECTOR PUBLICO AGRICOLA
INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA AGRICOLAS
AVENIDA REFORMA 8-60, ZONA 9, EDIFICIO
"GALERIAS REFORMA", 3er. NIVEL - TELS.: 317464 - 318371
GUATEMALA, C. A.

Julio 15, 1982

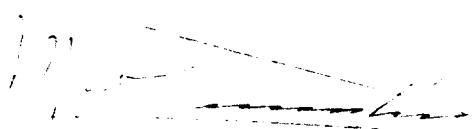
Dr. Antonio Sandoval
Decano de la Facultad de Agronomía
Universidad de San Carlos
P r e s e n t e

Por este medio me dirijo a usted para manifestarle que en base a la asignación que me hiciera dicho decanato a su digno cargo para asesorar al estudiante JOSE LUIS QUEME DE LEON -- con Carnet #62029, en su trabajo de tesis titulada "DETERMINACION DE APTITUD COMBINATORIA GENERAL Y ESPECIFICA PARA REN-
DIMIENTO DE 6 PROGENITORES DE HIBRIDOS DE MAIZ (Zea mays L.).

Habiendo realizado la asesoría y la revisión correspondiente concluyo que dicho trabajo contribuye grandemente a los avances de la ciencia y la tecnología en nuestro país, por lo --
cual se debe considerar que cumple con los requisitos establecidos por la Universidad de San Carlos.

Sin otro particular que agregar a la presente quedo de usted.

Atentamente,



Ing. Agr. M.C. Marco A. Dardón S.
Colegiado # 236

MAD:sgn

UNIVERSIDAD DE SAN CARLOS DE GUATEMALA



FACULTAD DE AGRONOMIA

Ciudad Universitaria, Zona 12.

Apertado Postal No. 1845

GUATEMALA, CENTRO AMERICA

Referencia
Asunto
.....

5 de julio de 1982.

Doctor
Antonio Sandoval
Decano
Facultad de Agronomía

Señor Decano:

Atentamente comunico a usted que cumpliendo la designación que me hiciera la Decanatura he procedido a Asesorar el Trabajo de Tesis del estudiante José Luis Quemé de León, titulado: "DETERMINACION DE APTITUD COMBINATORIA GENERAL Y ESPECIFICA PARA RENDIMIENTO DE 6 PROGENITORES DE HIBRIDOS DE MAIZ".

Considerando que el presente trabajo llena los requisitos de una tesis de grado, recomiendo su aprobación para ser publicado.

"ID Y ENSEÑAD A TODOS"


Ing. Agr. Mario Melgar
ASESOR

Guatemala, julio de 1982

HONORABLE JUNTA DIRECTIVA

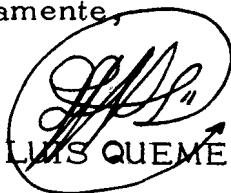
HONORABLE TRIBUNAL EXAMINADOR

De conformidad con lo establecido en la Ley Orgánica de la Universidad de San Carlos de Guatemala, someto a vuestra consideración el trabajo de tesis titulado:

DETERMINACION DE APTITUD COMBINATORIA GENERAL Y
ESPECIFICA PARA RENDIMIENTO DE SEIS PROGENITORES
DE HIBRIDOS DE MAIZ (Zea mays L.)

Como requisito para optar el título de Ingeniero Agrónomo en el grado académico de Licenciado en Ciencias Agrícolas.

Atentamente,

A handwritten signature in dark ink, enclosed within a hand-drawn oval. The signature is stylized and appears to read 'JLQ'.

JOSE LUIS QUEME DE LEON

ACTO QUE DEDICO

A DIOS

Quien me ha fortalecido en cualquier
lugar y en todo momento

A MIS PADRES

Elena de la Cruz de León
Antonio Quemé Morales

A MIS HERMANOS

Ana María
Carmen Aída
Oscar E. y Familia
Salvador

A TODOS MIS SOBRINOS

A MI PRIMO HERMANO

Francisco Quemé

A MI FAMILIA EN GENERAL

A MIS COMPAÑEROS Y AMIGOS

TESIS QUE DEDICO

A DIOS

A mi Patria Guatemala

A mi departamento Quezaltenango

A la Universidad de San Carlos de Guatemala

A la Facultad de Agronomía

A los establecimientos donde realicé mis estudios

A mis Maestros y Catedráticos en general

A los campesinos del país

A todas las personas dedicadas a la investigación

AGRADECIMIENTOS

A MIS ASESORES

Ing. Agr. M.Sc. Marco Antonio Dardón S.
Ing. Agr. M.Sc. Mario Francisco Melgar M.

Por la valiosa asesoría, esfuerzo y tiempo que me brindaron en el desarrollo del presente trabajo de tesis.

A MIS PADRES

Elena de la Cruz de León de Quemé
Antonio Quemé Morales

Con respeto, gratitud y cariño, especialmente a mi madre, quien por sus sacrificios y apoyo moral lograra mi superación.

A MI HERMANO

Salvador Quemé de León

Por su esfuerzo, ayuda y todo lo positivo que me proporcionó para mi formación y desarrollo profesional.

AL CONTADOR PUBLICO

Francisco García Turcios

Por su valiosa colaboración en la realización de mis estudios universitarios.

Al Br. César Vásquez de León

Al Pbro. Julián Méndez Hidalgo

A la Lic. Yolanda Rivas

A la Señora Blanca Lidia de Santizo

A todas aquéllas personas que de una u otra forma hicieron posible la realización de este trabajo.

A la Facultad de Agronomía

Al Instituto de Ciencia y Tecnología Agrícolas, ICTA

Al Programa de Maíz del ICTA

RESUMEN

El maíz constituye una de las fuentes de alimentación humana principalmente para los guatemaltecos, sin embargo, el rendimiento promedio a nivel nacional ha sido bajo (1.15 ton/ha), a causa de varios factores que se han tornado limitantes, por lo tanto los fitomejoradores se han dedicado a la búsqueda de procedimientos más eficientes que les permita solucionar algunos de estos factores que afectan el rendimiento de maíz.

El presente estudio se realizó en base a un grupo de 6 familias de maíz de grano blanco (21-134, 21-170, 22-100, 23-86, 29-244, 43-46), seleccionadas por el método de hermanos completos a partir de 5 poblaciones de maíz provenientes del CIMMYT, con los siguientes objetivos: 1) Evaluar materiales genéticos con el fin de determinar su aptitud combinatoria para el mejoramiento de los híbridos comerciales, 2) Determinar la importancia que tiene la heterosis en cruza de materiales de diverso origen genético, y 3) Determinar la heredabilidad promedio de los genotipos en estudio. Planteándose la siguiente hipótesis: "Los genotipos a evaluar presentarán: a) Diferente aptitud combinatoria general, y b) Diferente aptitud combinacio-específica".

El diseño estadístico utilizado para el análisis de cruza dialélicas fue el diseño II de Griffing, en el cual se ensaya $P(P + 1)/2$ combinaciones, donde P se refiere al número de progenitores.

Las familias y todas las cruza simples formadas a partir de éstas, fueron evaluadas bajo un diseño de Ládice 5 x 5 con 4 repeticiones en 5 localidades (San Jerónimo, Oasis, Cuyuta, La Máquina y Quesada) durante el año de 1980.

De acuerdo al análisis dialélico combinado, la aptitud combinatoria general (ACG) resultó no significativa, rechazándose por consiguiente la primera parte de la hipótesis planteada, por lo tanto las 6 fami-

lias cuando se cruzaron con el resto mostraron en promedio un igual comportamiento en su capacidad combinatoria general. En cuanto a la segunda parte de la hipótesis queda aceptada por la alta significancia ($P \leq 0.01$) observada para la aptitud combinatoria específica (ACE), indicándonos entonces, que algunas familias cuando se cruzaron produjeron progenies que fueron altamente significativas mejor o peor que el valor que pudiera haber sido esperado en base a la aptitud combinatoria general de sus padres.

Las cruzas evaluadas presentaron expresiones heteróticas positivas debido a que los progenitores que participaron en éstas tienen un origen genético distinto.

Al estimar los efectos de la ACG ($\hat{g}_i$) para la variable rendimiento, los progenitores que en promedio presentaron valores superiores fueron 43-46 y 21-134. En lo que respecta a los efectos de ACE ($\hat{S}_{ij}$), las cruzas 21-170 x 23-86; 29-244 x 43-46 y 21-170 x 43-46, presentaron los valores más altos y a la vez estas cruzas presentaron buen comportamiento en cuanto a heterosis y rendimiento promedio.

La heredabilidad estimada en sentido amplio (H^2) fue mayor que la heredabilidad en sentido estrecho (h^2) en más de un 50 %, esto se debió a que la varianza genética no aditiva (σ_d^2) tuvo una importancia relativa mayor que la varianza genética aditiva (σ_a^2) para la variable rendimiento.

Finalmente se recomienda incrementar los genotipos que participaron en las cruzas de mayor ACE para la formación de híbridos y utilizar la craza (29-244 x 43-46) como hembra de algún híbrido, ya que manifestó ser buena productora de semilla.

CONTENIDO

	Página
I. INTRODUCCION	1
- Objetivos	3
- Hipótesis	3
II. REVISION DE LITERATURA	4
A. CRUZAS DIALELICAS	5
- Diseños de Griffing	5
- Diseños dialélicos parciales	5
- Utilización de las cruzas dialélicas	6
- Experimentos dialélicos	6
B. ESTIMACION DE COMPONENTES DE VA- RIACION.....	8
C. HETEROSIS O VIGOR HIBRIDO	11
- Bases genéticas de la heterosis	11
D. HEREDABILIDAD.....	13
III. MATERIALES Y METODOS	15
A. MATERIAL GENETICO	15
B. PLANTEAMIENTO PARA LA EVALUACION DEL MATERIAL GENETICO	15
- Localidades donde se realizaron los expe- rimentos	15
- Fecha de siembra y de cosecha	15
- Datos tomados	15
- Tamaño de parcela y distancia de siembra	17
- Rendimiento por parcela	17
- Diseño experimental	18
- Diseño de tratamientos.....	18
C. ANALISIS ESTADISTICO	19
- Análisis de varianza por localidad	19
- Análisis de varianza combinado	20
- Comparación múltiple de medias	24
- Análisis dialélico	25
- Análisis dialélico por localidad	25
- Análisis dialélico combinado	29

D.	ESTIMACION DE LOS COMPONENTES DE VARIACION	32
E.	HEREDABILIDAD	33
F.	HETEROSIS	33
IV.	RESULTADOS Y DISCUSION	35
V.	CONCLUSIONES	61
VI.	RECOMENDACIONES	62
VII.	BIBLIOGRAFIA	63

LISTA DE CUADROS

Cuadro		Página
1	Características climáticas de las 5 localidades donde se realizó el estudio	16
2	Análisis de varianza para un diseño de bloques al azar	20
3	Análisis de varianza combinados para bloques al azar	23
4	Diseño 2 de Griffing en bloques completos al azar	27
5	Análisis de varianza de una serie de experimentos dialélicos completos sin efectos maternos, Modelo II de Griffing	31
6	Análisis de varianza individual de 21 tratamientos provenientes de 6 familias para variable rendimiento evaluada en 5 localidades	36
7	Análisis de varianza combinado de 21 tratamientos para la variable rendimiento en las 5 localidades	37
8	Prueba de Tukey aplicada a la variable rendimiento para 21 tratamientos evaluados en cada localidad	39
9	Prueba de Tukey aplicada a la variable rendimiento para 21 tratamientos evaluados en 5 localidades	41
10	Heterosis para la localidad San Jerónimo	43
11	Heterosis para la localidad Zacapa	43
12	Heterosis para la localidad La Máquina	44
13	Heterosis para la localidad Cuyuta	44
14	Heterosis para la localidad Quesada	45
15	Heterosis a través de las 5 localidades	45
16	Comportamiento de los progenitores en base a sus efectos de ACG ($\hat{g}_i$), comportamiento promedio de las cru- zas en que intervienen y comportamiento de los proge- nitores como tales en la variable rendimiento para cada localidad	47

Cuadro		Página
17	Comportamiento de los progenitores en base a sus efectos de ACG ($\hat{\theta}_i$), comportamiento promedio de las cruas en que intervienen y comportamiento de los progenitores como tales en las 5 localidades	50
18	Rendimiento promedio y estimación de los efectos de ACE ($\hat{S}_{ij}$) para la variable rendimiento de las 15 cruas de la serie dialélica	51
19	Rendimiento y estimación de los efectos de ACE ($\hat{S}_{ij}$) para la variable rendimiento de las 15 cruas de la serie dialélica en las 5 localidades	54
20	Análisis dialélico individual (Diseño 2 de Griffing) en bloques completos al azar	55
21	Análisis dialélico combinado	56
22	Estimación de componentes de varianza para ACG y ACE para cada localidad y del combinado de las 5 localidades	58
23	Componentes de varianza genética. Estimación de componentes de varianza genética aditiva (σ_a^2), no aditiva (σ_d^2) y genética total (σ_G^2) por localidad y en el combinado de las 5 localidades	58
24	Componentes de la varianza fenotípica para cada localidad y en el combinado de las 5 localidades	60
25	Estimaciones de heredabilidad en sentido amplio (H^2) y estrecho (h^2) para cada localidad y en el combinado de las 5 localidades	60

I. INTRODUCCION

El crecimiento acelerado de la población humana y la producción de alimentos en menor proporción, constituye uno de los problemas más importantes a nivel mundial.

