

0473

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE NUEVO LEON
FACULTAD DE AGRONOMIA



SELECCION EN FENÓTIPO DE 47 FAMILIAS DERIVADAS
DE HIBRIDOS COMERCIALES DE SORGO (Sorghum bicolor L. Pers.)
VERANO 1976

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TITULO DE
INGENIERO AGRONOMO FITOTECNICO

PRESENTA

Enel Romero Herrera

40.633
A15
977

MONTERREY, N. L.

SEPTIEMBRE DE 1977

0

4

7

3

T

SB23

R651

c.1



1080063672

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE NUEVO LEON

FACULTAD DE AGRONOMIA



SELECCION ENTRE Y DENTRO DE 47 FAMILIAS F_2 DERIVADAS
DE HIBRIDOS COMERCIALES DE SORGO (*Sorghum vulgare Pers*)
VERANO 1976

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TITULO DE
INGENIERO AGRONOMO FITOTECNISTA

PRESENTA

Leonel Romero Herrera

MONTERREY, N. L.

SEPTIEMBRE DE 1977

T
SB 235
R651



Biblioteca Central
Maana Solidaridad

F Tesis



UAMV
FONDO
TESIS LICENCIATURA

A MIS PADRES:

Sr. LEONEL ROMERO CRUZ

Sra. Ma. DEL REFUGIO HERRERA DE ROMERO

CON AMOR Y PROFUNDO AGRADECIMIENTO POR SUS CONSEJOS
Y DECIDIDO APOYO.

A MIS HERMANOS:

LAURA

MARCO ANTONIO

MARINA BEATRIZ

A MI ABUELITA:

Sra. ANTONIA CRUZ Vda. DE ROMERO

POR SU EJEMPLO.

A MIS TIOS Y PRIMOS.

A MI NOVIA:

Srta. ANA LUZ LEGORRETA MILLAN

POR SU COMPRESION Y AYUDA

A MIS MAESTROS:

ING. CIRO VALDEZ LOZANO

ING. LUIS A. MARTINEZ ROEL

CON ADMIRACION Y RESPETO, POR SU DEDICACION PROFESIONAL, Y POR HABERME GUIADO DURANTE EL DESARROLLO DEL PRESENTE TRABAJO.

A MIS COMPAÑEROS Y AMIGOS.

AGRADECIMIENTO:

Al fideicomiso para el apoyo complementario a la investigación científica, formado por el CONACYT, el gobierno del estado de Nuevo León y la Universidad Autónoma de Nuevo León.

Al Ing. Raúl Braulio Rodríguez P. Director del Centro de Investigaciones Agropecuarias por brindar todas las facilidades para el desarrollo del programa de Mejoramiento de Maíz, Frijol y Sorgo, dentro del cual se realizó el presente estudio.

INDICE

	PAGINA
INTRODUCCION	1
REVISION DE LITERATURA	3
Variación.	3
Heredabilidad.	11
Conceptos teóricos de selección.	13
Conceptos prácticos de selección	17
Selección masal	18
Selección individual.	20
Selección familiar.	22
Método genealógico.	23
Método masivo o poblacional	25
Hibridación	26
Mejoramiento del sorgo	27
Formación de variedades de polinización libre.	28
Formación de variedades híbridas.	30
MATERIALES Y METODOS	33
Materiales	33
Métodos.	35
Establecimiento del material.	35
Toma de datos	35
Cálculo de la respuesta a la selección.	37

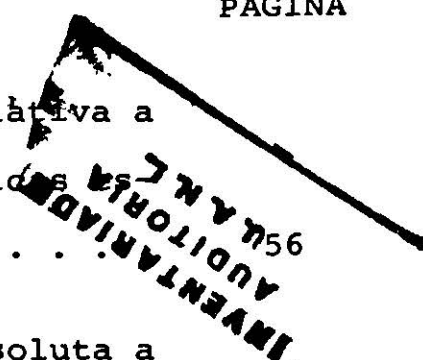
Cálculo de los valores genotípicos en rela--	
ción con individuos y familias.	40
Comparación de metodologías	41
RESULTADOS Y DISCUSION	44
Selección entre familias.	44
Selección dentro de familias.	53
CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES	61
RESUMEN.	64
BIBLIOGRAFIA	67
APENDICE	70

INDICE DE CUADROS Y GRAFICAS

CUADRO

PAGINA

1	Familias seleccionadas por Respuesta Relativa a la Selección para las siete características estudiadas	
2	Familias seleccionadas por Respuesta Absoluta a la Selección para las siete características estudiadas	57
3	Familias seleccionadas por su componente entre familias, para las siete características estudiadas	58
4	Familias seleccionadas bajo cada uno de los tres criterios usados, sobresalientes cuando menos en cuatro de las siete características estudiadas.	59
5	Familias seleccionadas bajo cada uno de los criterios aplicados, para la característica de rendimiento.	59



GRAFICA

1	Efecto aditivo de los genes A_1 y A_2	7
2	Efecto de dominancia.	8

3	Valores fenotípicos en función de frecuencias - genotípicas	10
4	Representación gráfica de la Respuesta a la Se- lección y Diferencial de Selección.	15

APENDICE

CUADRO		PAGINA
1	Valores obtenidos para los criterios de Respu <u>e</u> sta Relativa, Respuesta Absoluta a la Selección y componente entre familias para la caracterís- tica de altura de planta.	71
2	Valores obtenidos para los criterios de Respu <u>e</u> sta Relativa a la Selección, Respuesta Absoluta a la Selección y componente entre familias para la característica de excersión.	73
3	Valores obtenidos para los criterios de Respu <u>e</u> sta Relativa a la Selección, Respuesta Absoluta a la Selección y componente entre familias para la característica de longitud de panoja	75
4	Valores obtenidos para los criterios de Respu <u>e</u> sta Relativa a la Selección, Respuesta Absoluta a la Selección y componente netre familias para la característica de ancho de panoja.	77

5	Valores obtenidos para los criterios de Respues <u>ta</u> Relativa a la Selección, Respuesta Absoluta a la Selección y componente entre familias para la característica de número de hojas.	79
6	Valores obtenidos para los criterios de Respues <u>ta</u> Relativa a la Selección, Respuesta Absoluta a la Selección y componente entre familias para la característica de perímetro de tallo	81
7	Valores obtenidos para los criterios de Respues <u>ta</u> Relativa a la Selección, Respuesta Absoluta a la Selección y componente entre familias para la característica de rendimiento.	83
8	Individuos seleccionados en cada familia bajo - los criterios de presión de selección del 40% y por valores de $(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$	85
9	Valores obtenidos para la característica de altura de planta.	89
10	Valores obtenidos para la característica excersión.	90
11	Valores obtenidos para la característica longitud de panoja	91
12	Valores obtenidos para la característica ancho de panoja	92

13	Valores obtenidos para la característica número. de hojas	93
14	Valores obtenidos para la característica períme- tro de tallo	94
15	Valores obtenidos para la característica rendi- miento	95
16	Valores obtenidos de varianza ecológica.	96
17	Valores medios de la población ($\bar{Y}..$)	96

FIGURA

1	Croquis del experimento.	97
2	Intensidad de selección en base a la población - seleccionada	97

INTRODUCCION

El sorgo cultivo básico para la alimentación y nutrición animal, ha adquirido gran importancia no solo en el norte de México donde existe la mayor producción nacional sino en gran parte del país.

Tomando en cuenta la importancia del cultivo se puede apreciar que la investigación por parte de instituciones nacionales es insuficiente, siendo la mayor parte de la semilla usada en el país producida por compañías extranjeras.

El objetivo que pretende la línea de investigación y mejoramiento del sorgo comprendida dentro del programa de mejoramiento de maíz, frijol y sorgo de la Facultad de Agronomía de la Universidad Autónoma de Nuevo León, es la producción de semilla híbrida y variedades de polinización libre de calidad comercial competitiva.

El presente trabajo pretende ser útil en la formación de variedades de polinización libre, para lo cual se utilizan 47 poblaciones F_2 derivadas de híbridos comerciales de sorgo y se pretende predecir de cual de ellas posiblemente se deriven mejores líneas. Este trabajo de predicción se efectúa mediante el cálculo de la respuesta a la selección y la componente entre familias para siete características agronómicas en el cultivo ya citado; los resultados obtenidos se compararán con lo que se obtenga en generaciones avanzadas para definir la bondad de los criterios de predicción. Cabe mencionar que el presente trabajo es el primer ciclo de selección necesario para llevar -

a cabo la práctica de una metodología necesaria para producir las poblaciones híbridas y las variedades de polinización libre buscadas.

La confrontación final será efectuada por quien continúe con los materiales segregantes.

REVISION DE LITERATURA

Variación

El mejoramiento de las especies cultivadas se inició prácticamente con su domesticación, así para el mejoramiento genético de dichas especies se pueden seguir metodologías descritas específicamente, al observar dichas metodologías se puede apreciar la importancia de un factor que es común para cualquiera de ellas, siendo este factor la variabilidad genética. Así, se puede definir que la base del mejoramiento es la variación genética.

En base a lo anterior es de importancia citar algunos conceptos sobre la variación.

Las variaciones de caracteres observados dentro de las poblaciones se expresan como diferencias fenotípicas, abarcando así atributos morfológicos, fisiológicos y de adaptación a diversos ambientes (11). Por lo tanto es factible observar que la variación en una población se puede atribuir a dos causas; una debido a la constitución genética y otra a la influencia del medio ambiente en el cual se desarrolla. Así mismo, considerando un solo individuo, su apariencia está influida por su genotipo y la influencia externa no genética (ambiente) (1,9,6).

La variación debida a la constitución genética es hereditaria y ésta es originada por la mutación, por la distribución mediante el paso del material genético entre poblaciones y de la recombinación de factores genéticos, esto conjuntamente con las fuerzas de selección que moldean el patrón de la variación; en

otras palabras, se puede considerar que la fuente inmediata de la variación no es la mutación, sino la redistribución de los alelos mutantes que se han acumulado y que se guardan en las poblaciones (11).

Para estimar el valor fenotípico promedio de una población se usa la media aritmética, sin embargo este estimador no indica la variación existente en la población; así la variación existente se puede considerar en valores de desviación con respecto a la media de la población, dando ésta una medida de la variación de dicha población; sin embargo para motivos prácticos es ampliamente usado el término de variación en valores de varianza, siendo ésta el valor promedio de las desviaciones antes citadas elevado al cuadrado, esto último para no trabajar con las desviaciones negativas (16,13).

Dicho lo anterior, la variación de una población se definirá en términos de varianza, así pues se tiene que la varianza será obtenida por la fórmula

$$s^2 = \frac{\sum x^2 - \frac{(\sum x)^2}{n}}{n - 1}$$

(16,13)

Así, aplicando dicha fórmula a una población se obtendrá el valor de la varianza fenotípica, dicha varianza está compuesta como se dijo anteriormente por una componente genética y una ambiental; tomándose estas componentes en términos de variación

se puede deducir lo siguiente.

$$\sigma_f^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2 + \sigma_i^2$$

Donde: σ_f^2 = Varianza Fenotípica
 σ_g^2 = Varianza Genética
 σ_e^2 = Varianza Ambiental o Ecológica
 σ_i^2 = Varianza de Interacción genotipo-ambiente

Se observa además que una componente de la varianza fenotípica es la interacción que existe entre el genotipo y el medio ambiente, sin embargo el cálculo de esta componente es un procedimiento complicado, así bajo circunstancias normales esta componente es considerada dentro del efecto del medio ambiente (9).

De las componentes de la varianza fenotípica, la ecológica se puede apreciar y medir en una población genotípicamente homogénea (7); dicha población puede ser homocigótica (línea pura), o bien el producto de la cruce de dos líneas (un híbrido); se ha probado que la varianza ambiental observada es mayor en una población homocigótica que en una heterocigótica (9).

La varianza fenotípica puede ser determinada en una población fácilmente; así la varianza genética de dicha población se puede obtener restando a la varianza fenotípica el valor de la varianza ecológica observada en una población genéticamente homogénea que se encuentre sometida al mismo ambiente:

$$\sigma_g^2 = \sigma_f^2 - \sigma_e^2 \quad (9,17).$$

El valor genético de un individuo está compuesto por los valores reproductivo o aditivo, de dominancia y epistático. Los valores citados, aplicados en una población son expresables en términos de varianza; así se puede deducir que la varianza genética es igual a la suma de las varianzas aditiva, de dominancia, mas la interacción entre ellas. (9).

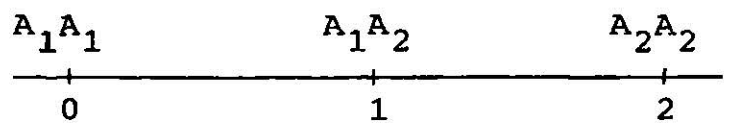
$$\sigma_{\text{g}}^2 = \sigma_{\text{a}}^2 + \sigma_{\text{d}}^2 + \sigma_{\text{i}}^2$$

La varianza aditiva es debida a la acción de aditividad que presentan los genes, siendo heredable ya que los individuos transmiten a su descendencia los genes y no los genotipos; la varianza de dominancia es debida al efecto del dominio de unos alelos sobre otros (9). Otro componente no mencionado en la igualdad anterior es la varianza epistática que generalmente no se calcula, por lo cual en este caso se omite su explicación.

Para entender mejor los conceptos anteriores, es necesario citar el siguiente ejemplo:

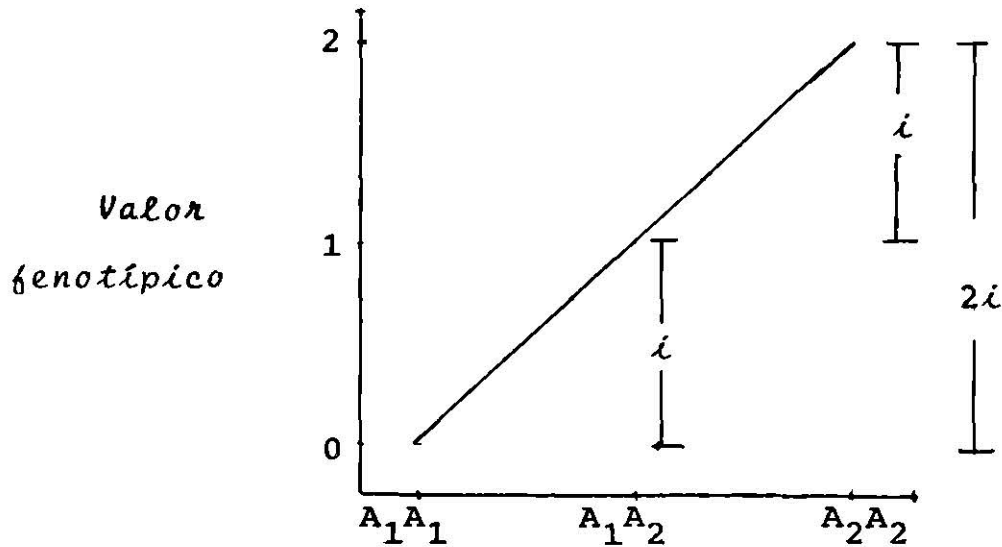
Sean dos genes, A_1 y A_2 ; al combinarse habiendo ausencia de dominancia se obtendrían los siguientes valores fenotípicos

Genotipo	Valor fenotípico
A_1A_1	0
A_1A_2	1
A_2A_2	2



Valores fenotípicos en función
de genes A_2 .

Graficamente:



Gráfica 1.- Efecto aditivo de los genes A_1 y A_2

Recordando que no existe dominancia, el valor de aditividad está dado por el incremento del número de genes, es decir el genotipo A_1A_1 como no posee ningún gen A_2 no presenta aditividad, el genotipo A_1A_2 como posee un gen A_2 presenta un valor mayor -- que el genotipo A_1A_1 , el genotipo A_2A_2 al poseer dos genes A_2 -- presenta el doble valor que el genotipo A_1A_1 y un valor superior sobre el genotipo A_1A_2 . El valor de aditividad es representado -- por la letra i en la gráfica. Así tomando el efecto de dominan-- cia, como la varianza de dominancia, se concluye que la varianza de dominancia es igual a cero, por lo tanto la varianza genética es igual a la varianza aditiva. (16).

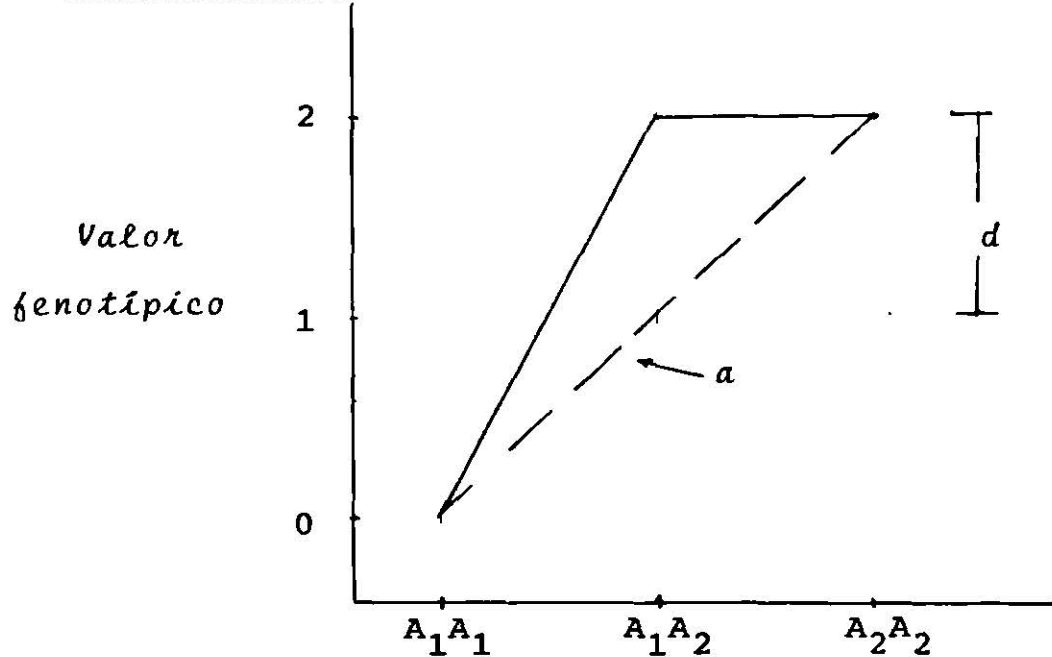
Para explicar el efecto de dominancia, se puede utilizar un ejemplo muy parecido al anterior; sean los mismos genes solo que con dominancia completa donde.

Genotipo	Valor fenotípico
A_1A_1	0
A_1A_2	2
A_2A_2	2



Valor fenotípico bajo dominancia completa.

Graficamente:



Donde:

a = Efecto aditivo

d = Efecto de dominancia

Gráfica 2.- Efecto de Dominancia.

