



EVALUACIÓN DE HÍBRIDOS F1 PROVENIENTES DE LÍNEAS ENDOCRIADAS DE MAÍCES (*zea mays*) CRIOLLOS DEL MAGDALENA

ANDRÉS EDUARDO CLEMENTE FUENTES
MANUEL HUMBERTO MENESES HERNÁNDEZ

Universidad Magdalena

Facultad, Ingeniería

Programa Ingeniería Agronómica

Ciudad, Santa Marta Colombia

Octubre del 2020



**EVALUACIÓN DE HÍBRIDOS F1 PROVENIENTES DE LÍNEAS ENDOCRIADAS
DE MAÍCES (*Zea mays*) CRIOLLOS DEL MAGDALENA**

**ANDRÉS EDUARDO CLEMENTE FUENTES
MANUEL HUMBERTO MENESES HERNÁNDEZ**

Trabajo de grado presentado como requisito parcial para optar al título de:

Ingeniero Agrónomo

Director:

I.A. Ph.D. CATHERINE PARDEY RODRÍGUEZ

Grupo de Investigación Fitotecnia del Trópico

Línea: Recursos Fitogenéticos RFGS y Biotecnológicos

Universidad Magdalena

Facultad, Ingeniería

Programa Ingeniería Agronómica

Ciudad, Santa Marta Colombia

Octubre del 2020

NOTA DE ACEPTACIÓN:

Aprobado por el Consejo de Programa en cumplimiento de los requisitos exigidos por el Acuerdo Superior N° 11 de 2017 y Acuerdo Académico N° 41 de 2017 para optar al título de (escriba el nombre del Programa)

Jurado

Jurado

Santa Marta, ____ de ____ de _____

DEDICADO

A Dios.

Por habernos permitido llegar hasta este punto y tener la salud para lograr nuestros objetivos.

A mi madre Kelly Clemente Fuentes; por haberme apoyado en todo momento, por sus consejos, sus valores, por la motivación constante lo cual me ha permitido ser una persona de bien. A mis amigos con quien jugué, reí y estudié; a mis familiares por su compañía; a mi tía Carmen Helena Silva por brindarme su apoyo, a mi mayor motivación, mi ángel guardián mi abuela Rosa María Fuentes Méndez; a mi promoción 2009, a la Universidad del Magdalena y a todos aquellos que participaron directa o indirectamente en la elaboración de esta tesis. ¡Gracias a ustedes!

Andrés

A mi madre Yelitza Hernández Hernández por todo lo que me has dado, por lo que me enseñaste y el amor que me inculcaste. A mis amigas Nohelys Gutiérrez, Marisol Carrillo, Yulieth Oviedo y Luz Parra por todo su apoyo moral, a mis familiares que siempre confiaron en mí, a mi tía Nurys Hernández Hernández por sus consejos que me llevo siempre a perseverar y ser constantes en mis metas, a la Universidad del Magdalena. Y a mi pueblo querido Guamal, Magdalena.

Manuel

Agradecimientos

A la universidad del Magdalena a través del Programa de Ingeniería agronómica por el apoyo financiero.

A Catherine Pardey Rodríguez, por creer en nosotros.

A nuestros padres que son nuestras grandes motivaciones.

A nuestros compañeros de clase que sacrificaron su tiempo para ayudarnos a tomar la información.

A Didier Antonio Chamorro Beleño, quien fue de mucha ayuda en la ejecución de este proyecto.

A Julián Restrepo, quien nos colaboró y nos brindó su conocimiento para la realización de este proyecto.

RESUMEN Y ABSTRACT

La Universidad del Magdalena a través del Programa de Ingeniería Agronómica posee germoplasma criollo de maíz procedente del departamento del Magdalena, el cual es evaluado para conocer el potencial agronómico y su posible reintroducción a comunidades agrícola. Cinco genotipos fueron auto-fecundados (Poblaciones S₁) y se cruzaron entre sí a través de un cruzamiento dialélico. Las poblaciones generadas fueron analizadas usando el modelo fijo, método 2 de Griffing para determinar el efecto genético, la interacción que se presentó fue no aditiva, sugiriendo estudiar estas poblaciones por su valor heterótico.