Guatemala tiene áreas de gran potencial de rendimiento de maíz, actualmente se tiene un área sembrada con este cultivo en más o menos 600,000 hectáreas, las cuales se encuentran distribuidas en toda la República, desde el nivel del mar hasta 2,700 metros; abarcando una amplia variabilidad climática y ecológica (3).

El maíz es fuente de proteínas y carbohidratos, por lo tanto este cereal juega un papel importante en la alimentación humana, principalmente para los guatemaltecos. A pesar de ser una de las fuentes de alimentación, el rendimiento promedio por unidad de área a nivel nacional ha sido bajo (1.15 ton/ha) (3), a causa de varios factores que se han tornado limitantes entre los que se pueden mencionar:

- Utilización de variedades de bajo potencial de rendimiento y características agronómicas indeseables.
- El medio ambiente: determina en varios lugares una amplia variación ambiental y cultural.
- La producción de maíz se concentra generalmente en tierras marginales.

En base al primer factor los fitomejoradores han sido motivados a la búsqueda de procedimientos más eficientes que les permitan solucionar algunos factores limitantes por los cuales atraviesa la producción de maíz.

La importancia de este trabajo estriba en seleccionar las mejores familias, en base a su aptitud combinatoria (ACG y ACE) , dichas familias pasarán a constituir los progenitores del nuevo material mejorado (híbridos) , lográndose un aumento en el rendimiento; y por lo tanto contribuir a solucionar uno de los problemas que afectan la producción de maíz.

OBJETIVOS

1. Evaluar materiales genéticos (familias de hermanos completos) con el fin de determinar su aptitud combinatoria, para el mejoramiento de los híbridos comerciales.
2. Determinar la importancia que tiene la heterosis en cruzas de materiales de diverso origen genético.
3. Determinar la heredabilidad promedio de los genotipos en estudio.

HIPOTESIS

Los genotipos a evaluar presentarán:

- a. Diferente aptitud combinatoria general (ACG).
- b. Diferente aptitud combinatoria específica (ACE).

II. REVISION DE LITERATURA

El empleo de conceptos probabilísticos explotados ingeniosamente por Gregor J. Méndel, dio lugar, a fines del siglo pasado, al establecimiento de las bases de la ciencia de la Genética. Así, el año de 1918 marca el amalgamamiento de la Estadística con la Genética para fundar, bajo la influencia de Sir A. Fisher, la rama de esta última ciencia, mejor conocida como Genética de Poblaciones o Genética Cuantitativa (Martínez G. 1975).

La Genética Cuantitativa estudia aquéllos caracteres en que la variación fenotípica es más continua que descontínua y cuyas diferencias genéticas son de grado más que de clase (Brewbaker, 1967) R.A. Fisher, Sewall Wright y J.B.S. Haldane, citados por Brewbaker (1967) fueron los que idearon hace aproximadamente 54 años la teoría estadística fundamental de la variación continua.

Martínez Garza (1975) menciona que una técnica muy importante de investigación dentro del campo de la Genética Cuantitativa, es constituida por la planeación de experimentos de Cruzas Dialélicas. Además, nos indica que Sprague y Tatum (1942) introdujeron formalmente la experimentación de cruas dialélicas, la cual ha sido motivo de numerosas investigaciones. Los conceptos de aptitud combinatoria general y específica establecidos por estos autores han sido objeto de una considerable revisión.

Ciertos parámetros muy importantes, determinantes de la variación en las observaciones de diferentes caracteres de las plantas y de los animales, son objeto de estudio de los genetistas. La estimación de las variaciones genéticas y ambientales y de sus componentes, permite a estos investigadores definir la estrategia apropiada de acción en sus programas de mejoramiento (Martínez G. (1975).

Fisher (1918) citado por Martínez G. (1975), estableció los componentes fundamentales de la variación, su contribución reviste tal importancia desde el punto de vista teórico, que viene a completar el cuadro de la descripción mendeliana de un carácter métrico.

A. CRUZAS DIALELICAS

Una técnica importante en investigaciones genéticas la constituyen los experimentos de cruzas dialélicas (Melgar, 1979). Estos experimentos se han usado con amplitud, especialmente en el maíz híbrido (Rojas 1968).

Melgar (1979) engloba los experimentos dialélicos en dos clases:

i) Diseños de Griffing

Cada uno de P progenitores se cruza con los (P-1) progenitores restantes.

ii) Diseños Dialélicos Parciales

Cada uno de los progenitores se cruza con $S < (P-1)$ de los progenitores disponibles.

El procedimiento de cruzas dialélicas está constituido por todas las cruzas simples que puedan lograrse a partir de una serie de materiales progenitores básicos y está basado principalmente en los conceptos de aptitud combinatoria (Dardón 1980).

De acuerdo con Sprague y Tatum, citados por Martínez (1975), el término "Aptitud Combinatoria General", se emplea para designar el comportamiento de una línea en combinaciones híbridas... El tér-

mino "Aptitud Combinatoria Específica", se emplea para designar aquéllos casos en los cuales ciertas combinaciones lo hacen realmente mejor o peor de lo que podría esperarse sobre la base del comportamiento promedio de las líneas involucradas.

Utilización de Cruzas Dialélicas

Las cruzas dialélicas se usan para estimar los componentes de varianza genética, así como la capacidad productora de los progenitores en combinaciones con otros (Velásquez, 1978).

Experimentos Dialélicos

Son aquéllos experimentos que ensayan un cierto conjunto de cruzas dialélicas (Martínez G. 1975).

Griffing (1956), citado por Martínez G. (1975), emplea la expresión cruzas dialélicas, para describir un procedimiento en el cual se eligen un conjunto de P líneas progenitoras y se realizan cruzas entre las propias líneas.

Hay un máximo de p^2 cruzas posibles, las cuales pueden dividirse convenientemente en tres grupos:

- i) P - autofecundaciones
- ii) el grupo de $P(P-1)/2$ cruzas F_1 y
- iii) el grupo de las $P(P-1)/2$, cruzas recíprocas de las F_1

Griffing, citado por el mismo autor, distingue 4 diferentes técnicas de realizar cruzas dialélicas, las cuales varían dependiendo si, se

ensayan o no las autofecundaciones o las cruzas recíprocas de las F_1 . Los cuatro diseños que Griffing distingue son:

1. Este diseño comprende el ensayo de las autofecundaciones, un grupo de cruzas F_1 y las cruzas recíprocas de las F_1 . En total, las p^2 combinaciones que son posibles de obtener se ensayan con este diseño.
2. En este método se ensayan las autofecundaciones y un conjunto de cruzas F_1 , pero no se incluyen las cruzas recíprocas. En total se ensayan $P(P+1)/2$ combinaciones.
3. Se ensayan un conjunto de cruzas F_1 y sus recíprocas, pero no incluyen las autofecundaciones. En total se experimenta $P(P-1)$ diferentes combinaciones.
4. En este último diseño se ensaya un grupo de cruzas F_1 pero no se incluyen las cruzas recíprocas ni las autofecundaciones. En total se tienen $P(P-1)/2$ combinaciones por ensayar.

Martínez Garza (1975) en su trabajo: "Diseño y Análisis de los Experimentos de Cruzas Dialélicas", presenta la metodología de análisis de los 4 diseños básicos descritos por Griffing (1956), describiendo detalladamente los pasos para la estimación de los componentes de varianza genética y los efectos de ACG y ACE.

Velásquez (1978) nos indica que en México esta técnica ha sido utilizada ampliamente en programas de mejoramiento de diferentes cultivos y nos cita a los siguientes investigadores: Rivera (1977), Estrada (1978), en el cultivo de maíz; Hernández (1977) en trigo; Palomo (1975), Prado (1976) y Godoy (1978) en algodón. Dardón (1980) cita a varios investigadores que han estudiado ampliamente las cruas dialélicas, entre los que se pueden mencionar: Hayman (1954), Jinks (1954), Kempthorne (1956), existiendo diferentes formas de enfocar dicho concepto.

El mismo autor, en Guatemala, evaluó 44 cruzas formadas a partir de 10 poblaciones de maíz de grano blanco, de diferente origen genético. El propósito del trabajo fue seleccionar las mejores poblaciones en base a su ACG y ACE, y determinar el tipo de acción génica de ellas para las variables, altura de planta, altura de mazorca y rendimiento.

Concluye que las mejores poblaciones que pudieran usarse en futuros programas de mejoramiento son: Across 7530, Centra M1B y Compuesto 2; en especial la población Across 7530 para mejoramiento interpoblacional, ya que presentó el efecto de mayor ACG y formó parte de las cruzas con mayor ACE.

B. ESTIMACION DE COMPONENTES DE VARIACION

El genetista debe distinguir los componentes genéticos y los no genéticos de la variación cuando trata de discernir el modo de transmisión hereditaria de un rasgo genético.

Muchas de las investigaciones de la genética agrícola deben ser dirigidas hacia esta división de los componentes de la variabilidad, con tal fin se emplean métodos estadísticos, que cada vez son más complicados en la ciencia de la genética. En ningún terreno es esto tan evidente como el estudio de los caracteres económicamente importantes de los cultígenos (vegetales sometidos a cultivo y los animales domésticos).

Las estadísticas usadas para describir la variación biológica comprenden medidas de tipo corriente, dispersión y relaciones.

La varianza que es una medida de dispersión, es la medida empleada

más frecuentemente en la genética estadística, ya que es la más útil para describir la variación de un rasgo biológico (Brewbaker, 1967).

En los programas de mejoramiento es importante el conocimiento de los componentes de varianza. Dicha importancia se apoya en conocer la varianza genética total, la importancia relativa de la varianza genética aditiva y la varianza genética no aditiva. Al conocer la proporción en que se encuentran éstas en las poblaciones, entonces se puede decidir, acertadamente, sobre la metodología más apropiada a que deberán someterse las poblaciones sujetas al mejoramiento.

Velásquez (1978), cita a varios investigadores que han hecho trabajos sobre la importancia que tiene la varianza genética aditiva en poblaciones originales o poblaciones que no han sido sometidas fuertemente a procesos de selección. Mientras que a medida que las poblaciones se someten a algún sistema de selección recurrente, la varianza genética aditiva tiende a disminuir.

El mismo autor evaluó 12 progenitores provenientes de 4 poblaciones de diferente origen genético, y en una de sus conclusiones indica que la varianza no aditiva tuvo una importancia relativa, mucho mayor que la varianza genética aditiva en las 4 variables estudiadas (rendimiento en mazorca, altura de planta, días a floración, índice de cosecha).