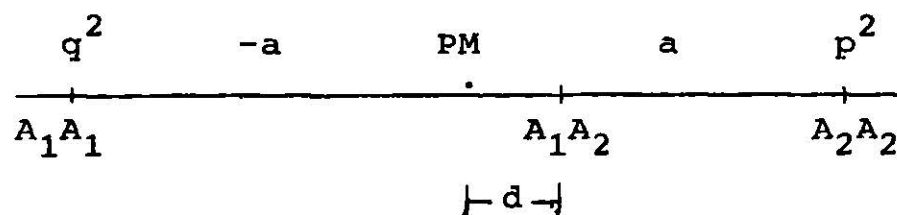
(16)

Observando la gráfica dos, se aprecia que los valores fenotípicos de A_1A_1 y A_2A_2 son similares a los valores fenotípicos bajo aditividad y el valor fenotípico de A_1A_2 es diferente que el valor de este genotipo bajo dominancia, esta desviación del valor fenotípico de A_1A_2 es atribuida a un efecto de dominancia del gen A_2 sobre el gen A_1 el cual se representa como d .

Es posible observar en la gráfica número 2 que aunque la dominancia es completa hay un efecto de aditividad (a) de los genes representado por la línea punteada. (16).

Considerando que un individuo transmite genes y no genotipos a su descendencia se puede deducir que la varianza aditiva es la parte heredable de la varianza genética ya que el efecto de dominancia depende de la suerte de la combinación de los genes para formar los genotipos.

La variación genética que se presenta en una población está dada por el valor genotípico de cada uno de los individuos que la componen. Así para estimar el valor de la variación en la población se requiere de los valores genotípicos de los genotipos A_1A_1 , A_1A_2 , A_2A_2 , los cuales se obtienen como sigue:



Donde:

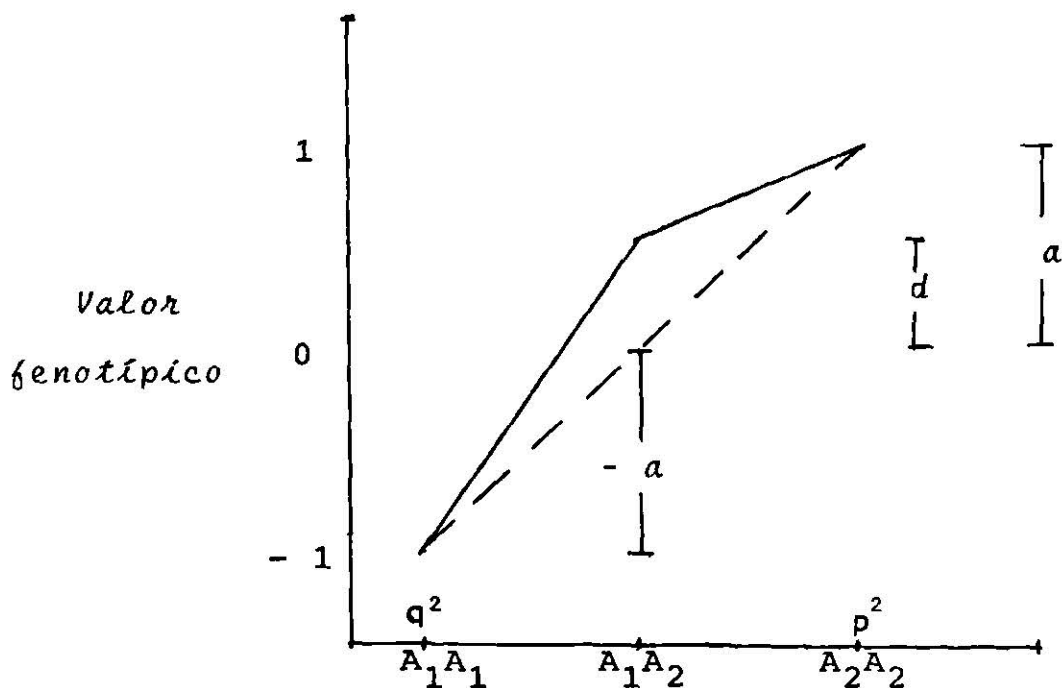
PM = Progenitor medio o promedio de los valores genotípicos de los progenitores A_1A_1 , A_2A_2 .

a = Valor genotípico de cada progenitor expresado como desviación del progenitor medio.

d = Efecto de dominancia de A_1A_2 expresado como desviación respecto al PM.

p^2 y q^2 = La frecuencia de los genotipos A_2A_2 y A_1A_1 respectivamente en la población. (17).

Si consideramos $PM=0$, $-a=1$, y $a=1$ lo anterior se puede expresar como en la gráfica 3.



Gráfica 3.- Valores fenotípicos en función de frecuencias genotípicas.

Con los valores genotípicos y las frecuencias génicas se puede obtener la expresión de la varianza genética, siendo ésta:

$$\sigma_g^2 = 2 pq [a + d (q - p)]^2 + (2 pqd)^2$$

Donde:

- q es la frecuencia del gen A_1
- p es la frecuencia del gen A_2
- a es el valor de la media a los homocigotes
- d es el valor de la media a el heterocigote. (9,17).

Heredabilidad

La proporción de la variación total observada que está determinada por factores genéticos y puede ser transmitida, se le llama heredabilidad; dicha proporción es calculada por el cociente de la varianza genética entre la varianza fenotípica (1,9).

Donde:

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

H^2 = Heredabilidad en sentido amplio
 σ_G^2 = Varianza genética estimada
 σ_F^2 = Varianza fenotípica estimada.

La heredabilidad calculada por la fórmula anterior involucra todos los tipos de acción génica, por lo tanto la estimación es en sentido amplio. Considerando que los genes aditivos afectarán el valor del fenotipo del cigoto resultante, siendo este efecto independiente totalmente del efecto de dominancia y como se ha mencionado anteriormente un medio del valor fenotípico observado, el efecto aditivo o valor reproductivo es el que determina su influencia en la siguiente generación, quedando el efecto de dominancia sujeto a la probabilidad de las combinaciones posibles de los gametos; así el cociente del valor reproductivo o varianza aditiva entre la varianza fenotípica proporciona el valor de la heredabilidad en sentido estrecho (9).

Donde:

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

h^2 = Heredabilidad en sentido estrecho
 σ_A^2 = Varianza aditiva
 σ_F^2 = Varianza fenotípica.

La heredabilidad en sentido estrecho puede estimarse también mediante una regresión del valor reproductivo sobre el valor fenotípico

$$h = b_{AP}$$

Otra forma para estimar la heredabilidad en sentido estrecho es a través de las esperanzas de cuadrados medios de análisis de varianza bajo diseños dialélicos; existen también diseños específicos como los de Carolina del Norte; otro método para estimar la heredabilidad es usando una regresión progenie---progenitor (7,9,4).

El valor de la heredabilidad de un caracter dado estará -- dentro de un rango comprendido entre cero y uno, dicho valor es comunmente expresado en por ciento; la heredabilidad se ve afectada en su valor por el número de genes que determinan el caracter en cuestión, así se tiene que un caracter determinado por -- muy pocos genes es altamente heredable, en cambio un caracter -- determinado por un gran número de genes presenta comunmente baja heredabilidad (1,9,16).

Es importante citar que la heredabilidad no es una propiedad del caracter unicamente, sino que también lo es de la población y de las circunstancias ambientales a las que están suje--tas los individuos, puesto que el valor de heredabilidad depende de la magnitud de todos los componentes de varianza y un cambio de cualquiera de éstos la afectará; por ejemplo, se podrán tener

caracteres determinados por pocos genes, pero que son altamente influenciados por el ambiente, por lo tanto presentarán heredabilidades bajas (9); es importante señalar que la varianza ambiental depende de las condiciones de cultivo y de manejo, siendo así que las condiciones mas variables reducen el valor de la heredabilidad, mientras que condiciones mas homogéneas aumentan dicho valor (9).

Los valores de heredabilidad no están definidos estrictamente, sin embargo en general son aceptados los valores siguientes.

Alta heredabilidad	mayor de 0.5	
Heredabilidad media	de 0.2 a 0.5	
Baja heredabilidad	menor de 0.2	(16).

Conceptos teóricos de selección

La selección, que es la elección de un grupo de individuos considerados fenotípicamente superiores y que servirán como progenitores de una nueva generación (17), es la base de todo mejoramiento de cosechas y ha sido el procedimiento de mejoramiento mas antiguo, dando como resultado el estado actual de las plantas cultivadas (14).

Existen dos tipos de selección, la selección natural y la artificial.

La selección natural es la elección de individuos por los efectos del medio ambiente, es decir está regida por las leyes -

de la supervivencia.

La selección artificial es llevada a cabo por el hombre, tomando en cuenta las características deseables y de interés pro-pio.

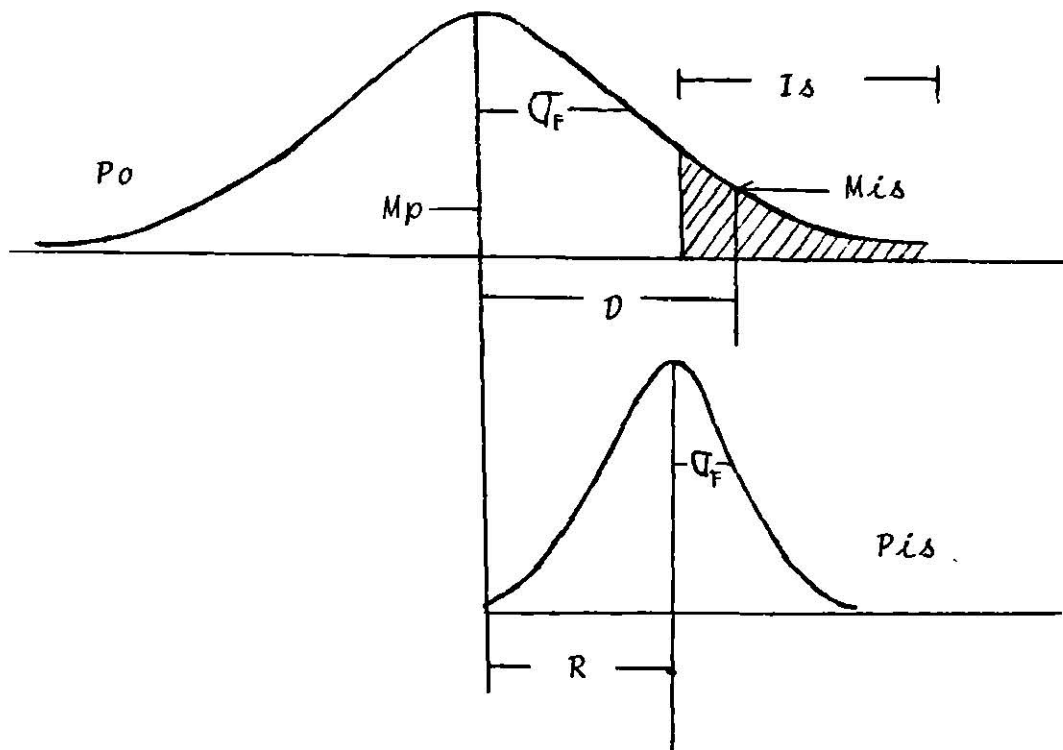
La selección actúa cambiando la frecuencia de los genes, pero no crea nuevos genes (6), es decir solo puede actuar sobre -- las diferencias heredables y no puede crear variabilidad, actuando solamente sobre la ya existente (1), esta variación debe afectar a los caracteres que le interesan al hombre (5); así, como - se mencionó anteriormente la eficiencia de la selección depende de la presencia de variabilidad genética (14).

Como se dijo anteriormente, el efecto buscado al aplicar selección es cambiar las frecuencias génicas, influyendo, lógica--mente sobre la media y la varianza genética de las poblaciones - descendientes (17).

El cambio observable en una población que proviene de indi-viduos seleccionados es sobre su media, así al obtener un cambio en la media de una población se dice que ha habido respuesta a - la selección, pudiendo ser dicho cambio negativo o positivo; es decir que la selección es generalmente eficaz tanto en dirección ascendente como descendente (19).

Si se tiene una población con variación distribuida normal- mente y se practica selección, la diferencia entre la media de - los individuos seleccionados y la media de la población es llama

da diferencial de selección (4, 9, 1). Es decir es el valor fenotípico medio de los individuos seleccionados expresado como una desviación con respecto a la media de la población original; lo anterior se puede expresar graficamente como sigue.



Gráfica 4.- Representación gráfica de la Respuesta a la Selección y Diferencial de Selección.

Donde:

- Mp es la media de la población
 Mis es la media de los individuos seleccionados
 Is son los individuos seleccionados
 D es el diferencial de selección
 R es la respuesta a la selección
 Po es la población original
 Pis es la progenie de los individuos seleccionados
 σ_f es la desviación estándar fenotípica (17).

Observado lo anterior, la respuesta a la selección es posible predecirla mediante la aplicación de la siguiente fórmula:

$$R = i h^2 \sigma_p$$

Donde:

- i es la intensidad de selección
 h^2 es la heredabilidad en sentido estrecho
 σ_p es la desviación estándar fenotípica. (9)

La intensidad de selección es igual al diferencial de selección estandarizado.

$$i = D / \sigma_p \quad (9)$$

Depende únicamente de la población incluida en el grupo seleccionado y puede ser determinada por las tablas de las propiedades de la distribución normal; así la intensidad de selección es la desviación media de los individuos seleccionados medida en unidades de desviaciones estándar fenotípicas (4,9).

La desviación fenotípica (σ_p^2) mide la variabilidad del carácter en la población y proporciona las unidades con las cuales se expresa la respuesta a la selección (9); así este elemento -- está estrechamente ligado con la predicción de la respuesta a la selección.

La heredabilidad, como se ha expuesto anteriormente nos da la proporción transmitible del fenotipo, por tanto este término afecta la respuesta a la selección (1).

Si el resultado de la aplicación de la fórmula en cuestión se divide entre la media de la población donde se está aplicando la selección, se obtendrá el porcentaje de avance con relación a la media de la población que se mejora (*), la expresión es la siguiente.

$$R = \frac{i h^2 \sigma}{\bar{x}} \times 100$$

Otro factor de importancia que influye en el progreso o avance por selección es la presión de selección; este factor mide el número de individuos que se habrán de seleccionar en una población, el valor está dado en por ciento (1), así pues una presión de selección fuerte (de 2 a 5 por ciento) implica una respuesta fuerte del carácter en cuestión en la siguiente generación, en cambio una presión de selección regular (20 por ciento) implica una respuesta no muy fuerte pero consistente a través de varios ciclos de selección, lo anterior se debe a que -- una presión de selección fuerte aumenta rápidamente la media de la población y reduce la varianza genética drásticamente, ocasionando en plantas alógamas la deriva genética y la separación de la población en genotipos homocigóticos que se conservan como líneas puras en el caso de plantas autógamas. (17)

Conceptos prácticos de selección

Para aplicar los conceptos teóricos de la selección se han

* Comunicación personal con Ing. Ciro Valdéz Lozano.

concebido metodologías, tomándose en cuenta la forma de reproducción de las plantas, la heredabilidad del carácter o caracteres por seleccionar, la facilidad de reconocerlos y el efecto de la selección natural (5). Para aplicar la selección a una población es recomendable seguir ciertos criterios, por ejemplo; un criterio aplicable para efectuar la selección en la mayoría de las características es que las mediciones en las cuales se basarán para efectuar la selección se lleven a cabo alrededor de la madurez sexual, esto es recomendado para hacer las comparaciones de las generaciones sucesivas en el mismo punto de madurez (9). Así también se recomienda hacer la selección en bajas poblaciones - para permitir la máxima expresión del genotipo, o bien es de utilidad aplicar la selección en el ambiente en que se usará la población resultante (17).

Selección masal.

La selección masal es el método mas antiguo de practicar selección (3).

Consiste en la elección de un grupo de plantas similares en apariencia, tomándose su semilla, mezclándola y sembrándola toda junta para formar con ella una nueva población en la cual se puede volver a repetir el proceso (14,5,3).

Al practicar selección masal en una población se ven afectadas las frecuencias de los genes que determinan el caracter en cuestión y por tanto como se había ya mencionado la media y la -

varianza genética de dicha población. El factor principal para obtener progreso por selección es la presencia de variabilidad genética, de esta variabilidad la genética aditiva es la que determina el progreso en la selección masal, pues como antes se había señalado, es la parte heredable de la variación genética (2,17).

La selección masal parece ser mas efectiva cuando la heredabilidad de los caracteres con los que se trabaja es alta; considerándose baja la heredabilidad cuando es menor a 40 por ciento, esto por lo regular en el caso de los caracteres cuantitativos (3).

La selección masal en plantas autógamias puede conducir a resultados mas rápidos y definitivos que cuando se practica en plantas alógamas, ya que las autógamias son generalmente homocigotes para muchos pares de factores, este método es utilizado para conservar la pureza de las variedades (10), es decir sería aplicable en una población segregante, y al practicar la selección iría separando líneas probablemente mas productoras, pero entre las cuales ya no habría intercambio genético. Debido a esto la selección masal es característicamente un método de selección aplicable a las plantas alógamas (5).

La selección masal en su práctica tradicional si bien ha sido efectiva, su ritmo de avance genético ha sido muy lento; asi pues este método no podrá satisfacer la demanda actual de alimentos, debido a lo anterior se ha ideado una modificación al método, dando por resultado la selección masal estratificada; la mo-

dificación consiste en el control que se hace del efecto del medio ambiente (12), ya que el problema mas importante del método clásico consiste en que no se puede diferenciar si un individuo es mas productivo porque crece en un pedazo de terreno mas fértil o por su herencia misma, así pues la modificación consiste en tomar una población de 2,000 a 4,000 plantas por ejemplo de maíz y no tomar en cuenta ninguna de las plantas que no esté rodeada de otras, esto es plantas con competencia completa; el lote se subdivide en parcelas pequeñas cuyo tamaño debe estar relacionado con el número de plantas que se incluyan y con la variabilidad del suelo o medio ambiente, así las plantas se seleccionan de acuerdo con su mayor producción comparada con la media de la parcela en particular (5), este método cuando obtiene una población por su buen fenotipo es llamado selección masal positiva, cuando obtiene poblaciones solo por desechar los fenotipos pobres es llamada selección masal negativa (3).

Selección individual.

La selección individual es el método de seleccionar individuos sobresalientes basándose en su propio mérito (6), su procedimiento es escoger un gran número de plantas separadamente, comparando sus descendencias en ensayos de campo (1) así, el estudio individual de cada descendencia (pruebas de progenie) proporciona una estimación del genotipo del progenitor, lo que hace que en realidad se seleccione en definitiva por el genotipo (10)

La selección individual es generalmente eficaz trabajando -

con caracteres determinados por uno o pocos genes, su éxito depende también de la heredabilidad y las variaciones fenotípicas de los caracteres en cuestión (6).

Lo anterior es en base a que el genotipo de un individuo se puede juzgar desde dos puntos de vista prácticos; en base a los fenotipos del individuo y sus hermanos, y en base a los fenotipos del individuo y su descendencia. Así también se tiene que - cuanto mas estrechamente emparentados están dos individuos, mas de confiar es el uso de uno para valorar el otro, o el promedio de ambos para valorar a cualquiera de ellos (6).