Palabras clave: Modelo de Griffing, dialélico.

ABSTRACT

The University of Magdalena within the Agronomic Engineering Program has local corn germplasm from the department of Magdalena; it is evaluated to know the agronomic potential and its possible reintroduction to agricultural communities. Five genotypes were self-fertilized (S₁ populations) and they crossed each other through a dialectic cross. The generated populations were analyzed using the fixed model, Griffing method 2 to determine the genetic effect, the interaction that was presented was non-additive, suggesting to study these populations for their heterotic value.

Keywords: Griffing Model.

CONTENIDO

	Pág.
Resumen	VI
Contenido	VII
Lista de figuras	VIII
Lista de tablas	IX
Lista de simbolo.....	X
1. Introducción	11
2. Marco teorico	13
2.1.1 Generalidsdes del maiz	13
2.1.2 Introduccion a la teoría genetica cuantitativa	14
2.1.3 Analisis de varianza	14
2.1.4 Estimación de efectos y varianzas geneticas.....	15
2.1.5 Cruzamientos dialelicos	16
3. Objetivos.....	19
3.1.1 Objetivo general.....	19
4. Materiales y Metodos	19
4.1.1 Ubicación geografica	19
4.1.2 Materiales/genotipos a sembrar	19
4.1.3 Variables de la evaluación	20
4.1.4 Establecimiento del ensayo	20
4.1.4 Modelo genetico.....	20
5. Resultados	24
5.1.1 Caracterización climática	24
5.1.2 Datos climatológicos	24
5.1.3 Caracterización del rendimiento	25
6. Discusiones	31
5.1.1 Caracterización climática	31
5.1.2 Caracterización del rendimiento	32
6. Conclusiones	35
6.1.1 Conclusión.....	35
8. Anexos	36
9. Bibliografias.....	43

LISTAS DE FIGURAS

Pág.

Grafico 1: Diseño de bloques completos al azar para 15 genotipos de maíz criollo derivados de un cruzamiento dialélico 5x5. 23

Grafico 2: Datos climatológicos zona de influencia estación Centro de Investigación Agrícola Forestal de la universidad del Magdalena, ubicada en Colombia Santa Marta.....24

LISTA DE TABLAS

	Pág.
Cuadro 1: Análisis de la varianza y cuadros medios esperados para los modelos I y II.....	18
Cuadro 2: Pasaporte de 5 genotipos de maíz criollo procedentes del departamento del Magdalena utilizadas en un cruzamiento dialélico 5x5.....	22
Cuadro 3: Diseño del Cruzamiento dialélico 5x5 entre genotipos de maíz criollo procedentes del Magdalena.	22
Cuadro 4: Rendimiento t/h de cinco progenitores y 10 híbridos de maíces criollos procedentes del departamento del Magdalena.....	26
Cuadro 5: Análisis de varianza genética y esperanza de cuadrados medios del dialélico 5x5 empleando parentales de maíz criollo procedentes del departamento del Magdalena.....	27
Cuadro 6: Efectos de Habilidad Combinatoria General (A.C.G) de líneas endocriadas de maíces criollos provenientes del departamento del Magdalena para la característica rendimiento... ..	28
Cuadro 7: Test para validar si las diferencias entre varianzas de habilidad combinatoria general son iguales o no a cero: Test-t Ho: $g_i = 0$	29
Cuadro 8: Efectos de Habilidad Combinatoria Específica (H.C.E) para la variable rendimiento de 10 cruzas directas proveniente de cinco líneas endocriadas de maíces criollos provenientes del departamento del Magdalena.. ..	29
Cuadro 9: Comparación entre los efectos de habilidad combinatoria específica.	30

LISTA DE SIMBOLOS

Símbolo	Significado
(H)	Heterosis.
(HB)	Heterobeltiosis.
(ACG)	Habilidad combinatoria general.
(ACE)	Habilidad combinatoria específica.