Rojas y Sprague (1962), citados por Dardón (1980), al comparar la ACG y ACE en variedades de maíz, encontraron que las variedades mejoradas para rendimiento la ACE, tuvo mayor importancia que la ACG.

Rivera (1977) indica que para el carácter rendimiento en maíces mejorados, la varianza genética total se debe a la varianza no aditiva.

Kempthorne y Curnow (1961), citados por Dardón (1980), al analizar Líneas de una muestra aleatoria de una población proporcionaron las siguientes relaciones:

$$\overline{\sigma_{ACG}^2} = \text{Cov. M.H.}$$

$$\overline{\sigma_{ACE}^2} = \text{Cov. (H.C.)} - 2 \text{Cov. (M.H.)}$$

Considerando que una población tiene estructura de apareamiento aleatorio, no presenta endogamia ($F = 0$) y no hay ligamiento factorial, se afirma que:

$$\begin{aligned} \text{Cov. M.H.} &= 1/4 \sigma_a^2 + \dots \\ \text{Cov. H.C.} &= \frac{1}{2} \sigma_a^2 + 1/4 \sigma_d^2 + \dots \end{aligned}$$

de esto se deduce que:

$$\overline{\sigma_{ACG}^2} = 1/4 \sigma_a^2$$

$$\text{Y } \overline{\sigma_{ACE}^2} = 1/4 \sigma_d^2$$

donde:

- Cov. M.H. = Covarianza de medios hermanos;
- Cov. H.C. = Covarianza de hermanos completos;
- σ_a^2 = Varianza aditiva;
- σ_d^2 = Varianza de dominancia (no aditiva);
- $\overline{\sigma_{ACG}^2}$ = Varianza debido a la aptitud combinatoria general;
- $\overline{\sigma_{ACE}^2}$ = Varianza debido a la aptitud combinatoria específica.
- F = Coeficiente de endogamia.

C. HETEROSIS O VIGOR HIBRIDO

El vigor híbrido se define como el incremento en tamaño o en vigor de un híbrido con respecto a sus progenitores o con respecto al promedio de sus progenitores (Poehlman 1979).

Este fenómeno se ha utilizado principalmente para la formación de híbridos y desde tiempos antiguos se ha estudiado ampliamente (Darwin 1980).

La heterosis se puede presentar de diferentes formas, ejemplo, en el maíz híbrido se pueden tener mazorcas más grandes, más hileras de granos por mazorca, mayor número de nudos por planta, más peso total por planta o un mayor rendimiento de grano que las líneas autofecundadas que la componen.

Muchos de los primeros fitomejoradores señalaron el efecto del vigor híbrido; Koelreuter en 1763, observó el crecimiento exuberante de los híbridos de tabaco; Beal en 1880 dio a conocer variedades híbridas de maíz de mayor rendimiento que sus progenitores; Shull en 1904 inició la autofecundación y cruzamiento del maíz en Cold Spring Harbor, Nueva York y observó una notable disminución del vigor en las líneas autopolinizadas y cuando dichas líneas fueron cruzadas entre sí, se recuperó el vigor nuevamente y en algunos casos fue mayor, inclusive en las plantas híbridas.

Bases Genéticas de la Heterosis

Para entender el fenómeno del vigor híbrido se han dado dos teorías: dominancia y sobredominancia, las cuales no llegan a cubrir en forma adecuada todos los casos.

Dominancia

Es la explicación más aceptada y se basa en la suposición de que el vigor híbrido es el resultado de reunir genes dominantes favorables; para esta teoría los genes que son favorables para el vigor y desarrollo son dominantes y los genes que son desfavorables son recesivos.

Sobredominancia

Esta teoría se basa en que la heterocigosidad es superior a la homocigosidad y por lo tanto, el individuo más vigoroso es el que tiene mayor número de alelos heterocigóticos (Poehlman 1979).

Los estudios analíticos de Koelreuter, acerca de la hibridación de las plantas fueron publicadas entre 1761 y 1766. Koelreuter, encontró muchos casos en que los híbridos mostraban un vigor extraordinario en relación con los padres, e hizo resaltar dos observaciones a este respecto:

Primero: En vista de que el vigor híbrido parecía más acentuado entre plantas lejanamente emparentadas, que entre las que tenían relación estrecha, Koelreuter concluyó que el vigor de híbrido está en relación con el grado de diferencia genética de sus padres.

Segundo: Como la morfología de las flores y los sistemas de reproducción de los vegetales sugieren que la naturaleza favorece la reproducción cruzada, Koelreuter concluyó que el vigor híbrido tiene especial importancia para la evolución (Brewbaker 1967).

Al igual que la primera observación de Koelreuter, muchos investigadores han realizado trabajos donde demuestran que entre más diferentes sean los progenitores y su grado de parentesco sea más bajo, el rendimiento de los híbridos será más alto.

En un trabajo realizado en maíz, Beal (1877) obtuvo de 10 a 50% de heterosis, Griffing y Lindstrom (1954) se dieron cuenta que en cru-
zas de materiales de germoplasma divergente la ACE era alta y dis-
minuía cuando los materiales se hacían similares (Dardón 1980).

Sánchez (1972), citado por Velásquez (1978), nos indica que cruza-
mientos entre líneas de diferentes variedades, entre variedades de
diferentes razas, entre razas diversas y entre compuestos raciales
que incluyan razas diversas, exhiben una heterosis mayor, respecti-
vamente, que entre líneas de una misma variedad, variedades de una
misma raza, razas seleccionadas y compuestos raciales que incluyen
razas comunes a ambos.

Velásquez (1978) concluye que se tienen mejores posibilidades de en-
contrar cruza rendidoras cuando provienen de progenitores de dife-
rente origen genético, también menciona que el promedio de heterosis
obtenido en base al promedio de los progenitores fue de 11.5% mayor
en las cruza interpoblacionales, con respecto a las intrapoblaciona-
les.

D. HEREDABILIDAD

Es bien sabido por todo mejorador de plantas que para tratar de me-
jorar un carácter, primero se debe estudiar la forma como éste se
hereda, para luego delinear el plan de mejoramiento a seguir. El
criterio más usual para conocer el tipo de herencia que determina un
carácter, es por medio del parámetro genético denominado "Hereda-
bilidad" (Leiva 1977).

El concepto de heredabilidad describe la capacidad que tienen los ca-
racteres para transmitirse de generación en generación (Poey et al
1976).

La heredabilidad ha sido definida como: "La proporción de la ~~varian-~~za genética con respecto a la varianza total (Dardón 1980).

Leiva (1977) define la heredabilidad en sentido amplio y heredabilidad en sentido estrecho de la manera siguiente: en sentido "amplio": es cuando se considera la variabilidad genética total en relación con la variabilidad fenotípica; y la heredabilidad en sentido "estrecho", la define como: aquella que proviene del efecto aditivo de los genes y es una proporción de la variabilidad genética aditiva sobre la variabilidad total. Al mismo tiempo hace una descripción de varios métodos que son utilizados para la medición de la heredabilidad en forma cuantitativa en las plantas.

III. MATERIALES Y METODOS

A. MATERIAL GENETICO

El material utilizado para este estudio fueron 6 familias de maíz de hermanos completos derivadas de 5 poblaciones de maíz provenientes del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo, - CIMMYT, con dichas familias se formaron todas las cruza simples posibles.

Las 6 familias derivadas por el método de hermanos completos son las siguientes:

- | | |
|-----------|-----------|
| a. 21-134 | d. 23-86 |
| b. 21-170 | e. 29-244 |
| c. 22-100 | f. 43-46 |

Los números 21, 22, 23, 29, 43, nos indican las poblaciones; 134, 170, 100, 86, 244 y 46, re refieren a las familias.

B. PLANTEAMIENTO PARA LA EVALUACION DEL MATERIAL GENETICO

B.1 Localidades donde se realizaron los experimentos:

Los experimentos fueron establecidos en 5 Centros de Producción del ICTA, así:

1. Cuyuta, Escuintla;
2. Quesada, Jutiapa;
3. Oasis, Zacapa;
4. La Máquina, Suchitepéquez; y
5. San Jerónimo, Baja Verapaz.

CUADRO 1. Características climáticas de las cinco localidades donde se realizó el estudio

Localidad	Altura mts snm	P P Media Anual mm	Tempera- tura Media °C
Cuyuta	130	2255	30.0
La Máquina	100	1860	27.0
Quesada	980	1343	22.35
Oasis	184	720	27.66
San Jerónimo	969	866	20.7

Las 5 localidades presentan ambientes contrastantes representativos de la zona tropical baja de Guatemala (0 - 1,000 mts snm).

B.2 Fecha de Siembra y de Cosecha:

La siembra y la cosecha se realizaron en el año 1980 en las 5 localidades.

B.3 Datos Tomados

1. Días a floración
2. Mazorcas descubiertas
3. Altura de planta y de mazorca
4. Acame de raíz y del tallo
5. Mazorcas podridas
6. Rendimiento por parcela

B.4 Tamaño de Parcela y Distancia de Siembra

El tamaño de la parcela la constituyeron 4 surcos de 5.0 mts de largo, separados a 0.75 mts entre surcos y 0.50 mts entre matas (2 plantas/mata), haciendo un total de 22 plantas por surco (53,333 plantas/ha); la parcela neta o útil la constituyeron los 2 surcos centrales.

B.5 Rendimiento por Parcela

Fue el peso total de todas las mazorcas (en kg) cosechadas por parcela útil, luego fue ajustado a toneladas por hectárea, de grano al 15% de humedad, mediante la fórmula:

$$\text{Peso ton/ha} = \frac{P_c \times \frac{100-h_c}{100-h_d} \times K_{\text{area}} \times K_{\text{desgrane}}}{1,000}$$

donde:

hc = humedad de cosecha

hd = humedad deseada (15% en nuestro caso)

Karea = Constante para ajustar a kg/ha en grano
(1212.1212)

K desgrane = Constante para ajustar a rendimiento en grano (0.8)

Pc = Peso de campo de las mazorcas cosechadas (en kg) por parcela útil

K de área:

Area de parcela útil = $5.5 \times 0.75 \times 2 = 8.25 \text{ mts}^2$

Largo real de cada surco = 5.5 mts

Distancia entre surcos = 0.75 mts

Número de surcos = 2

$$K \text{ área} = \frac{10,000 \text{ mts}^2}{8.25 \text{ mts}^2} = 1212.1212$$

Por lo tanto la fórmula puede reducir de la siguiente manera

$$\text{Peso ton/ha} = \frac{Pc (100 - hc) 11.4081}{1,000}$$

B.6 Diseño Experimental

El diseño experimental utilizado para el ordenamiento de los materiales genéticos fue látice simple 5 x 5, con 4 repeticiones por localidad.

B.7 Diseño de Tratamientos

Se utilizó el diseño II de Griffing, en el cual se ensayan $P(P + 1)/2$ combinaciones, donde P se refiere al número de líneas progenitoras.

Este diseño se caracteriza por realizar autofecundaciones y un conjunto de cruzas F_1 , pero no se incluyen las cruzas recíprocas. Por lo tanto al sustituir en la fórmula anterior P por el número de familias evaluadas, se obtienen un total de 21 tratamientos (combinaciones). Para completar la estructura del látice 5 x 5 fue necesario incluir testigos (H-3, HB-19, HB-33 y HB-55).

C. ANALISIS ESTADISTICO

C.1 Análisis de Varianza por Localidad

Las 15 cruzas y sus 6 progenitores fueron analizados en cada localidad para la variable rendimiento conforme a un diseño de bloques al azar con 4 repeticiones. La razón de haber realizado el análisis de varianza como una distribución de bloques completos al azar, radicó en que la magnitud de la eficiencia de látice con respecto a bloques al azar no fue considerable.