La selección individual en las especies autógamas es la - aplicación de la teoría de las líneas puras (10).

En plantas alógamas la aplicación de selección individual significa una acumulación de trabajo que no puede dar mejor resultado del que se obtiene por medio de la selección masal. Sin embargo tratándose de caracteres cuantitativos este método toma en cuenta cuando menos los progenitores femeninos. (10)

En base a lo anterior el método de selección en masa y el - método de selección individual no presentan ninguna diferencia al obtener progreso en plantas alógamas, así la comparación muestra - que la eficiencia es la misma, siendo ventajoso el método de selección masal por su sencillez (10). Sin embargo esto no necesaria-- mente será cierto si se acompaña la selección individual con la -- autofecundación artificial.

Selección familiar.

Al estudiar los individuos seleccionados en base a parentescos, se tienen grupos de individuos directamente relacionados entre sí por descender de un antecesor común (14), donde dichos individuos no son idénticos (18); a estos grupos se les nombra familias.

Tomando en cuenta lo anterior, se puede tener un criterio de seleccionar familias, dando por resultado el método de selección familiar; la eficiencia de este método estriba en el grado de endogamia que presentan los individuos en cuestión (6).

Brauer menciona que Lonquist (1964) ideó una modificación al método de selección familiar para el mejoramiento de poblaciones alógamas (maíz), en el que se trata de evitar la pérdida demasiado rápida de vigor, es fundamentalmente un método de selección entre y dentro de familias de medios hermanos, y por lo mismo se le conoce como selección combinada; este método resultó ser más eficiente que la selección masal estratificada (5).

La selección individual y la familiar suelen aplicarse juntas en métodos de selección, esto da por resultado que la selección familiar se pueda aplicar desde varios puntos de vista, formando con estos los componentes de la selección familiar; el método se puede subdividir en: una componente dentro de familias, es decir seleccionar los mejores individuos de cada familia, una componente entre familias, es decir selección de las mejores familias y seleccionando los mejores individuos de las mejores familias o

selección combinada (6,17), esta combinación suele aplicarse en -- las primeras etapas del método genealógico (3).

Método genealógico.

El método genealógico, no es mas que la secuencia de ciclos de selección familiar y consiste en obtener separadamente la de-- scendencia de cada individuo seleccionado, para que el fenotipo - de esta descendencia pueda tomarse como indicio del genotipo del individuo del que procede, descartándose a los que se muestren in-- feriores y posteriormente rechazando a los que producen descen-- dencias poco productivas (10).

El método citado anteriormente comienza por practicar la se-- lección individual en una población base segregante, que puede - ser semilla producida por la autofecundación de una población F_1 heterocigótica. Debido a que todos los individuos en este ciclo - son diferentes (F_2) (1), los individuos seleccionados se sembra-- rán por separado en surcos, dando lugar así a familias de medios hermanos en alógamas y de hermanos completos en autógamias. Al -- considerar como familia a cada progenie de las plantas seleccio-- nadas se observa que se puede seleccionar en base a los criterios familiares ya mencionados; dentro de familias, entre familias y selección combinada (17,5,8).

La selección familiar se continúa durante cuatro o cinco ci-- cios, desechándose dentro de este tiempo las familias mediocres, así durante F_7 u F_8 se efectúan pruebas peeliminares de rendimien--

to, para después en F_9 y F_{10} establecer experimentos para evaluar el rendimiento y así poder obtener las mejores familias que serán variedades recomendables; cabe mencionar que algunos fitomejoradores evalúan a ensayos de rendimiento preeliminares en F_6 (14,18,1,7). Si el objetivo es la obtención de líneas experimentales que se utilizarán para efectuar nuevos cruzamientos, la formación de estas líneas progenitoras puede establecerse después de hacer las pruebas preeliminares en F_6 o F_7 (17). El procedimiento anterior es la descripción muy general del método genealógico. Las ventajas que presenta este método es que proporciona la suficiente experiencia al mejorador en materia de selección, otra ventaja es que se lleva una genealogía de todas las plantas seleccionadas, este registro o genealogía debe ser de tal naturaleza que se puedan tener datos continuos durante el avance generacional, comprendiendo entonces la historia de la cruce y la historia de la selección, siendo así posible saber en que momento las generaciones sucesivas dejan de mostrar modificaciones producidas como resultado de la selección (10,17,14).

En el método genealógico, el manejo del material es bastante costoso debido a los registros mencionados y al manejo individual de un crecido número de plantas (8). Sin embargo mediante los actuales sistemas de computo, el tiempo y esfuerzo invertidos a este respecto se reducen grandemente.

Se recomienda usar este método cuando los caracteres que se desean recombinar son apreciables (5).

Método masivo o poblacional.

Otro método de mejora en plantas autógamias, es el masivo, llamado también poblacional o bulk, este método es muy fácil de confundir con la selección masal, siendo lo único que tienen en común que las poblaciones se manejan en masa.

El método se inicia con la obtención segregante mediante hibridación; en este método se recomienda efectuar hibridación múltiple para obtener una alta cantidad de genotipos.

Partiendo de la población segregante se deja reproducir libremente durante varias generaciones, por lo general de 5 a 7, durante estas generaciones la semilla usada no ha sido seleccionada es decir se deben de continuar las generaciones sin selección; si acaso el número de semillas llega a ser demasiado grande como para dificultar el manejo se puede tomar una parte, pero cuidando de no efectuar selección. Así, después de las generaciones de reproducción masiva, debe intervenir la selección de líneas puras debido a lo avanzado de las generaciones de autofecundación.

El motivo por el cual se recomienda no hacer selección en este método, consiste en que como son muchos y diversos los progenitores cruzados para obtener la población segregante, existe un elevado número de genotipos en F_2 que no se expresarían debido al tamaño reducido de la población, apareciendo los genotipos recombinantes en generaciones avanzadas, siendo ahí donde se pueden seleccionar en este método (5,7).

Hibridación.

Dadas las condiciones actuales de nomenclatura, es conveniente diferenciar los dos conceptos que este término involucra.

- a) El concepto mas utilizado es el que considera este método para la creación de nuevas variedades mediante cruza, obteniendo así recombinaciones genéticas, bajo este concepto se entiende que usando la hibridación se pueden combinar las mejores características de varias poblaciones progenitoras, obteniéndose así nuevas poblaciones híbridas, dichas poblaciones se pueden obtener por el cruzamiento de clones, variedades de polinización libre, líneas puras, u otras combinaciones genéticamente diferentes (1) así la hibridación proporciona el medio por el cual se origina variabilidad genética en la cual actúa luego la selección de las nuevas recombinaciones para formar variedades mejoradas (8). En base a esto último cabe mencionar que actualmente por lo general la hibridación así entendida antecede a la selección individual en los programas de mejoramiento de plantas.
- b) Un segundo concepto considera a la hibridación como una innovación que proporciona estabilidad a un patrón genotípico en condiciones ambientales de persistencia corta (8).

Este método ha tenido un mayor éxito en las plantas alógamas debido a la morfología floral favorable que permite el fácil control de las autofecundaciones y cruzamientos, ya que dichas autofecundaciones son necesarias para la formación de líneas puras, - las cuales al cruzarse darán origen al híbrido buscado. Otro fac-

tor que influye en la obtención de variedades híbridas es la frecuencia de heterosis, o sea el aumento de la progenie híbrida sobre la media de sus progenitores, este fenómeno es llamado también vigor híbrido y está dado por la aptitud combinatoria específica de los progenitores de la cruce (18,1,17).

En las especies autógamas es fácil la obtención de líneas puras, así como también existe heterosis, ya que la heterosis puede manifestarse tanto en alógamas como en autógamas (5), sin embargo el problema para utilizar la heterosis en autógamas está al efectuar las cruces entre dichas líneas, ya que sería muy costoso efectuar las cruces manualmente para producir semilla en cantidades comerciales. La emasculación genética de algunas plantas autógamas como medio de reducir el trabajo de la transferencia manual del polen en la formación de híbridos, se ha logrado en trigo, cebada y arroz, sin embargo solo en este último cultivo es en donde se ha logrado sembrar el híbrido en grandes extensiones (*).

Mejoramiento del sorgo

El mejoramiento del sorgo se inició con su domesticación en el noreste de Africa (18).

El cultivo está considerado dentro de las plantas autógamas con un rango de polinización cruzada que varía entre 4.5 y 18 por ciento (14); por lo tanto para su mejoramiento genético se recomienda usar la metodología descrita para los cultivos autóga

* Experiencia adquirida en viaje de estudios a la R.P. China.

MOS.

El mejoramiento en este cultivo puede llevarse a cabo bajo cualquiera de las tres formas ya citadas que son. Introducción de nuevas variedades, selección de tipos mejorados dentro de las variedades cultivadas en un lugar determinado o por cruzamiento de las variedades entre sí, es decir practicando la hibridación (10). De las tres maneras citadas, la mejor forma de aumentar el rendimiento es produciendo semilla híbrida, esto ha sido posible mediante el uso de la androesterilidad citoplásmica que es fácil de controlar en sorgo, además de que hay líneas cuyas combinaciones presentan buen vigor híbrido, siendo éste el responsable del 20 al 40 por ciento del incremento en el rendimiento (14,18).

Formación de variedades de polinización libre.

Actualmente en México se siguen programas de investigación que hacen estudios para la obtención de variedades de polinización libre, aprovechando que este método es mas corto y económico que el de la producción de híbridos, obteniéndose resultados igualmente satisfactorios y comparables con las poblaciones híbridas recomendadas para las zonas sorqueras del país (15).

Para llegar a obtener las variedades de polinización libre se siguen las metodologías ya descritas, es decir aplicación de métodos como el genealógico y el poblacional; cabe mencionar que rara vez se ha usado la selección en masa para la producción de nuevas variedades de sorgo (14).

Como se ha mencionado anteriormente los métodos necesarios para la obtención de las variedades buscadas se basan en la selección.

La selección en el cultivo del sorgo está enfocada a mejorar ciertas características, la mas importante es la obtención de mayores rendimientos; tomando en cuenta el uso específico para el cual se cultiva el sorgo, se observan características que influyen en el rendimiento como precocidad, altura, susceptibilidad al fotoperíodo y factores ambientales (14,18).

Otra característica buscada por los fitomejoradores es la adaptación a la cosecha mecánica; para mejorar esta característica se recomienda tomar en cuenta al efectuar la selección el porte bajo de las plantas, panículas erectas, firmeza del tallo, siendo también conveniente observar las plantas con excerción moderadamente grande, ya que esta característica permite el secado uniforme de la panoja. La buena calidad es una característica muy importante que requiere de la atención del seleccionador, ya que se deben observar los colores de las semillas debido a que hay preferencia por éstos; asi también, algunos colores están relacionados con el contenido de compuestos de alto valor nutritivo (14).

El objetivo al tratar de obtener variedades de polinización libre, es el evitar al agricultor la compra de semilla cada ciclo, tratando con esto de minimizar los costos de producción del cultivo.

Formación de variedades híbridas.

El sorgo para grano, difiere de muchas otras especies autógamas en que han alcanzado éxito comercial sus variedades híbridas.

Este cultivo aun siendo de flores pequeñas difíciles de emasculación dispone de muy buena aptitud para dispersar su polen y con relativa facilidad se pueden obtener líneas androestériles.

La esterilidad masculina está controlada por dos mecanismos hereditarios, el génico y el génico-citoplásmico; el primero está considerado como carácter recesivo simple y es poco empleado, mientras que el segundo sistema ha sido de particular utilidad no solo para el sorgo, sino para algunas otras especies autógamas cultivadas (18).

La androesterilidad génico-citoplásmica solo puede ser usada cuando la fertilidad masculina puede ser restaurada (3).

Así los híbridos de sorgo están basados en cruzamientos simples entre líneas de androesterilidad génico-citoplásmica y líneas polinizadoras restauradoras de la androfertilidad (14).

El procedimiento para la obtención de variedades híbridas en sorgo está basado en la utilización de tres tipos de línea endogámicas. Cabe mencionar que la idea fundamental de utilizar líneas endogámicas en la hibridación es con el objeto de que la herencia sea constante para saber con seguridad que cada vez que --

se haga la misma hibridación se obtendrá aproximadamente el mismo híbrido con las mismas características generales, mismo tipo agronómico y calidad (5). Las líneas utilizadas son; una línea androestéril (A), una línea mantenedora de la androesterilidad (B) y una línea restauradora de la androfertilidad (R) (18,14).

Para la multiplicación de la línea A, que será el progenitor femenino, es necesario cruzarla con la línea mantenedora de la androesterilidad, como el citoplasma proviene del progenitor femenino, cada generación de semilla de esa línea es androestéril como su progenitor materno; la relación adecuada para asegurar un mínimo de contaminación y obtener una polinización adecuada es de 4 surcos de línea A y 4 surcos de línea B (18). Es importante que las líneas A y B sean lo mas similares posible, difiriendo solo en el caracter androesterilidad, o sea que las líneas sean isogénicas, lo anterior con el motivo de que la línea B no influya negativamente en ningún carácter de tipo agronómico de la línea A debido a que dicha línea es escogida como progenitor por sus características genotípicas deseables.

El mantenimiento y producción del progenitor masculino no estriba mayor problema que el sembrar una parcela separada como el progenitor produce su propio polen existe poca contaminación con otro (18).

La línea A y la línea R una vez multiplicadas se siembran intercaladas a razón de 6 surcos de línea A y 2 surcos de línea

R, el polen como ya se ha mencionado es acarreado por el viento y así fecunda al progenitor femenino dando por resultado semilla híbrida de cruza simple; la relación 6-2 antes mencionada es recomendada para producciones comerciales (14), sin embargo esta relación puede variar dependiendo de la adaptación de las líneas, condiciones climáticas y grado de cleistogamia de la línea R. Las semillas de híbridos experimentales se recomienda producir en cantidades suficientes como para hacer siembras de ensayos durante tres ciclos (18).

MATERIALES Y METODOS

El presente estudio se realizó en el Campo Agrícola Experimental de la Facultad de Agronomía de la Universidad Autónoma de Nuevo León ubicado en la Ex-Hacienda Canadá, jurisdicción del municipio de General Escobedo Nuevo León. Durante el ciclo tardío de 1976.

Materiales

Los materiales usados para llevar a cabo el estudio en cuestión fueron los necesarios para realizar las prácticas de preparación del suelo, riego, deshierbes, aplicación de parasitoides y cosecha manual.

El material usado para motivo de identificación de las plantas, consistió en cintas de plástico de diferentes colores etiquetas y estacas; para la toma de datos fueron usadas cintas métricas de plástico con aproximación a milímetros y reglas de madera; para la identificación de las plantas después de cosechadas se utilizaron bolsas y sobres de papel.

El material sobre el cual se trabajó consistió en 47 poblaciones F_2 de sorgo derivadas de híbridos comerciales y experimentales. Los híbridos de los cuales fueron derivadas las poblaciones fueron:

- | | |
|---------------------|-----------------------|
| 1.- Otomí 2319 | 25.- Funk's G 577 |
| 2.- Jamanse 2188 | 26.- Funk's G 516-8R |
| 3.- Malinche | 27.- Funk's G 766 W |
| 4.- Cora 2185 | 28.- Funk's G 788 A |
| 5.- Tepehua 1017 | 29.- Funk's G 522 |
| 6.- Purepecha 1931 | 30.- Funk's G 589 |
| 7.- Sayulteco 66 | 31.- Pionner 8454 |
| 8.- Tepoca 2106 | 32.- Pionner 8202 |
| 9.- Olmeca 1787 | 33.- Pionner 846 |
| 10.- Guasapar 986 | 34.- Pionner 8417 |
| 11.- Huichol 2205 | 35.- Pionner 8311 |
| 12.- Masahua 555 | 36.- Pionner 866 |
| 13.- Cotonampe 655 | 37.- Pionner 828 |
| 14.- Tarasco 589 | 38.- Asgrow Granada |
| 15.- Kikapú 2040 | 39.- Asgrow Bravo 724 |
| 16.- Wac 674 | 40.- Asgrow Rico |
| 17.- Wac 672 | 41.- Asgrow Capitán |
| 18.- Wac 694 | 42.- Pame 1259 |
| 19.- Wac 697 | 43.- Chichimeca 44 |
| 20.- Wac 688 | 44.- Chichimeca 1699 |
| 21.- Wac Oro | 45.- Nahuatl 6091 |
| 22.- Wac Oro-T | 46.- Nahuatl 609 |
| 23.- Wac 692 | 47.- J.G.M. 201 |
| 24.- Funk's HW 3427 | |

Se utilizó además el híbrido Funk's G 522, como la población genéticamente homogénea.

Métodos

Establecimiento del material.

El material se sembró el 18 de agosto de 1976, realizándose se la siembra manualmente, la densidad de siembra usada fué de 15 Kgs./Ha. (un gramo por metro de surco). El experimento quedó dispuesto en parcelas de 5 metros de largo, siendo de dos - surcos para las primeras 15 poblaciones y de un surco para las restantes. El total del experimento constó de 47 parcelas; el número de parcela que ocupó cada tratamiento fué el número de tratamiento dado en la lista anterior. El motivo por el cual - algunas parcelas fueron mayores, fue debido a la cantidad de - semilla disponible. Para mayor ilustración se presenta la figura número 1 en el apéndice.

Toma de datos.

El desarrollo del cultivo se llevó a cabo normalmente hasta la madurez sexual; alrededor de esta etapa de crecimiento - se procedió a marcar plantas según su precocidad, para esto -- fueron usadas cintas de plástico de colores, esta práctica se hizo con motivo de no seleccionar plantas muy tardías, ya que lo que se buscó preferentemente fue material intermedio y precoz. Así mismo las plantas androestériles fueron marcadas para seleccionarlas y establecer en el siguiente ciclo un experimento para derivar líneas androestériles y mantenedoras de la androesterilidad.

Cada parcela, se consideró como una familia, así pues en

lo siguiente se usará este término para denominar a una parcela o población.

En cada familia se seleccionaron visualmente por caracteres agronómicos 20 plantas con competencia completa en las familias sembradas en un surco y 40 plantas con competencia completa en las familias sembradas en dos surcos.

Posteriormente, durante el desarrollo del cultivo se tomaron a cada planta los siguientes datos:

- 1.- Rendimiento
- 2.- Altura de Planta
- 3.- Excerción
- 4.- Longitud de Panoja
- 5.- Ancho de Panoja
- 6.- Perímetro de Tallo
- 7.- Número de Hojas.

Las mediciones se efectuaron con aproximación a centímetros en altura de planta, y en milímetros en las características restantes excepto en número de hojas, se obtuvieron mediciones de las siete características antes citadas para 1240 plantas resultantes.

Para obtener el rendimiento por planta la cosecha se efectuó manualmente conforme iban madurando las plantas, se separó cada panoja en una bolsa identificada claramente, se desgranó cada panoja por separado efectuándose esta práctica manualmente.

