



Agronomía Tropical

ISSN: 2542-3363

Depósito Legal: AR2017000075

agronomía.tropical.inia@gmail.com

Publicación Científica del
Instituto Nacional de Investigaciones
Agrícolas (INIA)
Maracay, Venezuela

Rubén SILVA, Sol MEDINA, Joan MONTILLA, Pedro GARCÍA, José CHIREL,
Cruz MUÑOZ

**Avance genético para rendimiento en grano y caracteres de la planta
en la población SA7 de maíz.**

Revista Agronomía Tropical 67(1-4):129-138. 2017.

Avance genético para rendimiento en grano y caracteres de la planta en la población SA7 de maíz.

Rubén Silva^{1*}, Sol Medina², Joan Montilla¹, Pedro García³, José Chirel², Cruz Muñoz²

¹Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (INIA)-Centro Nacional de Investigaciones Agropecuarias Investigadores (CENIAP), estado Aragua, Venezuela. ²INIA-Guárico, Estación Local Valle de la Pascua, estado Guárico, Venezuela. ³INIA-Portuguesa, estado Portuguesa, Venezuela. *Correo electrónico: rubensilvad@gmail.com

RESUMEN

El avance genético se refiere a las alteraciones observadas en características de interés ocurridas en los ciclos de selección. Con el objetivo de determinar el avance genético en la población de maíz (*Zea mays* L.) SA7, sometida a cinco ciclos de selección entre y dentro de familias de medios hermanos, se sembró la representación de los ciclos C₁, C₂, C₃ y C₅, cuatro variedades experimentales y un testigo local, en dos localidades del estado Guárico, Venezuela. Se utilizó un diseño de bloques completos al azar con cuatro repeticiones. El avance genético por ciclo de selección se estimó con base al coeficiente de regresión lineal (b_i) de las medias fenotípicas y el número de ciclos de selección. El coeficiente se expresó en porcentaje del comportamiento promedio del primer ciclo. Las variables evaluadas fueron: rendimiento en grano (RG), floración masculina (FM), floración femenina (FF), altura de planta (AP), altura de mazorca (AM) y acame total de plantas (ATP). El análisis de la varianza combinado detectó diferencias significativas entre ambientes y entre genotipos para todos los caracteres evaluados, con excepción de la FM en el primer caso y ATP en el segundo; mientras que, la interacción genotipos por ambientes solo resultó significativa para AP. Los valores de b_i fueron significativos para RG, AP, AM y ATP con incremento en la selección de forma conjunta, del primero al quinto ciclo de 5,83 % para RG, y una disminución de 1,36 %; 2,64 % y 4,92 % para AP, AM y ATP, respectivamente.

Palabras clave: ganancia genética, selección de familias de medios hermanos, *Zea mays* L.

Genetic gain for grain yield and plant traits in SA7 maize population.

ABSTRACT

The genetic advance refers to the observed alterations in characteristics of interest occurred through the selection cycles. To determine the genetic progress in the SA7 population of maize (*Zea mays* L.) submitted to five selection cycles among and within half-sib families, the selection cycles C₁, C₂, C₃ and C₅, four experimental varieties and one local control were planted in two localities of Guárico state, Venezuela, using the complete randomized blocks design with four replications. The genetic advance per selection cycle was estimated based on the linear regression coefficient (b_i) of the phenotypic means and the number of selection cycles, expressing this ratio as a percentage of the average behavior of the first cycle. The variables evaluated were: grain yield (GY), days to anthesis (DA) and days to silking (SE), plant height (PH), ear height (EH) and total plant lodging (TPL). The combined analysis of variance detected no significant differences between environments and among genotypes for all characters evaluated, excluding the DA in the first case and TPL in the second, while the genotypes by environments interaction was significant only for PH. The values of b_i were significant for GY, PH, EH and TPL, with an increase in the selection together from the first to the fifth cycle of 5,83 % for GY, and a decrease of 1,36 %, 2,64 % and 4,92 % for PH, EH and TPL, respectively.

Key words: genetic gain, selection of half-sib family, *Zea mays* L.

Recibido: 23/02/17 Aprobado: 22/08/17

INTRODUCCIÓN

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los cereales más importante del sector agrícola vegetal, que se cultiva en Venezuela. Además, ha sido considerado como un rubro estratégico, dada su importancia en la dieta diaria del venezolano (Segovia y Alfaro 2009). Sin embargo, en los últimos años (2006 – 2016) la producción disminuyó de 2.336,8 a 1.465,4 miles de toneladas, lo que representa una reducción de más del 60% para ese periodo (FAOSTAT 2016).