Modelo Estadístico:

$$Y_{ij} = \mu + B_j + T_i + E_{ij}$$

donde:

t = # tratamientos (progenitores o cruzas) $i = 1, 2, \dots, t$

r = # repeticiones o bloques $j = 1, 2, \dots, r$

Y_{ij} = Valor de la ij -ésima observación

μ = Efecto de la media general

B_j = Efecto de la j -ésima repetición

T_i = Efecto del i -ésimo tratamiento (cruza o progenitor)

E_{ij} = Efecto del error experimental asociado a la ij -ésima unidad experimental

La prueba de significancia de la diferencia entre tratamientos fue determinada bajo la siguiente prueba de F:

$$F_c = \frac{CM_t}{CMe}$$

donde:

F_c = F calculada

CM_t = Cuadrado medio de tratamiento

CMe = Cuadrado medio del error

Con $(t-1)$ y $(r-1)(t-1)$, grados de libertad asociados con CM_t y CMe , respectivamente

CUADRO 2. Análisis de varianza para un diseño de bloques al azar (Reyes 1980)

F.V.	G.L.	S.C.	C.M.	E.C.M.
Bloques	$r-1$	$\sum_{j=1}^r \frac{Y_{.j}^2}{t} - \frac{Y_{..}^2}{rt}$		
Tratamientos	$t-1$	$\sum_{i=1}^t \frac{Y_{i.}^2}{r} - \frac{Y_{..}^2}{tr}$	$\frac{SC_t}{GL_t} \sigma_E^2 + r \sigma_t^2$	
Error	$(r-1)(t-1)$	por diferencia	$\frac{SCE}{GLE} \sigma_E^2$	
Total	$rt-1$	$\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^r Y_{ij}^2 - \frac{Y_{..}^2}{tr}$		

C.2 Análisis de Varianza Combinado

El análisis combinado se realizó en base a los totales de cada tratamiento en las 5 localidades, mediante un diseño de bloques al azar para una serie de experimentos repetidos.

Modelo Estadístico:

$$Y_{ijk} = \mu + T_i + B_j(k) + L_k + (LT)_{ik} + E_{ijk}$$

donde:

$i = 1, 2, \dots, t =$ (progenitor o cruza)

$j = 1, 2, \dots, r =$ repetición

$k = 1, 2, \dots, l =$ localidad

Y_{ijk} = Valor de la observación del i -ésimo tratamiento en la j -ésima repetición en la K -ésima localidad

μ = Media general

T_i = Efecto del i -ésimo tratamiento (progenitor o cruza)

$B_j(k)$ = Efecto de la j -ésima repetición dentro de la k -ésima localidad

L_k = Efecto de la k -ésima localidad

$(LT)_{ik}$ = Interacción del i -ésimo tratamiento con la k -ésima localidad

E_{ijk} = Error experimental asociado a la ijk -ésima observación

La prueba de significancia de la diferencia entre tratamientos, localidades y su interacción se determinó con las siguientes pruebas de F .

$$F. \text{ trat.} = \frac{CM_t}{CML \times t}$$

donde:

$F \text{ trat.}$ = F . calculada de tratamientos

CM_t = Cuadrado medio de tratamientos

$CML \times t$ = Cuadrado medio de localidad por tratamiento con $(t - 1)$ y $(l - 1)(t - 1)$, grados de libertad asociados con CMt y $CML \times t$, respectivamente.

$$F \text{ loc.} = \frac{CMI}{CML \times t}$$

donde:

$F \text{ loc.}$ = F calculada de localidades

CMI = Cuadrado medio de localidades; con $(l - 1)$ y $(t - 1)(l - 1)$, grados de libertad asociados con CMI y $CMI \times t$, respectivamente.

$$F \text{ loc} \times \text{trat.} = \frac{CML \times t}{CMe}$$

donde:

$F \text{ loc} \times \text{trat.}$ = F calculada de localidades por tratamientos

CMe = Cuadrado medio del error; con $(t-1)(l-1)$ y $l(t-1)(r-1)$, grados de libertad asociados con $CML \times t$ y CMe , respectivamente.

CUADRO 3. Análisis de varianza combinados para bloques al azar

F. V.	G.L.	S. C.	C M	E C M
Localidades	$l-1$	$\sum_{l=1}^k \frac{Y_{..k}^2}{rt} - \frac{Y_{...}^2}{lrt}$	$\frac{SC \text{ Loc.}}{G.L. \text{ Loc.}}$	$\sigma_e^2 + r\sigma_{tl}^2 + rt\sigma_l^2$
Bloques	$(r-1)l$	$\sum_{l=1}^k \sum_{j=1}^r \frac{Y_{.jk}^2}{t} - \sum_{l=1}^k \frac{Y_{..k}^2}{rt}$		
Tratamientos	$(t-1)$	$\sum_{l=1}^t \frac{Y_{i..}^2}{rl} - \frac{Y_{...}^2}{lrt}$	$\frac{SC \text{ trat.}}{G.L. \text{ trat.}}$	$\sigma_e^2 + r\sigma_{tl}^2 + rl\sigma_t^2$
Loc. x trat.	$(l-1)(t-1)$	$\sum_{l=1}^k \sum_{i=1}^t \frac{Y_{i.k}^2}{r} - \frac{Y_{...}^2}{lrt} - SC \text{ Loc} - SC \text{ trat}$	$\frac{SC \text{ Loc. xt}}{G.L. \text{ locxt}}$	$\sigma_e^2 + r\sigma_{lt}^2$
Error	$l(r-1)(t-1)$	Por diferencia	$\frac{SCE}{G.L. \text{ Error}}$	σ_e^2
Total	$lrt-1$	$\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^r \sum_{l=1}^k Y_{ijk}^2 - \frac{Y_{...}^2}{lrt}$		

C.3 Comparación Múltiple de Medias

Se realizó la comparación múltiple de medias con un nivel de significancia de 0.05 para la variable rendimiento, utilizando la prueba de Tukey. Primeramente se procedió a calcular el comparador (W), mediante la siguiente fórmula:

$$W = q(t, Gle) \propto S\bar{x}$$

$$S\bar{x}_t = \sqrt{\frac{C M e}{r}} \text{ para cada localidad}$$

$$S\bar{x}_t = \sqrt{\frac{C M e}{(l)(r)}} \text{ para el combinado}$$

donde:

- W = comparador
- q = dato obtenido de tablas utilizando el número de tratamientos y grados de libertad del error.
- t = tratamientos
- Gle = grados de libertad del error
- $\propto$ = nivel de significancia (0.05)
- $S\bar{x}$ = error estandar
- CMe = Cuadrado medio del error
- l = localidad
- r = repeticiones

Calculado el comparador se procedió a calcular la diferencia entre medias.

Si D (diferencia entre medias) es $> W$ entonces la diferencia entre medias se debe considerar significativa(*), o altamente significativas (**) según sea el caso.

En caso contrario, las medias se deben considerar iguales o equivalentes, o la diferencia observada estima a cero, por tanto es estadísticamente no significativa (Reyes 1980).

C.4 Análisis Dialélico

El análisis dialélico se realizó para la estimación de los tipos de acción génica y conocer la importancia de los componentes de varianza en la variable rendimiento.

Para efectuar este análisis se utilizaron los datos de cada localidad, haciendo primero un análisis de cada una de ellas y posteriormente se efectuó el análisis combinado.

C.4.1 Análisis Dialélico por Localidad

El método utilizado fue el diseño II de Griffing, cuyo modelo estadístico es el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + g_j + S_{ij} + e_{ijk}$$

donde:

$i, j,$ = 1, 2 ..., P progenitores

K = 1, 2 ..., r repeticiones

Y_{ijk} = Valor fenotípico observado de la cruce con progenitores i y j , en el bloque K .

μ = Efecto común a todas las observaciones

g_i = Efecto de la ACG del progenitor i

CUADRO 4. Diseño 2 de Griffing en bloques completos al azar (Martínez, 1975)

Fuente de Variación	G.L.	Suma de Cuadrados	Esperanza Matemática de los Cuadrados Medios
Repetición	$r - 1$	$\sum_k \frac{2Y^2_{..k}}{p(2q+p-1)} - \frac{2Y^2_{...}}{rp(2q+p-1)}$	
Cruzas	$\frac{p(p+1)}{2} - 1$	$\sum_i \frac{Y^2_{ii.}}{rq} + \sum_{i < j} \frac{Y^2_{ij.}}{r} - \frac{2Y^2_{...}}{rp(2q+p-1)}$	
ACG	$p - 1$	$\sum_i \frac{G_i^2}{r(4q+p-2)} - \frac{4Y^2_{...}}{rp(4q+p-2)}$	$\sigma_e^2 + r\sigma_s^2 + r(4q+p-2)\sigma_g^2$
ACE	$\frac{p(p-1)}{2}$	SC (Cruzas) - SC (ACG)	$\sigma_e^2 + \frac{r\{(4q+p-2)^2 - (4q^2 + p-2)\}}{(2q+p-1)(4q+p-2)}\sigma_s^2$
Error	Por diferencia	Por diferencia	σ_e^2
Total	$\frac{rq(2q+p-1)}{2} - 1$	$\sum_i \sum_j \sum_k \frac{Y^2_{ijk}}{r} - \frac{2Y^2_{...}}{rp(2q+p-1)}$	

En este cuadro $G_i = 2Y_{ii} + \sum_{j \neq i} Y_{ij.}$, con $Y_{ij.} = Y_{ji.}$; $Y_{..k} = \sum_{i < j} Y_{ijk} = \text{Total del bloque completo } k$.

Pruebas de Significancia de los efectos de aptitud combinatoria general y específica:

En los diseños 2 y 4 de Griffing, la prueba de la hipótesis $H_0: \sigma_s^2 = 0$ se realiza calculando el cociente:

$$C M (A C E) / C M (\text{error})$$

El cual bajo la hipótesis y cuando los errores e_{ijk} siguen una distribución normal, se distribuye como una F con los grados de libertad de la aptitud combinatoria específica en el numerador y los grados de libertad del error en el denominador. Similarmente, para probar la hipótesis $H_0: \sigma_g^2 = 0$, se calcula la razón.

$$C M (A C G) / C M (A C E)$$

El cual bajo la hipótesis y la suposición de errores normales, se distribuye como una F con (P-1) grados de libertad en el numerador, y con los grados de libertad de la ACE en el denominador (Martínez 1975).

Las fórmulas para estimar el efecto de aptitud combinatoria general " $\hat{g}_i$ " y el efecto de aptitud combinatoria específica " $\hat{S}_{ij}$ ", son: (Velásquez, 1979)

$$\hat{g}_i = \frac{G_i.}{r(4q + p - 2)} - \frac{2Y...}{rp(4q + p - 2)}$$

$$\hat{S}_{ij} = \frac{Y_{ij}.}{r} - (\hat{g}_i + \hat{g}_j) - \bar{Y}...$$

donde:

- r = Número de repeticiones
 p = Número de progenitores
 q = Número de veces que se repite cada progenitor en un bloque completo
 G_i = Suma de las cruzas en que interviene el progenitor i
 $Y...$ = Gran total
 i = 1, 2, ..., P

C.4.2 Análisis Dialélico Combinado

Consistió en el análisis de una serie de experimentos dialélicos que comprende el ensayo de las mismas cruzas en cada localidad, en diseños de bloques completos al azar. El modelo estadístico para este caso puede escribirse como sigue: (Martínez G. 1975)

$$Y_{ijkl} = \mu + g_i + g_j + S_{ij} + P_k + (gP)_{ik} + (gP)_{jk} + e_{ijkl}$$

$$1 \quad i, j \quad P, k = 1, 2, \dots, a \quad l = 1, 2, \dots, r,$$

donde:

- i, j = 1, 2, ..., P = progenitores
 K = 1, 2, ..., a = localidades
 l = 1, 2, ..., r = repeticiones

Y_{ijkl} = Valor fenotípico observado de la craza con progenitores i y j en la l -ésima repetición en la K -ésima localidad

- μ = Efecto común de todas las observaciones
 g_i = Efecto de la ACG del i -ésimo progenitor
 g_j = Efecto de la ACG del j -ésimo progenitor

- S_{ij} = Efecto de la ACE del i-ésimo progenitor con el j-ésimo progenitor
 P_k = Efecto de la localidad K
 $(gP)_{ik}$ = Interacción entre el efecto i de la ACG y la localidad K
 $(gP)_{jk}$ = Interacción entre el efecto j de la ACG y la localidad K
 $(SP)_{ijk}$ = Interacción entre el efecto (ij) de la ACE y la localidad K
 e_{ijk} = Error

Las pruebas de hipótesis se realizaron seleccionando los términos apropiados de error. Por ejemplo, ACE y ACG x Loc. se prueban comparando $CM \{ ACE \}$ y $CM \{ ACG \times L \}$ contra $CM \{ ACE \times L \}$. ACE x Loc. se prueba comparando $CM \{ ACE \times Loc \}$ contra el cuadrado medio del error conjunto, $CM \{ Error \}$.

