

Comparación de dos tipos de selección en poblaciones de maíces criollos*

Comparison of two types of selection in populations of native corn

Gilberto Rodríguez Pérez^{1§}, Francisco Zavala García², Adriana Gutiérrez Díez², José Elías Treviño Ramírez², Carmen Ojeda Zacarías² y Alfredo de la Rosa Loera³

¹Campo Experimental Bajío. INIFAP. Celaya-San Miguel de Allende, km. 6.5. C. P. 38110A. P. 112. Celaya, Guanajuato, México. ²Universidad Autónoma de Nuevo León. Facultad de Agronomía. Área de Estudios de Posgrado, carretera Zuazua-Marín km 17.5, Marín N.L., México. Tel. y Fax (81) 83294000 ext. 351. fraicisco.zavala.garcia@gmail.com, mcgudiez@hotmail.com, eliastravino_ramirez@hotmail.com, ojeda.cz@yahoo.com, adelarosa62@hotmail.com. ³Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Buenavista Saltillo, Coahuila, México. Departamento de Fitomejoramiento. Tel. (844) 4110000, ext. 298. [§]Autor para correspondencia: grodriguez263@hotmail.com.

Resumen

Los objetivos fueron estimar en dos poblaciones criollas de maíz índices de selección de caracteres agronómicos que permitan identificar familias superiores en rendimiento y comparar dos eficiencias relativas de la respuesta predicha esperada. Se evaluaron bajo riego 169 familias de hermanos completos de las subpoblaciones "10" y "37" 'de Liebre' en el campo experimental de la Facultad de Agronomía de la UANL. El diseño experimental fue un latice 13 x 13; las variables determinadas fueron rendimiento de grano, altura de planta, altura de mazorca, floración femenina, floración masculina, longitud de mazorca, diámetro de mazorca y número de hileras por mazorca. Se obtuvo mayor ganancia genética al combinar cuatro caracteres correlacionados con el rendimiento. Los índices de selección más eficientes fueron los que tomaron en cuenta días a floración masculina, altura de planta y mazorca, longitud y diámetro de mazorca; así como rendimiento de grano.

Palabras clave: correlación genética, correlación fenotípica, maíz, rendimiento de grano y eficiencia relativa.

Abstract

The aims of this study were to estimate, in two native corn populations, selection indexes of agronomic characters that allow to identify corn families superior in yield and to compare two relative efficiencies of the predicted response expected. We evaluated 169 full-sib corn families under irrigation of the "Liebre" subpopulations number "10" and "37", in the experimental field of the Faculty of Agronomy of the UANL. The experimental design was a 13 x 13 lattice; the determined variables were grain yield, plant height, cob height, days to male and female flowering, cob length, cob diameter and number of rows per cob. Greater genetic gain was obtained by combining four characters correlated with yield. The most efficient selection indexes were those which considered the days to male flowering, plant height, cob height, cob length, cob diameter, and grain yield.

Key words: corn, genetic correlation, grain yield, phenotypic correlation, relative efficiency.

Introducción

En maíz, es importante utilizar una metodología para determinar que caracteres deben incluirse en la selección simultánea, a fin de mejorar la producción (Milligan *et al.*, 2003). Por lo general las características utilizadas en un índice de selección deben ser de mayor heredabilidad que el rendimiento per se y estar significativamente correlacionadas con este.

El conocimiento entre las interrelaciones entre el rendimiento y los caracteres considerados como componentes de rendimiento podría mejorar la eficiencia de los programas de mejoramiento a través del uso apropiado de índices de selección (Mohammadi *et al.*, 2003).

Actualmente se requiere en el mejoramiento del maíz una metodología para determinar que caracteres deben incluirse en la selección simultánea a fin de mejorar la producción de grano. En este trabajo se presenta una estrategia que permita al mejorador considerar simultáneamente la expresión de varios caracteres en los procesos de selección por medio de índices de selección.

Debido a la escasez de semilla mejorada y falta de híbridos locales en la región Noreste de México surge la necesidad de identificar y desarrollar genotipos con mayor adaptación y rendimiento, lo cual puede beneficiar directamente la economía de los agricultores y el abasto de semilla; por ello, se realizó el presente trabajo con el siguiente objetivo: estimar eficiencias relativas con dos índices de selección de caracteres agronómicos que ayuden a identificar familias superiores utilizadas en la producción de grano.

Materiales y métodos

El presente trabajo se realizó en el campo experimental de la Facultad de Agronomía, Campus Marín, ubicado carretera Zuazua-Marín km 17.5 en el Municipio de Marín, Nuevo León, con una elevación de 375 msnm y por su situación geográfica corresponde a las coordenadas 25° 53' latitud norte y 100° 03' latitud oeste, con una temperatura promedio anual sobre 22 °C y una precipitación anual promedio de 573 mm, García (1973).

Introduction

In order to improve the production of corn, it is important to use a methodology to determine which characters should be included in simultaneous selection (Milligan *et al.* 2003). Usually the characters used in a selection index should have greater heritability than yield per se and be significantly correlated with it.

Knowledge of the interrelationships between yield and the characters considered as components of yield could improve the efficiency of breeding programs through the appropriate use of selection indexes (Mohammadi *et al.*, 2003).

Nowadays, corn improvement requires a methodology to determine which characters should be included in simultaneous selection in order to improve the production of grain. In this paper we present a strategy that allows the breeder to consider simultaneously the expression of several characters in the selection processes by means of selection indexes.

Because of the scarcity of improved seeds and the lack of local hybrids in the Northeast region of Mexico, there is a need to identify and develop genotypes with better adaptability and yield, which can directly benefit the economy of farmers and the seed supply; hence, this study was conducted with the following objective: to estimate relative efficiencies with two selection indexes of agronomic characters that help identify superior families used in the production of corn grains.

Materials and methods

This work was conducted in the experimental field of the Faculty of Agriculture, Campus Marín, on the 17.5 km of the Zuazua-Marín highway, in the municipality of Marín, Nuevo León, at 25° 53' N and 100° 03' W and 375 masl, with an average temperature of 22 °C and an average annual rainfall of 573 mm, García (1983).

In the spring cycle 2010, two subpopulations were planted in isolated plots; the plots comprised 26 furrows of 10 meters long with a distance between furrows of 0.80 m. The

En el ciclo primavera 2010 se sembraron dos subpoblaciones en lotes aislados; las parcelas fueron constituidas de 26 surcos de 10 metros de largo con una distancia entre surcos de 0.80 m. La siembra se realizó el día 12 de marzo de 2010, en cada lote se realizaron 200 cruza planta a planta identificando previamente en la bolsa de cada surco cada una de las cruza utilizando el método de selección familiar de hermanos completos (Compton y Costock, 1976), se realizó una selección visual de plantas con características agronómicas deseables, en la cosecha y desgrane se obtuvieron 169 familias de las subpoblaciones denominadas Liebre, la "10" proveniente al ejido de Santa María del municipio de Pesquería y la "37" de la localidad de el Refugio del municipio de Los Ramones Nuevo León.

La evaluación de las familias fue en otoño 2010; para ello, se estableció un ensayo de rendimiento con las 169 familias de hermanos completos bajo un látice triple 13x13. La unidad experimental consistió de un surco de 5 m de longitud por familia con 25 semillas espaciadas a 20 cm a una distancia entre surcos de 0.80 m. para una densidad de 50 000 plantas por ha. La siembra se realizó en el 19 de agosto, seleccionando 17 familias de ambas poblaciones con 10% de presión de selección.

