

## LA SELECCIÓN MASAL PERMITE AUMENTAR EL RENDIMIENTO SIN AGOTAR LA VARIABILIDAD GENÉTICA ADITIVA EN EL MAÍZ ZACATECAS 58

### MASS SELECTION ALLOWS YIELD INCREMENTS WITHOUT DEPLETING ADDITIVE GENETIC VARIABILITY IN ZACATECAS 58 MAIZE VARIETY

J. Luis Coyac Rodríguez<sup>1\*</sup>, José D. Molina Galán<sup>2</sup>, J. Jesús García Zavala<sup>2</sup>  
y Luis M. Serrano Covarrubias<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Fitomejoramiento, Universidad Autónoma Agraria "Antonio Narro" Unidad Laguna. Km 2 Periférico "Raúl López Sánchez". 27059, Torreón, Coahuila. <sup>2</sup>Programa de Genética, Instituto de Recursos Genéticos y Productividad, Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, Km 36.5 Carretera México- Texcoco. 56230, Montecillo, Texcoco, Edo. de México. <sup>3</sup>Centro Regional Universitario del Centro-Norte, Universidad Autónoma Chapingo. Km 20.5 Carretera Zacatecas-Fresnillo. 98500, Morelos, Zacatecas.

\*Autor para correspondencia (jlcoyac@yahoo.com)

#### RESUMEN

Para estimar los parámetros genéticos de la variedad de maíz (*Zea mays* L.) Zacatecas 58 original ( $Z_0$ ) y de su versión mejorada por 24 ciclos de selección masal visual estratificada (SMVE), así como conocer la factibilidad de poder continuar con el proceso de selección en la variedad mejorada, se evaluó en cuatro ambientes el rendimiento de mazorca por planta (RMPP) de 35 familias de medios hermanos (FMH) y 35 de hermanos completos (FHC) derivadas de  $Z_0$ , así como 40 FMH y 40 FHC derivadas de su versión mejorada Zac. 58 SM<sub>24</sub> ( $Z_{24}$ ). La SMVE aumentó el rendimiento de mazorca de  $Z_0$  después de 24 ciclos de selección (3.65 % por ciclo). Las FHC rindieron más ( $P \leq 0.05$ ) que las FMH, en ambas poblaciones. Con la evaluación conjunta de FMH y FHC fue posible estimar las varianzas genéticas aditiva ( $\sigma_a^2$ ) y de dominancia ( $\sigma_d^2$ ) de  $Z_0$  y  $Z_{24}$ . Aunque se esperaba que la  $\sigma_a^2$  de  $Z_0$  fuera mayor que la de  $Z_{24}$ , ello no ocurrió; en cambio, el coeficiente de variación genética aditiva (CVA) de  $Z_0$  resultó mayor que el de  $Z_{24}$ , lo que permitió inferir que es posible seguir incrementando el rendimiento de mazorca por SMVE aún después de 24 ciclos de selección.

**Palabras clave:** *Zea mays*, familias, mejoramiento genético, selección masal, varianzas genéticas.

#### SUMMARY

To estimate the genetic parameters of the maize (*Zea mays* L.) variety Zacatecas 58 original ( $Z_0$ ) and its improved version ( $Z_{24}$ ) obtained through 24 cycles of stratified visual mass selection (SVMS), as well as to estimate the feasibility of continuing the selection process, 35 half-sib (HS) and 35 full-sib (FS) families derived from  $Z_0$  and 40 HS and 40 FS families derived from  $Z_{24}$  were evaluated in four environments for yield per ear per plant (YEP). SVMS increased the yield per plant after 24 cycles (3.65 % per cycle). FS families yielded more ( $P \leq 0.05$ ) than HS families, in both populations. Joint evaluation of HS and FS families allowed to estimate genetic additive ( $\sigma_a^2$ ) and dominant ( $\sigma_d^2$ ) variances. Although higher  $\sigma_a^2$  of  $Z_0$  than  $Z_{24}$  was expected, this did not occur; however, the additive coefficient of variation (ACV) of  $Z_0$  was higher than  $Z_{24}$ , thus indicating it is still possible to further increase yield by SVMS after 24 cycles of selection.

**Index words:** *Zea mays*, families, genetic improvement, mass selection, genetic variances.

#### INTRODUCCIÓN

Como parte del proceso evolutivo las plantas se automejoran por selección natural, aunque a un ritmo muy lento. Dicho proceso evolutivo de las especies vegetales cultivadas ha sido acelerado por el hombre (Reyes, 1990). Fue así como el maíz (*Zea mays* L.) fue mejorado por el hombre mediante selección masal efectuada a través de un largo tiempo. La siembra en ambientes diversos dio lugar a la amplia variabilidad genética que ahora existe en esta especie (García *et al.*, 2002).

El mejoramiento genético de poblaciones permite generar variedades mejoradas de polinización libre, recomendables para agricultores que no cuentan con los recursos económicos para adquirir semilla híbrida cada año (Hallauer y Miranda, 1981); las plantas de estas poblaciones con alelos favorables al recombinarse producen genotipos superiores. El incremento de los caracteres de importancia económica que se logre en cada ciclo de selección estará en función de la variabilidad genética de la población bajo mejoramiento (Chávez, 1995). Tal variabilidad puede analizarse para estimar los parámetros genéticos de la población. La estimación de dichos parámetros es importante cuando la población se ha sometido a un proceso continuo de selección y se desea saber que tan efectiva ha sido ésta en producir cambios favorables en ella (Vargas *et al.*, 1982).

El efecto de la selección incide directamente en las frecuencias génicas de la población, por lo que las varianzas genéticas sufren cambios que dependen del tipo de acción génica predominante. Como resultado, esas varianzas se aproximan a cero cuando las frecuencias de los genes favorables para la expresión de un carácter se aproximan a la unidad (Vargas *et al.*, 1982).

Para que la selección sea efectiva en el manejo de poblaciones de maíz, se requiere que la variabilidad genética sea del tipo aditivo; de lo contrario, el método de mejoramiento adecuado es la hibridación (Sprague, 1966). Después de un periodo de mejoramiento por selección, la variabilidad puede disminuir y los avances ser más lentos y difíciles de detectar (Briggs y Knowles, 1967). En poblaciones no mejoradas de maíz, la proporción de varianza genética aditiva es mayor que la varianza genética de dominancia, pero la proporción disminuye conforme aumentan los ciclos de selección recurrente (Hallauer y Miranda, 1981; Márquez, 1987; Molina, 1992), pues la selección explota principalmente la varianza genética aditiva. En contraste, ambas varianzas, aditiva y de dominancia, pueden explotarse al combinar metodologías de selección e hibridación.