Finalmente, para ACG se pueden formar un Error combinado comparando CM (ACG) contra

$$CM (ACE) + CM (ACG \times L) - CM (ACE \times L)$$

CUADRO 5. Análisis de varianza de una serie de experimentos dialélicos completos sin efectos maternos, Modelo II de Griffing (Martínez G. 1975)

FUENTE DE VARIACION	G. L.	SUMA DE CUADRADOS.	CM	ESPERANZAS MATEMATICAS DE LOS CUADRADOS MEDIOS.
Localidades	$a-1$	$\sum_{k=1}^p \frac{2Y_{...k}^2}{rP(P+1)} - \frac{2Y_{...}^2}{arP(P+1)}$		
Rep d Loc	$a(r-1)$	$\sum_{k=1}^p \frac{2Y_{..k}^2}{P(P+1)} - \sum_{k=1}^p \frac{2Y_{..k}^2}{rP(P+1)}$		
Cruzas	$\frac{P(P+1)}{2} - 1$	$\sum_{i,j} \frac{Y_{ij..}^2}{ar} - \frac{2Y_{...}^2}{arP(P+1)}$	CM {cruzas}	
ACG	$P-1$	$\sum_i \frac{Z_i^2}{ar(4q+P-2)} - \frac{4Y_{...}^2}{arP(4q+P-2)}$	CM {ACG}	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2 + \frac{r(P+1)(P-2)}{P-1}\sigma_{gP}^2 + ar\sigma_e^2 + \frac{ar(r-1)(P-2)}{P-1}\sigma_g^2$
ACE	$P(\frac{P+1}{2}-1)$	$SC\{cruzas\} - SC\{ACG\}$	CM {ACE}	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2 + ar\sigma_e^2$
Cruzas x loc	$(a-1)(\frac{P(P+1)}{2}-1)$	$\sum_{ijk} \frac{Y_{ijk..}^2}{r} - \sum_{ij} \frac{Y_{ij..}^2}{ar} - \sum_k \frac{2Y_{..k}^2}{rP(P+1)} - \frac{2Y_{...}^2}{arP(P+1)}$	CM {cxl}	
ACG x Loc	$(a-1)(P-1)$	$\sum_{k=1}^p SC\{ACG\}_k - SC\{ACG\}$	CM {ACGxL}	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2 + \frac{r(P+1)(P-2)}{P-1}\sigma_{gP}^2$
ACE x Loc	$(a-1)P(\frac{P+1}{2}-1)$	$SC\{cxl\} - SC\{ACG \times L\}$	CM {ACExL}	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2$
Error	$a(r-1)(\frac{P(P+1)}{2}-1)$	$\sum_{k=1}^p SC\{error\}_k$	CM {Error}	σ_e^2
TOTAL	$\frac{arP(P+1)}{2} - 1$	$\sum_{ijkl} Y_{ijkl}^2 - \frac{2Y_{...}^2}{arP(P+1)}$		

$Z_i = 2Y_{i..} + \sum_j Y_{ij..}$
 $i \leq j$

D. ESTIMACION DE LOS COMPONENTES DE VARIACION

Con la esperanza matemática de los cuadrados medios obtenidos para ACG, ACE y error, se procedió a estimar la σ_a^2 , σ_d^2 y σ_e^2 .

Según las siguientes expresiones:

$$\sigma_{ACG}^2 = 1/4 \sigma_a^2 \quad \text{Si } F = 0$$

$$\sigma_{ACE}^2 = 1/4 \sigma_d^2 \quad \text{Si } F = 0$$

$$\sigma_e^2 = \hat{\sigma}^2_{\text{ambiente.}}$$

donde:

$$\sigma_{ACG}^2 = \text{Varianza para Aptitud Combinatoria General}$$

$$\sigma_{ACE}^2 = \text{Varianza para Aptitud Combinatoria Específica}$$

$$\sigma_e^2 = \text{Varianza para el error; (ambiental)}$$

$$\sigma_d^2 = \text{Varianza de Dominancia}$$

$$\sigma_a^2 = \text{Varianza Aditiva.}$$

En base a la estimación de sus componentes se obtuvo la varian-za fenotípica (σ_F^2); y la Varianza Genética (σ_G^2), según las si-guientes fórmulas:

$$\sigma_F^2 = \sigma_G^2 + \sigma_e^2 + \sigma_{G_e}^2$$

$$\sigma_G^2 = \sigma_a^2 + \underbrace{\sigma_d^2 + \sigma_{ep}^2}_{\text{No aditiva}}$$

donde:

$$\begin{aligned} \sigma_F^2 &= \text{Varianza fenotípica} \\ \sigma_G^2 &= \text{Varianza genética} \\ \sigma_{Ge}^2 &= \text{Varianza atribuible a la interacción genotipo ambiente,} \\ &\quad (\text{loc x trat.}) \\ \sigma_e^2 &= \text{Varianza para el error} \\ \sigma_a^2 &= \text{Varianza aditiva} \\ \sigma_d^2 &= \text{Varianza de dominancia} \\ \sigma_{ep}^2 &= \text{Varianza epistática} \end{aligned}$$

E. HEREDABILIDAD

Con las estimaciones de la varianza se procedió a calcular la heredabilidad (para la variable rendimiento) en sentido amplio (H^2); y en sentido estrecho (h^2), según las siguientes fórmulas:

$$H^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_F^2}$$

F. HETEROSIS

En los seis progenitores que dieron origen a las 15 cruzas posibles se determinó la heterosis, en base al promedio de sus progenitores, comparado con los resultados reales de cada craza y en base al mejor progenitor.

P_1 = Mejor progenitor
 P_2 = Segundo progenitor

a) Con respecto al promedio de los progenitores

$$V_e = \frac{P_1 + P_2}{2}$$

$$\text{Heterosis} = \frac{V_o}{V_e} \times 100$$

b) Con respecto al mejor progenitor

$$P_1 = V_e$$

$$\text{Heterosis} = \frac{V_o}{V_e} \times 100$$

donde:

V_o = Valor observado; y

V_e = Valor esperado.

IV. RESULTADOS Y DISCUSION

ANALISIS DE VARIANZA GENERALES

En el cuadro 6 se presentan los resúmenes de los análisis de varian-za en bloques al azar efectuados en cada una de las 5 localidades, pa- . ra la variable rendimiento, con sus niveles de significancia, coeficien- te de variación y rendimiento promedio en toneladas por hectárea.

En base a los análisis (cuadro 6), se observa que los tratamientos mostraron diferencias altamente significativas ($P \leq 0.01$) en cuatro localidades, y solamente en la localidad de El Oasis (Zacapa), los tratamientos fueron no significativos; las diferencias altamente sig- nificativas de los tratamientos se debieron a la heterogeneidad gené- tica de los materiales que se utilizaron para el estudio; por lo tanto, se manifestó la heterosis en mayor o menor grado (cuadros 10, 11, 12, 13, 14 y 15). En cuanto a la localidad de Zacapa, la no significan- cia se debió en gran parte al ambiente, el cual causó que todos los tra- tamientos se comportaran iguales.

El coeficiente de variación fue aceptable en la mayoría de las locali- dades indicándonos que los experimentos fueron bien conducidos; sin embargo, en San Jerónimo el CV fue de 30.18, el cual pudo deberse al ambiente o a la interacción con él, y a un error de muestreo.

En el cuadro 7 se presenta el análisis de varianza combinado sobre las 5 localidades para la variable rendimiento, asimismo, el coefi- ciente de variación y la media general en ton/ha. Como se observa en este cuadro, las localidades, tratamientos y la interacción trata- mientos por localidades, fueron altamente significativas ($P \leq 0.01$).

CUADRO 6. Análisis de varianza individual de 21 tratamientos provenientes de 6 familias para variable rendimiento evaluada en 5 localidades

Fuente de Variación	G. L.	-----CUADRADOS MEDIOS-----				
		San Jerónimo	Oasis	La Máquina	Cuyuta	Quesada
Repeticiones	3	17.2518**	1.8217 NS	0.2457 NS	0.4040 NS	10.3190**
Tratamientos	20	4.4447**	0.9620 NS	1.6303 **	3.4938 **	1.9064**
Error	60	1.7718	0.7287	0.2780	0.2309	0.5718
C.V.		30.18%	21.51%	10.81%	9.30%	12.33%
$\bar{X}$		4.4109	3.9675	4.8781	5.1661	6.1311

REFERENCIAS:

- NS = No significativo
 ** = Significativo al 1% de probabilidad
 * = Significativo al 5% de probabilidad

CUADRO 7. Análisis de varianza combinado de 21 tratamientos para la variable rendimiento en las 5 localidades

Fuente de Variación	G.L.	Cuadrados Medios
Localidades	4	56.5958 **
Bloques x localidades	15	6.0084
Tratamientos	20	5.7628 **
Localidades x Trat.	80	1.6686 **
Error	300	0.7162
C.V. =		17.23%
$\bar{X}$ =		4.9107

** Significativo al 1% de probabilidad

Esto nos indica que las localidades fueron diferentes, además, las diferencias entre tratamientos no son las mismas en todas las localidades, como se manifestó en el cuadro de análisis individuales (cuadro 6), esto se comprueba con la significancia de la interacción (loc. x trat.), la cual nos indica que los tratamientos se comportaron diferentes en cada localidad.

El coeficiente de variación es satisfactorio, por consiguiente se tiene una confiabilidad en los resultados obtenidos de esta investigación.

Los rendimientos promedio de los 21 tratamientos (cruzas y progenitores), así como la prueba de Tukey, aplicada a dicha variable, son presentados en los cuadros 8 y 9, para cada localidad, y a través de las 5 localidades, respectivamente.

Puede distinguirse que los tratamientos que presentaron rendimientos superiores están constituidos por cruzas, mientras que los tratamientos con valores inferiores están constituidos por los progenitores. Estos resultados son comprensibles al considerar que los progenitores (familias de hermanos completos), no están afectados por el vigor híbrido, además en su proceso de mejoramiento han sufrido una endogamia lenta y al ser cruzados expresan su vigor híbrido, lo que se manifiesta en las cruzas.

En el cuadro 9 se observa que de las 15 cruzas, no existió diferencias significativas entre 13 de ellas, siendo las cruzas 23-86 x 29-244 y 21-170 x 29-244, las que presentaron menor rendimiento y que no se comportaron igual a las restantes.

Nótese que el progenitor 43-46, participó en las cruzas de mayor rendimiento y éste no presentó un rendimiento promedio alto, en relación a los restantes progenitores, por lo tanto, esto concuerda con lo dicho por Dardón (1980), que no necesariamente los padres más rendidores producen los híbridos más rendidores o viceversa.