En el ciclo agrícola primavera 2011, se realizó la recombinación con las mejores familias seleccionadas de las dos poblaciones, se formó un compuesto balanceado (mezcla mecánica de una misma cantidad de semillas de cada familia seleccionada) de las 17 mejores familias seleccionadas en ambas poblaciones con 340 gramos en total, considerando 20 gramos por familia seleccionada. La fecha de siembra fue el 04 de marzo, con la finalidad de cosechar semilla que integrará una población que se espera que sea superior a la población original, esto es que haya avance por selección.

Los índices se construyeron con base a la metodología propuesta por Barreto *et al.* (1991), la estimación se realizó para cada una de las repeticiones, la fórmula empleada para estimar el índice fue la siguiente:

$$IS = \{[(Y_j - M_j)^2 * I_j] + [(Y_i - M_i)^2 * I_i] + \dots + [(Y_n - M_n)^2 * I_n]\}^{1/2}$$

Donde: IS = Índice de selección; $Y_{j...n}$ = variable en unidades Z; $M_{j...n}$ = meta de selección; $I_{j...n}$ = intensidad de selección.

La meta de selección asignada a cada variable se refiere a las unidades de desviación estándar del promedio que se desea lograr en la selección. La meta toma valores de -3.0 a +3,

sowing was done on March 12; 200 crosses were carried out in each plot after identifying each the crosses in the bags for each furrow, using the full-sib family selection method (Compton and Costock, 1976). We performed a visual selection of plants with desirable agronomic characteristics; 169 families of the subpopulations called "Liebre" were obtained in harvesting and threshing; number "10" from the suburbs of Santa María of the municipality of "Pesquería" and number "37" from the town of Refugio in the municipality of Los Ramones, Nuevo León.

The evaluation of the families was done in the autumn of 2010; for this purpose we established a performance assay with the 169 full-sib families under a 13x13 triple lattice. The experimental unit consisted of a furrow of 5 m in length per family with 25 seeds spaced at 20 cm, with a distance between furrows of 0.80 m for a density of 50 000 plants per hectare. The sowing was done on August 19, selecting 17 families from both populations with a selection pressure of 10%.

In the agricultural cycle of the spring of 2011, a recombination was performed with the best families selected from the two populations. A balanced compound was formed (a mechanical mixture of equal amounts of seeds from each family selected) of the 17 best families selected in both populations, of 340 grams in total, with 20 grams per family selected. The planting date was March 04, in order to harvest the seeds that would integrate a population that is expected to be superior to the original population, which means that there would be advancement by selection.

The indexes were constructed based on the methodology proposed by Barreto *et al.* (1991); an estimate was made for each of the replicates. The formula used to estimate the index was as follows:

$$IS = \{[(Y_j - M_j)^2 * I_j] + [(Y_i - M_i)^2 * I_i] + \dots + [(Y_n - M_n)^2 * I_n]\}^{1/2}$$

Where: IS=Selection Index; $Y_{j...n}$ = Variable in Z units; Z; $M_{j...n}$ = Selection target; $I_{j...n}$ = Intensity of selection.

The selection target assigned to each variable refers to the units of standard deviation from the average to be achieved in the selection. The target took values from -3 to +3; when the value is negative, the selection will choose those genotypes that are below the population mean for the variable being evaluated; on the contrary, with positive values, the selected

con valor negativo la selección será para aquellos genotipos que se encuentren por debajo de la media de la población para la variable en evaluación; por el contrario, con valores positivos aquellos genotipos que se encuentren por arriba de la media de la población y para seleccionar genotipos que se encuentren cercanos al promedio se utilizan metas con valor de cero.

La intensidad de selección es el grado de importancia que se le asignan a cada una de las variables a ser utilizadas en la selección y toma valores de 1 a 10. Este valor es diferente para cada una de las variables, según el criterio del investigador. El valor de intensidad más pequeño (1) es asignado a la variable de menor interés y el valor más alto (10) representa la variable de mayor importancia.

Las variables que fueron incluidas en la selección se encontraban con valores en unidades distintas (toneladas, centímetros, días, porcentajes, etc.), por lo que fue necesario estandarizar cada uno de ellos y de esta forma las características pudieran combinarse mediante la fórmula siguiente:

$$Z = \frac{y_j - \bar{y}}{s}$$

Donde: Z = valor estandarizado; y_j = valor observado para la entrada j ; \bar{y} = promedio de todas las entradas; s = desviación estándar del grupo de entradas.

El valor estandarizado de cada una de las variables entre más cerca se encuentre a la meta deseada más pequeño será el valor del índice de selección y más cerca se encontrará el genotipo de los criterios deseados, y entre más grande sea el valor del índice más alejado se encuentra del genotipo con los criterios establecidos. El genotipo que obtenga el valor del índice de selección más pequeño es considerado como superior, ya que reúne la mayoría de los caracteres requeridos en la selección.

Para la construcción de los índices en la subpoblación “10” se consideró en reducir la selección tanto en altura de planta como altura de mazorca, seleccionar las familias precoces; se requirió además, familias con buen potencial de rendimiento, mayor longitud de mazorca, con buen diámetro de mazorca y mayor número de hileras de mazorca (Cuadro 1). En la subpoblación “37” los criterios fueron en mantener la media poblacional tanto en altura de planta como altura de mazorca, además de familias con precocidad media, individuos con buena longitud y diámetro de mazorca, número de hileras por mazorca y con buen potencial de rendimiento.

genotypes will be those that are above the population mean; for selecting genotypes that are close to the average we used targets with zero value.

Selection intensity is the degree of importance, from 1 to 10, assigned to each of the variables to be used in the selection. This value is different for each of the variables, at the discretion of the researcher. The smallest intensity value (1) is assigned to the variable of least interest, and the highest value (10) represents the most important variable.

The variables that were included in the selection had values in different units (tons, centimeters, days, percentages, etc.); it was necessary to standardize each of them so the characteristics could be combined using the following formula:

$$Z = \frac{y_j - \bar{y}}{s}$$

Where: Z = Standardized value; y_j = Observed value for the entry j ; \bar{y} = Average of all entries; s = Standard deviation of the group of entries.

The closer the standardized value of each of the variables is to the desired target, the smaller will be the value of the selection index, and the closer the genotype will be of the desired criteria; also, the larger the index value, the farthest the genotype will be from the criteria established. The genotype that obtains the smallest value in the selection index is considered superior, because it has most of the characters required by the selection.

To construct the indexes in the subpopulation "10", we considered lowering the selection for both plant height and cob height, selecting precocious families. In addition, we required families with good yield potential, increased cob length, good cob diameter and a higher number of rows per cob (Table 1). In the subpopulation "37", the criteria were to maintain the population mean in both plant and cob height, and to select families with mean precocity, individuals with good length and cob diameter, good number of rows per cob and good yield potential.

The simultaneous equations for obtaining the b_i coefficients, according to Hazel (1943), were expressed as follows:

$$\begin{aligned} b_1 P_{11} + b_2 P_{21} + \dots + b_n P_{n1} &= G_{1r} \\ b_1 P_{12} + b_2 P_{22} + \dots + b_n P_{n2} &= G_{2r} \\ \dots & \\ b_1 P_{1n} + b_2 P_{2n} + \dots + b_n P_{nn} &= G_{nr} \end{aligned}$$

Cuadro 1. Metas e intensidades para el cálculo de índices de selección en las subpoblaciones “10” y “37” de Liebre. Otoño 2010.