El mejoramiento de poblaciones de maíz ha sido una de las formas eficientes para lograr la adaptación de materiales genéticos a los diferentes ambientes de producción; tiene por finalidad el desarrollo de variedades productivas con características agronómicas deseables para ser utilizadas en cultivo, o preparar materiales para la extracción de líneas en la obtención de híbridos.

La selección es el principal proceso para aumentar la frecuencia de alelos favorables en las poblaciones. También, una de las formas de mejorar genéticamente las poblaciones de especies alógamas (Borém y Miranda 2005), como el maíz. La selección recurrente es un proceso sistemático y cíclico en el que individuos deseables son elegidos de una población y apareados para formar una nueva población. Esto permite la mejora de una o varias características de interés, de tal manera que la nueva población es superior a la población original.

Las metodologías de selección recurrente se dividen en intra e interpoblacionales (Hallauer y Miranda 1988); en las primeras se aprovecha la varianza genética aditiva y en las segundas las varianzas aditivas y de dominancia (Moreno-Pérez *et al.* 2004). Además, las primeras mejoran la media poblacional e incrementan la probabilidad de desarrollar variedades mejoradas superiores. Las segundas se utilizan para el desarrollo de dos poblaciones base; estas servirán para incrementar la frecuencia de genes de caracteres cuantitativos hereditarios, mejorar la media de cada población y desarrollar líneas endogámicas para la formación de híbridos.

Los métodos intrapoblacionales, en general, son de más fácil ejecución y aplicables a la mayoría de las características agronómicas. Estos métodos son más comúnmente utilizados, que los interpoblacionales. Existen varios métodos de selección recurrente intrapoblacional, uno de los cuales es el de medios hermanos (FMH); también conocido como selección recurrente entre y dentro de familias de medios hermanos o mazorca por hilera modificado. Con el uso de este método pueden obtenerse estimados de componentes de la varianza genética, de la heredabilidad y del avance o respuesta a la selección.

La respuesta o progreso genético se define como la diferencia entre el valor fenotípico medio de la progenie y el de la generación progenitora antes de la selección (Falconer 1986).

Hallauer *et al.* (2010), en un levantamiento donde se involucraron 99 trabajos, comprobaron la eficiencia del método de selección entre y dentro de familias de medios hermanos. Los autores concluyeron que con ese método se puede mantener suficiente variabilidad genética para propiciar respuestas en el transcurrir de los ciclos sucesivos de selección. Resultados satisfactorios, en cuanto al avance genético para rendimiento en grano y otras características con el uso del referido método han sido reportados en la literatura. Carvalho y De Souza (2007) estimaron ganancias para el peso de mazorca en la variedad de maíz BR 5011 Sertanejo de 35,28% en los últimos 14 ciclos de selección; lo que corresponde a una ganancia por ciclo/año de 2,52%.

En Venezuela son escasos los reportes del avance genético esperado con el uso de la selección de familias de medios hermanos en poblaciones de maíz. Por tal motivo, el objetivo de este estudio fue determinar el avance genético en la población de maíz SA7, sometida a cinco ciclos de selección entre y dentro de familias de medios hermanos.

MATERIALES Y MÉTODOS

En 1997 se comenzó con el mejoramiento de la población SA7 de maíz de granos blancos, desarrollada por el Centro Internacional de

Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) para Sur América. Para su formación intervinieron diversos materiales genéticos tales como: Tuxpeño Selección Sequía C₇, Across 8023, Across 7030, ETO blanco C₅ y Across 8043. Este es un material genético que tolera altos niveles de aluminio y condiciones tropicales de suelos ácidos en tierras bajas.

El proceso de mejoramiento poblacional empleado correspondió al método de selección de familias de medios hermanos propuesto por Compton y Comstock (1976). El esquema de selección se basó en la utilización de dos estaciones de siembra. La primera consistió en los ensayos de evaluación de 190 progenies de medios hermanos, establecidos en dos localidades del estado Guárico. En estos se efectuó la selección entre familias para escoger las mejores 38 (20% de intensidad de selección). La segunda fue en el lote de recombinación, donde se realizó la selección dentro de las 38 familias y se escogió las mejores cinco plantas, para formar nuevamente las 190 progenies. La representación de cada ciclo se estableció con igual cantidad de semilla de cada una de las 190 FMH. En cada ciclo se formó una variedad experimental recombinando las 10 FMH de superior comportamiento. A través del método de selección utilizado se completaron cinco ciclos de selección.