CUADRO 8. Prueba de Tukey aplicada a la variable rendimiento para 21 tratamientos evaluados en cada localidad

LOCALIDAD SAN JERONIMO		LOCALIDAD LA MAQUINA	
Genealogía	Rendimiento ton/ha	Genealogía	Rendimiento ton/ha
29-244 x 43-46	6.2979 a	21-134 x 43-46	5.6994 a
21-134 x 21-170	5.8474 ab	29-244 x 43-46	5.5191 ab
21-170 x 43-46	5.6386 ab	23-86 x 43-46	5.5184 ab
21-134	5.5672 ab	22-100 x 43-46	5.5005 ab
21-170	5.2602 ab	21-134 x 29-244	5.4410 ab
21-134 x 43-46	5.1860 ab	21-134 x 23-86	5.3648 ab
22-100	5.1166 ab	21-170 x 23-86	5.3499 ab
22-100 x 29-244	5.0103 ab	21-134 x 22-100	5.2482 ab
43-46	4.7544 ab	22-100 x 29-244	5.1635 abc
21-134 x 23-86	4.7455 ab	21-170 x 22-100	5.1456 abc
21-170 x 22-100	4.1732 ab	22-100 x 23-86	5.0840 abc
21-170 x 23-86	4.1396 ab	21-134 x 21-170	4.9772 abcd
21-134 x 22-100	4.1358 ab	21-170 x 43-46	4.8284 abcd
21-170 x 29-244	4.0974 ab	21-170 x 29-244	4.6689 abcd
22-100 x 43-46	4.0973 ab	22-100	4.6569 abcd
23-86 x 29-244	3.6274 ab	23-86 x 29-244	4.5210 abcd
21-134 x 29-244	3.2050 ab	21-134	4.5166 abcd
29-244	3.1680 ab	43-46	4.2074 bcd
23-86 x 43-46	3.0084 ab	23-86	3.7803 cd
22-100 x 23-86	2.8675 ab	21-170	3.6510 d
23-86	2.6844 b	29-244	3.5989 d

Continúa

Continuación Cuadro 8

LOCALIDAD C U Y U T A		LOCALIDAD Q U E S A D A	
Genealogía	Rendimiento ton/ha	Genealogía	Rendimiento ton/ha
22-100 x 43-46	7.0263 a	22-100 x 43-46	7.2986 a
21-170 x 43-46	6.3854 ab	21-170 x 43-46	7.0569 a
23-86 x 43-46	5.9841 abc	23-86 x 43-46	6.9909 a
29-244 x 43-46	5.9154 abc	21-134 x 21-170	6.9033 a
21-170 x 23-86	5.8957 abcd	21-170 x 23-86	6.6029 ab
21-134 x 23-86	5.7098 bcde	21-134 x 43-46	6.5700 ab
43-46	5.6439 bcdef	21-134 x 22-100	6.5037 ab
21-134 x 43-46	5.6367 bcdef	21-134 x 29-244	6.4362 ab
21-134 x 29-244	5.6008 bcdef	22-100 x 29-244	6.4308 ab
22-100 x 23-86	5.5035 bcdef	21-170 x 22-100	6.2976 ab
22-100	5.1876 bcdefg	21-134 x 23-86	6.1240 ab
23-86 x 29-244	5.0978 cdefg	22-100	6.0189 ab
22-100 x 29-244	5.0730 cdefg	21-170 x 29-244	5.9127 ab
21-134 x 22-100	4.7492 cdefgh	21-134	5.8672 ab
21-134	4.6343 defgh	23-86 x 29-244	5.8237 ab
21-134 x 21-170	4.6046 efgh	29-244 x 43-46	5.7917 ab
21-170 x 22-100	4.4932 efgh	43-46	5.7586 ab
23-86	4.4303 fgh	23-86	5.4088 ab
21-170 x 29-244	4.2256 gh	22-100 x 23-86	5.3955 ab
29-244	3.8013 hi	21-170	4.8849 b
21-170	2.8893 i	29-244	4.6760 b

Medias con la misma letra no presentan diferencias significativas al 5% de probabilidad.

CUADRO 9. Prueba de Tukey aplicada a la variable rendimiento para 21 tratamientos evaluados en 5 localidades

Genealogía	Rendimiento ton/ha
22-100 x 43-46	5.6724 a
29-244 x 43-46	5.6156 a
21-170 x 43-46	5.5861 ab
21-134 x 21-170	5.3023 abc
21-170 x 23-86	5.2823 abc
21-134 x 43-46	5.2715 abc
21-134 x 23-86	5.2046 abc
23-86 x 43-46	5.2045 abc
22-100 x 29-244	5.1420 abc
21-134 x 29-244	5.0930 abc
21-134 x 22-100	4.9603 abc
22-100	4.8808 abcd
21-134	4.8637 abcd
21-170 x 22-100	4.8424 abcd
43-46	4.7332 abcd
22-100 x 23-86	4.6795 abcd
23-86 x 29-244	4.6093 cde
21-170 x 29-244	4.5423 cde
21-170	3.9688 de
23-86	3.9526 de
29-244	3.7183 e

Medias con la misma letra no presentan diferencias significativas al 5% de probabilidad.

HETEROSIS

Con los resultados obtenidos se procedió a calcular el grado de heterosis en cada cruce con respecto a sus progenitores.

En los cuadros 10, 11, 12, 13 y 14 se presentan las estimaciones de heterosis (para la variable rendimiento), para cada localidad, en donde los valores que se encuentran arriba de la diagonal de cada cuadro corresponden a las estimaciones de la heterosis con respecto a la media de los progenitores y los valores que se encuentran abajo de la diagonal corresponden a la heterosis calculada en base al mejor de los progenitores.

En general se observa que la heterosis media en base a los dos criterios, fue positiva en todas las localidades, a excepción de la localidad de San Jerónimo, en donde la heterosis media con respecto al progenitor más rendidor se hizo negativa.

La positividad en la heterosis se explica por la diversidad genética de los progenitores, ya que de las 15 cruces posibles, solamente una cruce es intrapoblacional; por lo tanto, existe una acumulación de genes favorables en forma homocigótica para una característica dada (rendimiento), manifestándose en mayor grado la expresión heterótica. Los resultados obtenidos concuerdan con las conclusiones obtenidas por diferentes investigadores, tales como Koelreuter, quien concluyó que el vigor híbrido está en relación con el grado de diferencia genética de sus padres (Brewbaker 1967), a iguales conclusiones llegaron Velásquez (1978) y Dardón (1980).

En las localidades de San Jerónimo y Oasis (Zacapa), la cruce que presenta mayor heterosis, es la formada por los progenitores 29-244 x 43-46, con 58.99% y 36.98% con respecto a la media de los progenitores y de 32.40%, y 36.05%, con respecto al mejor progenitor, respectivamente para cada localidad.

PORCIENTO DE HETEROSIS OBTENIDO EN LAS 15 CRUZAS de 6
PROGENITORES DE MAIZ PARA VARIABLE RENDIMIENTO CALCULADO.
EN BASE AL PROMEDIO DE LOS PROGENITORES Y AL
MEJOR PROGENITOR

CUADRO 10. Heterosis para la localidad San Jerónimo

	21-134	21-170	22-100	23-86	29-244	43-46
21-134	-	108.01	77.42	115.02	73.38	100.49
21-170	105.03	-	80.43	104.21	97.23	112.61
22-100	74.29	79.33	-	73.52	120.95	83.02
23-86	85.24	78.70	56.04	-	123.96	80.88
29-244	57.57	77.89	97.92	114.50	-	158.99
43-46	93.15	107.19	80.08	63.28	132.40	-

100.67
86.84

CUADRO 11. Heterosis para la localidad Zacapa

	21-134	21-170	22-100	23-86	29-244	43-46
21-134	-	121.27	116.36	113.42	135.07	92.84
21-170	111.94	-	124.63	133.68	117.03	124.49
22-100	111.55	119.80	-	132.11	119.10	132.01
23-86	109.26	127.86	131.44	-	116.84	133.72
29-244	128.09	113.73	117.77	114.95	-	136.98
43-46	87.47	121.80	129.65	130.68	136.05	-

122.29*
119.47**

CUADRO 12. Heterosis para la localidad de La Máquina

	21-134	21-170	22-100	23-86	29-244	43-46
21-134	-	121.88	114.42	129.32	134.09	130.66
21-170	110.20	-	123.87	143.98	128.80	122.88
22-100	112.70	110.50	-	120.52	125.08	124.10
23-86	118.78	141.52	109.17	-	122.53	138.17
29-244	120.46	127.88	110.88	119.59	-	141.40
43-46	126.19	114.76	118.11	131.16	131.17	-

125.87

20.20

CUADRO 13. Heterosis para la localidad de Cuyuta

	21-134	21-170	22-100	23-86	29-244	43-46
21-134	-	122.40	96.71	125.98	132.79	109.68
21-170	99.36	-	111.26	161.09	126.32	149.66
22-100	91.55	86.61	-	114.44	112.87	129.74
23-86	123.21	133.08	106.09	-	123.86	118.80
29-244	120.85	111.16	97.79	115.07	-	125.26
43-46	99.87	113.14	124.49	106.03	104.81	-

124.06*

108.87**

CUADRO 14. Heterosis para la localidad de Quesada

	21-134	21-170	22-100	23-86	29-244	43-46
21-134	-	128.41	109.43	108.62	122.09	113.02
21-170	117.66	-	115.51	128.79	123.68	132.60
22-100	108.05	104.63	-	94.43	120.26	123.94
23-86	104.38	122.08	89.64	-	115.49	125.20
29-244	109.70	121.04	106.84	107.67	-	111.01
43-46	111.98	122.55	121.26	121.40	100.58	-

118.16

111.30

CUADRO 15. Heterosis a través de las 5 localidades

	21-134	21-170	22-100	23-86	29-244	43-46
21-134	-	120.06	101.31	118.07	118.69	109.86
21-170	109.02	-	109.44	133.37	118.18	128.39
22-100	101.63	99.21	-	105.95	119.59	118.00
23-86	107.00	133.10	95.88	-	120.17	119.84
29-244	104.71	114.45	105.35	116.61	-	132.89
43-46	108.38	118.02	116.22	109.96	118.64	-

* 118.25% Heterosis media con respecto a la media de los progenitores (arriba de la diagonal).

** 110.54% Heterosis media con respecto al más alto progenitor (abajo de la diagonal).

En cuanto a las localidades La Máquina, Cuyuta y Quesada, la craza que ocupa los primeros valores de heterosis es la formada por los progenitores 21-170 x 23-86 con 43.98, 61.09 y 28.79%, con respecto a la media de los progenitores y de 41.52, 33.08 y 22.08% con respecto al mejor progenitor, respectivamente, para cada localidad.

En el cuadro 15 se presentan los valores de heterosis en base al análisis combinado a través de las 5 localidades, se observa que las cruza con mayor heterosis son:

21-170 x 23-86

29-244 x 43-46

21-170 x 43-46

Con valores de heterosis de 33.37, 32.89 y 28.39% con respecto a la media de los progenitores y 33.10, 18.64 y 18.02%, con respecto al mejor progenitor, respectivamente.

ESTIMACION DE EFECTOS DE APTITUD COMBINATORIA GENERAL

En el cuadro 16 se presenta el comportamiento de los progenitores en base a sus efectos de aptitud combinatoria general ($\hat{g}_i$), comportamiento promedio de las cruza en que intervienen y comportamiento medio de los progenitores per se para la variable rendimiento en cada una de las localidades.