En algunos casos se han utilizado familias de medios hermanos maternos (FMHM) para estimar la varianza genética aditiva, y su combinación con familias de hermanos completos (FHC) para estimar la varianza genética de dominancia. Según Márquez y Sahagún (1994), se pueden obtener estimadores más precisos de varianza genética aditiva con FMHM que con el Diseño I de Comstock y Robinson (1948, 1952), y señalan que la metodología puede hacerse extensiva a familias independientes de hermanos completos (FIHC). El uso de tales familias se justifica debido a que el Diseño I es laborioso, por lo difícil que resulta cruzar una planta macho con varias plantas hembra.

Los estimadores de las varianzas genéticas pueden sesgarse por la interacción genotipo-ambiente, cuya varianza puede llegar a superar a las varianzas genéticas, y por ello las estimaciones deben hacerse en varios ambientes (Vargas *et al.*, 1982). Asimismo, la falta de equilibrio de ligamiento puede provocar sesgos ya que, según Robinson *et al.* (1960), la varianza de dominancia aumenta y la varianza aditiva puede aumentar o disminuir, en función de la preponderancia de ligamientos iniciales en la fase de repulsión o de acoplamiento.

Vargas *et al.* (1982) señalaron que después de 10 ciclos de selección masal visual estratificada (SMVE) en la variedad Zac. 58 original ( $Z_0$ ) todavía hubo avances de 3 % por ciclo de selección para rendimiento. A la fecha  $Z_0$  se ha avanzado al ciclo 24 de SMVE, por lo que es importante conocer los cambios en los parámetros genéticos de la población mejorada y compararlos con la población original.

Los objetivos de este trabajo fueron estimar la media y las varianzas genéticas aditiva y de dominancia para rendimiento de mazorca por planta (RMPP) de la variedad de maíz Zac. 58 original ( $Z_0$ ) y de su ciclo 24 ( $Z_{24}$ ) de SMVE, mediante la evaluación de familias de medios hermanos (FMH) y hermanos completos (FHC) derivadas de  $Z_0$  y  $Z_{24}$ ,

así como analizar los cambios en dichos parámetros por el efecto de 24 ciclos de SMVE. Como hipótesis principal se postuló que el proceso de selección al que fue sometida  $Z_0$  ha producido cambios en su media y sus varianzas genéticas.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Material genético

El material genético del presente estudio se derivó de la variedad de maíz Zacatecas 58, que corresponde a la colección número 58 del Estado de Zacatecas; es una población muy precoz que pertenece a la raza Cónico Norteño, cuya área de distribución es la zona norte-centro de México (Wellhausen *et al.*, 1952). En la variedad Zac. 58 ( $Z_0$ ) se estableció un programa de selección masal visual estratificada (SMVE), a cuyo ciclo 24 se denominó Zac. 58 SMVE rotativa ciclo 24 ( $Z_{24}$ ).

El primer ciclo de selección se obtuvo en condiciones de temporal (secano) en el verano de 1969 en Chapingo, Estado de México (19° 29' LN y 98° 53' LO, 2250 msnm)<sup>1</sup>, donde existen condiciones de clima templado. El segundo ciclo se obtuvo en la estación de invierno-primavera 1969-1970 en Tepalcingo, Morelos (18° 35' LN y 98° 50' LO, 1100 msnm)<sup>1</sup>, donde prevalecen condiciones de invierno cálido; el tercero en primavera de 1970 en Chapingo, bajo condiciones de riego. El cuarto ciclo se obtuvo en el verano de 1970 en temporal en Chapingo; el quinto en invierno-primavera 1970-1971 en Tepalcingo. La selección continuó en Chapingo hasta el ciclo 18 en riego, mientras que los ciclos 19 al 24 se obtuvieron con riego en Tecámac, Estado de México (19° 43' LN y 98° 58' LO, 2298 msnm)<sup>1</sup>, donde existen condiciones de clima templado (Molina, 1977, Com. Pers.<sup>2</sup>, 1983; Villanueva *et al.*, 1990; Sahagún *et al.*, 1991; Sahagún, 2001, Com. Pers.)<sup>3</sup>.

En las poblaciones  $Z_0$  y  $Z_{24}$  se obtuvieron FMH y FHC. Para tal fin, en cada población se establecieron dos sublotos de 100 plantas numeradas del 1 al 100. Las 100 plantas del sublote 2 de  $Z_0$  se polinizaron con una mezcla de polen de las 100 plantas del sublote 1. Por su parte, la planta 1 del sublote 1 se polinizó con el polen de la planta 1 del sublote 2; lo mismo se hizo con la planta 2 del sublote 1 y la planta 2 del sublote 2, y así hasta llegar a la planta 100 del sublote 1 y la planta 100 del sublote 2. Este mismo procedimiento se siguió en las plantas de los sublotos de  $Z_{24}$ .

<sup>1</sup> Google (2012) Google Earth v.7.0.2.8415. Google Inc.

<sup>2</sup> Molina G J D (1977) Selección masal visual estratificada en maíz. In: Avances en la Enseñanza y la Investigación. Colegio de Postgraduados. Chapingo, Méx. pp:73-74

<sup>3</sup> Sahagún C L (2001) Estimación de varianzas genéticas con diferentes sistemas de apareamiento en maíz (*Zea mays* L.). Tesis de Doctor en Ciencias. Colegio de Postgraduados. Montecillo, Méx.

Las mazorcas cosechadas en el sub lote 2 de cada población constituyeron una FMH maternos, mientras que las mazorcas de cada cruza planta a planta (1 x 1, 2 x 2, ..., 100 x 100) del sub lote 1 conformaron una FHC. Se mantuvo la siguiente relación: el progenitor femenino de las FMH fue el progenitor masculino de las FHC; esto se hizo así con el propósito de conservar los mismos genes en los dos sub lotes de  $Z_0$  y en los dos sub lotes de  $Z_{24}$ . Sólo fue posible cosechar 35 FMH y 35 FHC en  $Z_0$  y 40 FMH y 40 FHC en  $Z_{24}$ .

### Ambientes de evaluación y diseño experimental

Las 70 familias de  $Z_0$  (35 FMH y 35 FHC) y las 80 familias de  $Z_{24}$  (40 FMH y 40 FHC) se evaluaron en lotes contiguos en un diseño de bloques completos al azar con dos repeticiones en cuatro ambientes. En cada repetición, cada parcela de FMH se apareó con su correspondiente FHC. Las parejas de familias se aleatorizaron y también las dos familias dentro de cada pareja. La parcela experimental quedó constituida por un surco de 4.5 m de longitud en el que se distribuyeron 10 pares de plantas, con una separación de 80 cm entre surcos y 50 cm entre pares; la densidad de población fue de 50 000 plantas por hectárea.