Cabe aclarar que las condiciones ambientales en la última etapa de desarrollo fueron muy variables, es decir se presentaron lluvias abundantes y bajas temperaturas, lo que ocasionó que el ciclo vegetativo se alargara y los rendimientos por planta fueran sumamente bajos. El grano se limpió con un abanico eléctrico, de tal manera que solo quedara el grano lleno y pesado ya que debido a las condiciones anteriormente explicadas hubo granos que no alcanzaron su llenado completo; hecha esta práctica quedó solo grano normal y apto para la siembra en el siguiente ciclo, el grano se pesó en una balanza eléctrica con aproximación a décimas de gramo.

Cabe mencionar que el daño al grano por el frío y humedad fue relativamente bajo, sin embargo hubo la necesidad de tomar en cuenta plantas dañadas ya que estaban seleccionadas previamente; a estas plantas seleccionadas se les calculó el por ciento de grano vano o no llenado, posteriormente se ajustó el valor obtenido de la balanza con el por ciento de grano no llenado, para así tener el rendimiento individual ajustado por daño de frío y además por daño de pájaro de las plantas previamente señaladas.

Cálculo de la respuesta a la selección.

Para calcular y predecir la respuesta a la selección para los caracteres anteriores, se usó la siguiente fórmula.

Donde:

$$R = i H \hat{\sigma}_F$$

R = Respuesta a la Selección

i = Intensidad de Selección

H = Heredabilidad

$\hat{\sigma}_F$ = Desviación fenotípica.

La aplicación de la fórmula anterior, como se observa exige el cálculo de la heredabilidad, y esta a su vez el cálculo de la varianza genética.

Para calcular la varianza genética se utilizó la fórmula

Donde:

$$\hat{\sigma}_G^2 = \hat{\sigma}_F^2 - \hat{\sigma}_E^2$$

$\hat{\sigma}_G^2$ = Varianza genética
 $\hat{\sigma}_F^2$ = Varianza fenotípica
 $\hat{\sigma}_E^2$ = Varianza ambiental.

La varianza fenotípica se calculó para todas las variables de cada una de las familias. La varianza ecológica se obtuvo de una población de 133 plantas de una población híbrida, la cual fue el híbrido Funk's G 522; la población híbrida se estableció distribuida a lo largo del experimento, esto con el motivo de que representara la varianza ecológica en la totalidad del terreno experimental.

La fórmula usada para el cálculo de la varianza fue la siguiente:

$$\sigma^2 = \frac{\sum x^2 - \frac{(\sum x)^2}{\eta}}{\eta - 1}$$

La heredabilidad fue calculada en sentido amplio, de acuerdo a la fórmula.

$$H^2 = \hat{\sigma}_G^2 / \hat{\sigma}_F^2$$

El término restante de la fórmula para predecir la respuesta a la selección, o sea la intensidad de selección se obtuvo de la figura número 2 mostrada en el apéndice, utilizando la presión de selección contra la curva de 20 individuos para las familias números 16 a 47 y usando la curva de infinito para las primeras 15 familias; obteniéndose así un valor de i de 0.95 para las primeras 15 familias y un valor de i de 0.91 para las restantes.

La predicción de la respuesta a la selección se hizo en base a una presión de selección de 40 por ciento sobre las 1240 plantas con las cuales se trabajó.

Así, el cálculo de la respuesta a la selección se obtuvo para cada una de las características de cada una de las 47 familias.

Aparte de predecir la respuesta a la selección como se mencionó anteriormente, se utilizó un segundo criterio para predecirla, consistiendo en la aplicación de la fórmula de respuesta relativa a la selección; o sea los valores obtenidos por el criterio anterior se dividieron entre la media de la población donde se aplicó la selección, expresándose el valor obtenido en por ciento.

Para poder identificar fácilmente un criterio del otro se le llamará al primero Respuesta Absoluta a la Selección y al segundo Respuesta Relativa a la Selección.

Cabe señalar que ambas respuestas están sobreestimadas debido a que la heredabilidad substituída en la fórmula, fue calculada en sentido amplio.

Cálculo de los valores genotípicos en relación con individuos y familias.

El valor genotípico de un individuo que se localiza en un lote de selección familiar puede expresarse como sigue:

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

Donde:

- \hat{Y}_{ij} = Valor genotípico de cada individuo
- Y_{ij} = Valor real de cada individuo
- $Y_{.j}$ = Media de la familia a la que pertenece el individuo
- $Y_{..}$ = Media de la población que comprende todas las familias.

Basándose en esta fórmula se tiene que el valor genotípico de cada individuo está representado por el valor $(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})$ es la componente entre familias y el valor $(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$ es la componente dentro de la familia.

La expresión anterior fue usada para predecir la selección en base a los componentes entre y dentro de familias; así en base a los valores obtenidos de dichas componentes se pue--

den recomendar los mejores individuos y las mejores familias,- esto es: para la selección dentro de familias se seleccionaron los individuos que presentaron un valor alto de la componente dentro de familias ($Y_{ij} - \bar{Y}_{.j}$) y para la selección entre familias se seleccionaron aquellas que presentaron un valor alto de la componente entre familias ($\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$). Considerándose -- valores altos para ambas componentes a los valores positivos, o sea que son valores mayores a la media ya sea de la familia o de la población.

Obviamente las poblaciones e individuos que presenten dichos valores altos serán seleccionados ya que presentarán medias altas.

Una excepción con respecto a la selección por el valor de la componente entre familias será en la característica agronómica de altura de planta, ya que se seleccionarán las poblaciones que presenten valores negativos de dicha componente debido a que lo que se busca en el cultivo del sorgo es menor altura.

Comparación de metodologías.

Para seleccionar los mejores individuos dentro de cada familia, se emplearon los siguientes criterios.

a) Se "seleccionaron" los mejores individuos de cada familia -- bajo una presión del 40 por ciento, considerándolo sobre la población de 20 o 40 plantas.

- b) Se "seleccionaron" los mejores individuos de cada familia - en base al valor $(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$.

La selección dentro de familias se hizo solamente para la característica de rendimiento.

Para la "selección" entre familias se siguieron tres criterios.

- a) Se "seleccionaron" las mejores familias en base al valor de respuesta absoluta a la selección, obtenida por la fórmula.-

$$R = i H \hat{G}_F$$

- b) Se "seleccionaron" las mejores familias en base al valor de respuesta relativa a la selección, obtenido por la fórmula

$$R = \frac{i H \hat{G}_F}{\bar{X}} \times 100$$

- c) Se "seleccionaron" las mejores familias en base al valor de $(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})$.

Ordenando de mayor a menor las familias por su valor de respuesta, se pudo establecer el criterio para seleccionar las familias por la respuesta relativa y la absoluta; este criterio se consideró en forma arbitraria para "seleccionar" como "mejores familias" aquellas que presentan un valor de respuesta superior al 50 por ciento del valor de respuesta mas alto encontrado, este valor se denominó arbitrariamente como valor base de respuesta a la selección. Sin embargo cuando la familia de mayor respuesta difería considerablemente del resto, se

tomó como valor base de respuesta a la selección el 50 por --- ciento del valor de respuesta de la segunda familia, o bien de la tercera si así se requería.

En la sección de Resultados y Discusión están dados los valores base de respuesta a la selección para cada una de las características agronómicas.

Cabe señalar que durante el presente trabajo se hace re--ferencia a la selección, sin embargo la "selección" realmente no se efectuó pues por motivos del trabajo todas las plantas - de cada familia F_2 (20 o 40) fueron llevadas a F_3 para que así quien continúe con dicha generación pueda tener una informa--ción preeliminar sobre los criterios aquí establecidos.

RESULTADOS Y DISCUSION

Como se ha mencionado anteriormente, en el presente trabajo se obtuvieron valores para efectuar selección entre familias y así mismo selección dentro de familias bajo varios criterios; los valores que se obtuvieron para efectuar la "selección" entre familias fueron los siguientes.

El valor de Respuesta Relativa a la Selección

El valor de Respuesta Absoluta a la Selección

El valor de la componente entre familias ($\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$)

Dichos valores se calcularon en cada una de las 47 familias para las 7 características agronómicas mencionadas anteriormente; para el cálculo de las respuestas a la selección se utilizaron los valores de media aritmética, varianza genética y heredabilidad que aparecen en los cuadros 9 al 15 del apéndice.

Para efectuar la selección dentro de familias (individual) los valores obtenidos fueron los siguientes:

El valor de la componente dentro de familias ($\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{.j}$)

Los mejores individuos bajo una presión de selección del 40 por ciento.

Dichos valores se calcularon para las 47 familias en la característica de rendimiento. Estos valores por motivo de espacio no se incluyen en el apéndice.

Selección entre familias

Para efectuar la predicción de las mejores familias en base a los tres criterios previamente mencionados, las familias se agruparon de mayor a menor en base a cada criterio. Esto se efectuó para las siete características estudiadas y tanto los resultados como la discusión de ellos se efectúa para cada una de estas características.

El criterio para definir que familias eran las mejores, como ya se señaló en la sección de Materiales y Métodos, fue el Valor Base de Respuesta a la Selección (VBRS), que se obtiene considerando el 50 por ciento del valor de la respuesta de la mejor familia; cuando la mejor familia se aleja demasiado del resto, el valor base de respuesta se obtiene de la segunda familia.

Altura de Planta.- Como se aprecia en el Cuadro 1 del apéndice, el valor mas alto de respuesta relativa a la selección se observa en la familia número 4 con un valor de 38.03 por ciento, el valor mínimo obtenido lo presenta la familia número 16 siendo éste de 2.79 por ciento. Las familias de las cuales se pueden esperar avances favorables son las primeras 13, debido a que se obtuvo un VBRS de 14 por ciento.

Para el valor de respuesta absoluta a la selección, se obtuvo que la familia número 4 presentó un valor de 46.96 por ciento, siendo éste el mas alto; la familia número 16 mostró el valor mínimo, siendo éste de 2.79 por ciento. Las familias de las cuales se podrían esperar avances favorables para la

siguiente generación, serán las que sobrepasen el valor base de respuesta a la selección de 19; lo anterior implica que las primeras 11 familias mostradas en el Cuadro 1 son de las que se espera el avance favorable ya mencionado.

De acuerdo con lo establecido en la sección de Materiales y Métodos, para este criterio se puede observar que con los valores obtenidos para la componente entre familias se puede predecir que las familias de las cuales se esperan avances favorables son las que muestran los mínimos valores, queriendo decir con esto que dichas familias son de porte bajo. Así pues, el máximo valor lo muestra la familia número 42 y el valor mínimo lo muestra la familia número 30, dicho valor es de -23.72. Observando los valores de este criterio se puede decir que las mejores familias serán aquellas que presenten un valor negativo.

Excerción.- Como se aprecia en el Cuadro 2 del apéndice, para esta característica la familia que mostró el valor más alto de respuesta relativa a la selección fue la número 41 con un valor de 61.66 por ciento; el valor mínimo obtenido lo muestra la familia número 43 con 4.33 por ciento. Con respecto al valor superior, se puede decir que junto con la familia número 41 se espera que posiblemente muestren un avance generacional favorable las familias que sobrepasen el valor base de respuesta a la selección de 30 por ciento, dichas familias son las primeras 8 mostradas en el Cuadro 2 del apéndice.

Respecto a la respuesta absoluta a la selección, el máximo valor obtenido fue de 6.92, mostrado por la familia número 38, el valor mínimo obtenido fue de 0.04 mostrado por la familia número 13. Las familias que muestran valores favorables de respuesta son las primeras 24, es decir las que sobrepasen el valor base de respuesta a la selección de 3.5.

Observando los valores de $(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})$, las familias que muestran valores positivos serán las mas apropiadas para trabajar, ya que esto expresa que dichas poblaciones poseen una excerción buena.

Longitud de Panoja.- Para el criterio de respuesta relativa a la selección; en el Cuadro 3 del apéndice se aprecia que, el valor máximo obtenido lo muestra la familia número 3 con un 34.25 por ciento, el mínimo valor obtenido fue de 1.76 por --- ciento mostrado por la familia número 38. Considerando los valores anteriores se puede decir que las poblaciones de las cuales se esperará respuesta a la selección favorable son las que rebasan el valor base de respuesta a la selección que es de -- 10 por ciento, en base a esto las 11 primeras familias son las que mostrarán un avance generacional favorable.

Los valores de respuesta absoluta a la selección muestran que la familia número 32 junto con las 7 familias siguientes - mostradas en el Cuadro 3 del apéndice, poseen valores favora-- bles de respuesta a la selección, así pues dichas familias son las mas indicadas para trabajar con ellas en siguientes generales

ciones.

Respecto a los valores obtenidos de $(\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})$, la familia número 15 muestra el mas alto siendo 3.97; la familia número 36 muestra el mínimo valor siendo éste - 3.56. Las familias que muestran un valor positivo son recomendables para trabajar con ellas en siguientes ciclos de selección, pensando que posiblemente alcancen buenos resultados.

Ancho de Panoja.- En el Cuadro 4 del apéndice se observa que para el criterio de respuesta relativa a la selección, el valor mínimo obtenido fue de 2.8 por ciento mostrado por la familia número 12, el máximo valor obtenido fué de 28.99 mostrado por la familia número 15, a esta última le siguen con valores aceptables 9 poblaciones mas, entendiéndose como valores aceptables los que rebasen el valor de 15 por ciento.

Bajo el criterio de respuesta absoluta a la selección, las familias de las cuales se podría esperar mayor avance mediante selección son las 14 primeras mostradas en el Cuadro 4 del apéndice, lo anterior en base a que poseen un valor de respuesta a la selección superior a 0.8.

Los valores de $(\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})$ obtenidos para las diversas familias, fluctuaron entre - 2.14 y 3.37, siendo el primero de dichos valores obtenido por la familia número 6, y el valor mas alto lo obtuvo la familia número 2; así las familias que posiblemente sean las que presenten mayores avances por selección serán las que posean valores positivos.

Número de Hojas.- En el Cuadro 5 del apéndice se observa que para los valores de respuesta relativa a la selección, se puede considerar que las familias que rebasaron el 11 por ciento se consideran favorables, siendo las primeras 6 las que rebasan este valor.

Respecto a los valores de respuesta absoluta a la selección, el mínimo obtenido fue de 0.03 mostrado por la familia número 17 y el máximo fué de 2 obtenido por la familia número 32. Junto con dicha familia se observa que las siguientes 6 muestran valores favorables para la selección, es decir sobrepasan el valor base de respuesta a la selección que es de 0.79

Los valores obtenidos de $(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})$, en este caso varían entre 0.94 y - 1, lo que indica que las familias en lo que mas pueden diferir será en dos hojas y debido a la poca variación en este carácter se considera a las familias que muestran valores positivos como las que posiblemente obtengan mayores avances por selección.

Perímetro de Tallo.- En el Cuadro 6 del apéndice los valores obtenidos de respuesta relativa a la selección que se observan sugieren un valor base de respuesta a la selección de 5.5, quedando así incluidas las primeras 17 familias mostradas en el cuadro citado.

Respecto a los valores de respuesta absoluta a la selección, se observa que varían de 0.03 a 0.96, siendo este último obtenido por la familia número 45, así las poblaciones que

muestran mayores aptitudes para avanzar por selección son las que sobrepasan el valor base de respuesta a la selección de -- 0.48, siendo estas las primeras 5 familias mostradas en el Cuadro 6 del apéndice.

En cuanto al valor de $(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})$, se observa que la familia número 36 muestra el valor mínimo obtenido, siendo éste de - 0.76; el valor máximo obtenido es de 0.98 mostrado por la familia número 41; así de las familias que se espera que posiblemente avancen por selección serán aquellas que presenten valores positivos de $(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})$.

Rendimiento.- Para esta importante característica los valores de respuesta relativa a la selección, mostrados en el -- Cuadro 7 del apéndice, fluctuaron entre 4.63 para la familia número 14 y 81.35 para la familia número 36; las primeras 20 familias mostradas en el cuadro citado son las que muestran un valor superior al valor base de respuesta a la selección de 40 por ciento, así pues dichas familias son las que posiblemente alcanzarán mayores avances en el siguiente ciclo de selección.

Para los valores de respuesta absoluta a la selección, el valor mínimo obtenido fue de 0.24, mostrado por la familia número 33; siendo el máximo 6.49, mostrado por la familia número 29; junto con esta última familia se puede apreciar que las 12 siguientes, muestran valores aceptables en base al valor base de respuesta a la selección.

Respecto a los valores obtenidos de $(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})$, se obser

va que el valor máximo lo muestra la familia número 15, junto con dicha familia las siguientes 23 muestran valores positivos.

Observando los resultados obtenidos para cada uno de los tres criterios preestablecidos para las 7 variables estudiadas, se pueden generar a su vez los siguientes 8 criterios que permitirán considerar las familias como superiores:

- 1.- Considerar como familias superiores aquellas que presenten buena respuesta relativa en cuando menos tres caracteres además del rendimiento.
- 2.- Considerar como familias superiores aquellas que presenten buena respuesta absoluta a la selección cuando menos en tres caracteres además del rendimiento.
- 3.- Considerar como familias superiores aquellas que presenten buena componente entre familias en tres caracteres además del rendimiento.
- 4.- Considerar como familias superiores a aquellas familias que tanto en respuesta relativa, como en respuesta absoluta y componente entre familias presenten buen comportamiento en cuando menos tres caracteres además del rendimiento.
- 5.- Considerar como familias superiores a aquellas que presenten buena respuesta relativa por rendimiento.
- 6.- Considerar como familias superiores a aquellas que presenten buena respuesta absoluta para rendimiento.
- 7.- Considerar como familias superiores a aquellas que presenten buena componente entre familias para rendimiento.

8.- Considerar como familias superiores a aquellas que presenten buena respuesta relativa, respuesta absoluta y componente entre familias para rendimiento.

Considerando los 8 criterios anteriores; para el criterio número uno, las familias consideradas como superiores fueron, como se puede apreciar en el Cuadro 1 las familias números 4, 3, 46, 45 y 8.

Para el criterio dos previamente señalado, como se observa en el Cuadro 2, las familias sobresalientes fueron la 4, la 11 y la 24.

Las familias sobresalientes bajo el criterio tres como se puede apreciar en el Cuadro 3, fueron las números 15, 4, 11, 32, 21, 3, 24, 28, 8, 22, 2, 9, 12, 10, 23, 27 y 16.

Considerando los tres criterios anteriores, se puede establecer el criterio cuatro previamente explicado, en el cual las familias sobresalientes fueron las número 4, 11, 8, 24 (ver Cuadro 4).

Para los criterios cinco, seis, siete y ocho que involucran solamente el rendimiento, se encontró lo siguiente:

Las familias sobresalientes bajo la aplicación del criterio cinco son la 36, 29, 4, 3, 46, 16, 45, 28, 18, 42, 26, 27, 8, 2, 25, 39, 22, 11, 24, 19, (ver Cuadro número 1).