Para determinar el avance genético a la selección en la población de maíz SA7, fueron sembrados cuatro ciclos de selección (C₁, C₂, C₃ y C₅), las variedades experimentales correspondientes a cada ciclo considerado y una variedad testigo ('Turen 2000', incluida por su buen comportamiento agronómico y productivo en la región); con un total de nueve genotipos. El cuarto ciclo de selección no fue incluido en el estudio ya que la semilla del mismo presentó muy bajo porcentaje de germinación. Las siembras se establecieron durante el año 2003 en las localidades de El Socorro, municipio autónomo El Socorro y San Gerónimo, Tucupido, municipio Ribas, del estado Guárico, Venezuela. Se utilizó un diseño de bloques completos al azar con cuatro repeticiones.

Los ensayos fueron sembrados y cosechados en forma manual. El manejo agronómico estuvo conforme con las recomendaciones técnicas sugeridas para el cultivo en cada localidad. Cada unidad experimental constó de dos hileras de 5 m de longitud, separadas a 0,80 m entre estas y 0,20 m entre plantas. Con una densidad poblacional aproximada de 62.500 plantas por hectárea. Las variables evaluadas fueron: rendimiento en grano (RG, corregido para el 12% de humedad y expresado en Mg.ha⁻¹; floración masculina (FM) y floración femenina (FF) medidas en días transcurridos desde la fecha de siembra hasta que el 50% de las plantas de la parcela estuvieran en anthesis y mostrasen los estilos-estigmas, respectivamente; altura de planta (AP) y altura de mazorca (AM), medidas en centímetros (cm) desde la superficie del suelo hasta la altura de la inserción de la hoja bandera y la altura de inserción de la primera mazorca, respectivamente; y acame total de plantas (ATP), medida como el porcentaje de plantas con acame de raíz y/o de tallo en relación al total de plantas de la unidad experimental.

Al RG y ATP se les realizó el análisis de covarianza para el ajuste de los datos, utilizando el promedio del número de plantas de la parcela como covariable, según Vencovsky y Barriga (1992). El ATP se transformó mediante la expresión $\sqrt{x_{0\%} + 0,5}$, para un mejor ajuste de los datos a la distribución normal; el $x_{0\%}$ corresponde al porcentaje de plantas acamadas de raíz o de tallo (ATP) en la unidad experimental. Los análisis de varianza y de regresión por localidad y combinado se realizaron mediante el PROC GLM del SAS versión 8.2 (SAS Institute 2003). En la derivación de los cuadrados medios esperados y para la realización de las pruebas de F, los genotipos se consideraron efectos fijos, mientras que las repeticiones, localidades y las interacciones con localidades como efectos aleatorios.

El análisis de varianza combinado se según el modelo estadístico siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + l_k + r(l)_{j(k)} + g_k + \hat{a}_{ijk}$$

Dónde: Y_{ijk} : se refiere al valor observado del i -ésimo genotipo en la j -ésima repetición de la k -ésima localidad; μ : es el efecto de la media general; g_i : es el efecto fijo del i -ésimo genotipo, con $i = 1, \dots, 9$; l_k : es el efecto aleatorio de la k -ésima localidad, con $k = 1, 2$; $r(l)_{j(k)}$: es el efecto aleatorio de la j -ésima repetición en la k -ésima localidad, con $j = 1, \dots, 4$; $(g)_{ik}$ es el efecto aleatorio de la interacción del i -ésimo genotipo con la k -ésima localidad, \hat{a}_{ijk} : es el error asociado a la observación (Y_{ijk}) del i -ésimo genotipo en la j -ésima repetición de la k -ésima localidad. La suma de cuadrados de la fuente de variación genotipos fue descompuesta en las fuentes ciclos, variedades y el contraste variedades vs ciclos.

Antes de efectuar los análisis se comprobó la distribución normal de los residuos, a través de la prueba de Shapiro-Wilk (Shapiro y Wilk 1965). La homogeneidad de las varianzas de los residuos entre las localidades, por medio del cociente del cuadrado medio del error mayor entre el

cuadrado medio del error menor (Hartley 1950). En las variables que genotipos presentaron diferencias significativas se realizó un análisis de medias según la prueba de la mínima diferencia significativa a un nivel de probabilidad del 5%. El avance genético por ciclo de selección se estimó con base en el coeficiente de regresión lineal (b_1) de las medias fenotípicas y el número de ciclos de selección. El coeficiente fue expresado en porcentaje del comportamiento promedio del primer ciclo, tal como lo reportó Mejía y Molina (2002).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En los análisis de varianza por localidad (Cuadro 1), se detectaron diferencias significativas ($P < 0,05$ o $P < 0,01$) entre genotipos para todos los caracteres en ambas localidades, excepto para ATP. Esto indica variabilidad genética entre los genotipos en la mayoría de los caracteres.