1. INTRODUCCIÓN

La presente investigación se refiere al tema de la variación genética existente en poblaciones de maíz criollo. La variabilidad genética es el componente básico de la diversidad de la especie, y se define como las variaciones heredables que ocurren en la planta, entre los individuos de una población y entre poblaciones de una especie. Conocer la heterosis y habilidad combinatoria general y específica del germoplasma que se posee es útil porque se puede utilizar para desarrollar con híbridos o variedades; evitar pérdida de diversidad, crear variabilidad e implementar programas de selección.

En el cultivo de maíz se presentan las poblaciones criollas conocidas como locales o *landraces* se caracterizan por que se originan por selección natural y artificial realizada por los productores que mantienen su propia semilla; poseen alta diversidad genética y de adaptación. Es un recurso genético valioso asociado a sistemas de producción familiar; que está en riesgo de erosión a causa del desplazamiento por el empleo de materiales mejorados con alto rendimiento.

El recurso fitogenético que cuenta el programa de agronomía está conformado por variedades criollas del departamento y cultivares mejorados adaptados a clima cálido. Estudiar la diversidad genética presente en los materiales criollos de maíz para su exploración en nuevos arreglos genéticos que expresen un mayor rendimiento del grano es de interés de los fitomejoradores porque reconocen las bondades de los materiales ancestrales.

Para estudiar la diversidad genética en las plantas se tienen diversas metodologías entre ellas está la metodología desarrollada por Griffing, 1956, la cual crea arreglos genéticos entre un grupo de materiales para obtener información de la capacidad combinatoria y direccionar el método de mejoramiento de las poblaciones.

La finalidad de la metodología es la estimación de la capacidad combinatoria relacionada con la población básica de referencia. Los conceptos de capacidad combinatoria general y capacidad combinatoria específica fueron definidos por Sprague, G.F and Tatum, 1942; ellos definen el término capacidad combinatoria general como el comportamiento promedio de una línea en combinaciones híbridas; esto es, que cada línea se cruza con el resto de las líneas que integran el grupo, y el comportamiento promedio de las F1's resultantes, es la base para determinar la capacidad combinatoria general.

Este trabajo utilizó la información bajo esta segunda manera. Después que se realizan los cruzamientos, se evalúan las progenies y los datos se someten a un análisis de varianza, de donde se obtienen los componentes que permiten hacer inferencias sobre el tipo de acción génica.

El interés que despertó esta investigación se dio porque se quiso saber el potencial genético que tienen los genotipos criollos procedentes del departamento del Magdalena para su reutilización en las comunidades agrícolas. Por otra parte, ejercitar a los estudiantes en la comprensión del uso de los parámetros genéticos y su interpretación.

En el marco de la metodología desarrollada por Griffing se emplea el cruzamiento dialélico para estimar los efectos de habilidad combinatoria general y específica para los parentales y los cruzamientos. Se desarrolló el modelo matemático manualmente para hacer una interpretación de cada uno de los valores obtenidos y el uso que los datos arrojan para tomar decisiones en el manejo de las poblaciones.

2. MARCO TEÓRICO

2.1.1 Generalidades del Maíz

Colombia, por la ubicación geográfica es un puente de comercio entre las culturas de Suramérica y Centro América desde la época prehispánica; de esta manera la distribución de la semilla de maíz por todo el territorio ha sido constante, como consecuencia el cultivo del maíz se presenta en diferentes ambientales generando condiciones propicias para el desarrollo de razas, variedades, y ecotipos nativos de maíz, Salgar, 2005.

En la región Caribe se produce maíz, se cultiva en tierras fértiles y en zonas marginales de poca fertilidad y disponibilidad de agua; estas últimas se ubican en comunidades indígenas y campesinas, quienes poseen diversidad de variedades locales, que han evolucionado adaptándose a las condiciones ambientales, socioeconómicas y culturales de la región, Salgar, 2005.

La siembra de maíz tradicional ocupa el 52% de la producción nacional con rendimientos de 2 t/h. CIAT y CIMMYT., 2019. La agricultura tradicional es con azadón, sin sistema de riego y con materiales tradicionales con vestigios de mejoramiento genético; para Colombia se registran 23 razas.