Las familias sobresalientes bajo el criterio seis fueron

las números 29, 4, 3, 28, 16, 36, 11, 8, 26, 24, 27, 22 y 2, - (ver Cuadro 2 y Cuadro 4 del apéndice).

Las familias que posiblemente avancen por selección, según el criterio siete son las números 4, 15, 11, 32, 21, 3, 28, 24, 29, 30, 14, 8, 22, 31, 26, 13, 20, 2, 27, 23, 16, 9, 12 y 10, (ver Cuadro 3).

Las familias de las cuales se espera que avancen por selección bajo el criterio ocho son la 4, 11, 3, 28, 16, 26, 24, 27, 22 y 2, (ver Cuadro 5).

Selección dentro de familias

Obviando los resultados, es posible establecer fácilmente los individuos seleccionados. Como se explicó anteriormente la selección se aplicó bajo los dos siguientes criterios:

- a) Seleccionar las mejores plantas bajo una presión de 40 por ciento.
- b) Seleccionar los individuos que presentaron los valores mas altos (positivos) de $(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$.

La característica en la cual se aplicó dicha selección - fué en la de rendimiento y por lo tanto la presión del 40 por ciento fue fijada considerando que en poblaciones F_2 no son convenientes presiones mayores, pues se pueden eliminar individuos con genotipos deseables, sobre todo en caracteres cuantitativos.

Los individuos seleccionados por ambos criterios y para todas las familias se presentan en el Cuadro 8 del apéndice; cabe especificar que los números contenidos en el cuadro sirven para motivo de identificación individual; así, se tiene que cada número mencionado en el Cuadro 8 se refiere a una planta seleccionada en cada familia. También en el Cuadro 8 del apéndice se da el porcentaje de coincidencia de los dos criterios para cada familia.

Se puede apreciar en el Cuadro 8 una coincidencia alta entre los dos criterios, esto indica que aproximadamente al seleccionar a una presión de selección del 40 por ciento, se está aplicando el criterio de seleccionar las plantas o individuos por los valores de $(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$.

Así se puede observar que hubo coincidencia en un 100 por ciento en las familias 8, 25, 27, 30, 34, 40, 43, 45, 46, 47.

El número de familias en las cuales se seleccionaron pocos menos del 40 por ciento de individuos bajo el criterio de seleccionar por valores de $(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$ fue de 19, dichas familias son la 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 10, 16, 18, 22, 26, 29, 32, 36, 37, 39, 41, 44.

Las familias en las cuales se seleccionaron poco más del 40 por ciento de individuos bajo el criterio de seleccionar por valores de $(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$ fueron la 9, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 19, 20, 21, 23, 24, 28, 31, 33, 35, 38, 42.

Considerando a todas las familias, el promedio de coincidencia entre los dos criterios fue de 87.37 por ciento; lo que puede indicar que los dos criterios practicamente sean iguales

Se deberá considerar que una presión de selección (p) -- fuerte en F_2 , puede eliminar individuos que darían origen a -- líneas superiores en generaciones avanzadas. Por tal motivo, -- como el fijar una presión de selección es un tanto arbitrario, -- posiblemente sea mejor usar el criterio de desviación respecto a la media de la familia para efectuar la selección individual por rendimiento en generaciones F_2 . De acuerdo con los resultados obtenidos para una presión de selección del 40 por ciento pueden seleccionarse individuos inferiores a la media de la -- población, en cambio la selección en base a la componente dentro de familias $(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$ aseguran agrupar a los individuos realmente superiores.

Cuadro 1.- Familias seleccionadas por Respuesta Relativa a la Selección para las siete características estudiadas.

Altura de Planta	Excerción	Long.de Panoja	Ancho Panoja	No.de Hojas	Perímetro de Tallo	Rendimiento
4	41	3	15	32	45	36
47	47	18	2	40	44	29
9	38	45	46	1	21	4
8	26	11	5	8	38	3
38	24	15	3	15	41	46
46	21	27	11	47	2	16
24	3	7	4		8	45
27	46	46	31		30	28
36		30	45		1	18
23		19	18		29	42
6		4			39	26
44					31	27
14					26	8
					42	2
					20	25
					28	39
					7	22
						11
						24
						19

Cuadro 2.- Familias seleccionadas por Respuesta Absoluta a la Selección para las siete características estudiadas.

Altura de Planta	Excerción	Long. de Panoja	Ancho Panoja	No. de Hoja	Perímetro De tallo	Rendimien to.
4	38	32	15	32	45	29
9	24	3	2	1	44	4
47	21	18	46	40	21	3
8	47	15	31	8	38	28
38	27	11	11	15	41	16
46	46	45	3	47		36
6	26	27	4	33		11
14	41	7	5			8
24	19		45			26
7	44		18			24
1	28		37			27
	20		34			22
	6		26			2
	16		24			
	5					
	4					
	39					
	37					
	9					
	42					
	3					
	8					
	11					
	29					

Cuadro 3.- Familias seleccionadas por su componente entre familias ($\bar{Y}_j - \bar{Y}..$), para las siete características estudiadas.

Altura de Planta	Excerción	Long.de Panoja	Ancho Panoja	No.de Hojas	Perímetro de Tallo	Rendimiento
30	43	15	2	6	41	15
16	9	2	15	24	28	4
41	42	11	26	5	1	11
25	45	8	31	21	3	32
35	11	3	32	26	26	21
40	13	16	8	9	16	3
1	15	41	9	11	18	28
33	12	45	47	10	24	24
29	27	46	34	18	5	29
23	7	42	45	33	33	30
20	14	9	33	39	2	14
18	8	31	24	22	23	8
38	44	5	10	7	32	22
26	6	21	11	28	30	31
31	32	7	39	27	31	26
22	10	12	41	12	4	13
36	2	14	3	8	21	20
27	21	4	37	23	29	2
3	34	34	4	37	19	27
17	31	26	46	19	20	23
24	19	13		15	27	16
2		32		36	22	9
32						12
34						10
47						
21						
46						
28						
19						

Cuadro 4.- Familias seleccionadas bajo cada uno de los tres --
criterios usados, sobresalientes cuando menos en --
cuatro de las siete características estudiadas.

Respuesta Relativa a la Selección	4, 13, 46, 45, 8
Respuesta Absoluta a la Selección	4, 11, 24
Componente entre Familias ($\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$)	15,4, 11, 32, 3, 21, 3, 24, 28, 8, 22, 2, 9, 12, 10,27, 23, 16

Cuadro 5.- Familias seleccionadas bajo cada uno de los crite--
rios aplicados, para la característica de Rendimien--
to.

Resp. Relativa a la Selección	Resp. Absoluta a la Selección	Valor de ($\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$)	Conjuntando los tres Cri- terios (Crite- rio 8)
36	29	15	4
29	4	4	11
4	3	11	3
3	28	32	28
46	16	21	16
16	36	3	26
45	11	28	24
28	8	24	27
18	26	29	22
42	26	30	2

Cuadro 5.- (Continuación)

26	27	14
27	22	8
8	2	22
2		31
25		26
39		13
22		20
11		2
24		27
19		23
		16
		9
		12
		10

CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

En base a los resultados obtenidos en este estudio, se puede concluir lo siguiente:

- 1.- Las familias 4, 3, 46, 45 y 8, se considera que posiblemente aportarán buenos materiales en generaciones avanzadas, esto bajo el criterio de Respuesta Relativa a la Selección y considerando las siete características estudiadas.
- 2.- Las familias 4, 11 y 24 posiblemente en generaciones avanzadas alcanzarán a ser buenos materiales; lo anterior en base al criterio de Respuesta Absoluta a la Selección considerado conjuntamente para las siete características estudiadas.
- 3.- Por su componente entre familias ($\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$), se concluye que las familias 15, 4, 11, 32, 21, 3, 24, 28, 8, 22, 2, 9, 12, 10, 23, 27 y 16 son las mas aptas para realizar trabajos de selección.
- 4.- Las familias que probablemente darán lugar a buenos materiales son la 4, 11, 8 y 24, esto se concluye en base a los criterios de Respuesta Relativa a la Selección, Respuesta Absoluta a la Selección, y componente entre familias aplicados a las siete características.
- 5.- Tomando en cuenta unicamente la característica de rendimiento, se concluye que posiblemente las familias 36, 29, 4, 3, 46, 16, 45, 28, 18, 42, 26, 27, 8, 2, 25, 39, 22, 11, 24 y 19, son las mas aptas para seguir trabajando con ellas bajo selección, lo anterior en base al criterio de Respuesta

Relativa a la Selección.

- 6.- Las familias 29, 4, 3, 28, 16, 36, 11, 8, 26, 24, 27, 22 y 2, si se continúan seleccionando posiblemente alcanzarán resultados favorables, basándose esto en la aplicación del criterio de Respuesta Absoluta a la Selección en la característica de rendimiento.
- 7.- Las familias que por su componente entre $(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})$, podrían llegar a alcanzar buenos resultados bajo la característica de rendimiento son, la 4, 15, 11, 32, 21, 3, 28, - 29, 30, 24, 14, 8, 22, 31, 26, 13, 20, 2, 27, 23, 16, 9, - 12 y 10.
- 8.- Las familias que probablemente tengan buenos avances por selección son, la 4, 11, 3, 28, 16, 26, 24, 27, 22 y 2, es to en base al criterio de Respuesta Absoluta a la Selección, al criterio de Respuesta Relativa a la Selección y componente entre familias, lo anterior basado en la característica de rendimiento.
- 9.- De ninguna manera estas conclusiones serán determinantes, pues serán comprobadas cuando se cuantifique bajo los diferentes criterios el número de líneas aportadas a ensayos de rendimiento por cada familia de las que se estudiaron en este trabajo.
- 10.- La selección individual dentro de las familias bajo una presión de selección del 40 por ciento es prácticamente similar a seleccionar los individuos que sobrepasen a la media de la familia. Sin embargo, en ocasiones se pueden se-

leccionar individuos abajo de la media de la familia.

- 11.- Si bien es cierto que la estimación de la componente ambiental en el presente trabajo fue aceptable, se considera que al efectuar trabajos futuros de predicción de respuesta a la selección, hacerlos bajo diseño, incluyéndose además poblaciones en las que se estime la componente ambiental.
- 12.- Al medir la varianza ecológica se recomienda hacerlo en las poblaciones F_1 respectivas de cada población F_2 en la cual se vaya a predecir su respuesta a la selección, esto debido a que no todas las poblaciones F_1 muestran el mismo valor de interacción genotipo-ambiente dando por lo tanto valores diferentes de varianza ecológica cada una de las poblaciones F_1 .
- 13.- Es conveniente para una predicción mas precisa de respuesta a la selección, usar la fórmula de heredabilidad en sentido estrecho, lo que se puede lograr involucrando bajo diseño los progenitores, F_1 , F_2 , y ambas retrocruzas.
- 14.- Se recomienda continuar el presente trabajo por el método genealógico, y mediante el número de líneas que aporte cada familia a ensayos preeliminares de rendimiento (F_6), definir si alguno(s) de los criterios aquí considerados puede ser útil para seleccionar las mejores familias F_2 .

RESUMEN

El presente estudio se realizó en el Campo Agrícola Experimental de la Facultad de Agronomía de la Universidad Autónoma de Nuevo León; ubicado en el municipio de General Escobedo Nuevo León; durante el ciclo tardío de 1976.

El presente trabajo pretende establecer criterios para seleccionar entre y dentro de 47 familias F_2 , derivadas de híbridos comerciales de sorgo para grano; para lo cual se utilizaron las características rendimiento, altura de planta, excursión, longitud de panoja, ancho de panoja, número de hojas y perímetro de tallo.

La selección entre familias se efectuó en base a tres valores; uno de Respuesta Relativa a la Selección, otro de Respuesta Absoluta a la Selección y Componente entre familias.

Los valores citados permitieron establecer ocho criterios de selección; los cuales fueron:

- 1) Seleccionar las familias que mostraran valores favorables de Respuesta Relativa a la Selección; en la característica de rendimiento y por lo menos tres características mas.
- 2) Seleccionar las familias que mostraran valores favorables de Respuesta Absoluta a la Selección en la característica de rendimiento y por lo menos tres características mas.
- 3) Seleccionar las familias que presentaran valores favora--

bles de su Componente entre familias, en las características de rendimiento y por lo menos tres mas.

- 4) Seleccionar las familias que aparecieran seleccionadas en por lo menos dos de los tres criterios anteriores.
- 5) Seleccionar las familias que mostraran valores favorables de Respuesta Relativa a la Selección en la característica de rendimiento.
- 6) Seleccionar las familias que mostraran valores favorables de Respuesta Absoluta a la Selección en la característica de rendimiento.
- 7) Seleccionar las familias que mostraran valores favorables de su componente entre familias para la característica de rendimiento.
- 8) Seleccionar las familias que por rendimiento fueran recomendadas en por lo menos dos de los tres criterios anteriores.

Respecto a la selección entre familias, se obtienen las "mejores" familias F_2 para cada uno de los criterios establecidos y se considera que posiblemente los criterios cuatro y ocho sean los que permitan identificar las familias de las cuales probablemente se obtengan un mayor número de líneas experimentales.

La selección dentro de familias se efectuó en base a -- dos criterios; seleccionando las mejores plantas bajo una --

presión de selección del 40 por ciento y seleccionando los individuos con valores aceptables de su componente dentro de familias. Concluyéndose, que los criterios usados para practicar selección dentro de familias, prácticamente son iguales.

Las familias estudiadas deberán avanzarse generacionalmente por el método genealógico, para que mediante el número de líneas que aporte cada familia a ensayos preeliminarios de rendimiento, se pueda definir cuales criterios de los considerados en este trabajo, serán útiles para efectuar selección entre familias F_2 .

BIBLIOGRAFIA

- 1.- ALLARD, R.W. 1967. Principios de la mejora genética de las plantas. 498 p. Ediciones Omega S.A., Barcelona.
- 2.- ANGELES, A.H. 1968. Comentarios sobre la selección masal en el pasado y sus posibilidades en los programas actuales de mejoramiento de maíz. P.C.C.M.M. séptima reunión, Tegucigalpa (Honduras).
- 3.- ANONIMO. 1973. Third international course in plant breeding, Wageningen (The Netherland).
- 4.- BECKER, W.A. 1975. Manual of quantitative genetics. 170 pp. Washington state University Press, Washington.
- 5.- BRAUER, O. 1973. Fitogenética aplicada. 518 p. Editorial Limusa, México.
- 6.- BREWBAKER, J.L. 1967. Genética agrícola. Unión Tipográfica Editorial Hispano Americana, México.
- 7.- BRIGS, F.N. and P.F. Kowles. 1976. Introduction to plant breeding. 427 pp. Reinkold Publishing, U.S.A.
- 8.- ELLIOT, F.C. 1964. Mejoramiento de plantas; citogenética. 474 p. Compañía Editorial Continental, S.A., México.
- 9.- FALCONER, D.S. 1976. Introducción a la genética cuantitativa. 430 p. Compañía Editorial Continental, S.A., México.

- 10.- LOMA, J.L.de la. 1963. Genética general y aplicada. 752 p. Unión Tipográfica Editorial Hispano Americana, México.
- 11.- METTLER, L.E. y Thomas G. Gregg. 1972. Genética de las poblaciones y evolución. 245 p. Unión Tipográfica Editorial Hispano Americana, México.
- 12.- MOLINA, G.J. 1976. El método de selección masal visual estratificada. VI Congreso Nacional de Fitogenética, Monterrey, N.L. (México).
- 13.- OSTLE, B. 1974. Estadística aplicada. Editorial Limusa, México.
- 14.- POEHLMAN, J.M. 1965. Mejoramiento genético de las cosechas. 453 p. Editorial Limusa, México.
- 15.- ROMO, C.E. 1976. Obtención de variedades de sorgo de polinización libre a partir de compuestos integrados con generaciones avanzadas de híbridos. VI Congreso Nacional de Fitogenética, Monterrey, N.L. (México).
- 16.- STANSFIELD, W.D. 1969. Genética; teoría y problemas. 298 p. McGRAW - HILL Inc., U.S.A.
- 17.- VALDEZ, L.C.G.S. 1975. Curso de fitomejoramiento. Facultad de Agronomía, Universidad Autónoma de Nuevo León, México.
- 18.- WALL, J.S. y William M. Ross. 1975. Producción y usos -

del sorgo. 399 p. Editorial Hemisferio Sur, Buenos -
Aires (Argentina).

19.- WILLIAMS, W. 1965. Principios de genética y mejora de -
las plantas. Editorial Acribia, España.

A P E N D I C E .

Cuadro 1.- Valores obtenidos para los criterios de Respuesta Relativa, Respuesta Absoluta y componente entre familias para la característica de altura de planta.

Lugar	Resp. Relativa a la Selección		Resp. Absoluta a la Selección		Valor de $(Y_j - Y_{..})$	
	Familia	Valor	Familia	Valor	Familia	Valor
1	4	38.03	4	46.96	42	32.78
2	47	29.38	9	46.96	6	28.25
3	9	24.90	47	35.59	43	26.43
4	8	22.97	8	35.40	9	25.26
5	38	22.91	38	31.16	10	24.75
6	46	19.32	46	25.44	7	23.66
7	24	17.38	6	23.50	11	23.23
8	27	16.04	14	21.64	14	23.03
9	36	14.61	24	20.66	5	19.15
10	23	14.38	7	20.40	13	16.50
11	6	14.30	1	19.65	12	13.95
12	44	14.27	10	19.49	8	12.99
13	14	14.14	27	18.80	45	11.43
14	26	13.77	44	18.69	15	9.88
15	35	13.47	45	18.46	44	6.35
16	7	13.40	36	17.10	39	2.43
17	1	13.37	21	16.89	37	1.23
18	41	13.24	5	16.00	4	0.39
19	21	13.17	26	15.92	19	-0.27
20	45	12.78	23	15.62	28	-0.32
21	10	12.72	43	15.24	46	-1.47
22	33	11.52	12	15.07	21	-1.57

Cuadro 1.- (Continuación).

23	5	11.20	11	15.06	47	- 2.62
24	12	11.01	35	14.06	34	- 3.07
25	31	10.99	15	13.59	32	- 3.32
26	29	10.65	41	13.49	2	- 3.37
27	11	10.30	31	12.62	24	- 5.72
28	43	10.21	33	12.30	17	- 5.92
29	15	10.20	2	11.95	3	- 6.17
30	2	9.98	37	11.93	27	- 6.57
31	20	9.87	34	11.51	36	- 7.47
32	37	9.68	29	11.43	22	- 7.57
33	34	9.59	13	11.18	31	- 8.22
34	32	9.29	32	11.12	26	- 9.62
35	19	8.76	19	10.68	38	-12.07
36	3	8.70	20	10.65	18	-12.37
37	40	8.41	3	10.17	20	-14.37
38	13	8.08	40	8.79	23	-15.42
39	30	7.22	42	8.41	29	-15.77
40	25	6.43	39	7.78	33	-16.27
41	39	6.28	28	7.17	1	-16.97
42	28	5.84	30	7.17	40	-18.37
43	42	5.41	25	6.62	35	-18.70
44	17	5.18	17	5.97	25	-19.62
45	22	4.26	22	4.85	41	-21.17
46	18	4.24	18	4.64	16	-23.27
47	16	2.87	16	2.79	30	-23.72

Cuadro 2.- Valores obtenidos para los criterios de Respuesta Relativa a la Selección, Respuesta Absoluta a la Selección y componente entre familias para la característica de excerción.