En el desdoblamiento de la fuente de variación genotipos (ciclos, variedades y contraste

Cuadro 1. Análisis de varianza, media general y coeficiente de variación (CV) para rendimiento en grano ($\text{Mg}\cdot\text{ha}^{-1}$) y caracteres de la planta en la población SA7 de maíz, evaluada en las localidades de El Socorro y Tucupido, estado Guárico, Venezuela, durante el año 2003.

Localidad	Variable	Rep	Genotipo	Ciclos (C)	Variedad (V)	C vs V	Error	Media	CV (%)
		GL	3	8	3	4	1		
El Socorro	RG	0,80	2,47 *	3,08 *	2,83 *	2,72	1,01	5,94	16,92
	FM	2,69	2,41 *	0,83	6,86 **	4,42	1,55	49	2,56
	FF	3,98 *	4,53 **	1,73	7,18 **	1,74	1,08	51	2,05
	AP	12,82	210,03 *	112,42	318,82 **	123,13	67,57	207	3,98
	AM	132,71	270,85 *	101,73	464,44 **	2,68	82,50	100	9,10
	ATP	0,30	1,67	0,08	3,03	0,80	2,13	4,86	30,08
Tucupido	RG	0,60..	2,26 **	1,33 *	1,80 *	6,88 **	0,44	5,52	12,02
	FM	7,51 *	15,00 **	11,58 **	21,20 **	0,45	2,09	48	3,00
	FF	0,37	15,61 **	3,90	27,88 **	1,70	1,37	49	2,41
	AP	398,30 *	715,13 **	131,23	1197,08 **	539,07 *	121,82	233	4,74
	AM	156,77	332,24 **	208,06	482,93 **	102,00	87,81	122	7,67
	ATP	0,83	1,81	1,68	2,09	1,14	1,22	3,10	35,59

** y * significativo al 0,01 y 0,05, respectivamente, de probabilidad por la prueba de F; RG = Rendimiento en granos ($\text{Mg}\cdot\text{ha}^{-1}$); FM = Floración masculina (días); FF = Floración femenina (días); AP = Altura de planta (cm); AM = Altura de mazorca (cm); ATP = Acame total de plantas (%).

ciclos vs variedades), se detectaron diferencias significativas entre ciclos para RG ($P < 0,05$) en ambas localidades (Cuadro 1) y para FM ($P < 0,01$) únicamente en Tucupido; en el caso de las variedades se detectaron diferencias significativas ($P < 0,05$ o $P < 0,01$) para todas las variables en ambas localidades, excepto para ATP. El contraste C vs V mostró diferencias significativas para RG ($p < 0,01$) y AP ($P < 0,05$), en Tucupido, sugiriendo que la media de los ciclos no es igual a la de las variedades.

Las medias generales de genotipos para RG, FM, FF y ATP en la localidad El Socorro fueron superiores a las encontradas para estos caracteres en Tucupido, mientras lo contrario fue observado para AP y AM (Cuadro 1). Estos resultados sugieren una asociación positiva entre RG y FM, FF y ATP, y una asociación negativa con AP y AM. Los resultados demuestran que los genotipos evaluados presentaron mayor rendimiento en grano, ciclo más tardío y con menores alturas de planta y de mazorca en El Socorro. Gaytán-Bautista *et al.* (2009) encontraron correlación positiva entre RG y la FM y FF. Contrario a los resultados de esta investigación, Aragão (2012) observó relación positiva entre ATP con

AP y AM. El autor señala que el mayor acame de plantas estuvo asociado a mayores alturas de planta y de mazorca.

Los coeficientes de variación para todas las características en ambas localidades presentaron valores bajos, lo que indica una buena precisión en la conducción experimental de los ensayos.

En el análisis de la varianza combinado (Cuadro 2) fueron detectadas diferencias significativas entre ambientes y entre genotipos para todos los caracteres evaluados; en este se excluye la FM en el primer caso y ATP en el segundo. Esto revela variaciones climáticas y edáficas entre las localidades, así como, sustancial variabilidad genética entre el germoplasma evaluado. La interacción genotipo por ambiente solo fue significativa para AP. Es decir, que la altura de planta para los genotipos evaluados fue afectada por el ambiente donde se desarrollaron los mismos. Esto indica, que los genotipos tuvieron un comportamiento diferencial en las distintas localidades; mientras que, para las demás características los genotipos tuvieron un comportamiento homogéneo. La respuesta a los cambios ambientales fue similar para el conjunto de genotipos, por lo que un único programa de

Cuadro 2. Análisis de varianza conjunto, media general de los genotipos y coeficiente de variación (CV) para rendimiento de granos ($Mg\ ha^{-1}$) y caracteres de la planta, en la población SA7 de maíz (*Zea mays* L.) evaluada en las localidades de El Socorro y Tucupido, estado Guárico, Venezuela durante el año 2003.