La siembra de todos los lotes experimentales se hizo en condiciones de temporal en los años 2007, 2008 y 2009 (Ambientes 1, 2 y 4) en Montecillo, Texcoco, (19° 28' LN y 98° 54' LO, 2240 msnm)<sup>1</sup> y también en 2009 en Chapingo, (Ambiente 3), ambas localidades en el Estado de México.

### Análisis estadístico

La única variable analizada fue el rendimiento de mazorca por planta (RMPP), la cual se calculó al dividir el peso seco de mazorca por parcela entre número de plantas por parcela. El peso seco se obtuvo después de secar la mazorca al sol hasta alcanzar una humedad constante.

Para cada población ( $Z_0$  y  $Z_{24}$ ) se hizo un análisis de varianza por ambiente, y luego dos análisis combinados: uno con los cuatro ambientes (Combinado 1) y otro con los tres años de Montecillo (Combinado 2). Se usó el procedimiento GLM de SAS 9.1 (SAS Institute, 2004).

En ambas poblaciones se calcularon los componentes de varianza de cada familia para la estimación de las varianzas genéticas aditiva y de dominancia. Se hizo una partición del error conjunto en error de FMH y error de FHC, con la finalidad de obtener el error propio de cada tipo de familia.

### Parámetros genéticos

Según Comstock y Robinson (1948) y Molina (1992), las

varianzas y covarianzas de parientes tienen sus equivalentes en términos de varianzas aditiva y de dominancia. Así, en poblaciones con endogamia cero ( $F = 0$ ), se tienen las equivalencias mostradas en la última columna del Cuadro 1. Para el compuesto de ciclo 24 de SMVE, se consideró un coeficiente de endogamia de 0.016 (Sahagún y García, 2009), en una población de referencia de 6000 individuos por ciclo (300 mazorcas y 20 granos por mazorca), y una presión de selección de 5 %. Las varianzas aditivas y de dominancia, según Cockerham (1956) y Molina (1992), son las siguientes: varianza de  $FMH = ([1+Fh_t]/4)\sigma_A^2$ ; varianza de  $FHC = ([2+Fm_t+Fh_t]/2)\sigma_A^2 + ([1+Fm_t]/2 \times [1+Fh_t]/2)\sigma_D^2$ , donde  $Fh$  y  $Fm$  corresponden a la endogamia de los progenitores hembras y de los progenitores machos, respectivamente, en la generación  $t$ .

Los coeficientes de variación genética respectivos fueron estimados mediante las expresiones:  $CVA = \sqrt{\hat{\sigma}_A^2/\bar{x}} \times 100$  y  $CVD = \sqrt{\hat{\sigma}_D^2/\bar{x}} \times 100$ , donde es la media fenotípica de cada población evaluada, por ambiente y en la combinación de ambientes. Para cuantificar la importancia de la varianza aditiva respecto a la de dominancia, se estimó también la relación  $\hat{\sigma}_A^2/\hat{\sigma}_D^2$ .

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### Análisis de varianza

El coeficiente de variación (CV) de los análisis por ambiente y de los análisis combinados resultó con un valor inferior a 15 %, con excepción del ambiente 3 en donde fue ligeramente superior para  $Z_0$  (Cuadros 2 y 3), propio de un diseño de bloques completos al azar; esto indica que la información estadística experimental es confiable (Steel y Torrie, 1960).

Los análisis de varianza por ambiente (Cuadro 2) de  $Z_0$  y  $Z_{24}$  mostraron diferencias ( $P \leq 0.01$ ) entre Familias. Estas diferencias se mantuvieron en las FHC en la mayoría de ambientes; en cambio, en las FMH el grado de significancia fue muy variable a través de ambientes. En la mayoría de los casos, el contraste FMH vs. FHC resultó significativo lo que indicó diferencias de rendimiento entre el promedio de las FMH y el de las FHC, como se muestra en el Cuadro 4.

La magnitud de los cuadrados medios de las FHC fue mayor que la de FMH en ambas poblaciones a través de los cuatro ambientes. Los cuadrados medios del error de FHC resultaron menores que los de FMH, en la mayoría de casos (Cuadros 2 y 3). Este comportamiento corresponde al esperado, ya que la varianza genotípica dentro de FHC contiene  $\frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{3}{4}\sigma_D^2$  mientras que la varianza dentro de FMH contiene  $\frac{3}{4}\sigma_A^2 + \sigma_D^2$  (Molina, 1992).

**Cuadro 1. Forma del análisis de varianza por ambiente y combinado, y covarianzas de parientes en términos de varianzas genéticas aditiva y de dominancia.**

Fuentes de variación	gl	CM	E(CM)	Componentes de varianza	Varianzas genéticas
<b>Por ambiente</b>					
Repeticiones	r-1				
Familias	f-1				
FMH	f <sub>mh</sub> -1	M <sub>1</sub>	$\sigma_e^2 + r\sigma_{FMH}^2$	$\hat{\sigma}_{FMH}^2 = M_1 \cdot M_3' / r$	$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_{f_{mh}}^2$
FHC	f <sub>hc</sub> -1	M <sub>2</sub>	$\sigma_e^2 + r\sigma_{FHC}^2$	$\hat{\sigma}_{FHC}^2 = M_2 \cdot M_3'' / r$	$\hat{\sigma}_D^2 = (4\hat{\sigma}_{f_{hc}}^2 - 2\hat{\sigma}_{f_{mh}}^2)$
FMH vs. FHC	1				
Error conjunto	(f-1)(r-1)				
Error FMH	(f <sub>mh</sub> -1)(r-1)	M <sub>3</sub> '	$\sigma_e^2$	$\hat{\sigma}_{e'}^2 = M_3'$	
Error FHC	(f <sub>hc</sub> -1)(r-1)	M <sub>3</sub> ''	$\sigma_e^2$	$\hat{\sigma}_{e''}^2 = M_3''$	
Error (FMH vs. FHC)	1				
Total	fr-1				
<b>Combinado</b>					
Ambientes	a-1				
Reps/Ambientes	a (r-1)				
Familias	f-1				
FMH	f <sub>mh</sub> -1	M <sub>1</sub>	$\hat{\sigma}_e^2 + r\sigma_{FMH \times A}^2 + ra\sigma_{FMH}^2$	$\hat{\sigma}_{FMH}^2 = M_1 - M_3' / ra$	
FHC	f <sub>hc</sub> -1	M <sub>2</sub>	$\hat{\sigma}_e^2 + r\sigma_{FHC \times A}^2 + ra\sigma_{FHC}^2$	$\hat{\sigma}_{FHC}^2 = M_2 - M_4'' / ra$	
FMH vs. FHC	1				
Familias x Ambientes	(f-1)(a-1)				
FMH x Ambientes	(f <sub>mh</sub> -1)(a-1)	M <sub>3</sub>	$\sigma_e^2 + r\sigma_{FMH \times A}^2$	$\hat{\sigma}_{aFMH}^2 = M_3 - M_5' / r$	
FHC x Ambientes	(f <sub>hc</sub> -1)(a-1)	M <sub>4</sub>	$\sigma_e^2 + r\sigma_{FHC \times A}^2$	$\hat{\sigma}_{aFHC}^2 = M_4 - M_5'' / r$	
(FMH vs. FHC) x Amb	1(a-1)				
Error conjunto	(f-1)(r-1)a				
Error FMH x Ambientes	(f <sub>mh</sub> -1)(r-1)a	M <sub>5</sub> '	$\sigma_e^2$	$\hat{\sigma}_{e'}^2 = M_5'$	
Error FHC x Ambientes	(f <sub>hc</sub> -1)(r-1)a	M <sub>5</sub> ''	$\sigma_e^2$	$\hat{\sigma}_{e''}^2 = M_5''$	
Error (FMH vs. FHC) x Amb	1				
Total	rfa-1				