Table 1. Targets and intensities to calculate selection indexes in subpopulations "10" and "37" of "Liebre". Autumn, 2010.

Variable	Población “10”		Población “37”	
	Meta	Intensidad	Meta	Intensidad
Altura de planta	-2	1	0	2
Altura de mazorca	-2	2	0	3
Floración masculina	-1	2	-1	2
Floración femenina	-1	3	-1	3
Rendimiento de grano	3	5	3	8
Longitud de mazorca	2	4	2	8
Diámetro de mazorca	2	3	2	6
Hileras de mazorca	2	4	2	5

Las ecuaciones simultáneas para obtener los coeficientes b_p , de acuerdo con Hazel (1943) quedaron expresadas de la siguiente forma:

$$\begin{aligned} b_1 P_{11} + b_2 P_{21} + \dots + b_n P_{n1} &= G_{1r} \\ b_1 P_{12} + b_2 P_{22} + \dots + b_n P_{n2} &= G_{2r} \\ \dots & \\ b_1 P_{1n} + b_2 P_{2n} + \dots + b_n P_{nn} &= G_{nr} \end{aligned}$$

Donde: P_{ij} es la covarianza fenotípica entre los caracteres i y j , y G_{ij} la covarianza genotípica entre el carácter i y el rendimiento, en el caso de que ambos subíndices correspondan al mismo carácter, P_{ij} representa la varianza fenotípica y G_{ir} la varianza genética.

Los parámetros genotípicos y fenotípicos de las ocho características se pueden representar en forma de matriz de la siguiente forma: $Pb = G$

Donde: P = matriz de varianza y covarianza fenotípica; b = vector de coeficientes de ponderación; G = vector de varianzas y covarianzas genotípicas; la solución para despejar los coeficientes b_n es la siguiente:
 $b = P^{-1} G$.

Donde: P^{-1} = es la matriz inversa de P ; ya calculados los coeficientes b_n se construye el índice de selección para cada individuo.

Se estimaron las respuestas a la selección de un determinado grupo de índices escogidos se expresa por la siguiente ecuación, de acuerdo con Robinson *et al.* (1951):

$$\Delta G = z/p \sqrt{b_1 \delta_{yg} + b_2 \delta_{yg} + \dots + b_n \delta_{yg}}$$

Where: P_{ij} is the phenotypic covariance between characters i and j , and G_{ij} the genotypic covariance between the i character and yield; in the case when both subscripts correspond to the same character, P_{ij} represents the phenotypic variance and G_{ir} the genetic variance.

The genotypic and phenotypic parameters of the eight characteristics can be represented in matrix form as follows:
 $Pb = G$

Where: P = phenotypic variance and covariance matrix; b = weighting vector; G = vector of genotypic variances and covariances; the solution to find the b_n coefficients is:
 $b = P^{-1} G$.

Where: P^{-1} = is the inverse matrix of P ; when the b_n coefficients are calculated, the selection index is built for each individual.

The responses to the selection of a specific group of indexes were estimated. It is expressed by the following equation, according to Robinson *et al.* (1951):

$$\Delta G = z/p \sqrt{b_1 \delta_{yg} + b_2 \delta_{yg} + \dots + b_n \delta_{yg}}$$

Where: ΔG = genetic gain; z/p = standardized selection differential (with value of 1.75); $b_{1,2,n}$ = weighting coefficient; δ_{yg_n} = genetic covariance of yield (y) with the character n .

To calculate the relative efficiency of the expected response of the indexes within all families, we used the formula of Hazel and Lush (1942).

$$R_1 = k [a^2_{i1} h^4_{i1} \delta^2_{p(1)} + \dots + a^2_n h^4_n \delta^2_{p(n)}]^{0.5}$$

Donde: ΔG = ganancia genética; z/p = diferencial de selección estandarizado. (con valor de 1.75); $b_{1,2,n}$ = coeficiente de ponderación ; δy_{g_n} = covarianza genética del rendimiento (y) con el carácter n.

Para calcular la eficiencia relativa de la respuesta esperada de los índices de selección dentro de todas las familias fue de acuerdo a la fórmula de Hazel y Lush (1942).

$$R_1 = k [a_1^2 i h^4 \delta_{p(1)}^2 + \dots + a_n^2 h^4 \delta_{p(n)}^2]^{0.5}$$

Para calcular la eficiencia relativa de selección de caracteres independientes la fórmula utilizada fue:

$$R_2 = a_1 h^2 k_1 \delta_{p(1)} + \dots + a_n h^2 k_n \delta_{p(n)}$$

Donde: R= respuesta a la selección; k= diferencial de selección estandarizado. (con valor de 1.40); δ_p^2 = desviación estándar fenotípica; h= heredabilidad en sentido estricto.

Se realizó un análisis correlación tanto fenotípica como genotípica entre los caracteres estudiados, para esto se utilizaron las estimaciones de los componentes de varianza y covarianza, respectivos. La correlación fenotípica se estimó con la siguiente fórmula:

$$r_{pxy} = \frac{Cov_{pxy}}{\sqrt{\delta^2(px)(\delta^2(py))}}$$

r_{pxy} = coeficiente de correlación fenotípica entre los caracteres x y y
Cov= covarianza fenotípica entre los caracteres x y y
 $\delta^2 px$ = varianza fenotípica entre los caracteres x
 $\delta^2 py$ = varianza fenotípica entre los caracteres y.

La correlación genética se estimó con la fórmula:

$$r_{gxy} = \frac{Cov_{gxy}}{\sqrt{\delta^2(gx)(\delta^2(gy))}}$$

r_{gxy} = coeficiente de correlación genética entre los caracteres x y y
Cov= covarianza genética entre los caracteres x y y
 $\delta^2 gx$ = varianza genética a entre los caracteres x
 $\delta^2 gy$ = varianza genética a entre los caracteres y.

Se estimaron los componentes de varianza, obteniéndose los valores estimados de los componentes de variación simultánea de cada par de variables utilizando la fórmula reportada por Kempthorne (1969).

To calculate the relative efficiency of the selection of independent characters, the formula used was:

$$R_2 = a_1 h^2 k_1 \delta_{p(1)} + \dots + a_n h^2 k_n \delta_{p(n)}$$

Where: R= response to selection; k= standardized selection differential (with a value of 1.40); δ_p^2 = phenotypic standard deviation; h = heritability in the narrow sense.

An analysis of both phenotypic and genotypic correlation was performed between the characters studied; for this we used the estimates of the respective variance and covariance components. The phenotypic correlation was estimated with the following formula:

$$r_{pxy} = \frac{Cov_{pxy}}{\sqrt{\delta^2(px)(\delta^2(py))}}$$

r_{pxy} = phenotypic correlation coefficient between characters x and y
Cov= phenotypic covariance between characters x and y
 $\delta^2 px$ = phenotypic variance among x characters
 $\delta^2 p$ = phenotypic variance among y characters.

The genetic correlation was estimated with the formula:

$$r_{gxy} = \frac{Cov_{gxy}}{\sqrt{\delta^2(gx)(\delta^2(gy))}}$$

r_{gxy} = coefficient of genetic correlation between characters x and y
Cov= genetic covariance between characters x and y
 $\delta^2 gx$ = genetic variance among x characters
 $\delta^2 gy$ = genetic variance among y characters.

The variance components were estimated, obtaining the estimated values of the components of simultaneous variation of each pair of variables using the formula reported by Kempthorne (1969).