F. V.	G. L.	Cuadros Medios						
		RG	FM	FF	AP	AM	ATP	
Amb (A)	1	3,11 *	2,80	71,02 **	12.726,69 **	9.382,20 **	53,24	
Rep/(A)	6	0,35	5,10 *	2,17	205,56	144,74	0,56	
Genotipos (G)	8	4,25 **	16,54 **	17,65 **	696,76 **	545,69 **	1,58	
Ciclos (C)	3	6,38 **	8,71 **	4,79 *	236,53	234,58 *	1,24	
Variedades (V)	4	1,12	25,34 **	30,67 **	1.185,46 **	897,61 **	2,24	
V vs C	1	10,21 **	3,31	2,84	100,46	61,54	0,03	
G x A	8	0,52	2,59	2,41	221,06 *	69,02	1,91	
Error	47	0,83	1,83	1,22	95,27	85,21	1,67	
Media		5,72	49,00	50,00	220,00	111,00	3,96	
CV (%)		14,43	2,79	2,24	4,44	8,31	32,54	

** y * significativo al 0,01 y 0,05, respectivamente, de probabilidad (Prueba de F).

selección recurrente puede ser conducido para ambas localidades.

Resultados similares para peso de mazorca, AP, AM y prolificidad fueron obtenidos por Doná *et al.* (2012) con la evaluación de 144 progenies de medios hermanos, en el primer ciclo de selección, en una población de maíz dentado. También para RG, AP y AM, interacción genotipo por ambiente no significativa fue informada por Berilli *et al.* (2013) en la conducción del décimo primer ciclo de un programa de selección recurrente recíproca de familias de hermanos completos.

En el análisis de la varianza combinado también fueron detectadas diferencias significativas entre los ciclos de selección para RG, FM, FF y AM. Eso indica un comportamiento diferencial de los ciclos de selección, que es de fundamental importancia para la obtención de ganancias genéticas en los programas de mejoramiento.

Las variedades presentaron diferencias significativas para FM, FF, AP y AM, lo que muestra que el comportamiento de las variedades no fue homogéneo; es decir, al menos el comportamiento de una variedad es diferente al resto de las variedades.

El contraste ciclos *versus* variedades presentó diferencias significativas ($p \leq 0,01$) solo para RG. El resultado revela que el promedio de RG de los ciclos ($5,36 \text{ Mg ha}^{-1}$) y de las variedades ($6,07 \text{ Mg ha}^{-1}$) fueron distintos. La diferencia se atribuye a que cada variedad experimental se formó con las diez mejores familias (5,2 % de progenies superiores) de cada ciclo; por lo que, el potencial genético de producción de granos de las mismas es mayor al de los ciclos.

El Cuadro 3 presenta las medias de los genotipos (ciclos y variedades) evaluados en cada ambiente y en el combinado. Para RG la representación de los ciclos, así como las variedades, incrementó sus medias después de cinco ciclos de selección. Lo contrario ocurrió para FM, FF, AP y AM, donde las medias decrecieron del primero al quinto ciclo de selección. El ATP no mostró esta tendencia en el combinado, debido a que las medias de los ciclos y las variedades

se mantuvieron estadísticamente similares. La variedad C_5 presentó un RG significativamente superior al testigo en El Socorro y en el combinado a un nivel de confianza de 95 %, mientras que en la localidad de Tucupido fueron estadísticamente similares. Por el contrario, para FM, FF, AP y AM la variedad C_5 presentó medias significativamente inferiores ($\alpha = 0,05$) a las del testigo, mientras que para ATP las medias fueron estadísticamente similares al testigo en todas las localidades y combinado (Cuadro 3).

Las ganancias genéticas para RG y AP a través de los ciclos de selección fueron estadísticamente significativas en las dos localidades y en el combinado. Para AM y ATP la ganancia genética fue estadísticamente significativa en la localidad de Tucupido y en el combinado (Cuadro 4). Se observó un incremento por ciclo de selección, de forma conjunta de 5,83 % para RG, y una disminución de -1,36 %; -2,64 % y -4,92 % para AP, AM y ATP, respectivamente (Cuadro 4).

La ganancia genética para FM y FF presentaron diferencias estadísticas no significativas. Esto debido, posiblemente, a que la población no exhibía la variabilidad genética inicial de esas características o era muy estrecha; aunque se evidenció una clara tendencia a disminuir el inicio de ambas floraciones.