Lugar	Resp. Relativa a la Selección		Resp. Absoluta a la Selección		Valor de $(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})$	
	Familia	Valor	Familia	Valor	Familia	Valor
1	41	61.66	38	6.92	43	8.66
2	47	44.10	24	6.70	9	6.32
3	38	44.07	21	6.29	42	6.29
4	26	43.52	47	6.16	45	6.04
5	24	43.23	27	6.06	11	5.29
6	21	34.89	46	5.13	13	5.20
7	3	31.40	26	5.09	15	5.20
8	46	31.38	41	4.91	12	4.94
9	16	28.61	19	4.82	27	3.82
10	39	28.60	44	4.81	7	3.67
11	27	28.48	28	4.62	14	3.13
12	33	28.13	20	4.40	8	2.70
13	19	27.51	6	4.34	44	2.57
14	20	27.29	16	4.30	6	1.95
15	28	27.01	5	4.30	32	1.85
16	5	25.92	4	4.11	10	1.78
17	37	25.66	39	4.07	2	1.37
18	44	24.58	37	4.05	21	0.62
19	4	23.87	9	3.99	34	0.21
20	25	23.68	42	3.93	31	0.11
21	6	22.42	3	3.83	19	0.07
22	29	20.62	8	3.73	4	- 0.16

Cuadro 2.- (Continuación).

23	31	19.30	11	3.65	29	- 0.19
24	13	18.95	29	3.56	17	- 0.40
25	8	18.52	25	3.42	5	- 0.84
26	9	16.81	31	3.39	28	- 0.85
27	42	16.68	12	3.36	22	- 0.92
28	10	16.57	45	3.31	36	- 1.01
29	11	16.11	10	3.19	46	- 1.12
30	32	15.76	32	3.04	20	- 1.27
31	12	15.01	33	2.67	18	- 1.52
32	40	14.79	14	2.62	37	- 1.66
33	45	14.11	7	2.56	38	- 1.75
34	14	12.72	2	2.25	24	- 1.97
35	30	12.46	40	2.03	16	- 2.42
36	2	12.32	30	1.33	30	- 2.71
37	7	12.15	22	1.83	25	- 3.01
38	22	11.11	15	1.33	39	- 3.21
39	23	8.92	36	1.29	1	- 3.36
40	18	7.99	18	1.26	23	- 3.47
41	36	7.89	23	1.24	47	- 3.47
42	35	6.94	43	1.12	40	- 3.69
43	34	6.12	34	1.08	35	- 4.77
44	15	5.91	35	0.88	3	- 5.26
45	43	4.33	13	0.04	26	- 5.75
					33	- 7.97
					41	- 9.50

Cuadro 3.- Valores Obtenidos para los criterios de Respuesta - Relativa a la Selección, Respuesta Absoluta a la Selección y Componente entre familias, para la característica de Longitud de Panoja.

Lugar	Resp. Relativa a la Selección		Resp. Absoluta a la Selección		Valor de (Y. _j -Y..)	
	Familia	Valor	Familia	Valor	Familia	Valor
1	3	34.25	32	8.71	15	3.97
2	18	28.21	3	8.35	2	3.96
3	45	19.68	18	5.76	11	3.04
4	11	19.33	15	5.03	8	2.74
5	15	19.27	11	4.86	3	2.32
6	27	18.31	45	4.68	16	2.05
7	7	12.91	27	3.72	41	1.88
8	46	11.93	7	2.95	45	1.68
9	30	10.49	46	2.83	46	1.63
10	19.	10.15	2	2.32	42	1.43
11	4	10.14	4	2.28	9	1.33
12	1	9.61	1	2.11	31	1.16
13	2	8.93	30	2.09	5	0.98
14	35	8.30	19	2.07	21	0.83
15	5	7.73	5	1.78	7	0.75
16	25	7.68	12	1.71	12	0.65
17	12	7.59	31	1.71	14	0.53
18	31	7.35	25	1.66	4	0.36
19	36	6.09	35	1.62	34	0.30
20	8	6.03	8	1.49	26	0.28
21	32	5.53	36	1.30	13	0.09

Caudro 3.- (Continuación)

22	39	5.23	41	1.25	32	0.03
23	41	5.20	26	1.10	29	-0.06
24	6	5.16	29	1.07	1	-0.07
25	44	5.10	6	1.07	24	-0.11
26	26	4.96	44	1.06	43	-0.21
27	23	4.94	9	1.05	25	-0.31
28	29	4.87	23	1.05	10	-0.35
29	10	4.78	39	1.03	20	-0.61
30	22	4.63	10	1.02	23	-0.61
31	9	4.50	22	0.95	47	-0.61
32	47	4.15	47	0.86	28	0.66
33	16	3.94	16	0.82	6	-0.99
34	28	3.69	28	0.79	17	-1.06
35	17	3.47	17	0.71	44	-1.27
36	20	3.05	20	0.64	22	-1.46
37	42	2.66	42	0.61	33	-1.51
38	37	2.16	43	0.46	19	-1.66
39	43	2.11	34	0.46	40	-1.66
40	34	2.08	14	0.43	18	-1.71
41	14	1.98	37	0.41	27	-1.81
42	38	1.76	38	0.35	30	-2.16
43					38	-2.25
44					39	-2.26
45					37	-2.43
46					35	-2.63
47					36	-3.56

Cuadro 4.- Valores obtenidos para los criterios de Respuesta Relativa a la Selección, Respuesta Absoluta a la Selección y componente entre familias para la característica de ancho de panoja.

Lugar	Resp. Relativa a la Selección		Resp. Absoluta a la Selección		Valor de $(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})$	
	Familia	Valor	Familia	Valor	Familia	Valor
1	15	28.99	15	2.50	2	3.37
2	2	24.75	2	2.47	15	2.04
3	46	23.25	46	1.59	26	1.68
4	5	21.53	31	1.44	31	1.59
5	3	20.53	11	1.42	32	1.45
6	11	20.20	3	1.41	8	1.41
7	4	19.93	4	1.35	9	1.14
8	31	17.59	5	1.27	47	1.03
9	45	16.99	45	1.23	34	0.78
10	18	16.35	18	1.02	45	0.73
11	37	13.92	37	0.96	33	0.68
12	34	11.35	34	0.83	24	0.63
13	24	11.32	26	0.82	10	0.54
14	26	9.99	24	0.81	11	0.44
15	8	8.95	8	0.71	39	0.38
16	21	8.66	21	0.56	41	0.38
17	35	7.88	35	0.50	3	0.37
18	7	7.82	42	0.47	37	0.28
19	42	7.33	47	0.42	4	0.24
20	47	5.59	32	0.41	46	0.23
21	27	5.31	7	0.39	16	- 0.01
22	23	5.28	23	0.33	42	- 0.06

Cuadro 4.- (Continuación).

23	36	5.17	36	0.32	21	- 0.06
24	32	5.13	27	0.18	23	- 0.16
25	19	3.49	10	0.23	35	- 0.19
26	10	3.38	9	0.23	44	- 0.19
27	29	3.30	19	0.20	20	- 0.26
28	9	3.08	29	0.19	25	- 0.31
29	12	2.80	12	0.15	40	- 0.31
30					36	- 0.36
					18	- 0.37
					30	- 0.44
					38	- 0.51
					19	- 0.61
					22	- 0.61
					5	- 0.68
					29	- 0.81
					43	- 0.91
					17	- 0.94
					28	- 0.96
					12	- 1.12
					27	- 1.21
					14	- 1.44
					13	- 1.47
					7	- 1.56
					1	- 1.82
					6	- 2.14

Cuadro 5.- Valores obtenidos para los criterios de Respuesta Relativa a la Selección, Respuesta Absoluta a la Selección y componente entre familias para la característica de número de hojas.

Lugar	Resp. Relativa a la Selección		Resp. Absoluta a la Selección		Valor de $(\bar{Y}_{..j} - \bar{Y}_{..})$ Familia Valor	
	Familia	Valor	Familia	Valor	Familia	Valor
1	32	30.37	32	2.00	6	0.94
2	40	24.51	1	1.58	24	0.89
3	1	23.25	40	1.50	5	0.66
4	8	13.60	8	0.97	21	0.64
5	15	13.50	15	0.94	26	0.64
6	47	12.78	47	0.84	9	0.59
7	33	10.90	33	0.81	11	0.59
8	30	10.69	9	0.73	10	0.54
9	23	10.28	23	0.72	18	0.54
10	9	9.87	30	0.70	33	0.54
11	37	9.57	39	0.70	39	0.54
12	39	9.49	37	0.67	22	0.49
13	20	8.75	20	0.59	7	0.41
14	41	7.93	41	0.51	28	0.39
15	42	7.73	42	0.50	27	0.29
16	28	6.88	28	0.10	12	0.24
17	29	6.40	5	0.44	8	0.19
18	5	5.97	29	0.43	23	0.14
19	34	5.57	24	0.42	37	0.14
20	24	5.48	22	0.36	19	0.09
21	31	5.44	34	0.36	15	0.07
22	22	4.91	31	0.35	36	0.00

Cuadro 5.- (Continuación)

23	26	4.73	26	0.35	38	-0.05
24	12	3.99	12	0.28	14	-0.12
25	36	3.97	36	0.27	20	-0.15
26	19	3.90	19	0.27	1	-0.15
27	3	3.60	6	0.24	4	-0.18
28	38	3.20	3	0.23	29	-0.21
29	6	3.18	38	0.22	3	-0.30
30	25	3.17	25	0.20	13	-0.32
31	16	2.73	18	0.17	47	-0.32
32	44	2.54	16	0.17	30	-0.35
33	18	2.38	11	0.16	42	-0.35
34	11	2.26	44	0.16	2	-0.35
35	2	2.25	2	0.14	31	-0.35
36	27	1.50	27	0.10	32	-0.35
37	7	1.47	7	0.10	35	-0.37
38	14	1.45	14	0.0	17	-0.40
39	13	1.31	13	0.08	25	-0.40
40	45	1.02	45	0.06	34	-0.40
41	46	0.99	46	0.05	41	-0.40
42	43	0.88	43	0.05	43	-0.46
43	21	0.67	21	0.05	44	-0.48
44	17	0.52	17	0.03	16	-0.50
45					40	-0.80
46					46	-0.90
47					45	-1.00

Cuadro 6.- Valores obtenidos para los criterios de Respuesta Relativa a la Selección, Respuesta Absoluta a la Selección y componente entre familias para la característica de perímetro de tallo.

Lugar	Resp. Relativa a la Selección		Resp. Absoluta a la Selección		Valor de $(\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})$	
	Familia	Valor	Familia	Valor	Familia	Valor
1	45	22.50	45	0.96	41	0.98
2	44	20.97	44	0.94	28	0.71
3	21	16.87	21	0.79	1	0.67
4	38	16.70	38	0.74	3	0.61
5	41	11.19	41	0.62	26	0.50
6	2	10.02	1	0.47	16	0.44
7	8	9.80	30	0.44	18	0.42
8	30	9.26	8	0.43	24	0.36
9	1	9.09	29	0.40	5	0.32
10	29	8.65	31	0.39	33	0.30
11	39	8.62	39	0.38	2	0.30
12	31	8.22	28	0.35	23	0.23
13	26	6.87	26	0.34	32	0.21
14	42	6.79	20	0.30	30	0.20
15	20	6.63	42	0.29	31	0.17
16	28	6.63	7	0.27	4	0.15
17	7	6.61	46	0.23	21	0.13
18	25	5.21	25	0.23	29	0.12
19	14	5.05	14	0.20	19	0.07
20	46	5.03	32	0.17	20	0.07
21	15	3.98	15	0.17	27	0.00
22	9	3.91	3	0.16	22	0.00

Cuadro 6.- (Continuación),

23	32	3.69	9	0.16	25	- 0.01
24	3	3.26	5	0.15	46	- 0.02
25	5	3.16	24	0.15	11	- 0.04
26	4	3.12	4	0.14	37	- 0.07
27	24	3.11	11	0.13	44	- 0.07
28	11	2.95	40	0.10	39	- 0.10
29	40	2.57	37	0.09	6	- 0.10
30	10	2.26	10	0.08	38	- 0.14
31	37	2.16	2	0.07	15	- 0.15
32	12	1.60	12	0.06	8	- 0.19
33	22	1.32	22	0.05	40	- 0.22
34	27	0.84	27	0.03	17	- 0.22
35					12	- 0.24
36					42	- 0.25
37					13	- 0.27
38					34	- 0.32
39					45	- 0.34
40					9	- 0.34
41					7	- 0.36
42					47	- 0.40
43					14	- 0.4
44					43	- 0.54
45					35	- 0.66
46					10	- 0.70
47					36	- 0.76

Cuadro 7.- Valores obtenidos para los criterios de Respuesta Relativa a la Selección, Respuesta Absoluta a la Selección y componente entre familias para la característica de Rendimiento.

Lugar	Resp. Relativa a la Selección		Resp. Absoluta a la Selección		Valor de $(\bar{Y}_{..} - \bar{Y}_{j..})$	
	Familia	Valor	Familia	Valor	Familia	Valor
1	36	81.35	29	6.49	15	3.03
2	29	80.04	4	6.31	4	2.93
3	4	66.83	3	5.07	11	2.64
4	3	61.21	28	4.54	32	1.94
5	46	59.32	16	4.02	21	1.85
6	16	57.86	36	3.92	3	1.77
7	45	57.21	11	3.87	28	1.74
8	28	54.99	8	3.68	24	1.63
9	18	51.82	26	3.66	29	1.58
10	42	51.26	24	3.44	30	1.49
11	26	48.80	27	3.36	14	1.38
12	27	48.21	22	3.31	8	1.32
13	8	47.03	2	3.22	22	1.19
14	2	46.93	46	3.16	31	1.18
15	25	45.22	21	3.15	26	1.03
16	39	44.63	32	3.14	13	0.88
17	22	42.99	42	2.95	20	0.54
18	11	42.28	45	2.73	2	0.53
19	24	42.21	30	2.73	27	0.45
20	19	40.42	25	2.68	23	0.44
21	21	37.59	18	2.67	16	0.42
22	10	37.18	10	2.42	9	0.36

Cuadro 7.- (Continuación)

23	32	37.09	19	2.42	12	0.06
24	37	36.33	15	2.31	10	0.02
25	44	34.58	37	2.25	1	-0.06
26	30	34.07	20	2.16	34	-0.24
27	40	34.05	40	2.03	37	-0.30
28	41	30.69	39	.02	5	-0.32
29	20	30.65	9	1.9	19	-0.52
30	9	27.82	44	1.94	40	-0.54
31	34	24.65	34	1.54	25	-0.58
32	15	24.26	41	1.47	7	-0.64
33	7	22.88	12	1.35	42	-0.68
34	5	21.09	7	1.34	44	-0.89
35	12	20.59	5	1.30	38	-0.98
36	35	18.85	31	1.11	35	-1.08
37	1	17.16	23	1.02	46	-1.18
38	23	14.87	35	1.02	18	-1.35
39	31	14.48	1	0.78	17	-1.36
40	17	13.95	17	0.71	36	-1.70
41	6	11.77	6	0.53	41	-1.73
42	38	9.13	38	0.50	45	-1.75
43	33	6.20	14	0.36	6	-1.86
44	14	4.63	33	0.24	39	-1.99
45					33	-2.56
46					43	-3.91
47					47	-4.32

Cuadro 8.- Individuos seleccionados en cada familia bajo los criterios de presión de selección del 40% y por valores de $(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$

Familia 1		Individuos Seleccionados
p = 40%	1 2 3 5 12 14 15 17 22 25 27 27 29 30 32 33	
$(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$	1 2 3 5 12 14 15 17 22 25 27 27 29 30 32 33	
		Coincidencia = 93.75 %
Familia 2		Individuos Seleccionados
p = 40%	2 5 12 14 17 18 19 20 22 25 28 29 31 33 34 37	
$(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$	2 5 12 14 17 18 19 20 22 25 28 29 31 34 37	
		Coincidencia = 81.25 %
Familia 3		Individuos Seleccionados
p = 40%	3 4 5 7 8 10 17 22 25 27 31 33 34 35 37 38	
$(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$	4 5 7 8 17 25 27 31 35 36 37 38	
		Coincidencia = 87.5 %
Familia 4		Individuos Seleccionados
p = 40%	1 9 12 14 15 18 19 20 21 22 24 26 28 33	
$(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$	1 10 19 20 23 25 27 35	
		Coincidencia = 42.85 %
Familia 5		Individuos Seleccionados
p = 40%	2 4 6 10 17 20 21 28 32 33 34 35 36 38 39 40	
$(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$	4 6 10 17 20 21 28 32 33 34 35 36 38 39 40	
		Coincidencia = 87.5 %
Familia 6		Individuos Seleccionados
p = 40%	2 5 6 7 8 11 1 15 21 22 24 29 31 34 38 40	
$(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$	1 11 12 15 21 22 24 29 31 34 38 40	
		Coincidencia = 81.25 %

Familia 7		Individuos Seleccionados
p = 40%	1 5 7 9 12 13 16 17 19 20 24 29 30 34 35 37	
$(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$	1 5 7 9 12 13 16 17 19 24 29 30 34 35 37	
		Coincidencia = 93.25 %
Familia 8		Individuos Seleccionados
p = 40%	2 3 5 9 12 16 19 21 22 23 27 29 33 34 36 39	
$(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$	2 3 5 9 12 16 19 21 22 23 27 29 33 34 36 39	
		Coincidencia = 100%
Familia 9		Individuos Seleccionados
p = 40%	2 4 5 9 12 13 14 15 18 19 20 22 25 29 38 39	
$(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$	2 4 5 9 12 13 14 15 18 19 20 22 25 26 29 36 38 39	
		Coincidencia = 88.8%
Familia 10		Individuos Seleccionados
p = 40%	1 3 4 6 13 15 17 19 23 24 26 28 29 30 34 38	
$(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$	1 4 13 15 17 19 23 24 26 28 29 30 34	
		Coincidencia = 81.25%
Familia 11		Individuos Seleccionados
p = 40%	4 8 12 13 16 17 18 20 23 24 25 27 28 32 33 34	
$(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$	4 8 12 13 15 16 17 18 20 23 24 25 27 28 32 33 34 40	
		Coincidencia = 88.8%
Familia 12		Individuos Seleccionados
p = 40%	1 3 4 5 7 8 10 13 15 17 18 20 21 26 31 38	
$(Y_{ij} - \bar{Y}_{.j})$	1 3 4 5 7 8 10 11 13 15 17 18 20 21 26 31 38	
		Coincidencia = 94.11%

Cuadro 8.- (Continuación).