Phenotypic covariance was estimated in the following way:

$$Cov_{pxy} = \frac{\delta^2 pxy - \delta^2 px - \delta^2 py}{2}$$

Genetic covariance was estimated as follows:

$$Cov_{gxy} = \frac{\delta^2 gxy - \delta^2 gx - \delta^2 gy}{2}$$

The sample size was of five randomly selected cobs per plot. The cob diameter (DM) was measured with a vernier scale graduated in cm and placed in the middle of the cob; data

La covarianza fenotípica se estimó de la siguiente manera:

$$Cov_{pxy} = \frac{\delta^2 pxy - \delta^2 px - \delta^2 py}{2}$$

La covarianza genética fue estimada de la siguiente manera:

$$Cov_{gxy} = \frac{\delta^2 gxy - \delta^2 gx - \delta^2 gy}{2}$$

El tamaño de muestra fue al azar de cinco mazorcas por parcela; diámetro de la mazorca (DM). Se midió con un vernier graduado en cm, se colocó en la parte media de la mazorca y se obtuvo el dato de cinco mazorcas representativas. Se calculó el promedio en cm y se registro el dato por parcela; número de hileras de la mazorca (HM). Se estimó contando las hileras de una muestra de cinco mazorcas da cada parcela; el dato se promedio y se registro como el dato promedio por mazorca; rendimiento de grano (Rend). Se cosecharon todas las plantas y se peso el grano en kg, posteriormente se transformo en t ha⁻¹.

Para cada una de las variables evaluadas se realizó un análisis de varianza con el modelo experimental de látice triple, conforme al método presentado por Cochran y Cox (1980) (Cuadro 2).

La estimación de los componentes de la varianza genética se realizó utilizando la información de las esperanzas de cuadrados medios cuya ventaja de estas estimaciones es que permite tener idea de la magnitud de los diferentes efectos genéticos (Searle, 1971). De acuerdo con Hallauer y Miranda (1981), el cual corresponde al modelo aleatorio, en el cuadro 4 se representa el análisis de varianza individual y sus esperanzas de cuadrados medios.

$$\text{Se estimaron varianzas fenotípicas} = \frac{\text{ECM (familias)}}{r}$$

$$\text{Varianzas genéticas} = \frac{\text{ECM (familias)} - \text{ECM (error)}}{r}$$

Dentro de estas últimas las varianzas aditivas = 2 (1/2 δ² A + 1/4 δ² D) citado por Hallauer y Miranda (1981).

$$\text{Heredabilidad en sentido estrecho} = \frac{\delta^2 A}{\delta^2 F}$$

Se calculó la predicción de la respuesta a la selección, la respuesta a la selección (R), es el cambio producido por la selección que interesa, significa la diferencia de valor fenotípico medio entre la descendencia de los progenitores seleccionados y la generación parental antes de la selección.

from five representative cobs was obtained. The average per plot was calculated and registered in cm, as well as the number of rows per cob (HM). It was estimated by counting the rows of a sample of five cobs per plot; the data was averaged and registered as the average data per cob; grain yield (Yield). All plants were harvested and their grains weighted in kg; these data were subsequently transformed into t ha⁻¹.

An analysis of variance was performed for each of the evaluated variables, using the experimental triple lattice design, a method presented by Cochran and Cox (1980) (Table 2).

Cuadro 2. Cuadrados medios indicativos (CM) y sus esperanzas (ECM), del análisis de varianza individual.

Table 2. Indicative mean squares (CM) and their expected values (ECM) from the individual variance analysis.

FV	GL	ECM
Bloque	b-1	
Rep (B)	b(r-1)	
Familias	f-1	δ ² e + r δ ² f
B*F	(b-1) (f-1)	δ ² e + r δ ² bf
Error	B (f-1) (r-1)	δ ² e

The estimation of the genetic variance components was performed using the information of the expected mean squares; the advantage of these estimates is that they allow to have an idea of the magnitude of the different genetic effects (Searle, 1971). Table 4 shows the individual variance analysis and expected mean squares that correspond to the random model, according to Hallauer and Miranda (1981).

$$\text{Se estimaron varianzas fenotípicas} = \frac{\text{ECM (familias)}}{r}$$

$$\text{Varianzas genéticas} = \frac{\text{ECM (familias)} - \text{ECM (error)}}{r}$$

Within the latter additive variances = 2 (1/2 δ² A + 1/4 δ² D) cited by Hallauer and Miranda (1981).

$$\text{Narrow-sense heritability} = \frac{\delta^2 A}{\delta^2 F}$$

The prediction of the response to the selection was calculated; the response to the selection (R) is the change produced by the selection of interest, meaning the difference of average phenotypic value between the progeny of the selected parents and the parental generation before the selection.

$$R = i \cdot h^2 \cdot \delta^2_A$$

Donde: R=predicción de selección; i=presión de selección; h^2 = heredabilidad en sentido estrecho; δ^2_A = varianza aditiva.

$$R = i \cdot h^2 \cdot \delta^2_A$$

Where: R= prediction of selection; i= selection pressure; h^2 = narrow-sense heritability; δ^2_A = additive variance.

Resultados y discusión

En el Cuadro 3 se anotan los coeficientes involucrados en la ganancia genética predicha y eficiencias relativas para índices de selección y selección independiente de la subpoblación "10".

Results and discussion

In Table 3 are recorded the coefficients involved in the predicted genetic gain and the relative efficiencies for the selection indexes and independent selection of subpopulation "10".

Cuadro 3. Coeficientes y comparación de eficiencias relativas con índices de selección y selección independiente entre ocho caracteres de maíz de grano de la subpoblación "10" de Liebre. Otoño 2010.

Table 3. Coefficients and comparison of relative efficiencies using selection indexes and independent selection between eight characters of grain corn from the subpopulation "10" of "Liebre". Autumn 2010.

Carácter	Coefficientes	Ganancia Genética	Índice de Selección	Selección Independiente
Rend	3.813	3.490	0.716	0.151
AP	0.800	4.289	0.509	0.486
AM	0.511	4.026	0.799	0.208
FF	0.220	0.909	0.132	0.004
FM	0.145	0.697	0.599	0.637
LM	0.217	0.922	0.430	0.056
DM	3.185	4.626	3.408	1.907
HM	0.778	4.285	0.992	0.362
Rend/AP	4.252	3.817	6.552	4.637
Rend/AM	2.013	2.555	6.548	5.359
Rend/FF	0.510	6.102	1.606	0.155
Rend/FM	0.115	0.866	2.002	0.788
Rend/LM	0.961	1.809	1.868	0.207
Rend/DM	0.045	0.570	3.551	2.121
Rend/HM	0.342	0.917	2.283	0.513
R/AP/FF	5.442	6.802	6.583	4.641
R/AP/LM	6.120	6.103	6.652	5.198
R/AP/FM/DM	7.866	7.090	7.430	7.181
R/AM/FM/LM	4.283	5.395	6.785	6.052
R/AM/FM/DM	2.153	6.208	7.426	8.054

Se obtuvieron coeficientes que fluctuaron entre 0.045 a 7.866. Los caracteres con mayor ganancia genética predicha la presentaron las combinaciones: R/AP/FM/DM (7.090), R/AP/FF (6.802) y R/AP/LM (6.120). Estos resultados indican que cuando la selección se realiza en base a un criterio que involucre varios caracteres en forma simultánea existe mayor ganancia cuando se incluye el rendimiento como parte del criterio de selección. Esto concuerda con la información de Tucuch *et al.*

The coefficients obtained fluctuated between 0.045 and 7.866. The characters with the highest predicted genetic gain were found in the combinations: R/AP/FM/DM (7.090), R/AP/FF (6.802) and R/AP/LM (6.120). These results indicate that when the selection is made based on a criterion involving multiple characters simultaneously, there is a higher gain when yield is included as part of the selection criterion. This is consistent with the information provided by Tucuch *et al.* (2011), who

(2011) quienes encontraron mayor ganancia genética involucrando varios caracteres que para selección de los caracteres *per se* en forma individual.