Las ganancias estimadas para rendimiento en grano obtenidas en el presente estudio fueron inferiores, similares o superiores a las encontradas por diversas investigaciones reportadas en la literatura. Así, Doná *et al.* (2012) evaluaron 144 progenies de medios hermanos por dos ciclos de selección, y obtuvieron estimados de ganancia para el peso de mazorca, AP y AM de 18,76 %, 5,88 % y 8,85 %, respectivamente. En un trabajo para estimar la ganancia genética en la selección de 84 progenies de medios hermanos de maíz para la eficiencia en el uso del nitrógeno, Heinz *et al.* (2012) evaluaron las progenies en condiciones de fertilización nitrogenada adecuada (alto N) y de estrés (bajo N). Los autores señalaron que las ganancias genéticas para RG resultaron positivas para ambas condiciones, sin embargo, fueron mayores en condiciones de alto N, 25,43 % y 21,05 %, respectivamente.

Cuadro 3. Medias y mínima diferencia significativa de los genotipos (Ciclos, variedades y testigo) evaluados en tres ambientes individuales y combinado para rendimiento en granos (RG), floración masculina (FM) y femenina (FF), altura de planta (AP), altura de mazorca (AM) y acame total de plantas (ATP) de maíz (*Zea mays* L.), en las localidades de El Socorro y Tucupido, estado Guárico, Venezuela durante el año 2003

Carácter	Loc	Genotipos										Media	mds
		C ₁	C ₂	C ₃	C ₅	Var, C ₁	Var, C ₂	Var, C ₃	Var, C ₅	Testigo			
RG	El Soc.	5,1 b	5,4 b	5,9 b	6,4 b	5,4 b	5,6 b	6,4 b	8,1 a	5,9 b	5,94	1,49	
	Tuc.	4,5 e	4,9 de	5,2 de	5,5 bcd	4,8 de	6,1 abc	5,8 abc	6,5 a	6,3 ab	5,52	0,97	
	Comb.	4,8 e	5,1 cde	5,5 bcd	5,9 bcd	5,1 de	5,9 bcd	6,1 b	7,2 a	6,1 b	5,72	0,86	
FM	El Soc.	49 bc	49 bc	48 c	48 c	50 ab	49 bc	48 c	48 c	51 a	49	1,85	
	Tuc.	51 ab	48 cd	48 cd	47 d	49 bc	48 cd	46 d	46 d	52 a	48	2,11	
	Comb.	50 b	48 cd	48 cde	47 cde	50 b	48 bc	47 de	47 e	51 a	48	1,37	
FF	El Soc.	51 bc	51 bcd	50 cd	50 cd	52 ab	51 bcd	50 cd	50 d	53 a	51	1,54	
	Tuc.	50 b	48 cd	48 cd	48 cd	49 bc	48 bc	47 d	47 cd	53 a	49	1,71	
	Comb.	50 b	49 bc	49 cd	49 cd	50 b	49 bc	48 d	48 d	53 a	50	1,12	
AP	El Soc.	215 a	209 ab	206 ab	203 b	208 ab	212 ab	204 ab	187 c	210 ab	207	12,3	
	Tuc.	235 bc	230 bc	228 bcd	221 cd	239 b	233 bc	234 bc	214 d	262 a	233	16,1	
	Comb.	225 b	219 bc	217 bc	212 cd	224 b	223 b	219 bc	201 d	236 a	220	9,9	
AM	El Soc.	107 a	97 a	97 a	97 a	108 a	104 a	100 a	78 b	105 a	100	13,5	
	Tuc.	126 ab	126 ab	119 bcd	111 cd	131 ab	124 abc	119 bcd	108 d	137 a	122	13,7	
	Comb.	117 abc	111 bcd	108 cd	104 de	119 ab	114 abc	110 cd	93 e	121 a	111	9,36	
ATP	El Soc.	4,9 a	4,7 a	4,6 a	4,5 a	4,7 a	5,5 a	6,2 a	4,4 a	4,1 a	4,86	2,18	
	Tuc.	4,1 a	3,4 ab	3,1 ab	2,6 ab	2,3 b	4 a	2,3 b	3,3 ab	3 ab	3,1	1,61	
	Comb.	4,5 a	4,1 a	3,8 a	3,6 a	3,5 a	4,73 a	4,3 a	3,8 a	3,5 a	3,96	1,31	

El Soc.= El Socorro; Tuc.= Tucupido; Comb.= Combinado. Promedios en las filas indicados con la misma letra son estadísticamente iguales al nivel de $\alpha = 0,05$ por la prueba de medias de la mínima diferencia significativa

Cuadro 4. Respuesta lineal a la selección (b_i) en los ambientes individuales y a través de ambientes, a diferentes caracteres de la población SA7 de maíz (*Zea mays* L.) evaluada en las localidades de El Socorro y Tucupido, estado Guárico, Venezuela durante el año 2003.