El apóstrofe indica cuadrado medio del error de cada tipo de familias. FV = fuentes de variación; gl = grados de libertad; CM = cuadrados medios; E(CM) = esperanza de los cuadrados medios; Reps = repeticiones; Amb = ambientes ;  $\sigma_{f_{mh}}^2$  = varianza de FMH;  $\sigma_{f_{hc}}^2$  = varianza de FHC;  $\sigma_{f_{mh} \times a}^2$  = varianza de interacción FMH x ambientes;  $\sigma_{f_{hc} \times a}^2$  = varianza de interacción FHC x ambientes;  $\sigma_e^2$  = varianza del error de FHC;  $\sigma_e^2$  = varianza del error de FMH; r = repeticiones; f = familias; f<sub>mh</sub> = familias de medios hermanos; f<sub>hc</sub> = familias de hermanos completos; a = ambientes.

**Cuadro 2. Cuadrados medios y significancia del rendimiento de mazorca por planta (RMPP) del análisis de varianza por ambiente en dos poblaciones de maíz.**

Fuentes de variación	Zac. 58 original ( $Z_0$ )					Zac. 58 $SM_{24}$ ( $Z_{24}$ )				
	Ambientes									
	gl	1'	2'	3'	4'	gl	1'	2'	3'	4'
Repeticiones	1	73	38	414 *	895 **	1	1303 *	74	75	193
Familias	69	197 **	196 **	205 **	129 **	79	881 **	474 **	799 **	453 **
FMH	34	146 *	174 *	179	112 **	39	589 **	272	720 **	354
FHC	34	239 *	218 **	176 *	145 **	39	1144 **	615 **	867 **	540 **
FMH vs. FHC	1	475 *	213	2081 **	123	1	2004 **	2820 **	1226 *	947
Error de Familias	69	97	74	98	43	79	234	220	285	269
Error FMH	34	78	90	108	48	39	272	196	202	298
Error FHC	34	116	60	90	39	39	202	249	354	246
Error (FMH vs. FHC)	1	57	6	49	15	1	0	15	863	64
Total	139					159				
CV (%)		14.3	14.1	17.8	9.9		11.4	14.2	14.9	13.1

\*, \*\*Significativo a 5 % y 1 %, respectivamente; gl = grados de libertad; FMH = familias de medios hermanos; FHC = familias de hermanos completos. '1, 2, 3 y 4 son los cuatro ambientes de evaluación.

**Cuadro 3. Cuadrados medios y significancia del rendimiento de mazorca por planta (RMPP) del análisis de varianza combinado de dos poblaciones de maíz.**

Fuentes de variación	Zac. 58 original ( $Z_0$ )				Zac. 58 $SM_{24}$ ( $Z_{24}$ )			
	gl	1	gl	2	gl	1	gl	2
Ambientes	3	4460 **	2	1942 **	3	26 095 **	2	35 764 **
Reps/Ambientes	4	355 **	3	335 **	4	411	3	523
Familias	69	381 **	69	339 **	79	1532 **	79	1152 **
FMH	34	258 **	34	252 **	39	941 **	39	612 **
FHC	34	452 **	34	413 **	39	1993 **	39	1580 **
FMH vs. FHC	1	2166 **	1	751 **	1	6696 **	1	5517 **
Familias x Ambientes	207	115 **	138	91	237	358 **	158	328 *
FMH x Ambientes	102	118 *	68	90	117	331 *	78	302
FHC x Ambientes	102	109 *	68	94	117	391 **	78	360 *
(FMH vs. FHC) x Ambientes	3	242	2	30	3	100	2	127
Error de Familias	276	78	207	71	316	252	237	241
Error FMH	136	81	102	72	156	242	117	255
Error FHC	136	76	102	72	156	263	117	232
Error (FMH vs. FHC) x Ambientes	4	32	3	26	4	236	3	26
Total	559		419		639		479	
CV (%)		14.0		12.9		13.3		12.8

\*, \*\*Significativo a 5 % y 1 %, respectivamente; gl = grados de libertad; Reps = repeticiones; FMH = familias de medios hermanos; FHC = familias de hermanos completos; CV = coeficiente de variación.

**Cuadro 4. Medias fenotípicas (g/planta) y sus diferencias en FMH y FHC de Z<sub>0</sub> y Z<sub>24</sub>, en cuatro ambientes y sus combinaciones.**

Fam	Pob	Ambientes										
		1		2		3		4				
		Δ%		Δ%		Δ%		Δ%				
FMH	Z <sub>24</sub>	130.5	aB	100.6	aB	110.9	aA	122.4	aA			
	Z <sub>0</sub>	66.7	bB	60.0	bA	51.9	bB	65.2	bA			
	Δ	63.8	**	95.6	40.6	**	67.7	59.0	**	113.6	57.2	**
FHC	Z <sub>24</sub>	137.6	aA	109.0	aA	116.5	aA	127.3	aA			
	Z <sub>0</sub>	70.4	bA	62.5	bA	59.6	bA	67.1	bA			
	Δ	67.2	**	95.4	46.5	**	74.4	56.8	**	95.3	60.2	**
	Z <sub>24</sub>	134.0	a	104.8	a	113.7	a	124.8	A			
	Z <sub>0</sub>	68.5	b	61.2	b	55.8	b	66.1	b			
	Δ	65.5	**	95.5	43.6	**	71.2	57.9	**	103.8	58.7	**
% †		3.98		2.97		4.32		3.70				
Combinado												
		1		2								
		Δ%		Δ%								
FMH	Z <sub>24</sub>	116.1	aB	117.8	aB							
	Z <sub>0</sub>	61.0	bB	64.0	bB							
	Δ	55.1	**	90.5	53.9	**	84.2					
FHC	Z <sub>24</sub>	122.6	aA	124.6	aA							
	Z <sub>0</sub>	64.9	bA	66.6	bA							
	Δ	57.7	**	88.9	58.0	**	87.0					
	Z <sub>24</sub>	119.3	A	121.2	a							
	Z <sub>0</sub>	62.9	B	65.3	b							
	Δ	56.4	**	89.6	55.9	**	85.6					
% †		3.73		3.57								