Los caracteres con mayor eficiencias relativas en índices de selección se presentaron en R/AP/FM/DM (7.090%), R/AM/FM/DM (7.426%) y R/AM/FM/LM (6.785%). Reyes (1985) mencionó que las eficiencias relativas en los índices de selección podrían incrementarse con el uso de componentes de rendimiento, cuya relación causal con el mismo tenga sólidas bases fisiológicas. En selección independiente las mayores eficiencias relativas se encontraron en R/AM/FM/LM (8.054), R/AP/FM/DM (7.181%) y R/AM/FM/LM (6.052%). Se observó que las eficiencias relativas tendieron a incrementarse a medida que aumentó el número de caracteres incluidos, concordando esto con lo reportado por Taba *et al.* (1998) (Cuadro 4).

found greater genetic gain when several characters were involved than when the characters were selected individually *per se*.

The characters with higher relative efficiencies in selection indexes were found in at R/AP/FM/DM (7.090%), R/AM/FM/DM (7.426%) and R/AM/FM/LM (6.785%). Reyes (1985) mentioned that the relative efficiencies pointed out by selection indexes could increase with the use of yield components whose causal relationship with yield has a strong physiological basis. With independent selection, the highest relative efficiencies were found in R/AM/FM/LM (8.054), R/AP/FM/DM (7.181%) and R/AM/FM/LM (6.052%). It was observed that the relative efficiencies tended to increase when the number of characters included increased, in agreement with what was reported by Taba *et al.* (1998) (Table 4).

Cuadro 4. Parámetros genotípicos y fenotípicos de ocho características de la subpoblación "10" de Liebre. Otoño 2010.
Table 4. Genotypic and phenotypic parameters of eight characteristics of subpopulation "10" of "Liebre". Autumn, 2010.

	Rend. t ha ⁻¹	AP (cm)	AM (cm)	FF (días)	FM (días)	LM (cm)	DM (cm)	HM (número)
Valor Fen.	2.4	238.01	124.35	63.48	64.45	15.95	2.39	12.13
Var G	0.1	57.87	57.72	0.05	0.01	0.06	3.80	0.32
Var F	3.6	509.32	375.92	4.40	10.39	3.56	12.12	2.41
H	0.04	0.113	0.153	0.011	0.001	0.01	0.31	0.133
Valor Econ	1	1	1	1	1	1	1	1
	Rend/AP	Rend/AM	Rend/FF	Rend/FM	Rend/LM	Rend/DM	Rend/HM	AP/AM
Corr G	0.16	0.34	0.18	0.41	0.09	0.19	0.30	0.00
Cov G	0.50	0.11	-0.09	-0.13	0.10	-0.15	-0.06	15.02
Corr F	0.06	0.00	0.06	0.08	0.10	0.04	0.05	0.00
Cov F	2.68	3.44	-0.37	-0.34	-0.12	-0.27	-0.15	294.73
	AP/FM	AP/FF	AP/LM	AP/DM	AP/HM	AM/FF	AM/FM	AM/LM
Corr G	0.28	0.18	0.84	0.21	0.16	0.01	0.55	0.14
Cov G	0.80	0.17	-1.61	-3.15	0.73	0.81	0.45	0.27
Corr F	0.22	0.23	0.04	0.06	0.05	0.03	0.22	0.02
Cov F	0.77	0.74	0.17	4.89	1.97	12.96	-9.23	0.86
	AM/DM	AM/HM	FF/FM	FF/LM	FF/DM	FF/HM	FM/LM	FM/DM
Corr G	0.02	0.11	0.64	0.66	0.92	0.01	0.80	0.36
Cov G	1.72	1.40	-0.03	0.44	0.56	0.28	0.04	0.15
Corr F	0.01	0.05	0.81	0.03	-0.09	0.04	0.02	-0.03
Cov F	5.45	1.57	5.53	0.19	-0.10	0.33	0.11	-0.26
	FM/HM	LM/DM	LM/HM	DM/HM				
Corr G	0.51	0.68	0.10	0.79				
Cov G	0.15	0.31	0.01	0.87				
Corr F	0.01	0.22	0.13	0.50				
Cov F	0.04	1.48	0.38	2.75				

Existe una estrecha relación correspondiente entre la eficiencia relativa del valor del índice de selección y selección independiente con el valor de correlación

There is a close relationship between the relative efficiency of the values of the selection index and the independent selection, and the genotypic correlation value of the

genotípica del carácter respectivo (Cuadro 3), $r = 0.341$ en R/AM, $r = 0.418$ en R/FM, $r = 0.418$ en R/LM con el rendimiento de grano. Así, los caracteres correlacionados con el rendimiento fueron más eficientes, indicando esto que la selección basada en varios caracteres correlacionados con el rendimiento son eficientes.

Por lo tanto, puede afirmarse cuando se selecciona un carácter como medio para mejorar otro, deberá considerarse, tanto el grado de asociación con el carácter por mejorar, así como el porcentaje de heredabilidad del carácter seleccionado.

Con las correlaciones observadas (Cuadro 4) cabría la posibilidad de aumentar el rendimiento mediante la selección de plantas con mayor altura de planta, floración masculina y longitud de mazorca y más si se tiene en cuenta que diámetro de mazorca presenta mayor heredabilidad, por lo que el progreso que se podría esperar al incluir este carácter en generaciones tempranas, sería significativo lo cual concuerda con la información de Presterl *et al.* (2003). Al utilizar estas características hay que evitar la selección de plantas tardías.

La eficiencia en R/AP/FM/DM (7.090%) hace suponer que existe una proporción de genes comunes a los caracteres AP, FM, DM y rendimiento, por lo que estos caracteres pueden ser buenos indicadores de la variabilidad genética potencial del rendimiento de grano. Este resultado tiene su explicación, en el sentido de que el aumentar el número de caracteres se obtendrá mayor avance genético. Sobre este particular Hazel (1943), señaló que la inter correlación de caracteres influye en los valores de las eficiencias relativas y en los coeficientes de ponderación. De aquí se sugiere que los índices más eficientes son aquellos que incluyen caracteres correlacionados con el carácter por mejorar.

Los caracteres involucrados en índices que presentaron mayor eficiencia fueron aquellos que consideraron al rendimiento de grano, lo cual concuerda con Robinson *et al.* (1951) y con lo reportado por Searle (1965); sin embargo, otros autores han encontrado que los caracteres más eficientes en índices de selección a veces no contienen rendimiento.

Las familias seleccionadas de acuerdo a los valores de los índices de selección con la metodología por Barreto *et al.* (1991) se anotan en el Cuadro 5. Las familias que obtuvieron los valores del índice de selección más pequeños son consideradas como superiores, ya que reunieron la mayoría

respectiva character (Table 3), $r = 0.341$ in R/AM, $r = 0.418$ in R/FM, $r = 0.418$ in R/LM with the grain yield. Thus, the characteristics correlated with yield were more efficient, indicating that the selection based on various characteristics correlated with yield are efficient.