Carácter	Localidades						Combinado		
	El Socorro		Tucupido						
	b_i	Gs (%)	b_i	Gs (%)	b_i	Gs (%)			
RG	0,318	**	6,22	0,246	*	5,42	0,281	*	5,83
FM	-0,286		-0,58	-0,857		-1,68	-0,657		-1,31
FF	-0,286		-0,56	-0,400		-0,80	-0,200		-0,40
AP	-2,829	*	-1,32	-3,371	**	-1,43	-3,057	*	-1,36
AM	-2,000		-1,87	-4,057	*	-3,22	-3,086	*	-2,64
ATP	-0,075		-1,55	-0,365	*	-8,86	-0,221	*	-4,92

Rendimiento (RG), floración masculina (FM), floración femenina (FF), altura de planta (AP), altura de mazorca (AM) y acame total de plantas (ATP). ** y * significativo al 0,01 y 0,05, respectivamente, de probabilidad (Prueba de t),

Gs (%) Ganancia estimada como porcentaje del coeficiente de regresión lineal sobre el rendimiento observado para el C_i

Con el uso de la selección recurrente de hermanos completos en la misma población de este estudio (población SA7), Ceballos *et al.* (1994) reportaron una ganancia de 11,26% por ciclo de selección para rendimiento en grano.

Dos ciclos de selección recurrente entre y dentro de progenies de medios hermanos fueron conducidos en la variedad comercial de maíz IPR 114 con fines de mejoramiento (Rovarís *et al.* 2011), para el peso de granos fueron predichas ganancias de 6,33 % y 5,03 % en los ciclos 1 y 2, respectivamente; la FF presentó ganancias de 0,31% solo en el primer ciclo, la AP 0,83 % y 0,53 % para ambos ciclos y la AM ganancias negativas (-0,83 %) en el primer ciclo y positivas (0,61 %) en el segundo.

Badu-Apraku *et al.* (2013 y 2015) y Worku *et al.* (2016), informaron de ganancias genéticas para RG inferiores a las obtenidas en el presente estudio.

Con el objetivo de cuantificar la interacción genotipo por ambientes y predecir la ganancia esperada con la selección, Candido *et al.* (2011) evaluaron 71 progenies de medios hermanos de maíz de la población Isañño VF-1. Estas evaluaciones la realizaron en dos épocas de siembra (safrá y safrinha) y encontraron que para el carácter acame de plantas las ganancias predichas

fueron de -13,03 %. Souza *et al.* (2009) también encontraron disminución de ATP en 1,35 % en la evaluación de 100 progenies de medios hermanos de una población criolla de maíz blanco.

Los resultados obtenidos en este trabajo muestran que en la selección para aumentar el RG se produjeron decrecimientos en los días a FM y FF y en la AP, AM y en el ATP para las variedades y ciclos más avanzados de selección. Esto se considera un efecto indirecto positivo de la selección, lo que permite inferir que en la población SA7 existen genes favorables para incrementar el RG y mejorar las características de la planta. Además que, en el proceso de selección para lograr incrementar el RG es posible la identificación de genotipos con florecimiento más precoz y de menor porte de la planta.

CONCLUSIÓN

La magnitud de los estimados de la ganancia genética para RG, AP, AM y ATP (5,86 %, 1,36 %, 2,64 % y -4,92 %, respectivamente) permiten evidenciar un avance positivo para éstos caracteres en la población SA7. Esto representa la posibilidad que la misma continúe siendo explorada en futuros ciclos de selección.