Medias con igual letra minúscula para un mismo tipo de familia de poblaciones diferentes, en un mismo ambiente o combinación de ambientes, son estadísticamente iguales (Tukey,0.01); Medias con igual letra mayúscula para diferentes tipos de familias de la misma población, en un mismo ambiente y combinación de ambientes, son estadísticamente iguales (Tukey,0.01); \*, \*\* Significativo a 5 % y 1 %, respectivamente. La diferencia entre medias se calculó como:  $t' = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}{S_{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}} = \frac{d}{S_d}$  donde:  $S_d = \sqrt{\left(\frac{S_1^2}{n_1} + \frac{S_2^2}{n_2}\right)}$ ;  $S_1^2 = SCE Z_0$ ;  $S_2^2 = SCE Z_{24}$ , al no tener  $t'$  la distribución de Student, su valor se calcula como  $t' = \frac{w_1 t_1 + w_2 t_2}{w_1 + w_2}$  donde  $w_1 = S_1^2/n_1$ ,  $w_2 = S_2^2/n_2$ ,  $t_1$  y  $t_2$  son los valores de la  $t'$  de Student para  $n_1-1$  y  $n_2-1$  grados de libertad. El valor  $t'$  corresponde al valor tabulado (Steel y Torrie, 1960). Fam = familia; Pob = población;  $\bar{F}$  = promedio general de familias; Δ% = diferencia entre Z<sub>24</sub> y Z<sub>0</sub>; Δ% = diferencia relativa entre Z<sub>24</sub> y Z<sub>0</sub>; † incremento promedio por ciclo de selección. Ambientes 1 = Montecillo 2007; 2 = Montecillo 2008; 3 = Chapingo 2009; 4 = Montecillo 2009, localidades en el Estado de México. Combinado 1= cuatro ambientes; 2 = tres años en Montecillo.

Los análisis combinados 1 y 2 mostraron variación significativa (P ≤ 0.01) entre Ambientes, y entre FMH y FHC en ambas poblaciones (Cuadro 3), así como en el contraste FMH vs. FHC, en todos los casos. Las interacciones FMH x Ambientes y FHC x Ambientes resultaron significativas en el combinado 1 en Z<sub>0</sub> y Z<sub>24</sub>, pero ambas interacciones resultaron no significativas en el combinado 2 y en FMH x Ambientes en Z<sub>24</sub>. La significancia del contraste FMH vs.

FHC indica que existen diferencias entre el rendimiento promedio de las FMH y el de las FHC, en ambas poblaciones. La predominancia de un mayor valor de la interacción FHC x Ambientes en relación con el de FMH x Ambientes, es atribuible a que un mayor grado de parentesco entre los individuos de la familia correspondió a una mayor interacción con los ambientes (Molina, 1992).

El hecho de que los análisis combinados en ambas poblaciones hayan mostrado diferencias significativas en los factores Familias, FMH, FHC, y el contraste FMH vs. FHC (Cuadro 3), y de que los análisis por ambiente (Cuadro 2) para estos mismos factores hayan mostrado alta variación en el grado de significancia estadística, indica que en lo posible debe evitarse hacer inferencias basadas en experimentos efectuados en un solo ambiente (Reyes *et al.*, 2007).

**Comparación de medias fenotípicas**

En los análisis por ambiente y combinados (Cuadro 4) se observó que tanto las FMH como las FHC de  $Z_{24}$  superaron en rendimiento a sus familias correspondientes de  $Z_0$ . También, el promedio de familias ( $\bar{F} = (MH + HC)/2$ ) de  $Z_{24}$  fue superior al de  $Z_0$  ( $\bar{F}$ ) (letras minúsculas). Resultados similares a los anteriores fueron obtenidos por Vargas *et al.* (1982), Célis *et al.* (1986), Sahagún *et al.* (1991), y Sahagún (2001)<sup>3</sup> en otros ciclos avanzados de SMVE en  $Z_0$ .

Al comparar las medias de rendimiento de FMH con las de FHC, en cada población, se encontró que las FHC superaron estadísticamente a las FMH (letras mayúsculas) en dos de los cuatro ambientes y en los dos análisis combinados en ambas poblaciones (Cuadro 4).

Para cada análisis por ambiente y su combinación, las medias de cada tipo de familia (FMH o FHC) entre ambas poblaciones no mostraron diferencia estadística, excepto para el Ambiente 2 (2008) en  $Z_{24}$  y en las combinaciones de ambientes para ambas poblaciones (Cuadro 4).

En la comparación de ambientes se observó que los mayores rendimientos de ambas poblaciones se obtuvieron en el Ambiente 1 (Montecillo, 2007), y los menores en el Ambiente 3 (Chapingo, 2009) para  $Z_0$ , y en el Ambiente 2 (Montecillo, 2008) para  $Z_{24}$ .

Como antes se indicó (Cuadro 4), el rendimiento promedio de las FMH de  $Z_{24}$  fue superior al de las FMH de  $Z_0$ , con una diferencia del orden de 90 % en tres de los cuatro ambientes y en los dos análisis combinados. Este mismo análisis mostró que el 90 % de superioridad de las FMH de  $Z_{24}$  sobre las FMH de  $Z_0$  se mantiene en las FHC, y también entre el promedio de las familias ( $\bar{F}$ ) de  $Z_{24}$  y las de  $Z_0$ .

En el ciclo 10 de Zac. 58, Vargas *et al.* (1982) estimaron un incremento en la media fenotípica de 32.5 % en relación con la variedad original. Sahagún (2001)<sup>3</sup> indicó que en el ciclo 24 (Zac. 58 SM<sub>24</sub>) los incrementos fueron superiores a 76.6 % con respecto al Zac. 58 original. Tanto los resultados de esos autores como los aquí reportados, indican que la ganancia genética por ciclo de selección para rendimiento fue significativa y constante a lo largo del proceso de selección, con valores de 3.25 % (Vargas *et al.*, 1982), 3.19 % (Sahagún, 2001)<sup>3</sup>, y en este estudio de 3.73 % en el análisis Combinado 1 y de 3.57 % en el Combinado 2. La respuesta promedio por ciclo de selección fue de 3.65 %, que dio como resultado una ganancia total de 87.6 % en 24 ciclos de selección. Estas ganancias porcentuales coinciden con las obtenidas por Molina (1983) a través de diferentes ciclos de selección de Zac. 58.