Colombia posee un bajo índice de productividad en comparación con países productores, la media nacional es de 3,6 t/h y la mundial es de 5,4 t/h. Como iniciativa por parte del CIMMYT y del CIAT para mejorar la productividad del cultivo busca promover una agricultura sostenible con rendimientos altos y estables. El departamento del Magdalena se ubica entre las regiones que concentran el 100% de su producción en sistemas tradicionales con rendimientos de 2,1 t/h. El reto consiste, en aumentar la productividad y competitividad del maíz en Colombia de manera sustentable, e incrementar la productividad de sistemas tradicionales. Como iniciativa por parte del CIMMYT y del CIAT para mejorar la productividad del cultivo resalta sembrar semilla mejorada y utilizar el sistema de información agroclimática para mejorar la toma de decisiones y uso de tecnologías.

2.1.2 Introducción a la teoría de la genética cuantitativa

Estimación de parámetros.

En los programas de mejoramiento genético se necesita conocer los parámetros genéticos de las poblaciones de trabajo, para tomar decisiones sobre el uso que se darán a la población, debido a que no todas las poblaciones se manejan de la misma forma; unas sirven como poblaciones testigo, otras como parentales en los programas de cruzamiento, y a su vez, dentro del programa de cruzamientos unas poblaciones deben actuar como madre y otras poblaciones como padre; también trabajar indistintamente, todo de acuerdo a la interpretación que se realice de los parámetros. Los parámetros son tomados con base a una población *muestra*; el parámetro toma el nombre de *estimador*. Para caracterizar una población los principales parámetros son: la media y la desviación estándar Vega O., 1988.

Media = $\mu = np$

Varianza = $\sigma^2 = np(1-q) = npq$

Desviación estándar = $\sigma = \sqrt{npq}$

Las formulas son tomadas del concepto de distribución binomial, una prueba o experimento que solamente tiene dos resultados posibles, por ejemplo, la planta produjo mazorca (p) o no produjo mazorca (q); la probabilidad que el evento ocurra r veces en un total de n pruebas.

Se espera que la *distribución* de una población frente a un parámetro sea normal. En la genética estadística la característica rendimiento es poligénica y se espera que su distribución sea normal y de no lograrse se puede ajustar transformando los datos utilizando la raíz cuadrada o el logaritmo.

$X \sim N(\mu, \sigma^2)$ se lee: la variable X está distribuido normalmente con una media y una varianza en la población.

2.1.3 El análisis de varianza

El análisis de varianza es una técnica que fue desarrollada por, Fisher, 1925. Para facilitar el análisis de datos; para el caso de características poligenéticas, donde se desea separar los efectos genéticos de los no genéticos. El análisis ordinario parte del modelo lineal el cual consta de cuatro componentes: Un promedio (μ), el efecto genético (α_i), el efecto ambiental (β_j) y el efecto residual que es el error experimental (ϵ_{ijk}) $y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \epsilon_{ijk}$.

Los mejores estimadores de los parámetros involucrados en el modelo anterior es mediante el método de los mínimos cuadrados: para μ es \bar{y} . Y para α_i es \bar{y}_i . de tal manera que minimicen la suma de cuadrados del error (ϵ_{ijk}) $\epsilon_{ijk} = y_{ij} - \mu - \alpha_i$.

2.1.4 Estimación de efectos y varianzas genéticas

Pedro Vega O., 1988; expone el método de selección para características cuantitativas tomando el ejemplo del rendimiento, este depende de la variación genética que existe en la población de estudio, se pueda cuantificar cuánta variación es debida al ambiente y cuánto a la genética. Es por ello que la estimación de los componentes aditivos, dominantes y epistáticos de la varianza genética constituye información para la selección del carácter, sin embargo, la utilidad de esta información solo puede manifestarse cuando se desarrolla un programa que permite al fitomejorador, producir y reproducir los genotipos que representan las óptimas combinaciones de genes para una región en particular. El ambiente, es un factor a determinar el cual se trabaja mediante el empleo de diseños experimentales apropiados, repetidos para minimizar las correlaciones genotipo – ambiente.