Familia 13		Individuos Seleccionados									
P = 401	2 4 5 7 10 11 13 16 15 21 23 27 36 37 38 40										
(Y _{ij} -ȳ _{..j})	2 4 5 7 10 11 13 14 15 21 23 24 27 28 36 37 38 40										
Familia 14		Individuos Seleccionados									
P = 401	4 7 8 9 10 11 14 15 17 19 23 25 28 29 30 32										
(Y _{ij} -ȳ _{..j})	3 4 5 7 8 9 10 11 14 15 17 19 23 24 25 28 29 30 31 32										
Familia 15		Individuos Seleccionados									
P = 401	2 5 7 11 12 16 19 21 22 25 27 29 30 32 40										
(Y _{ij} -ȳ _{..j})	2 5 7 11 12 14 16 19 21 22 25 27 29 30 31 32 40										
Familia 16		Individuos Seleccionados									
P = 401	1 5 8 11 12 14 15 18										
(Y _{ij} -ȳ _{..j})	1 11 12 14 15										
Familia 17		Individuos Seleccionados									
P = 401	1 2 3 4 6 15 18 20										
(Y _{ij} -ȳ _{..j})	1 2 3 4 6 10 15 18 20										
Familia 18		Individuos Seleccionados									
P = 401	2 8 9 1 4 17 19 20										
(Y _{ij} -ȳ _{..j})	2 8 9 11 14 17 19										
Familia 19		Individuos Seleccionados									
P = 401	1 2 5 6 8 9 15 20										
(Y _{ij} -ȳ _{..j})	1 2 5 6 8 9 13 15 20										
Familia 20		Individuos Seleccionados									
P = 401	1 3 4 9 12 14 19 20										
(Y _{ij} -ȳ _{..j})	1 3 4 5 9 12 14 15 19 20										
Familia 21		Individuos Seleccionados									
P = 401	2 3 5 6 9 15 19 20										
(Y _{ij} -ȳ _{..j})	2 3 5 6 9 11 15 19 20										
Familia 22		Individuos Seleccionados									
P = 401	1 3 5 11 14 16 19 20										
(Y _{ij} -ȳ _{..j})	1 5 11 16 19 20										
Familia 23		Individuos Seleccionados									
P = 401	3 4 5 6 9 13 19										
(Y _{ij} -ȳ _{..j})	1 3 4 5 6 7 8 9 12 13 19										
Familia 24		Individuos Seleccionados									
P = 401	1 2 5 12 14 16 18 20										
(Y _{ij} -ȳ _{..j})	1 2 5 7 12 14 16 18 20										

Cuadro 8.- (Continuación).

Familia 25												
Individuos Seleccionados												
P = 401	1	4	8	10	11	13	14	20				
$(Y_{ij}^{\bar{y},j})$	1	4	8	10	11	13	14	20				
Coincidencia = 100%												
Familia 26												
Individuos Seleccionados												
P = 401	5	9	11	13	14	15	16	20				
$(Y_{ij}^{\bar{y},j})$	5	9	11	14	15	16	20					
Coincidencia = 87.5%												
Familia 27												
Individuos Seleccionados												
P = 401	3	4	5	11	12	17	19	20				
$(Y_{ij}^{\bar{y},j})$	3	4	5	11	12	17	19	20				
Coincidencia = 100%												
Familia 28												
Individuos Seleccionados												
P = 401	1	2	4	9	13	15	16	19				
$(Y_{ij}^{\bar{y},j})$	1	2	4	9	11	13	15	16	19			
Coincidencia = 86.8%												
Familia 29												
Individuos Seleccionados												
P = 401	2	5	6	7	12	14	15	17				
$(Y_{ij}^{\bar{y},j})$	2	6	7	12	14	17						
Coincidencia = 75%												
Familia 30												
Individuos Seleccionados												
P = 401	3	4	5	7	11	12	13					
$(Y_{ij}^{\bar{y},j})$	1	3	4	5	7	11	12	13				
Coincidencia = 100%												

Familia 31												
Individuos Seleccionados												
P = 401	1	3	5	10	11	14	18	19				
$(Y_{ij}^{\bar{y},j})$	1	3	5	10	11	14	17	18	19			
Coincidencia = 88.8%												
Familia 32												
Individuos Seleccionados												
P = 401	2	8	11	12	13	16	17					
$(Y_{ij}^{\bar{y},j})$	1	8	11	12	13	16	17					
Coincidencia = 87.5%												
Familia 33												
Individuos Seleccionados												
P = 401	2	4	8	11	2	13	15	17				
$(Y_{ij}^{\bar{y},j})$	2	4	7	8	11	12	13	15	17			
Coincidencia = 88.8%												
Familia 34												
Individuos Seleccionados												
P = 401	4	5	6	7	14	16	17	18				
$(Y_{ij}^{\bar{y},j})$	4	5	6	7	14	16	17	18				
Coincidencia = 100%												
Familia 35												
Individuos Seleccionados												
P = 401	4	5	7	9	10	11	12	13				
$(Y_{ij}^{\bar{y},j})$	4	5	6	7	9	10	11	12	13			
Coincidencia = 88.8%												
Familia 36												
Individuos Seleccionados												
P = 401	1	4	7	11	15	16	17	18				
$(Y_{ij}^{\bar{y},j})$	4	7	11	15	17							
Coincidencia = 62.5%												

Cuadro 8.- (Continuación).

Familia 37												
Individuos Seleccionados												
P = 40%	4	9	11	12	13	14	16	20				
(Y _{ij} ¹ ·j)	4	9	11	13	14	16	20					
Coincidencia = 87.5												
Familia 38												
Individuos Seleccionados												
P = 40%	1	2	6	7	11	12	17	20				
(Y _{ij} ¹ ·j)	1	2	3	6	7	8	11	12	17	20		
Coincidencia = 80%												
Familia 39												
Individuos Seleccionados												
P = 40%	2	5	6	10	11	15	16	17				
(Y _{ij} ¹ ·j)	2	5	10	11	15	16	17					
Coincidencia = 87.5%												
Familia 40												
Individuos Seleccionados												
P = 40%	5	9	11	13	15	16	17	20				
(Y _{ij} ¹ ·j)	5	9	11	15	16	17	20					
Coincidencia = 100%												
Familia 41												
Individuos Seleccionados												
P = 40%	2	7	10	11	13	14	17	20				
(Y _{ij} ¹ ·j)	2	7	10	11	13	14	20					
Coincidencia = 87.5%												
Familia 42												
Individuos Seleccionados												
P = 40%	2	3	4	5	7	12	17	19				
(Y _{ij} ¹ ·j)	2	3	4	5	7	12	14	17	19			
Coincidencia = 88.8%												

Familia 43												
Individuos Seleccionados												
P = 40%	1	2	3	4	6	7	13	17				
(Y _{ij} ¹ ·j)	1	2	3	4	6	7	13	17				
Coincidencia = 100%												

Familia 44												
Individuos Seleccionados												
P = 40%	1	5	10	11	13	14	18	20				
(Y _{ij} ¹ ·j)	1	10	11	13	14	20						
Coincidencia = 75%												

Familia 45												
Individuos Seleccionados												
P = 40%	2	3	4	7	8	12	14	16				
(Y _{ij} ¹ ·j)	2	3	4	7	8	12	14	16				
Coincidencia = 100%												

Familia 46												
Individuos Seleccionados												
P = 40%	4	5	7	13	17	18	19	20				
(Y _{ij} ¹ ·j)	4	5	7	13	17	18	19	20				
Coincidencia = 100%												

Familia 47												
Individuos Seleccionados												
P = 40%	1	2	3	8	9	14	18	20				
(Y _{ij} ¹ ·j)	1	2	3	8	9	14	18	20				
Coincidencia = 100%												

Cuadro 9.- Valores obtenidos para la característica altura de planta.

FAMILIA	NÚMERO DE INDIVIDUOS	MDIA EN CMS.	VARIANZA GENÉTICA	HEREDABILIDAD EN %	RESPUESTA RELATIVA A LA SELECCION %	RESPUESTA ABSOLUTA A LA SELECCION	($\bar{y}_j - \bar{y}_{..}$)
1	30	106.15	292.292	76.36	13.36	19.49	- 16.97
2	40	119.75	272.919	71.15	9.98	11.93	- 3.37
3	40	116.95	177.133	66.19	8.79	10.17	- 6.17
4	35	123.51	2532.48	96.55	38.05	46.96	0.39
5	40	142.27	353.648	79.63	41.20	15.92	19.13
6	40	151.37	596.453	86.85	14.30	21.64	28.26
7	38	146.78	506.041	84.83	13.40	19.65	23.66
8	40	136.11	1167.847	92.8	22.97	31.16	12.99
9	40	148.38	1598.578	94.64	24.90	35.59	25.26
10	40	147.87	468.325	83.81	12.72	18.80	24.73
11	40	146.35	322.805	78.11	10.30	15.06	23.23
12	40	137.07	325.563	78.14	11.01	15.07	13.95
13	40	139.82	204.13	69.29	8.08	11.18	16.50
14	40	146.14	551.164	85.90	14.14	20.66	23.05
15	40	135.00	272.931	75.1	10.22	13.59	9.88
16	20	99.85	35.364	28.1	2.87	2.79	- 23.27
17	20	117.20	89.714	49.79	5.18	5.97	- 5.92
18	19	110.75	65.112	41.85	4.28	4.64	- 12.37
19	20	122.85	202.628	69.15	8.76	10.68	- 0.27
20	20	108.75	253.217	73.67	9.87	10.65	- 14.37
21	20	121.55	382.964	80.89	13.17	16.00	- 1.57
22	20	115.58	68.22	42.99	4.26	4.85	- 7.57
23	20	107.70	362.293	80.02	14.38	15.48	- 15.42
24	20	117.40	581.483	86.53	17.38	20.40	- 5.72
25	20	103.50	101.809	52.76	6.43	6.62	- 19.62
26	20	113.50	367.704	80.25	13.77	15.62	- 9.62
27	20	116.55	498.964	84.65	16.04	18.69	- 6.57
28	20	122.80	112.241	55.37	5.84	7.17	- 0.32
29	20	107.35	222.417	71.08	10.65	11.43	- 15.77
30	20	99.40	112.535	55.43	7.22	7.17	- 23.72
31	20	114.90	259.746	74.16	10.99	12.62	- 8.22
32	20	119.80	213.290	70.22	9.29	11.12	- 3.32
33	20	106.85	249.470	73.39	11.32	12.30	- 16.27
34	20	120.05	224.859	71.31	9.59	11.51	- 3.07
35	19	104.42	309.248	77.36	13.47	14.06	- 18.70
36	20	115.85	419.362	82.25	14.61	16.89	- 7.47
37	20	124.35	241.049	72.71	9.68	11.93	1.23
38	20	111.05	863.912	90.52	22.91	25.48	- 12.07
39	20	125.55	128.122	58.63	6.28	7.78	2.43
40	20	104.75	150.270	62.42	8.41	8.79	- 18.37
41	20	101.95	289.228	76.17	13.24	13.49	- 21.17
42	20	155.90	141.114	60.93	5.41	8.41	32.78
43	20	149.55	353.807	79.63	10.21	13.14	26.43
44	19	129.47	488.532	84.38	14.27	18.46	6.37
45	20	134.35	431.912	82.88	12.78	17.10	11.43
46	20	121.65	748.522	89.21	19.32	23.38	- 1.47
47	20	120.50	1600.230	94.64	29.38	35.40	- 2.72

Cuadro 10.- Valores obtenidos para la característica excersión.

FAMILIA	NUMTRO DE INDIVIDUOS	MEDIA EN CMS.	VARIANZA GENETICA	HEREDABILIDAD EN %	RESPUESTA RELATIVA A LA SELECCION %	RESPUESTA ABSOLUTA A LA SELECCION	($\bar{y}_j - \bar{y}...$)
1	50	14.11	{ - }				- 3.36
2	40	18.88	14.028	42.81	12.32	2.29	1.37
3	40	12.21	27.418	59.43	31.4	3.83	- 5.26
4	35	17.31	30.525	61.99	23.87	4.11	- 0.16
5	40	16.63	32.463	63.43	25.92	4.30	- 0.84
6	40	19.43	32.975	63.79	22.42	4.34	1.95
7	48	21.15	15.933	45.98	12.15	2.56	3.67
8	40	20.18	26.452	58.56	18.52	3.73	2.70
9	40	23.80	29.143	60.89	16.81	3.99	6.32
10	40	19.26	21.248	53.17	16.57	3.19	1.78
11	40	22.77	25.795	57.94	16.12	3.65	5.29
12	40	22.42	22.848	54.95	15.01	3.36	4.94
13	40	22.68	32.338	63.33	18.95	0.042	5.20
14	40	20.61	16.392	46.61	12.72	2.62	3.13
15	40	22.68	7.196	27.74	5.91	1.33	5.20
16	20	15.05	34.545	64.85	28.61	4.30	- 2.42
17	70	17.07	{ - }				- 0.40
18	19	15.95	7.123	27.56	7.99	1.26	- 1.52
19	20	17.55	41.018	68.65	27.51	4.82	0.07
20	20	16.12	35.915	65.73	27.29	4.40	- 1.27
21	20	18.10	62.584	76.97	34.89	6.29	0.62
22	20	16.55	11.018	37.06	11.11	1.83	- 0.92
23	20	14.00	6.968	27.10	8.92	1.24	- 3.47
24	20	15.50	68.968	78.54	43.23	6.70	- 1.97
25	20	14.46	24.842	57.03	23.68	3.42	- 3.01
26	70	11.72	44.607	70.44	43.52	5.09	- 5.75
27	20	21.30	58.676	75.81	28.48	6.06	3.82
28	20	17.12	38.425	67.23	27.01	4.62	- 0.85
29	20	17.28	26.275	58.39	20.62	3.56	- 0.19
30	20	14.76	11.018	37.07	12.46	1.83	- 2.71
31	20	17.59	24.556	56.73	19.30	3.39	0.11
32	20	19.33	21.154	53.04	15.76	3.04	1.95
33	20	9.50	17.732	48.65	28.13	2.67	- 7.97
34	20	17.69	5.911	24.00	6.12	1.08	0.21
35	19	12.70	4.688	20.03	6.94	0.88	- 4.77
36	20	16.46	7.265	28.03	7.89	1.29	- 1.01
37	20	15.81	31.641	62.28	25.59	4.05	- 1.66
38	20	15.72	72.953	79.58	44.07	6.92	- 1.75
39	20	14.23	31.900	63.03	28.63	4.07	- 3.21
40	20	13.78	12.525	40.07	14.79	2.03	- 3.69
41	20	7.97	42.138	69.23	61.66	4.91	- 9.50
42	20	23.77	30.612	62.06	16.68	3.93	6.29
43	20	26.14	6.223	24.94	4.33	1.12	8.66
44	19	20.05	42.308	69.23	24.38	4.81	2.57
45	20	23.52	23.794	55.96	14.11	3.31	6.4
46	20	16.33	45.076	70.65	31.38	5.13	- 1.2
47	20	14.80	60.336	76.31	44.10	6.16	- 3.

Cuadro 11.- Valores obtenidos para la característica longitud de pantoja.

FAMILIA	NÚMERO DE INDIVIDUOS	MEDIA EN CMS.	VARIANZA GENÉTICA	HEREDABILIDAD EN %	RESPUESTA RELATIVA A LA SELECCIÓN %	RESPUESTA ABSOLUTA A LA SELECCIÓN	($\bar{y}_j - \bar{y}_{..}$)
1	39	22.09	14.899	33.52	9.61	5.30	- 0.07
2	40	18.88	14.028	42.81	12.32	2.32	3.96
3	40	24.48	14.540	92.15	34.25	8.35	2.32
4	35	22.52	9.555	58.05	10.14	2.28	0.36
5	40	23.15	7.131	49.78	7.75	1.78	0.98
6	40	21.17	5.823	34.70	5.16	1.07	- 0.99
7	38	22.91	14.447	61.76	12.91	2.95	0.75
8	40	24.00	5.676	44.05	6.03	1.49	2.74
9	40	23.5	5.670	33.79	4.50	1.05	1.33
10	40	21.80	3.610	33.41	4.78	1.02	- 0.35
11	40	25.20	32.199	81.72	19.33	4.86	3.04
12	40	22.82	6.831	48.71	7.59	1.71	0.65
13	40	22.26					0.09
14	40	22.70	1.394	16.20	1.98	0.43	0.53
15	40	26.13	34.069	82.57	19.27	5.03	3.97
16	20	24.22	2.911	28.81	3.44	0.82	2.05
17	20	21.10	2.512	25.86	3.47	0.71	- 1.06
18	19	20.45	46.430	86.59	28.21	5.76	- 1.71
19	20	20.50	9.280	56.34	10.15	2.07	- 1.66
20	20	21.55	2.225	23.57	3.05	0.64	- 0.61
21	20	23.00	(-)				0.83
22	20	20.70	3.448	32.33	4.63	0.95	- 1.46
23	20	21.55	3.909	35.13	4.94	1.05	- 0.61
24	20	22.05	(-)				- 0.11
25	20	21.85	6.941	49.10	7.68	1.66	- 0.31
26	20	22.45	4.119	36.40	4.96	1.10	0.28
27	20	20.35	22.204	75.54	18.31	3.72	- 1.81
28	20	21.50	2.754	27.66	3.69	0.79	0.66
29	20	22.10	3.954	35.45	4.87	1.07	- 0.06
30	20	20.00	9.396	56.63	10.49	2.09	- 2.16
31	20	23.32	7.120	49.77	7.35	1.71	1.16
32	20	22.20	4.659	39.24	5.53	1.21	0.03
33	20	20.65	(-)				- 1.51
34	20	22.47	1.529	17.43	2.08	0.46	0.30
35	19	19.52	6.625	47.94	8.30	1.62	- 2.63
36	20	18.60	4.217	36.89	6.09	1.13	- 3.56
37	20	19.72	6.371	46.97	2.16	0.41	- 2.43
38	20	19.91	1.116	13.45	1.76	0.35	- 2.25
39	20	19.90	3.796	34.51	5.23	1.03	- 2.26
40	20	20.30	(-)				- 1.66
41	20	24.05	4.756	39.78	5.20	1.25	1.88
42	20	23.60	2.112	22.67	2.66	0.613	1.43
43	20	21.95	0.0147	0.19	2.11	0.460	- 0.21
44	19	20.89	3.906	35.16	5.10	1.06	- 1.27
45	20	23.85	32.519	81.86	19.68	4.68	68
46	20	23.80	14.554	66.94	11.93	2.83	63
47	20	21.55	3.172	30.59	4.15	4.15	- 0.83

Cuadro 12.- Valores obtenidos para la característica ancho de panoja.