Observe que existe una igualdad en la secuencia de ordenamiento de los progenitores según sus efectos de aptitud combinatoria general ($\hat{g}_i$) y la secuencia de ordenamiento que presentan los valores promedio de las cruza en que intervienen los progenitores (b). A la vez

CUADRO 16. Comportamiento de los progenitores en base a sus efectos de ACG ($\hat{g}_i$), comportamiento promedio de las cruas en que intervienen y comportamiento de los progenitores como tales en la variable rendimiento para cada localidad

Progenitor	Λ_{gi}	Rendimiento en ton/ha	
		a	b
SAN JERONIMO			
21-134	0.4227395830 (2)	5.5672 (1)	4.8935 (2)
21-170	0.4425770833 (1)	5.2602 (2)	4.9167 (1)
22-100	-0.0448479167 (4)	5.1166 (3)	4.3596 (4)
23-86	-0.8898666667 (6)	2.6844 (6)	3.3939 (6)
29-244	-0.2877697917 (5)	3.1680 (5)	4.0819 (5)
43-46	0.3576333330 (3)	4.7544 (4)	4.8196 (3)
ZACAPA (OASIS)			
21-134	0.0203989583 (3)	3.7372 (1)	3.9908 (3)
21-170	-0.1153666667 (6)	3.1586 (6)	3.8357 (6)
22-100	0.0451302083 (2)	3.4242 (3)	4.0191 (2)
23-86	0.0866302083 (1)	3.4595 (2)	4.0665 (1)
29-244	0.0092489583 (4)	3.3474 (4)	3.9781 (4)
43-46	-0.0460416670 (5)	3.3017 (5)	3.9149 (5)
LA MAQUINA			
21-134	0.2021031250 (1)	4.5166 (2)	5.1091 (1)
21-170	-0.2343781250 (6)	3.6510 (5)	4.6103 (6)
22-100	0.1635750000 (3)	4.6569 (1)	5.0651 (3)
23-86	-0.0935343750 (4)	3.7803 (4)	4.7712 (4)
29-244	-0.2044656250 (5)	3.5989 (6)	4.6445 (5)
43-46	0.1667000000 (2)	4.2074 (3)	5.0687 (2)

Continuación Cuadro 16

Progenitor	$\hat{a}_{gi}$	Rendimiento en ton/ha	
		a	b
CUYUTA			
21-134	-0.0741166667 (4)	4.6343 (3)	5.0814 (4)
21-170	-0.5974322927 (6)	2.8893 (6)	4.4833 (6)
22-100	0.1322145833 (2)	5.1876 (2)	5.3172 (2)
23-86	0.1111083333 (3)	4.4303 (4)	5.2931 (3)
29-244	-0.3309229167 (5)	3.8013 (5)	4.7879 (5)
43-46	0.7591489583 (1)	5.6439 (1)	6.0337 (1)
QUESADA			
21-134	0.1692416667 (2)	5.8672 (2)	6.3245 (2)
21-170	-0.0468083333 (4)	4.8849 (5)	6.0776 (4)
22-100	0.1308229167 (3)	6.0189 (1)	6.2806 (3)
23-86	-0.1453833333 (5)	5.4088 (4)	5.9649 (5)
29-244	-0.3963270833 (6)	4.6760 (6)	5.6781 (6)
43-46	0.2884541667 (1)	5.7586 (3)	6.4607 (1)

() El número entre paréntesis indica el orden de la magnitud de los valores de cada columna.

$\hat{a}_{gi}$ = Aptitud combinatoria general.

a = Media de los progenitores como tales.

b = Promedio de las cruzas en que interviene cada progenitor.

se puede notar que la sucesión ordenada de los progenitores, según sus efectos de ACG, es diferente a la secuencia de ordenamiento que presentan los valores promedio de los progenitores per se (a). La explicación de esto se da en base a lo dicho por Velásquez (1978), que puede deberse a que los efectos de aptitud combinatoria general están influenciados por los efectos de aptitud combinatoria específica, ya que la varianza de dominancia representó (cuadro 23) un alto porcentaje de la varianza genética total, por tal motivo era de esperarse poca relación con los valores de los progenitores como tales.

Se observa que en las localidades de San Jerónimo y Cuyuta se presentaron los valores más altos y los valores más bajos de los progenitores en base a sus efectos de ACG ($\hat{g}_i$), lo cual coincide con la significancia ($P \leq 0.05$) que existió para la ACG en dichas localidades (cuadro 20).

El cuadro 17 muestra los valores de los efectos de ACG ($\hat{g}_i$), en promedio, a través de las 5 localidades. Nótese que los progenitores que presentan los valores más altos en base a sus efectos de aptitud combinatoria general son: 43-46 y 21-134 con valores de 0.31 y 0.15, respectivamente.

ESTIMACION DE EFECTOS DE APTITUD COMBINATORIA ESPECIFICA

En el cuadro 18 se presentan las estimaciones de los efectos de aptitud combinatoria específica ($\hat{S}_{ij}$) para la variable rendimiento de las cruzas de la serie dialélica; y los rendimientos promedio (ton/ha) para cada localidad.

Puede notarse que las 3 cruzas que presentaron valores altos de las estimaciones de los efectos de aptitud combinatoria específica ($\hat{S}_{ij}$),

CUADRO 17. Comportamiento de los progenitores en base a sus efectos de ACG ($\hat{g}_i$), comportamiento promedio de las cruzas en que intervienen y comportamiento de los progenitores como tales en las 5 localidades

Progenitor	$\hat{g}_i$	Rendimiento en ton/ha	
		a	b
21-134	0.1479802083 (2)	4.8637 (2)	5.0799 (2)
21-170	-0.1102816667 (4)	3.9688 (4)	4.7847 (4)
22-100	0.0853789583 (3)	4.8808 (1)	5.0083 (3)
23-86	-0.1862091667 (5)	3.9527 (5)	4.6979 (5)
29-244	-0.2420472917 (6)	3.7183 (6)	4.6341 (6)
43-46	0.3051789582 (1)	4.7332 (3)	5.2595 (1)

() El número entre paréntesis indica el orden de la magnitud de los valores de cada columna.

$\hat{g}_i$ = Aptitud combinatoria general.

a = Media de los progenitores como tales.

b = Promedio de las cruzas en que interviene cada progenitor.

CUADRO 18. Rendimiento promedio y estimación de los efectos de ACE ($\hat{S}_{ij}$) para la variable rendimiento de las 15 cruza de la serie dialélica

CRUZA		SAN JERONIMO		EL OASIS (ZACAPA)	
		$\hat{S}_{ij}$	Rendimiento Promedio ton/ha	$\hat{S}_{ij}$	Rendimiento ton/ha
1 x 2	21-134 x 21-170	0.5717120536 (4)	5.8474 (2)	0.3062593751 (7)	4.1788 (7)
1 x 3	21-134 x 22-100	-0.6524379464 (13)	4.1358 (9)	0.1312625001 (10)	4.1643 (8)
1 x 4	21-134 x 23-86	0.8022308036 (3)	4.7455 (6)	0.0043625001 (12)	4.0789 (10)
1 x 5	21-134 x 29-244	-1.3403910710 (15)	3.2050 (13)	0.7847437501 (1)	4.7819 (1)
1 x 6	21-134 x 43-46	-0.0047441961 (8)	5.1860 (4)	-0.6763656246 (15)	3.2655 (15)
2 x 3	21-170 x 22-100	-0.6354160714 (12)	4.1732 (7)	0.2048281251 (9)	4.1021 (9)
2 x 4	21-170 x 23-86	0.1760526786 (7)	4.1396 (8)	0.4846531251 (4)	4.4235 (6)
2 x 5	21-170 x 29-244	-0.4682941964 (9)	4.0974 (10)	-0.0545656249 (13)	3.8068 (14)
2 x 6	21-170 x 43-46	0.4275776789 (5)	5.6386 (3)	0.2152250004 (8)	4.0214 (12)
3 x 4	22-100 x 23-86	-0.6086723214 (10)	2.8675 (15)	0.4478562501 (6)	4.5472 (3)
3 x 5	22-100 x 29-244	0.9320558036 (2)	5.0103 (5)	0.0105625001 (11)	4.0325 (11)
3 x 6	22-100 x 43-46	-0.6263473211 (11)	4.0973 (11)	0.4727781254 (5)	4.4394 (5)
4 x 5	23-86 x 29-244	0.3941245536 (6)	3.6274 (12)	-0.0867874999 (14)	3.9766 (13)
4 x 6	23-86 x 43-46	-0.8701785711 (14)	3.0084 (14)	0.5125531254 (3)	4.5207 (4)
5 x 6	29-244 x 43-46	1.8171495540 (1)	6.2979 (1)	0.6233093754 (2)	4.5541 (2)

Continúa

CRUZA	LA MAQUINA		C U Y U T A		QUESADA	
	$\hat{S}_{ij}$	Rendimiento Promedio ton/ha	$\hat{S}_{ij}$	Rendimiento Promedio ton/ha	$\hat{S}_{ij}$	Rendimiento ton/ha
1 x 2	0.131350000 (12)	4.9772 (12)	0.1100870536 (8)	4.6046 (13)	0.6497749999 (5)	6.9033 (4)
1 x 3	0.004371875 (14)	5.2482 (8)	-0.4750098214 (15)	4.7992 (12)	0.0725687499 (11)	6.5037 (7)
1 x 4	0.378031250 (6)	5.3648 (6)	0.5066714286 (5)	5.7098 (6)	-0.0310000001 (13)	6.1240 (11)
1 x 5	0.454306250 (4)	5.4410 (5)	0.8397526786 (4)	5.6008 (8)	0.5321687499 (7)	6.4362 (8)
1 x 6	0.452471875 (5)	5.6994 (1)	-0.2144441964 (14)	5.6367 (7)	-0.0188125001 (1)	6.5700 (6)
2 x 3	0.338303125 (7)	5.1456 (10)	-0.2077191964 (13)	4.4932 (14)	0.0825437499 (10)	6.2976 (10)
2 x 4	0.799662500 (1)	5.3499 (7)	1.2159620540 (1)	5.8957 (5)	0.6639749999 (4)	6.6029 (5)
2 x 5	0.229593750 (10)	4.6689 (14)	-0.0120816964 (12)	4.2256 (15)	0.2247187499 (9)	5.9127 (12)
2 x 6	0.017928125 (13)	4.8284 (13)	1.0575964290 (2)	6.3854 (2)	0.6841374999 (3)	7.0569 (2)
3 x 4	0.135859375 (11)	5.0840 (11)	0.0941151786 (10)	5.5035 (9)	-0.7210562501 (15)	5.3955 (15)
3 x 5	0.326215625 (8)	5.1635 (9)	0.1056714286 (9)	5.0730 (11)	0.5652374999 (6)	6.4308 (9)
3 x 6	0.292050000 (9)	5.5005 (4)	0.9688745536 (3)	7.0263 (1)	0.7482812499 (1)	7.2986 (1)
4 x 5	-0.059100000 (15)	4.5210 (15)	0.1515276786 (7)	5.0978 (10)	0.2342937499 (8)	5.8237 (13)
4 x 6	0.567059375 (3)	5.5184 (3)	-0.0522691964 (11)	5.9841 (3)	0.7167874999 (2)	6.9909 (3)
5 x 6	0.678690625 (2)	5.5191 (2)	0.3211120536 (6)	5.9154 (4)	-0.2314937501 (14)	5.7917 (14)

también ocuparon los primeros lugares en rendimiento promedio y heterosis (cuadros 10, 11, 12, 12 y 14).

En promedio a través de las 5 localidades (cuadro 19), se observa que las cruzas que presentaron los valores más altos de $\hat{S}_{ij}$ coinciden con ser los de heterosis (cuadro 15), y rendimientos promedio de mejor comportamiento.

Observe que dos de las tres cruzas que tuvieron un alto valor de $\hat{S}_{ij}$, interviene el progenitor 43-46, el cual ocupa el primer lugar de acuerdo a $\hat{g}_i$; por lo tanto, posee buena habilidad de combinarse con otros materiales.

ANALISIS DIALELICO

En los cuadros 20 y 21 se presentan los resultados del análisis de cruzas dialélicas provenientes de las seis familias para la variable rendimiento.

En el cuadro 21 se observa que la aptitud combinatoria general (ACG) resultó no significativa, por lo tanto las 6 familias, cuando se cruzaron con el resto, mostraron en promedio, un igual comportamiento en su capacidad combinatoria general.

En cuanto a la alta significancia de la aptitud combinatoria (ACE), nos indica que algunas familias, cuando se cruzaron, produjeron progenies que fueron altamente significativas ($P \leq 0.01$), mejor o peor que el valor que pudiera haber sido esperado en base a la aptitud combinatoria general de sus padres. Esto se debe a que cada progenitor posee diferente frecuencia de genes que ha acumulado durante el proceso de mejoramiento.