LITERATURA CITADA

- Aragão, TR de P. 2012. Interação testecrosses por épocas de semeadura e implicações para o melhoramento de milho. Piracicaba: ESALQ. Dissertação de Mestrado. 71 p.
- Badu-Apraku, B; Fakorede, MA; Oyekunle, M; Yallou, GC; Obeng-Antwi, K; Haruna, A. 2015. Gains in grain yield of early maize cultivars developed during three breeding eras under multiple environments. *Crop Science* 55:527–539. doi:10.2135/cropsci2013.11.0783.
- Badu-Apraku, B; Oyekunle, M; Menkir, A; Obeng-Antwi, K; Yallou, CG; Usman, IS; Akinwale, RO. 2013. Comparative performance of early-maturing maize cultivars developed in three eras under drought stress and well-watered environments in West Africa. *Crop Science* 53:1298-1311. doi:10.2135/cropsci2012.11.0640.
- Berilli CG, AP; Gonzaga Pereira, M; Dos Santos T, R; Da Costa, FR; Silva Da C, K. 2013. Response to the selection in the 11th cycle of reciprocal recurrent selection among full-sib families of maize *Acta Scientiarum. Agronomy* 35(4): 435-441.
- Borém, A; Miranda, GV. 2005. Melhoramento de plantas. 4. Ed., Viçosa: UFV. 525 p.
- Candidol, LS; Da Costa A, JÁ; Garcia, FQ; Azeredo G, LS; Do Amaral J, AT. 2011. Selection of half sib progenies of Isanão VF-1 composite of maize in normal and late season crops. *Ciência Rural* 41(6): 947-953.
- Carvalho, L de, HW; Menezes de S, E. 2007. Ciclos de seleção de progênies de meios-irmãos do milho BR 5011 Sertanejo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília* 42(6): 807-809.
- Ceballos, H; Pandey, S; Knapp, EB; Duque, JV. 1994. Tolerancia a suelos ácidos en poblaciones tropicales de maíz del CIMMYT. *Agronomía mesoamericana* 5: 96-103.
- Compton, WA; Comstock, RE. 1976. More on modified ear-to-row selection in corn. *Crop Science* 16: 122.
- Doná, AA; Miranda, GV; De Lima, RO; Chaves, LG; Gama, EG. 2012. Genetic parameters and predictive genetic gain in maize With modified recurrent selection method. *Chilean Journal of Agricultural Research* 72(1): 33-39.
- Falconer, DS. 1986. Introducción a la genética cuantitativa. 2a. Edición. Editorial CECSA, México.
- FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura, Italia). FAOSTAT, Datos, Cultivos (en Línea), Roma. Consultado 20 de diciembre 2016. Disponible en: <http://www.fao.org/faostat/es/#data/QC>.
- Gaytán-Bautista, R; Martínez, MI; Mayek-Pérez N. 2009. Rendimiento de grano y forraje en híbridos de maíz y su generación avanzada F₂. *Agricultura técnica en México* 35(3): 295 – 304.
- Hallauer, AR; CMiranda F, JB. 1988. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press. 468 p.
- Hallauer, A; Carena, M; Miranda F, JB. 2010. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University. Press. 663 p.
- Hartley, HO 1950. The use of range in analysis of variance. *Biometrika* 37: 271-280.
- Heinz, R; de Sousa M, LH; Gonçalves, MC; Viegas N, AL; Carlesso, A. 2012. Seleção de progênies de meio-irmãos de milho para eficiência no uso de nitrogênio. *Revista Ciência Agronômica* 43(4): 731-739.
- Mejía, J; Molina, J. 2002. Respuesta a la selección en variedades tropicales de maíz. *Revista Fitotecnia de México* 25(3): 305-310.
- Moreno-Pérez, E; Lewis-Beck, D; Cervantes-Santana, T; Torres-Flores, J. 2004. Selección recíproca recurrente en poblaciones de maíz de valles altos en suelos

con alto y bajo contenido de nitrógeno, en México. *Agrociencia* 38(1):305-311.

Rovaris, SRS; de Araújo, PM; Garbuglio, DD; Prete, CEC; Zago, VS; da Silva, LJF. 2011. Estimates of genetic parameter in maize commercial variety IPR 114 at Paraná State, Brazil. *Acta Scientiarum. Agronomy* 33 (4): 621-625.

SAS (Statistical analysis software, USA). SAS Institute. 2003. *Statistical analysis software: SAS 9.1*. 2003. Cary-NC, USA.

Segovia, VF; Alfaro, YJ. 2009. El maíz: un rubro estratégico para la soberanía agroalimentaria de los venezolanos. *AGRONOMÍA TROPICAL* 59(3):237-247.

Shapiro, SS; Wilk, MB. 1965. An Analysis of Variance Test for Normality (Complete Samples). *Biometrika* 52(3/4): 591-611.

Souza, ARR; Miranda, GV; Pereira, MG; de Souza, LV. 2009. Predição de ganho genético em população crioula de milho branco. *Ciência Rural* 39(1): 19-24.

Vencovsky, R; Barriga, P. 1992. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto, *Revista Brasileira de Genética*. 496 p.

Worku, M; Makumbi, D; Beyene, Y; Das, B; Mugo, S; Pixley, K; Banziger, M; Owino, F; Olsen, M; Asea, G; Prasanna, BM. 2016. Grain yield performance and flowering synchrony of CIMMYT's tropical maize (*Zea mays* L.) parental inbred lines and single crosses. *Euphytica* 211: 395–409. doi:10.1007/s10681-016-1758-3.