FAMILIA	NÚMERO DE INDIVIDUOS	MEDIA EN CMS.	VARIANZA GENÉTICA	HEREDABILIDAD EN %	RESPUESTA RELATIVA A LA SELECCIÓN %	RESPUESTA ABSOLUTA A LA SELECCIÓN	($\bar{y}_j - \bar{y}..$)
1	30	4.7	(-)				- 1.82
2	40	10.0	8.620	78.64	24.75	2.47	3.37
3	41	7.0	3.723	41.28	20.53	1.41	0.37
4	37	6.9	3.472	59.650	19.91	1.35	0.24
5	40	5.9	3.153	57.31	21.53	1.27	- 0.68
6	40	4.5	(-)				- 2.14
7	38	5.05	0.731	23.74	7.82	0.39	- 1.56
8	40	8.10	1.487	38.64	8.95	0.71	1.41
9	40	7.8	0.420	15.16	3.08	0.23	1.14
10	40	7.2	0.425	15.33	3.38	0.23	0.54
11	40	7.11	3.693	61.09	20.22	1.42	0.44
12	40	5.50	0.262	10.05	2.80	0.15	- 1.12
13	40	5.20	(-)				- 1.47
14	40	5.20	(-)				- 1.44
15	40	8.70	8.840	79.06	28.99	2.50	2.04
16	20	6.70	(-)				- 0.01
17	24	5.70	(-)				- 0.94
18	10	6.30	2.462	51.13	16.35	1.02	- 0.37
19	20	6.00	0.388	13.91	3.49	0.20	- 0.61
20	20	6.40	(-)				- 0.26
21	20	6.60	1.174	33.23	8.66	0.56	- 0.06
22	20	6.00	(-)				- 0.61
23	20	6.50	0.648	21.63	5.28	0.23	- 0.16
24	20	7.30	1.848	44.04	11.32	0.81	0.63
25	20	6.3	(-)				- 0.31
26	20	8.30	1.872	44.35	9.99	0.82	1.68
27	20	5.40	0.535	18.56	5.11	0.28	- 1.21
28	20	5.65	(-)				- 0.96
29	20	5.80	0.345	12.82	3.30	0.19	- 0.81
30	20	6.20	(-)				- 0.44
31	20	8.20	4.000	63.002	17.59	1.44	1.59
32	20	8.10	0.816	25.63	5.13	0.41	1.45
33	20	7.30	(-)				0.68
34	20	7.40	1.903	44.77	11.35	0.83	0.78
35	10	6.44	1.019	30.32	7.88	0.50	- 0.19
36	20	6.20	0.611	20.66	5.17	0.32	- 0.36
37	20	6.90	2.272	49.13	13.92	0.96	0.28
38	20	6.10	(-)				- 0.51
39	20	7.00	(-)				0.38
40	20	6.30	(-)				- 0.31
41	20	7.00	(-)				0.38
42	20	6.60	0.964	29.003	7.33	0.47	- 0.06
43	20	5.70	(-)				- 0.91
44	19	6.40	(-)				- 0.19
45	20	7.30	3.259	57.96	16.99	1.23	0.73
46	20	6.80	4.627	66.28	23.25	1.59	0.23
47	20	7.70	0.838	26.35	5.59	0.42	1.33

Cuadro 13.- Valores obtenidos para la característica número de hojas.

FAMILIA	NÚMERO DE INDIVIDUOS	MDIA EN CMS.	VARIANZA GENÉTICA	HEREDABILIDAD EN %	RESPUESTA RELATIVA A LA SELECCION %	RESPUESTA ABSOLUTA A LA SELECCION	($\bar{y}_j - \bar{y}..$)
1	39	6.8	3.225	85.93	23.25	1.58	- 0.15
2	40	6.6	0.128	19.53	2.25	0.14	- 0.35
3	40	6.6	0.218	29.22	3.60	0.23	- 0.30
4	35	6.7	(-)				- 0.18
5	40	7.6	0.481	47.69	5.97	0.44	0.66
6	40	7.9	0.230	30.41	3.18	0.24	0.94
7	38	7.56	0.089	14.59	1.47	0.10	0.41
8	40	7.15	1.448	71.09	13.60	0.97	0.19
9	40	7.50	0.956	64.42	9.87	0.73	0.059
10	40	7.50	(-)				0.54
11	40	7.50	0.187	25.17	2.26	0.16	0.59
12	40	7.20	0.3026	36.45	3.99	0.28	0.24
13	40	6.60	0.071	11.61	1.31	0.08	- 0.32
14	40	6.80	0.0814	13.35	1.45	0.09	- 0.12
15	40	7.00	1.394	72.39	13.50	0.94	0.07
16	20	6.40	0.153	22.50	2.73	0.17	- 0.50
17	20	6.50	0.048	8.33	0.52	0.034	- 0.40
18	19	7.50	0.156	22.80	2.38	0.17	0.54
19	20	7.00	0.258	32.79	3.90	0.27	0.09
20	20	6.80	0.692	56.74	8.75	0.59	- 0.15
21	20	7.60	0.040	7.17	0.67	0.05	0.64
22	20	7.40	0.363	40.79	4.91	0.36	0.49
23	20	7.10	0.935	63.56	10.28	0.72	0.14
24	20	7.80	0.448	45.89	5.48	0.42	0.89
25	20	6.50	0.219	29.33	3.17	0.20	- 0.40
26	20	7.60	0.356	40.26	4.73	0.35	0.64
27	20	7.25	0.080	14.60	1.50	0.10	0.29
28	20	7.30	0.553	51.20	6.88	0.49	0.39
29	20	6.70	0.454	46.24	6.40	0.43	- 0.21
30	20	6.60	0.882	62.58	10.69	0.70	- 0.35
31	20	6.60	0.356	40.26	5.44	0.35	- 0.35
32	20	6.60	4.935	90.29	38.37	2.00	- 0.35
33	20	7.50	1.03	67.46	10.90	0.81	0.54
34	20	6.50	0.363	40.69	5.57	0.36	- 0.40
35	19	6.50	(-)				- 0.37
36	20	6.90	0.258	32.82	3.97	0.27	- 0.001
37	20	7.10	0.829	61.40	9.57	0.67	0.14
38	20	6.90	0.198	27.28	3.20	0.22	- 0.05
39	20	7.50	0.892	62.88	9.49	0.78	0.54
40	20	6.10	2.974	84.79	24.50	1.50	- 0.80
41	20	6.50	0.574	52.08	7.93	0.51	- 0.40
42	20	6.60	0.566	51.37	7.73	0.50	- 0.35
43	20	6.50	0.048	8.33	0.88	0.05	- 0.46
44	19	6.40	0.142	21.19	2.54	0.16	- 0.48
45	20	5.90	0.748	8.42	1.02	0.06	- 1.00
46	20	6.10	0.048	8.34	0.99	0.05	- 0.9
47	20	6.60	1.161	68.63	12.78	0.84	- 0. .

Cuadro 14.- Valores obtenidos para la característica perímetro de tallo.

FAMILIA	NÚMERO DE INDIVIDUOS	MEDIA EN CMS.	VARIANZA GENÉTICA	HEREDABILIDAD T.M %	RESPUESTA RELATIVA A LA SELECCIÓN %	RESPUESTA ABSOLUTA A LA SELECCIÓN	($\bar{y}_j - \bar{y}..$)
1	30	5.27	0.501	50.74	9.09	0.47	0.67
2	40	4.90	0.518	51.57	10.02	0.07	0.30
3	40	5.23	0.141	27.56	3.26	0.16	0.61
4	35	4.76	0.122	20.66	3.12	0.14	0.16
5	10	4.93	0.128	20.01	3.16	0.15	0.33
6	40	4.41	(-)				- 0.10
7	38	4.23	0.254	34.31	6.61	0.27	- 0.36
8	40	4.41	0.446	47.12	9.80	0.43	- 0.18
9	40	4.25	0.138	22.19	3.91	0.16	- 0.34
10	40	3.89	0.069	12.43	2.26	0.08	- 0.70
11	40	4.56	0.116	18.24	2.95	0.13	- 0.03
12	40	4.35	0.054	9.98	1.60	0.06	- 0.24
13	40	4.33	(-)				- 0.27
14	30	4.13	0.179	26.95	5.05	0.20	- 0.46
15	40	4.45	0.157	23.28	3.98	0.17	- 0.14
16	20	5.05	(-)				0.45
17	20	4.37	(-)				- 0.22
18	19	5.02	(-)				0.42
19	20	4.68	(-)				0.08
20	20	4.67	0.302	38.32	6.63	0.30	0.07
21	20	4.73	1.107	69.46	16.87	0.79	0.13
22	20	4.60	0.049	9.15	1.32	0.05	0.001
23	20	4.83	(-)				0.23
24	20	4.97	0.134	21.52	3.11	0.15	0.37
25	20	4.59	0.221	31.27	5.21	0.23	- 0.008
26	20	5.10	0.353	42.08	6.87	0.34	0.50
27	20	4.61	0.031	5.98	0.84	0.03	0.01
28	20	5.32	0.351	42.37	6.63	0.35	0.72
29	20	4.73	0.431	46.96	8.65	0.40	0.13
30	20	4.80	0.481	49.74	9.26	0.44	0.20
31	20	4.77	0.406	45.61	8.22	0.39	0.17
32	20	4.82	0.157	24.39	3.69	0.17	0.22
33	20	4.91	(-)				0.31
34	20	4.28	(-)				- 0.31
35	19	3.93	(-)				- 0.66
36	20	3.84	(-)				- 0.75
37	20	4.52	0.081	14.26	2.16	0.09	- 0.07
38	20	4.46	0.990	67.38	16.70	0.74	- 0.13
39	20	4.50	0.402	45.21	8.62	0.38	- 0.10
40	20	4.37	0.094	16.20	2.57	0.10	- 0.22
41	20	5.59	0.767	61.42	11.19	0.62	0.99
42	20	4.35	0.285	36.95	6.79	0.29	- 0.24
43	20	4.01	(-)				- 0.58
44	19	4.52	1.442	75.00	20.97	0.94	- 0.07
45	20	4.26	1.488	75.12	22.55	0.96	- 0.33
46	20	4.58	0.212	30.32	5.03	0.23	- 0.01
47	20	4.20	(-)				- 0.9

Cuadro 15.- Valores obtenidos para la característica rendimiento.

FAMILIA	NUMERO DE INDIVIDUOS	MEDIA EN CMS.	VARIANZA GENETICA	HEREDABILIDAD EN %	RESPUESTA RELATIVA A LA SELECCION %	RESPUESTA ABSOLUTA A LA SELECCION	($\bar{y}_j - \bar{y}$)
1	36	6.46	3.851	35.50	17.16	0.78	- 0.06
2	37	7.06	17.153	71.03	46.93	3.22	0.53
3	20	8.89	50.438	87.82	66.83	6.31	1.77
4	30	9.46	50.438	87.82	66.83	6.31	2.93
5	35	6.20	4.713	40.25	21.09	1.30	- 0.32
6	30	4.66	1.704	19.59	11.77	0.53	- 1.06
7	36	5.88	4.881	41.10	22.88	1.34	- 0.64
8	40	7.85	20.307	74.38	47.03	3.68	1.32
9	40	6.89	7.748	52.55	27.82	1.91	0.36
10	36	6.55	10.821	60.741	37.18	2.42	0.02
11	40	9.17	27.55	79.63	42.28	3.87	2.67
12	40	6.59	4.933	41.36	20.59	1.35	0.06
13	39	7.41	(-)				0.88
14	38	7.91	1.098	13.57	4.63	0.36	1.38
15	30	9.56	10.893	59.06	24.26	2.31	3.03
16	20	6.95	24.995	78.13	57.86	4.02	0.42
17	20	5.16	2.427	25.76	13.93	0.71	- 1.36
18	19	5.17	15.248	65.44	51.82	2.67	- 1.35
19	20	6.00	11.472	62.12	40.42	2.42	- 0.52
20	20	7.07	9.752	58.23	30.65	2.16	0.54
21	20	8.88	16.988	70.77	37.50	3.15	1.85
22	20	7.72	18.369	72.42	42.99	3.31	1.19
23	20	6.97	3.731	34.78	14.87	1.02	0.44
24	20	8.16	19.476	73.57	42.21	0.15	1.63
25	20	5.94	13.296	65.53	45.22	2.68	- 0.58
26	19	7.56	21.780	75.69	48.80	3.66	1.03
27	20	6.98	18.773	72.85	48.21	3.36	0.45
28	19	8.27	30.671	81.43	54.99	4.54	1.74
29	20	8.11	57.118	89.08	80.04	6.48	1.58
30	20	8.02	13.646	66.11	34.07	2.73	1.49
31	17	7.70	4.085	36.87	14.48	1.11	1.18
32	18	8.47	16.865	70.68	37.09	3.14	1.94
33	18	3.96	0.757	9.76	6.20	0.24	- 2.56
34	17	6.28	6.174	46.88	24.65	1.54	- 0.24
35	19	5.44	3.679	34.47	18.83	1.02	- 1.08
36	20	4.82	23.982	77.42	81.55	3.92	- 1.70
37	19	6.22	10.343	59.65	36.33	2.238	- 0.50
38	20	5.54	1.633	18.93	9.13	0.50	- 0.98
39	19	4.53	8.841	55.83	44.63	2.02	- 1.98
40	20	5.98	8.931	56.08	34.05	2.03	- 0.84
41	19	4.79	5.794	45.22	30.69	1.47	- 1.73
42	19	5.84	15.659	69.12	51.26	2.95	- 0.66
43	19	2.61	(-)				- 3.91
44	19	5.63	8.394	54.54	34.58	1.94	- 0.89
45	20	4.77	13.442	66.10	57.29	2.73	- 1.73
46	20	5.34	17.82	70.95	59.32	3.16	- 1.18
47	19	2.20	(-)				- 4.32

Cuadro 16.- Valores obtenidos de varianza ecológica.

Característica	Valor.
Altura de Planta	90.453
Excerción	18.715
Longitud de Panoja	7.1931
Ancho de Panoja	2.348
Número de Hojas	0.528
Perímetro de Tallo	0.486
Rendimiento	6.994

Cuadro 17.- Valores medios de la población ($\bar{Y}..$).

Característica	Valor.
Altura de Planta	123.00
Excerción	17.47
Longitud de Panoja	22.16
Ancho de Panoja	6.61
Número de Hojas	6.95
Perímetro de Tallo	4.60
Rendimiento	6.52

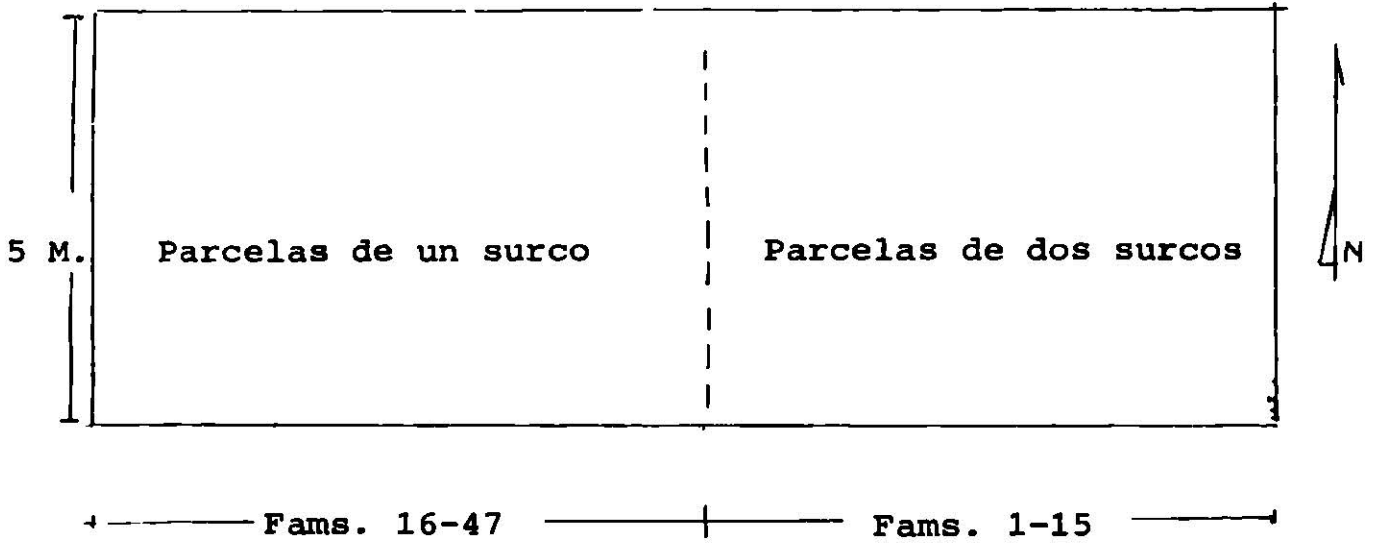


Figura 1.- Croquis del experimento.

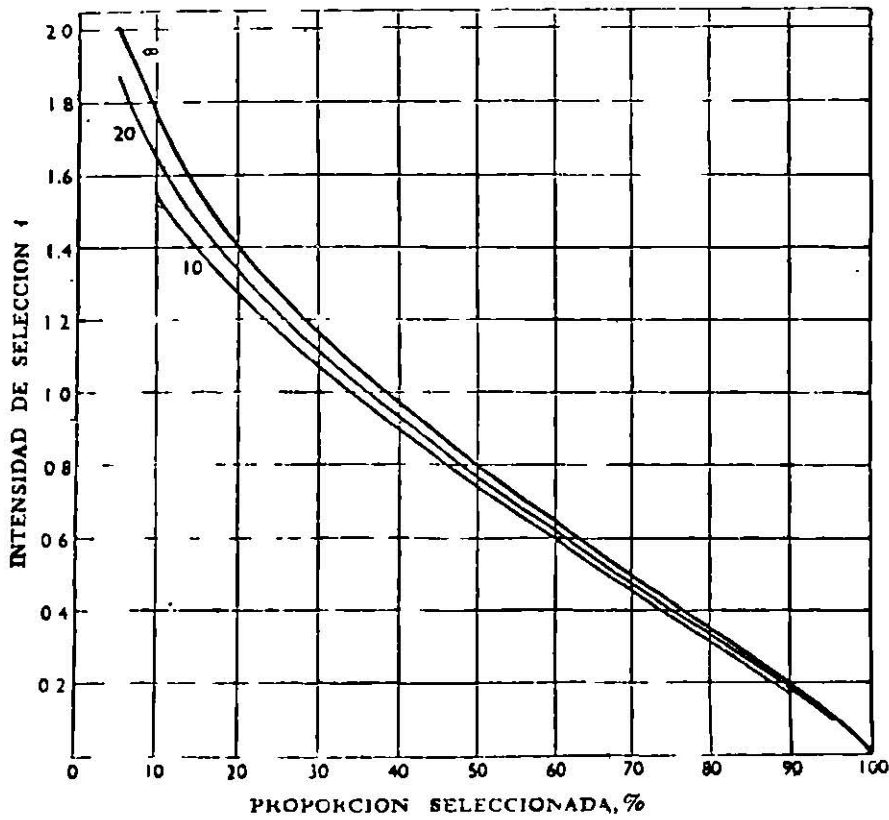


Figura 2.- Intensidad de selección en base a la población seleccionada.