CUADRO 19. Rendimiento y estimación de los efectos de $\hat{ACE}(\hat{S}_{ij})$ para la variable rendimiento de las 15 cruzas de la serie dialélica en las 5 localidades

		$\hat{S}_{ij}$	Rendimiento ton/ha
1 x 2	21-134 x 21-170	0.3538367929 (6)	5.3023 (4)
1 x 3	21-134 x 22-100	-0.1838489286 (15)	4.9603 (11)
1 x 4	21-134 x 23-86	0.3320591964 (7)	5.2046 (7)
1 x 5	21-134 x 29-244	0.2541160715 (8)	5.0930 (10)
1 x 6	21-134 x 43-46	-0.0923789284 (13)	5.2715 (6)
2 x 3	21-170 x 22-100	-0.0434920536 (12)	4.8424 (12)
2 x 4	21-170 x 23-86	0.6680610715 (1)	5.2823 (5)
2 x 5	21-170 x 29-244	-0.0161258036 (11)	4.5423 (15)
2 x 6	21-170 x 43-46	0.4804929466 (3)	5.5861 (3)
3 x 4	22-100 x 23-86	-0.1303795536 (14)	4.6795 (13)
3 x 5	22-100 x 29-244	0.3879485714 (4)	5.1420 (9)
3 x 6	22-100 x 43-46	0.3711273216 (5)	5.6724 (1)
4 x 5	23-86 x 29-244	0.1268116964 (10)	4.6093 (14)
4 x 6	23-86 x 43-46	0.1747904466 (9)	5.2045 (8)
5 x 6	29-244 x 43-46	0.6417535716 (2)	5.6156 (2)

CUADRO 20. Análisis dialélico individual (Diseño 2 de Griffing en bloques completos al azar)

Fuente de Variación	G.L.	-----CUADRADOS MEDIOS-----				
		San Jerónimo	Oasis	La Máquina	Cuyuta	Quesada
Repeticiones	3	17.2518	1.8217	0.2457	0.4040	10.3190
Cruzas	20	4.4447	0.9620	1.6303	3.4938	1.9064
ACG	5	8.8242 *	0.1630 NS	1.2856 NS	6.8995 *	1.9798 NS
ACE	15	2.9849 NS	1.2283 NS	1.7452 **	2.3586 **	1.8819 **
Error	60	1.7718	0.7287	0.2780	0.2309	0.5718

NS = No significativo

** = Significativo al 1% de probabilidad

* = Significativo al 5% de probabilidad

CUADRO 21. Análisis Dialélico Combinado

Fuentes de Variación	G.L.	Cuadrados Medios
Localidades	4	56.5958
Rep. de Loc.	15	6.0084
Cruzas	20	5.7628
ACG	5	7.2876 NS
ACE	15	5.2546 **
Cruzas x Loc.	80	1.6686
ACG x Loc.	20	2.9662 **
ACE x Loc.	60	1.2360 **
Error	300	0.7162

NS = No significativo

** = Significativo al 1% de probabilidad

* = Significativo al 5% de probabilidad

La alta significancia ($P \leq 0.01$) en la interacción ACG x Loc. y ACE x Loc. era de esperarse, ya que las localidades influyeron en la expresión de ACG y ACE de los materiales en estudio (cuadro 20), por lo tanto la aptitud combinatoria general y la aptitud combinatoria específica de los materiales, no se comportaron en igual forma en todas las localidades.

ESTIMACION DE COMPONENTES DE VARIACION

El cuadro 22 presenta los valores de las estimaciones de los componentes de variación para aptitud combinatoria general (σ_g^2) y aptitud combinatoria específica (σ_s^2) para cada localidad y a través de las 5 localidades, para la variable rendimiento.

En este cuadro se observa que la σ_{ACE}^2 (σ_s^2) es más alta que la σ_{ACG}^2 (σ_g^2) en cada localidad y a través de las 5 localidades, existiendo una alta relación entre los valores obtenidos de la varianza para aptitud combinatoria específica σ_s^2 con los de la varianza para aptitud combinatoria general (σ_g^2).

Con las estimaciones de los componentes de variación se estimó la varianza genética aditiva (σ_a^2) y la varianza genética no aditiva (σ_d^2) lo cual nos permite conocer la importancia relativa de los efectos aditivos y los efectos no aditivos. En el cuadro 23 se presentan los valores estimados para la varianza aditiva, no aditiva, varianza genética total (σ_G^2) para cada localidad y en el análisis combinado de las 5 localidades. Estos resultados coinciden con los resultados obtenidos por otros investigadores, los cuales han concluido que la varianza genética aditiva es menor que la varianza genética no aditiva para el carácter rendimiento en poblaciones mejoradas. En cuanto al alto

CUADRO 22. Estimación de componentes de varianza para ACG y ACE para cada localidad y del combinado de las 5 localidades

Localidades	σ_g^2	σ_s^2	σ_s^2/σ_g^2	σ_s^2
San Jerónimo	0.182478	0.303275	2:1	62 %
Zacapa (El Oasis)	-0.033290	0.124900	100:1	100 %
La Máquina	-0.014363	0.366807	100:1	100 %
Cuyuta	0.141904	0.531927	4:1	79 %
Quesada	0.003059	0.327543	107:1	99 %
Combinado	0.0028	0.2005	72:1	99 %

CUADRO 23. Componentes de varianza genética. Estimación de componentes de varianza genética aditiva (σ_a^2), no aditiva (σ_d^2) y genética total (σ_G^2) por localidad y en el combinado de las 5 localidades

Localidades	σ_a^2	σ_d^2	σ_G^2	σ_d^2/σ_G^2 *
San Jerónimo	0.729912	1.213100	1.943012	62
Zacapa (El Oasis)	0	0.499600	0.499600	100
La Máquina	0	1.467228	1.467228	100
Cuyuta	0.567616	2.127708	2.695324	79
Quesada	0.012236	1.310172	1.322408	99
Combinado	0.0112	0.8020	0.8132	99

* En % (% de σ_d^2 en relación a σ_G^2)

porcentaje de la σ_d^2 en relación a la σ_G^2 , concuerda con las investigaciones de Rivera (1977) y Dardón (1980), los cuales indican que para maíces mejorados la varianza genética total se debe a la varianza no aditiva.

HEREDABILIDAD

En el cuadro 24 se presenta la varianza fenotípica (σ_F^2) y sus componentes (σ_G^2 , σ_{Ge}^2 y σ_e^2) en cada localidad y en el combinado de las 5 localidades.

Con estos valores se estimó la heredabilidad promedio que presentaron los progenitores en estudio para cada localidad y a través de las 5 localidades (combinado), los que se presentan en el cuadro 25. La heredabilidad se estimó en sentido amplio (H^2) y estrecho (h^2). De acuerdo a estas estimaciones se observa que la heredabilidad en sentido amplio (H^2), fue ampliamente superior a la heredabilidad en sentido estrecho (h^2), esto es debido que las σ_a^2 presentaron valores muy bajos en relación a las σ_F^2 y las σ_G^2 totales son altas debido a las σ_d^2 ; por lo tanto se puede ver la importancia de los efectos no aditivos (σ_d^2) los cuales corresponden a la fracción de la varianza genética que no puede transmitirse a la progenie.

CUADRO 24. Componentes de la varianza fenotípica para cada localidad y en el combinado de las 5 localidades

Localidades	σ_G^2	σ_e^2	σ_{Ge}^2	σ_F^2
San Jerónimo	1.94301	1.77180	-	3.71481
Zacapa (El Oasis)	0.49960	0.72871	-	1.22831
La Máquina	1.46723	0.27800	-	1.74523
Cuyuta	2.69532	0.23088	-	2.92620
Quesada	1.32241	0.57176	-	1.89417
Combinado	0.81320	0.72000	0.2375	1.77070

CUADRO 25. Estimaciones de heredabilidad en sentido amplio (H^2) y estrecho (h^2) para cada localidad y en el combinado de las 5 localidades

Localidades	H^2	h^2
San Jerónimo	52 %	20 %
Zacapa (El Oasis)	41 %	0 %
La Máquina	84 %	0 %
Cuyuta	92 %	19 %
Quesada	70 %	1 %
Combinado	46 %	1 %

V. CONCLUSIONES

1. La alta significancia para tratamientos mostrado en cada localidad y a través de ellas, apoyan las hipótesis alternativas de que existen diferencias altamente significativas para rendimiento entre tratamientos (dentro de cruzas y dentro de progenitores), y que estas diferencias entre tratamientos son distintas en todas las localidades, por lo tanto los genotipos involucrados en el presente estudio tienen diferentes respuestas a las condiciones ambientales donde fueron evaluados.
2. Las cruzas evaluadas mostraron altas expresiones de heterosis para la variable rendimiento, ya que los materiales que intervinieron son de diverso origen genético, por lo tanto se obtienen cruzas más rendidoras.
3. De acuerdo con el análisis dialélico combinado, la aptitud combinatoria general (ACG) resultó no significativa, rechazándose por consiguiente la primera parte de la hipótesis planteada. En cuanto a la segunda parte de la hipótesis, queda aceptada por la alta significancia observada para la aptitud combinatoria específica (ACE).
4. La heredabilidad en sentido amplio (H^2), fue superior en más de un 50% a la heredabilidad en sentido estrecho (h^2), por consiguiente la varianza genética no aditiva, tuvo una importancia relativa mayor que la varianza genética aditiva para la variable rendimiento.

VI. RECOMENDACIONES

1. Incrementar las familias 21-170, 23-86, 29-244 y 43-46, las cuales participan en las cruzas de mayor aptitud combinatoria específica (ACE) para la formación de híbridos.
2. Utilizar la craza (29-244 x 43-46) como hembra de algún híbrido, ya que manifestó ser buena productora de semilla.

VII. BIBLIOGRAFIA

1. BREWBAKER, J.L. Genética agrícola. Trad. al Español por Dr. Humberto Sauza. México, UTEHA, 1967. pp 1-23 y 90-119.
2. DARDON, M.A. Aptitud combinatoria general y específica de 10 poblaciones de maíz (Zea mays L.). Tesis Mag. Sc. México, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, 1980. 66 p.
3. GUATEMALA. INSTITUTO DE CIENCIA Y TECNOLOGIA AGRICOLAS. Informe anual del Programa de Maíz. Guatemala, 1979.
4. LEIVA RUANO, O.R. Herencia y mejoramiento de la precocidad del frijol (Phaseolus vulgaris L.) en el trópico. Tesis Mag. Sc. Bogotá-Colombia, Universidad Nacional-Instituto Colombiano Agropecuario, 1977. 80 p.
5. MARTINEZ GARZA, A. Diseño y análisis de los experimentos de cruza dialélicas. Chapingo, México, Colegio de Postgraduados ENA, 1975. 223 p.
6. MELGAR, M.F. Experimentos parciales de cruza dialélicas en diseños balanceados de bloques incompletos; Tesis Mag. Sc. Chapingo, México, Colegio de Postgraduados, 1979. 43 p.
7. POEY, F., CORDOVA, H.R. y FUENTES, A. Conceptos teóricos que respaldan los programas de mejoramiento genético del maíz. Guatemala, ICTA 1976.
8. POEHLMAN, J.M. Mejoramiento genético de las cosechas. 6a. ed. México, Limusa, 1979. pp 41-70.
9. REYES CASTAÑEDA, P. Diseños de experimentos aplicados. México, Trillas, 1978. 344 p.
10. RIVERA, F.H. Efecto de la divergencia en la heterosis de cruza intervariables de maíz. Tesis Mag. Sc. Chapingo, México, Colegio de Postgraduados, ENA, 1977.

11. ROJAS, B.A. Diseño y análisis de cruas dialélicas. Agrociencia. (Chapingo, México). 3(1): 77-86. 1968.
12. VELASQUEZ, R. Formación de híbridos simples en base a familias de hermanos completos, provenientes de diferentes poblaciones de maíz (Zea mays L.) Tesis Mag. Sc. Chapingo, México, Colegio de Postgraduados, 1978. 84 p.

Vo.Bo.

Alfonso Ramírez



UNIVERSIDAD DE SAN CARLOS DE GUATEMALA



FACULTAD DE AGRONOMIA

Ciudad Universitaria, Zona 12.

Apertado Postal No. 1545

GUATEMALA, CENTRO AMERICA

Referencia	_____
Asunto	_____

"IMPRIMASE"

DR. ANTONIO A. SANDOVAL S.
D E C A N O