Los diseños empleados para estimar la magnitud de los componentes de la varianza genética siguen los siguientes pasos como los describe Vega O., 1988.

- La progenie de individuos emparentados se obtiene a través de un diseño de apareamiento.
- La progenie se evalúa en diferentes ambientes bajo un diseño experimental.
- Se realiza un análisis cuadrático de las observaciones el cual incluye a la esperanza matemática de cada cuadrado medio para aislar el componente de variación.
- Los componentes de varianza se interpretan en términos de varianza entre parientes.
- Las covarianzas entre parientes se interpretan en función de componentes de la varianza genética.

Los diseños de cruzamientos analizan los componentes de varianza, entre ellos se tiene el cruzamiento dialélico. El sistema de reproducción de la planta define el programa de cruzamiento a realizar ya que la planta puede ser de reproducción sexual siendo autógama o alogama o de reproducción vegetativa.

2.1.6 Cruzamientos dialélicos

Griffing, 1956; lo referencia como todos los cruzamientos posibles entre un grupo posible genotipos. La información obtenida con este diseño se utiliza de dos maneras: primero, para caracterizar las relaciones de cruzamiento entre un grupo de variedades creando material para ser usado en los programas de selección. Segundo, para obtener información sobre una población básica de la cual el material prueba constituye sólo una muestra.

Los cruzamientos dialélico permiten obtener información de la población parental con relación a tres aspectos genéticos fundamentales:

Para estimar varianzas cuando los padres son líneas homocigotas escogidas al azar de una población panmíctica en equilibrio de ligamiento (modelo Hayman, 1954).

Para estimar efectos de capacidad combinatoria general y específica de cruzamientos de un grupo determinado de líneas Griffing, 1956.

Para evaluar un grupo determinado de variedades de apareamiento aleatorio y los efectos heteróticos de sus cruzamientos (Modelo Garner y Eberhart, 1972).

Diseño dialélico para estimar capacidad combinatoria en poblaciones de líneas consanguíneas.

La metodología Griffing, 1956 solamente puede utilizarse en poblaciones con alto grado de homocigosis (líneas consanguíneas) en plantas alógamas la homocigosis se consigue con la autofecundación, la semilla producto de una autofecundación dirigida se llama línea endocriada y se simboliza como S_i , el subíndice significa la generación de autofecundación, ejemplo S_1 es una línea alógama que es producto de una autofecundación, S_2 es una semilla producto de dos autofecundaciones seguidas. Dependiendo de la inclusión en el experimento de los progenitores y de los híbridos F_1 ya sean directos o recíprocos Griffing estableció cuatro métodos.

Método 1: Padres + F_1 directos + F_1 recíprocos

Método 2: Padres + F_1 directos

Método 3: F_1 directos + F_1 recíprocos

Método 4: F_1 directos

El término capacidad combinatoria específica se usa para designar aquellos casos en los cuales ciertas combinaciones se comportan relativamente mejor o peor que el comportamiento promedio de las líneas involucradas, lo que constituye una desviación de la capacidad combinatoria general de ambas líneas que intervinieron en el cruzamiento. Estos conceptos se han utilizado para la exploración de la heterosis para el desarrollo de híbridos comerciales.

El modelo genético de la planta (x_{ij}) se representa como una función lineal del valor promedio de cada uno de los gametos donados por la madre (g_i) y por el padre (g_j) más el efecto de la interacción entre los gametos (s_{ij}).

La varianza genética se considera como la suma de la varianza aditiva (σ^2_A) más la varianza de dominancia (σ^2_D) ($\sigma^2_G = \sigma^2_A + \sigma^2_D$); La varianza aditiva se asocia a la habilidad combinatoria general (σ^2_{Acg}) y la varianza de dominancia se asocia a la habilidad combinatoria específica (σ^2_{ace}) ($\sigma^2_G = \sigma^2_{Acg} + \sigma^2_{ace}$).