**Componentes de varianza genética**

En los análisis por ambiente y combinados (Cuadro 5) se observó que los estimadores de  $\sigma_A^2$  ( $\hat{\sigma}_A^2$ ) fueron positivos en las dos poblaciones; en  $Z_0$  no hubo diferencias notorias entre ellos; por el contrario, en  $Z_{24}$  se observaron grandes diferencias de  $\hat{\sigma}_A^2$  entre ambientes, y relativamente pequeñas en los análisis combinados. De acuerdo con Reyes *et al.* (2007), la irregularidad de los valores del estimador de un parámetro es común cuando su estimación proviene de un solo ambiente, como es el caso de  $\hat{\sigma}_A^2$  de  $Z_{24}$ . De aquí que el estimador menos sesgado de un parámetro sea aquel en el

**Cuadro 5. Estimadores de varianza genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), de dominancia ( $\hat{\sigma}_D^2$ ), relación, coeficiente de varianza aditiva (CVA) y de dominancia (CVD), del rendimiento por mazorca por planta en  $Z_0$  y  $Z_{24}$ , por ambiente y combinación de ambientes.**

	(Z <sub>0</sub> )						(Z <sub>24</sub> )					
	Ambiente				Combinado		Ambiente				Combinado	
	1	2	3	4	1	2	1	2	3	4	1	2
$\hat{\sigma}_A^2$	136.7	169.2	142.3	127.3	70.4	108.7	617.0	147.7	1007.6	109.8	296.3	201.0
$\hat{\sigma}_D^2$	-27.2	-24.3	-113.7	-41.3	31.0	-4.8	583.3	406.7	-989.5	343	181.4	379.2
$\hat{\sigma}_A^2 / \hat{\sigma}_D^2$	ind <sup>†</sup>	ind	ind	ind	2.3	ind	1.1	0.4	ind	0.3	1.6	0.5
CVA	17.1	21.2	21.4	17.1	13.3	16	18.5	11.6	27.9	8.4	14.4	11.7
CVD	0 <sup>‡</sup>	0	0	0	8.9	0	18.0	19.2	0	14.8	11.3	16.1

<sup>†</sup>ind = coeficiente de cualquier cantidad dividida entre cero; <sup>‡</sup>0 = valores negativos de se consideraron iguales a cero. Ambientes 1 = Montecillo 2007; 2 = Montecillo 2008; 3 = Chapingo 2009; 4 = Montecillo 2009, localidades en el Estado de México. Combinado 1= cuatro ambientes; 2 = tres años en Montecillo.

que en su obtención ha participado el mayor número posible de ambientes, en este caso cuatro ambientes (Cuadro 5).

Se esperaba que con el avance del proceso de selección la varianza de la población disminuyera con respecto a la original (Briggs y Knowles, 1967; Molina, 1992); es decir, los valores de  $\hat{\sigma}_A^2$  de  $Z_0$  debían haber sido significativamente mayores que los de  $Z_{24}$ , lo cual no ocurrió. Un comportamiento similar fue señalado por Sahagún *et al.* (1991) y Sahagún (2001)<sup>3</sup>. Sahagún (2001)<sup>3</sup> señaló que al contrario del Diseño I de Comstock y Robinson (1948, 1952), los valores de  $\hat{\sigma}_A^2$  obtenidos con el diseño de FMHM de cruza fraternales masivas suelen carecer de consistencia, y con frecuencia resultan superiores a los de la población original cuando se emplea un número muy bajo de familias, o cuando no hay equilibrio de ligamiento, o cuando existe epistasia.

Este resultado podría ocurrir cuando existe diferencia en el nivel de endogamia de las poblaciones que están siendo comparadas, ya que si la endogamia de la población mejorada es superior a la de la población original, la varianza genética podría ser seriamente afectada (Sahagún y García, 2009), y si no se hace el ajuste correspondiente en la estimación de las varianzas genéticas aditiva y de dominancia, éstas se sobre-estimarán. Estos resultados inesperados también podrían atribuirse a la forma en que se compararon las varianzas de ambas poblaciones.

Cuando las comparaciones se hacen con valores absolutos de los estimadores de varianza se puede llegar a resultados equivocados (Molina, 1992), y por ello las comparaciones entre varianzas deben hacerse con valores relativos a la media de cada población, es decir con el CVA, sobre todo si las medias fenotípicas de las poblaciones son muy diferentes entre ellas. Por esta razón, se ajustó el nivel de endogamia (Sahagún y García, 2009) y al haberse observado medias fenotípicas muy distintas para ambas poblaciones, se compararon los CVA de ambas poblaciones (Cuadros 5 y 6). Así se detectó que el decremento del CVA

fue consistente (Cuadro 6) y sólo el ambiente 3 mostró un comportamiento opuesto. Los valores del Ambiente 1 y del Combinado 1 fueron más cercanos a cero que los de los decrementos, por lo que se infiere que sí hubo disminución del CVA.

En todos los ambientes se observó que  $\hat{\sigma}_D^2$  resultó negativo en  $Z_0$  pero positivo en  $Z_{24}$  (Cuadro 5), con excepción del Ambiente 3. El origen de estimadores negativos de  $\sigma_D^2$  puede atribuirse a causas como: apareamiento de plantas precoces con precoces o tardías con tardías, tamaño de muestra inadecuado, modelo genético o estadístico inadecuado, efectos de competencia, o errores de muestreo (Robinson *et al.*, 1954; Márquez y Hallauer, 1970; Obilana *et al.*, 1979; Bridges y Knapp, 1987; Reeder *et al.*, 1987). Otros autores atribuyen los estimadores negativos de  $\sigma_D^2$  a la presencia de efectos epistáticos y de interacción genotipo x ambiente (Lindsey *et al.*, 1962). En el presente estudio el reducido número de familias de MH y de HC pudo haber sido la causa de la obtención de estimadores negativos de  $\sigma_D^2$ . Al respecto, Vanegas *et al.* (1984) señalaron que cuando se combinan FMH con FHC para la estimación de  $\sigma_D^2$ , se deben usar cuando menos 100 familias de cada tipo. Entonces, al aumentar el número de familias y de ambientes es posible eliminar el efecto de interacción genotipo x ambiente, y así dejar libre el estimador de las varianzas de FMH y de FHC, con lo cual se esperaba que los  $\hat{\sigma}_D^2$  fueran positivos en la mayoría de casos.