Therefore, it can be said that when a character is selected as a means to improve another, it is necessary to consider both the degree of association with the character to improve, and the percentage of heritability of the selected character.

With the observed correlations (Table 4), it might be possible to increase yield by selecting plants of greater height, male flowering and cob length, especially when considering which cob diameter presents greater heritability, so that the progress that could be expected by including this character in early generations would be significant, which is consistent with the information provided by Presterl *et al.* (2003). When using these characters, it is necessary to avoid the selection of late plants.

The efficiency in R/AP/FM/DM (7.090%) suggests that there is a proportion of genes that are common to the characters AP, FM, DM and yield, so these characters could be good indicators of the potential genetic variability of grain yield. This result is explained by the fact that by increasing the number of characters it is possible to obtain more genetic advance. In this regard, Hazel (1943) noted that the inter-correlation of characters influences the values of the relative efficiencies and the weighting coefficients. This suggests that the more efficient indexes are those that include characters correlated with the character one is attempting to improve.

The characters involved in indexes that presented greater efficiency were those which considered grain yield, which is consistent with Robinson *et al.* (1951) and with what was reported by Searle (1965); however, other authors have found that the most efficient characters in selection indexes sometimes do not contain yield.

The families selected according to the values of the selection indexes with the methodology of Barreto *et al.* (1991) are registered in Table 5. The families that obtained the smaller selection index values are considered superior because most contained the characters required by the selection; in this case, the families were 43 ($I = 5.43$), 27 ($I = 7.05$), 144 ($I = 7.17$), 79 ($I = 7.58$), 73 ($I = 7.71$).

de los caracteres requeridos en la selección, en este caso, fueron las familias 43 (I= 5.43), 27 (I= 7.05), 144 (I= 7.17), 79 (I= 7.58), 73 (I= 7.71).

For the construction of the indexes we considered lowering the selection requirements both for plant height and for cob height, selecting precocious families; we

Cuadro 5. Familias seleccionadas de la subpoblación "10" de Liebre en base a los índices de selección. Otoño 2010.
Table 5. Families selected from the subpopulation "10" of "Liebre" based on the selection indexes. Autumn 2010.

F-HC	Índice	AP	AM	FF	FM	Rend	LM	DM	HM
43	5.43	231.66	111.66	62.33	61.33	3.56	17.00	2.77	12.86
27	7.05	236.66	125.00	61.66	64.00	4.95	15.73	2.42	12.86
144	7.17	203.33	96.66	63.00	65.33	4.01	16.53	2.25	12.93
79	7.58	238.33	123.33	63.00	65.00	3.80	18.46	2.44	12.33
73	7.71	246.66	110.00	63.33	63.00	2.72	17.10	2.54	12.53
45	7.98	236.66	118.33	61.00	62.66	2.87	17.26	2.40	12.46
85	8.17	233.33	121.66	63.33	65.00	2.91	17.93	2.32	13.06
156	8.31	246.66	126.66	62.66	63.33	2.46	16.66	2.63	12.93
140	8.59	243.33	120.33	63.66	63.00	2.97	15.86	2.49	12.66
166	8.71	235.00	118.33	61.66	61.66	3.79	15.53	2.30	12.46
16	8.81	231.66	126.66	62.33	61.33	2.41	16.53	2.42	12.80
50	8.91	223.33	113.33	63.66	64.33	2.59	16.86	2.58	11.86
106	9.26	226.66	105.00	64.66	62.66	2.76	15.33	2.55	12.53
104	9.26	261.66	135.00	61.33	61.33	2.76	16.93	2.61	12.20
37	9.34	223.33	108.33	63.33	64.33	1.61	16.20	2.68	13.13
153	9.34	246.66	135.00	63.33	64.00	3.10	16.26	2.50	12.13
96	9.38	270.00	130.00	64.66	66.00	3.35	17.06	2.33	13.03
Máxima		270.00	156.66	67.33	69.33	14.34	18.46	2.78	14.73
Media		238.02	124.35	63.48	64.45	2.42	15.93	2.39	12.13
Mínima		201.66	96.66	60.66	59.00	1.06	13.40	1.79	10.80

Para la construcción de los índices se consideró en reducir la selección tanto en altura de planta como altura de mazorca, seleccionar las familias precoces; se requirió además, familias con alto potencial de rendimiento, mayor longitud y diámetro de mazorca, y mayor número de hileras por mazorca.

El hecho de que los promedios obtenidos en los ocho caracteres en la construcción de los índices no son los mayores en las familias seleccionadas de acuerdo al valor del índice puede obedecer a que la selección se incrementó para rendimiento de grano debido a las variaciones correlativas.

Los coeficientes para la subpoblación "37" (Cuadro 6), presentaron valores entre 0.416 a 18.205 para dos Rend/AP y cuatro R/AP/FM/DM caracteres involucrados, respectivamente. Asimismo, se presentan las ganancias genéticas predichas, eficiencias relativas para índices de selección y selección independiente.

required, also, families with high yield potential, greater cob length and diameter, and a higher number of rows per cob.

The fact that the selected families did not have the highest averages for the eight characters obtained during the construction of the indexes may be due to the fact that selection was increased for grain yield due to the correlative variations.

The coefficients for the subpopulation "37" (Table 6), showed values between 0.416 and 18.205 for two Yield/AP and four R/AP/FM/DM characters involved, respectively. Table 6 presents also the predicted genetic gains, and the relative efficiencies for selection indexes and independent selection.

On the other hand, the predicted genetic gain increases when other characters related to yield components are included, confirming the results of Arévalo (1974) and Torres (1974).

Cuadro 6. Coeficientes y comparación de eficiencias relativas con índices de selección y selección independiente entre ocho caracteres de maíz de grano de la población "37" de Liebre. Otoño 2010.

Table 6. Coefficients and comparison of relative efficiencies with selection indexes and independent selection of eight grain corn characters of the population "37" of "Liebre". Fall 2010.

Carácter	Coefficientes	Ganancia genética	Índice de selección	Selección independiente
Rend	0.21	1.11	0.76	0.30
AP	1.86	2.51	4.38	4.37
AM	1.42	3.59	4.13	4.13
FF	1.68	4.99	1.77	0.54
FM	1.01	3.45	0.80	0.16
LM	0.19	0.88	0.40	0.04
DM	3.21	4.14	3.39	1.89
HM	0.77	1.83	0.29	0.03
Rend/AP	0.41	0.64	13.09	4.68
Rend/AM	1.16	1.80	12.72	4.44
Rend/FF	0.04	0.70	1.93	0.85
Rend/FM	0.05	0.91	1.10	0.47
Rend/LM	0.37	1.15	0.86	0.35
Rend/DM	4.02	3.85	3.47	2.20
Rend/HM	0.77	1.73	0.81	0.34
R/AP/FF	10.82	4.59	13.21	5.22
R/AP/LM	7.35	4.73	13.09	4.73
R/AP/FM/DM	18.20	9.03	13.54	6.74
R/AM/FM/LM	13.67	6.69	12.76	4.66
R/AM/FM/DM	9.65	5.80	13.19	6.50

Por otra parte, la ganancia genética predicha se incrementa al incluir otros caracteres relacionados con los componentes de rendimiento, confirmando los resultados de Arévalo (1974) y Torres (1974).