Los resultados anteriores indican que la estimación de parámetros genéticos no debe hacerse con base en la información de un solo ambiente. Con los valores de  $\hat{\sigma}_D^2$  tan discordantes en los análisis por ambiente del presente estudio, no fue posible llegar a conclusión alguna, y tampoco cuando se analizó la relación  $\hat{\sigma}_A^2/\hat{\sigma}_D^2$ . Sin embargo, en los análisis combinados se observó que la relación  $\hat{\sigma}_A^2/\hat{\sigma}_D^2$  de  $Z_{24}$  tendía a ser menor que la de  $Z_0$ , lo que se atribuye al incremento gradual de  $\hat{\sigma}_D^2$  conforme se avanzaban los ciclos de selección (Vargas *et al.*, 1982; Célis *et al.*, 1986;

**Cuadro 6. Relación porcentual  $Z_{24}/Z_0$  de  $\hat{\sigma}_A^2$ ,  $\hat{\sigma}_D^2$ , CVA y CVD, por ambientes y su combinación.**

	Ambiente				Combinado	
	1	2	3	4	1	2
$\hat{\sigma}_A^2$ †	351.4 %	-12.7 %	607.8 %	-13.8 %	321.1 %	84.9 %
$\hat{\sigma}_D^2$ †	ind <sup>‡</sup>	ind	ind	ind	485.2%	ind
CVA †	8.7 %	-45.4 %	30.6 %	-50.7 %	8.3 %	-26.7 %
CVD †	- <sup>§</sup>	-	-	-	27.6 %	-

†Relación  $[(Z_{24} - Z_0)/Z_0] \times 100$ ; ‡ind, porque  $\hat{\sigma}_D^2$  resultó negativo; § un estimador de comparación fue 0; CVA = coeficiente de variación genética aditiva; CVD = coeficiente de variación genética de dominancia; Ambientes 1 = Montecillo 2007; 2 = Montecillo 2008; 3 = Chapingo 2009; 4 = Montecillo 2009, localidades en el Estado de México. Combinado 1 = cuatro ambientes; 2 = tres años en Montecillo.



Sahagún *et al.*, 1991). Esta relación ( $\sigma_A^2/\sigma_D^2$ ) se redujo de 2.27 en el Combinado 1 de  $Z_0$ , a 1.63 en el Combinado 1 de  $Z_{24}$ . En todos los demás casos el resultado fue indefinido (ind) por tener un estimador negativo de dominancia. Sahagún (2001)<sup>3</sup> también encontró reducciones en la relación de varianzas  $\sigma_A^2/\sigma_D^2$  al emplear el diseño de FMHM para las mismas poblaciones, así como por Sahagún *et al.* (1991) quienes reportaron que en un análisis combinado el  $\hat{\sigma}_A^2$  fue 2.48 veces mayor que el de  $\hat{\sigma}_D^2$  en  $Z_0$ .

### Coefficientes de variación genética aditiva (CVA)

Aunque se esperaba que los valores de  $\hat{\sigma}_A^2$  de  $Z_0$  fueran mayores que los de  $Z_{24}$ , esto no resultó así (Cuadro 5), ya que sólo en dos de seis casos el  $\hat{\sigma}_A^2$  de  $Z_0$  resultó mayor que la de  $Z_{24}$ , y en los cuatro casos restantes resultó menor. Esto ratifica que las comparaciones entre varianzas no deben hacerse con sus valores absolutos, sino en términos de sus valores relativos a la media fenotípica de cada población, o sea con base en el CVA. En efecto, cuando se usaron los valores del CVA, en tres de seis casos el CVA de  $Z_0$  resultó casi dos veces mayor que el de  $Z_{24}$  (Ambientes 2 y 4, y Combinado 2), mientras que en los casos restantes el CVA de  $Z_0$  fue menor que el de  $Z_{24}$ , pero con diferencias relativamente pequeñas. Esto indica que el CVA es un mejor indicador de la magnitud real de la  $\sigma_A^2$ .

Sahagún *et al.* (1991) encontraron que el CVA de ciclos avanzados de selección masal tendió a ser menor que el de la variedad original, en el maíz Zacatecas 58. Sahagún (2001)<sup>3</sup> encontró que la magnitud de CVA obtenido del diseño de cruza fraternales masivas (DFMH) no disminuyó en los análisis por ambiente ni en el análisis combinado; esto quiere decir que los resultados dependen del diseño genético que se use para su estimación, de tal suerte que con el Diseño I de Comstock y Robinson (1948, 1952) así como con el inverso del Diseño I, el CVA de  $Z_0$  fue mayor que el de  $Z_{24}$ .

Cuando  $\hat{\sigma}_D^2$  resultó negativo se consideró igual a cero, lo cual ocurrió en todos los ambientes y en el Combinado 2 de  $Z_0$  y en el Ambiente 3 de  $Z_{24}$ . Por esta razón no fue posible estimar los correspondientes valores de CVD. El Combinado 1 de  $Z_0$  fue el único caso donde fue posible estimar el CVD, cuyo valor fue de 8.9, mientras que en el Combinado 1 de  $Z_{24}$  fue de 11.3. Esto indica que  $\sigma_D^2$  aumenta conforme avanza el proceso de selección, lo que concuerda con lo esperado ya que mientras el CVA tiende a disminuir por efecto de la selección, el CVD tiende a aumentar.

### Relación $Z_{24}/Z_0$

Como no es conveniente hacer inferencias basadas en la información obtenida de un solo ambiente, éstas se hicieron con base en la resultante de la combinación de ambientes (Reyes *et al.*, 2007). En los análisis combinados (Cuadro 6), el valor absoluto de la relación  $Z_{24}/Z_0$  de  $\hat{\sigma}_A^2$ ,  $Z_{24}$  fue 321.1 % mayor que  $Z_0$  en el Combinado 1. y 84.9 % en el Combinado 2, resultado contrario a lo esperado. En cambio, la relación  $Z_{24}/Z_0$  del CVA resultó 8.3 % en el Combinado 1, de lo que se infiere que la  $\sigma_A^2$  de  $Z_{24}$  fue 8 % mayor que la de  $Z_0$ , resultado tampoco esperado. En el Combinado 2 la relación resultó ser -26.7 % lo que permite inferir que la  $\sigma_A^2$  tuvo una reducción aproximada de 27 % al pasar de  $Z_0$  a  $Z_{24}$ .

La relación  $Z_{24}/Z_0$  de  $\hat{\sigma}_D^2$  sólo pudo estimarse en el Combinado 1 con un valor de 485.2 %, del cual se infiere que la  $\sigma_D^2$  de  $Z_{24}$  resultó casi cinco veces mayor que la de  $Z_0$ . El valor de relación  $Z_{24}/Z_0$  del CVD es considerablemente mayor que el de la misma relación del CVA, lo que indica que la  $\sigma_D^2$  en  $Z_{24}$  es mayor que la de  $Z_0$ ; es decir, que la  $\sigma_A^2$  disminuye y la  $\sigma_D^2$  aumenta conforme se avanza en el proceso de selección (Molina, 1992), lo que conduce a un decremento gradual en las ganancias genéticas de la población Zac. 58 sometida a SMVE.

### CONCLUSIONES

La selección masal visual estratificada (SMVE) practicada por 24 ciclos en la variedad de maíz Zac. 58 original ( $Z_0$ ), produjo cambios significativos en la media y en las varianzas genotípicas de la población original. El rendimiento de mazorca del ciclo 24 de selección ( $Z_{24}$ ) resultó mayor ( $P \leq 0.05$ ) que el de  $Z_0$ . La respuesta promedio por ciclo de selección fue 3.65 % y la respuesta total en los 24 ciclos de selección fue de 87.6 %.

La evaluación conjunta de familias de medios hermanos y hermanos completos permitió estimar las varianzas genéticas, aditiva ( $\sigma_A^2$ ) y de dominancia ( $\sigma_D^2$ ), de  $Z_0$  y de  $Z_{24}$ . En valores absolutos no hubo diferencia significativa entre los valores de  $\hat{\sigma}_A^2$  de  $Z_0$  y de  $Z_{24}$  como se esperaba; pero sí la hubo entre sus correspondientes coeficientes de variación genética aditiva (CVA). No hubo definición alguna para  $\sigma_D^2$  de las poblaciones  $Z_0$  y  $Z_{24}$  porque en varios casos sus estimadores resultaron con valores negativos.

El CVA de  $Z_0$  fue mayor que el de  $Z_{24}$ , pero su magnitud en  $Z_{24}$  muestra que su varianza genética aditiva es aún considerable, lo que permitiría seguir obteniendo ganancias de rendimiento por SMVE en ciclos posteriores al ciclo 24. Es decir, con 24 ciclos de SMVE no se agotó la variabilidad genética aditiva y por ello es factible continuar aplicando el mismo método de selección durante más ciclos.

## BIBLIOGRAFÍA

- Bridges W C, S J Knapp (1987)** Probability of negative estimators of genetic variances. *Theor. Appl. Genet.* 74:269-264.
- Briggs F N, P F Knowles (1967)** Introduction to Plant Breeding. Reinhold Publishing Corp. 426 p.
- Célis H G, J D Molina G, A Martínez G (1986)** Estimación de parámetros genéticos e índices de selección en la variedad de maíz Zac. 58 (*Zea mays* L.). *Agrociencia* 63:121-138.
- Chávez J L (1995)** Mejoramiento de Plantas 2: Métodos Específicos de Plantas Alógamas. Ed. Trillas-UAAAN. México, D. F. 143 p.
- Cockerham C C (1956)** Analysis of quantitative gene action. *Genetics in plant breeding*. Brookhaven Symp. Biol. 9:53-68.
- Comstock R E, H F Robinson (1948)** The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating average degree of dominance. *Biometrics* 4:254-266.
- Comstock R E, H F Robinson (1952)** Estimation of average dominance of gene. *In: Heterosis*. J W Gowen (ed.) Hafner Publishing Co. NY. pp:494-516.
- García J, J López R, J Molina G, T Cervantes S (2002)** Selección masal visual estratificada y de familias de medios hermanos en una cruzada intervarietal F2 de maíz. *Rev. Fitotec. Mex.* 25:387-391
- Hallauer A R, B Miranda (1981)** Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press. Ames, IA. 468 p.
- Lindsey M E, J H Lonquist, C O Gardner (1962)** Estimates of genetic variance in open pollinated varieties of Corn Belt corn. *Crop Sci.* 2:105-108.
- Márquez S F (1987)** Sistemas, métodos y estrategias en el mejoramiento genético del maíz. (*Zea mays* L.). *Ciencia* 38:205-216.
- Márquez S F, J Sahagún (1994)** Estimation of genetic variances with maternal half-sib families. *Maydica* 39:197-201.
- Márquez S F, A R Hallauer (1970)** Influence sample size of the estimation of genetic variance in a synthetic variety of maize. I. Grain yield. *Crop Sci.* 4:357-361.
- Molina G J D (1983)** Selección Masal Visual Estratificada en Maíz. Colegio de Postgraduados. Chapingo, Méx. Pub. Especial. 35 p.
- Molina G J D (1992)** Introducción a la Genética de Poblaciones y Cuantitativa. AGT Editor. 349 p.
- Obilana A T, A R Hallauer, O S Smith (1979)** Estimated genetic variability in maize interpopulation. *J. Heredity* 70:127-132.
- Reeder L A, A R Hallauer, K R Lamkey (1987)** Estimation of genetic variability in two maize populations. *J. Heredity* 78:372-376.
- Reyes C P (1990)** El Maíz y su Cultivo. AGT Editor. México, D. F. 460 p.
- Reyes L D, J D Molina G, J A Mejía C, J de J López R, M Huerta L, y A Pérez C (2007)** Efectos de aptitud combinatoria general y específica en relación con el número de ambientes de evaluación. *Agron. Trop.* 57:257-269.
- Robinson H F, C C Cockerham, R H Moll (1960)** Studies on estimation of dominance variance and effects of linkage bias. *In: Papers on Quantitative Genetics and Related Topics*. Dept. of Genetics. North Carolina State College. Raleigh, N. C. pp:427-433.
- Robinson H F, R E Comstock, P H Harvey (1954)** Genetic variances in open pollinated varieties of corn. *Genetics* 40:45-60.
- Sahagún C J, F García M (2009)** El coeficiente de endogamia de una población bajo selección masal. *Agrociencia* 43:119-132.
- Sahagún C L, J D Molina G, F Castillo G, J Sahagún C (1991)** Efecto de la selección masal en las varianzas genéticas de la variedad de maíz Zac. 58. *Agrociencia S. Fitocien.* 2:65-79.
- SAS Institute (2004)** SAS/STAT 9.1 User's Guide. SAS Institute Inc. Cary, NC.
- Sprague G F (1966)** Quantitative genetics in plant improvement. *In: Plant Breeding Symposium at Iowa State University*. K J Frey (ed). Ames, IA. pp:315-354.
- Steel R D G, J H Torrie (1960)** Principles and Procedures of Statistics With Special Reference to the Biological Sciences. McGraw-Hill, New York. 481 p.
- Vanegas A H, M T Victoria R, J E Vargas S, F Arboleda R (1984)** Estimación de varianza aditiva y predicción del avance genético en 17 poblaciones de maíz utilizando familias de medios hermanos maternos. *Acta Agron.* 34:5-19.
- Vargas S J E, J D Molina G, T Cervantes S (1982)** Selección masal y parámetros genéticos en la variedad de maíz Zac. 58. *Agrociencia* 48:93-105.
- Villanueva V C, J D Molina G, A Martínez G (1990)** Selección masal visual estratificada rotativa *e in situ* en la variedad de maíz Zac. 58. *Agrociencia S. Fitocien.* 1:73-86.
- Wellhausen E J, L M Roberts, E Hernández X, with P C Mangelsdorf (1952)** Races of Maize of México. Bussey Institute Harvard University. Cambridge, Massachusetts. 223 p.