La mayor eficiencia relativa en índices de selección se encontró en R/AP/FM/DM= 13.548%, R/AP/FF= 13.212% y R/AM/FM/DM=13.198%; mientras que la menor fue para HM= 0.298% y LM= 0.404. La combinación de tres y cuatro caracteres fue más eficiente debido posiblemente a la inclusión de la altura de planta y altura de mazorca que presentaron mayor eficiencia, de 4.388% y 4.139%, respectivamente. Esto puede explicarse ya que los caracteres manifestaron correlaciones genéticas positivas con rendimiento de grano (Cuadro 7), R/FM $r=0.590$, R/DM $r=0.973$ y AP/FM $r=0.817$. Mohammadi y Syed (2010) mencionan al respecto que la correlación genética entre dos caracteres juega un papel importante en la respuesta correlacionada de la selección; se asegura por lo tanto, siendo el rendimiento un carácter poligénico, cabe suponer que al estar esté correlacionado con otros caracteres, se asegura un máximo progreso con el uso de los índices de selección. También mencionan que cuando un carácter esta

The greater relative efficiency in selection indexes was found in R/AP/FM/DM= 13.548%, R/AP/FF= 13.212% and R/AM/FM/DM= 13.198%, while the lowest relative efficiency was for HM= 0.298% and LM= 0.404. The combination of three and four characters was more efficient possibly due to the inclusion of the values for plant height and cob height which showed the highest efficiency: 4.388% and 4.139%, respectively. This can be explained because the characters showed positive genetic correlations with grain yield (Table 7), R/FM $r=0.590$, R/DM $r=0.973$ and AP/FM $r=0.817$. Mohammadi and Syed (2010) mentioned in this respect that the genetic correlation between two characters plays an important role in the correlated response of the selection; as yield is a polygenic character, it can be supposed that when it is correlated with other characters, a maximum progress is ensured with the use of selection indexes. They also mention that when a character is correlated with other characters, the selection of some of these characters can cause changes in associated characters, including yield.

The greatest relative efficiencies for independent selection were obtained with R/AP/FM/DM= 6.742%, R/AM/FM/DM= 6.506% and R/AP/FF= 5.224%. This indicates that

correlacionado con otros caracteres, la selección en algunos de éstos puede producir cambios en caracteres asociados, entre ellos el rendimiento.

La mayor eficiencia relativas para selección independiente fue con R/AP/FM/DM=6.742%, R/AM/FM/DM=6.506% y R/AP/FF=5.224%. Esto indica que las eficiencias basados en la combinación de tres a cuatro caracteres en general son mayor que las eficiencias de uno o dos caracteres como lo fue en este estudio (Cuadro 7).

the efficiencies based on the combination of three to four characters are generally greater than the efficiencies of one or two characters, as was the case in this study (Table 7).

The explanation for these results is that when, in a selection index, the number of characters correlated with the character to improve increases, a greater genetic advance is obtained. Correlation is a measure of the community of genes that contribute to the expression of the character that is the target of the selection. Therefore, we suggest

Cuadro 7. Parámetros genotípicos y fenotípicos de ocho características de la subpoblación "37" de Liebre. Otoño 2010.
Table 7. Genotypic and phenotypic parameters of eight characteristics of subpopulation "37" of "Liebre". Autumn 2010.

	Rend. t ha ⁻¹	AP (cm)	AM (cm)	FF (días)	FM (días)	LM (cm)	DM (cm)	HM (número)
Valor Fen.	227.21	108.14	63.02	63.61	2.88	15.83	2.40	12.23
Var G	0.19	56.15	52.79	1.04	0.21	0.05	3.76	0.32
Var F	1.15	498.03	497.38	11.10	4.75	3.56	12.10	2.41
H	0.16	0.11	0.10	0.09	0.04	0.01	0.31	0.01
Valor Econ	1	1	1	1	1	1	1	1
	Rend/AP	Rend/AM	Rend/FF	Rend/FM	Rend/LM	Rend/DM	Rend/HM	AP/AM
Corr G	0.08	0.33	-0.72	0.59	0.59	0.97	0.78	0.74
Cov G	-0.28	-0.52	-0.31	-0.11	0.06	0.82	0.19	20.61
Corr F	0.14	0.11	-0.22	0.22	0.17	0.74	0.50	0.62
Cov F	3.37	2.29	-0.79	-0.52	0.34	2.80	0.85	251.76
	AP/FM	AP/FF	AP/LM	AP/DM	AP/HM	AM/FF	AM/FM	AM/LM
Corr G	0.82	0.50	0.57	0.08	0.15	0.50	0.69	0.28
Cov G	-2.87	-3.86	-2.73	1.21	0.64	-1.91	-1.15	0.23
Corr F	0.22	-0.19	0.02	0.14	0.12	0.21	0.16	-0.01
Cov F	-10.71	-14.84	-0.87	11.25	4.47	-12.97	-6.64	-0.44
	AM/DM	AM/HM	FF/FM	FF/LM	FF/DM	FF/HM	FM/LM	FM/DM
Corr G	0.10	0.62	0.99	1.96	-0.53	-0.13	0.43	0.50
Cov G	0.73	1.36	0.41	0.46	-1.02	-0.65	0.37	-0.41
Corr F	0.09	0.08	0.80	-0.04	-0.23	-0.18	-0.01	0.34
Cov F	5.85	2.414	5.83	-0.25	-2.74	-0.97	-0.06	-1.88
	FM/HM	LM/DM	LM/HM	DM/HM				
Corr G	0.26	0.68	0.10	0.79				
Cov G	-0.30	0.31	0.01	0.87				
Corr F	-0.21	0.22	0.13	0.50				
Cov F	-0.72	1.48	0.38	2.75				

Los resultados tienen su explicación en el sentido de que al aumentar, en un índice de selección, el número de caracteres correlacionados con el carácter por mejorar, se obtendrá mayor avance genético. Siendo la correlación una medida de la comunidad de genes que contribuyen a la expresión del carácter objeto de la selección. Por ello, se sugiere que los caracteres que involucraron mayor eficiencia relativa en los dos índices deben ser considerados junto con el rendimiento para mejorar la población.

that the characters that generated more relative efficiency in the two indexes should be considered along with yield to improve the population.

In the construction of the indexes of the subpopulation "37" we considered, as criteria for selection, maintaining the population mean in both plant height and cob height, as well as selecting families with medium precocity, individuals with greater cob length and diameter, a higher number of

En la construcción de los índices de la subpoblación "37" se consideró como criterios de la selección mantener la media poblacional tanto en altura de planta como altura de mazorca, además de familias con precocidad media, individuos con mayor longitud y diámetro de mazorca, número de hileras por mazorca y con alto potencial de rendimiento. Por lo tanto, los valores del índice de selección más pequeños son considerados como superiores. Para obtener las mejores familias en base a los valores del índice se aplicó 10% de presión de selección; las 17 mejores familias (Cuadro 8), siendo la familia 88 con el valor más bajo del índice ($I=7.505$) con un promedio de rendimiento de 4.4 t ha^{-1} mayor a la media (2.89 t ha^{-1}) y muy cerca del promedio máximo (4.52 t ha^{-1}), en $AP=233.3$ y $AM=106.7$ cm cerca de la media poblacional (227.2 y 108.1 cm, respectivamente); en cuanto a días de floración se consideró que fueran las precoces, por lo tanto, tuvieron en $FF=61.7$ y $FM=61.3$ días, es decir más precoces que la media poblacional de 63.0 y 63.6 días, respectivamente.

rows per cob and high yield potential. Thus, the smaller values of the selection index were considered superior. To obtain the best families based on the index values, we applied a selection pressure of 10%. The top 17 families are shown in Table 8; family 88 got the lowest value of the index ($I=7.505$) with an average yield of 4.4 t ha^{-1} higher than the mean (2.89 t ha^{-1}) and very close to the average maximum (4.52 t ha^{-1}) in $AP=233.3$ and $AM=106.7$ cm, and close to the population mean (227.2 and 108.1 cm, respectively); with respect to days of flowering, the best families were considered to be the precocious ones; therefore, these families had values of $FF=61.7$ and $FM=61.3$ days, i.e., they were more precocious than population mean of 63 and 63.6 days, respectively.

We wanted also that the selected families had greater cob length and diameter and a higher number of rows per cob, so that family 88 had values of $LM=16.3$ cm, $DM=2.36$ cm and $HM=13.13$ rows, all values above average.

Cuadro 8. Familias seleccionadas de la subpoblación "37" de Liebre en base a los índices de selección. Otoño 2010.
Table 8. Families selected from the subpopulation "37" "Liebre" based on selection indexes. Autumn 2010.

F-HC	Índice	AP	AM	FF	FM	Rend	LM	DM	HM
88	7.50	233.33	106.66	61.66	61.33	4.40	16.33	2.36	13.13
130	7.65	218.33	88.33	62.66	63.66	4.51	16.60	2.59	12.00
151	7.96	233.33	98.33	62.33	63.00	3.63	16.06	2.76	12.80
59	8.09	226.66	103.33	61.33	61.66	3.61	16.73	2.51	12.60
149	8.16	228.33	108.33	62.66	63.66	3.88	16.16	2.55	12.53
137	8.47	233.33	108.33	61.66	61.66	4.21	16.06	2.38	12.53
147	8.70	241.66	110.00	62.66	63.00	3.25	16.66	2.66	12.80
66	8.88	230.00	103.33	64.00	63.66	3.15	16.53	2.82	13.46
161	8.96	223.33	106.66	63.33	64.33	3.63	15.33	2.76	14.00
33	8.97	226.66	105.00	62.66	61.66	3.31	15.73	2.65	13.80
85	9.16	224.00	105.00	62.00	62.00	3.30	16.13	2.75	12.40
153	9.38	251.66	118.33	62.66	63.66	3.53	16.53	2.62	12.13
64	9.44	250.00	115.00	60.33	58.66	4.08	16.06	2.28	13.60
144	9.49	243.33	123.33	62.33	62.00	3.54	16.06	2.45	12.66
141	9.51	218.33	113.33	62.66	63.33	3.11	16.46	2.64	12.66
38	9.71	218.33	96.66	61.66	61.33	3.30	16.26	2.44	12.80
48	9.81	230.00	113.33	63.33	60.33	3.60	16.93	2.33	12.26
Máxima		256.66	138.33	66.66	69.00	4.51	28.00	3.07	14.53
Media		227.21	108.15	63.02	63.61	2.88	15.83	2.30	12.23
Mínima		177.33	80.00	59.00	57.66	1.04	13.73	1.86	10.00

Se consideró además que las familias seleccionadas presentaran mayor longitud, diámetro y número de hileras por mazorca, así que la familia 88 obtuvo en $LM=16.3$ cm, $DM=2.36$ cm y $HM=13.13$ hileras presentando valores superiores al promedio.

Conclusions

Genetic gain was higher when combining in an index four characters correlated with grain yield.

Conclusiones

La ganancia genética fue superior al combinar en un índice a cuatro caracteres correlacionados con el rendimiento de grano.

Los índices de selección más eficientes fueron los que tomaron en cuenta días a floración masculina, altura de planta y mazorca, longitud y diámetro de mazorca; así como rendimiento de grano.

Literatura citada

- Arévalo, N. L. M. 1974. Estimación de parámetros genéticos y su uso en la construcción de índices de selección para rendimiento de grano en Cebada Maltera. Tesis Maestría. Colegio de Postgraduados. Montecillos, Chapingo, Estado de México. 110 p.
- Barreto, H. J.; Bolaños, J. A.; y Córdova, H. S. 1991. Programa Índices de Selección. Guía para la operación del Software. CIMMYT. México, D. F. 27 p.
- Comton, W. A. and R. E. Comstock. 1976. More on modified Ear-to-Row selection in corn. *Crop. Sci.* 16: 122
- Cochram, W. G. y Cox, G. M. 1980. Diseños experimentales. Trillas (Ed.) México, D. F. 661 p.
- García, E. 1973. Modificaciones al Sistema de Clasificación Climática de Köppen. http://cdigital.dgb.uanl.mx/la/1020081042/1020081042_011.pdf. (noviembre, 2011).
- Hallauer, A. and Miranda, B. 1987. Quantitative genetics in maize breeding. 3^{era}. Reimpresión. Ames. Iowa State Univ. Press. 468 p.
- Hazel, L. N. and Lush, J. L. 1942. The efficiency of three methods of selection. *J. Heredity* 33:393-399.
- Hazel, L. N. 1943 The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 28(3):476-490.

The most efficient selection indexes were those that took into account the days to male flowering, plant and cob height, cob length and diameter, and grain yield.

End of the English version



- Instituto Nacional de Estadística, Geográfica e Informática. (INEGI). 2010. Anuario estadístico del estado de Nuevo León.
- Kempthorne, O. and Nordskog, W. 1969. Restricted selection indices. *Biometrics* 15:10-19.
- Milligan, S.; Balzarini, B. and White, W. H. 2003. Broad sense heritabilities genetic correlations and selection indices for sugarcane borer resistance and their relation to yield loss. *Crop Sci.* 43:1729-1735.
- Mohammandi, J. A. and Syed, S. M. 2010. Selection indices for yield and quality traits in sweet corn. *Pak. J. Bot.* 42(2):775-789.
- Presterl, T.; Seitzb, G.; Landbecke, M.; Thiemta, E. M.; Schmidt, W. and Geigera, H. H. 2003. Improving nitrogen-use efficiency in European Maize. *Crop. Sci.* 43:1259-1265.
- Robinson, H. F.; Comstock, R. E.; and Harvery, P. H. 1951. Genetic variances in open pollinated varieties of corn. *Genetics* 40:45-60.
- Robertson, A. 1959a. Experimental desing in the evaluation of genetic parameters. *Biometrics.* 15:219-226.
- Robertson, A. 1959b. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics* 15:469-485.
- Searle, S.R. 1971. The value of indirect selection: I. Mass selection. *Biometrics* 21(3):682-707.
- Smith, H. F. 1936 A discriminant function for plant selection. *Biometrics.* *Ann. Eugen.* 7(2):240-250.
- Taba, S.; Díaz, J.; Franco, J. and Crossa, J. 1998. Evaluation of Caribbean maize accessions to develop a core subset. *Crop Sci.* 38:1378-1386.
- Torres, G. J.; Molina, G. J. y Casas, D. C. 1974. Correlaciones genéticas e índices de selección en la genotecnica de la papa (*Solanum tuberosum* L). *Agrociencia.* 15-18:21-37.
- Tucuch, C. C. A.; Rodríguez, H. A. S.; Reyes, V. M. H.; Pat, F. J. M.; Tucuch, C. C. F. M. y Córdova, O. H. S. 2011. Índices de selección para producción de forraje de maíz forrajero. *Agromonía Mesoamericana* 22(1):123-132.