Análisis estadístico de los datos experimentales

Antes de efectuar el experimento, es necesario establecer si los padres que se usarán en los cruzamientos son una muestra aleatoria de una población en referencia o si, por el contrario, estos padres constituyen esa población referencia. En esta investigación es la segunda opción: Los padres constituyen la población referencia. En las poblaciones referencias o fijas los estimados solamente son aplicables a los genotipos incluidos en el experimento y no se extiende a otras poblaciones.

El diseño experimental usado es el de bloques completos al azar, la n variedades se ubican en r bloque y se hacen tantos bloques se crean necesarios de acuerdo a la variabilidad del suelo y las condiciones del terreno.

El modelo matemático para la ijk -ésima observación es:

$$X_{ijk} = \mu + v_{ij} + b_k + e_{ijk}$$

Donde:

μ = Efecto promedio de la población

v_{ij} = efecto del ij – ésimo genotipo $v = 1, 2, \dots, n$

b_k = efecto del k – ésimo bloque $b = 1, 2, \dots, r$

e_{ijk} = efecto residual

El efecto de la variedad, que en nuestro caso son los padres o los híbridos, contempla doble subíndice, X_{ij} representa la media del cruzamiento del i -ésimo con el j -ésimo padre y X_{ii} representa la autofecundación.

El modelo de análisis de la varianza se muestra en el Cuadro 1

Cuadro 1 Análisis de la varianza y cuadrados medios esperados para los modelos I y II

Fuente de variación	Grados de libertad	Cuadrado medio esperado		
			Modelo I	Modelo II
Repeticiones	r-1	M_r		
Variedades	n-1	M_v	$\sigma^2e + r \frac{1}{n-1} \sum v^2ij$	$\sigma^2e + r\sigma^2v$
Error	(r-1)(n-1)	M_e	σ^2e	σ^2e

Si no se detectan diferencias significativas entre los genotipos, no tienen ningún sentido proseguir con otros análisis, pero si las hay, se continúa con la segunda fase del proceso que comprende la estimación de efectos y varianzas de habilidades combinatorias.

Método de Griffing Modelo 2

El modelo estadístico general $X_{ijk} = \mu + g_{ij} + b_k + (gb)_{ijk} + e_{ijkl}$

Donde

μ = La media general del experimento

g_{ij} = Es el efecto del genotipo ij

b_k = Es el efecto del bloque k

$(gb)_{ijk}$ = Es la interacción entre el genotipo ij y el bloque k

e_{ijkl} = Es el efecto residual en la planta ijkl

$$g_{ij} = g_i + g_j + s_{ij}$$

g_i y g_j = son los efectos de habilidad combinatoria general de los padres i y j

s_{ij} = es el efecto de habilidad combinatoria específica para la particular combinación híbrida de la cruce entre i y j

$\sum g_i = 0$ porque son desviaciones con respecto a la media general

$\sum s_{ij} = 0$ porque son desviaciones con respecto a los parentales de cada híbrido

El modelo para el método 2 de Griffing que incluye padres y cruza directas es:

$$X_{ijkl} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + b_k + (gb)_{ijk} + \frac{1}{rn} \sum \sum e_{ijkl}$$

3. OBJETIVOS

3.1 Objetivo general

Evaluar agronómicamente poblaciones F1 procedentes de maíces criollos del departamento del Magdalena para estimar su valor agronómico.

4. MATERIALES Y MÉTODOS

4.1.1 Ubicación geográfica

El estudio se realizó en el Centro de Investigación Agrícola Forestal de la Universidad del Magdalena. Ubicada en Colombia Santa Marta entre las coordenadas 74° 12' 06" de longitud oeste y a los 11° 14' 50" latitud norte durante el segundo semestre del 2018. La zona presenta un clima caliente de estepa, con vegetación xerofítica, un ecosistema de bosque seco tropical (Bs-T); dos períodos de lluvia: Abril- mayo- junio y septiembre - Octubre – Noviembre. Vasquez, 2010; IDEAM 2017, n.d.

4.1.2 Materiales/genotipos a sembrar

La semilla inicialmente fue donada por la Universidad Nacional de Colombia sede Palmira (Cuadro 2). Con base al material donado se realizó una autofecundación (S_1), parte de la semilla S_1 se utilizó para crear híbridos F1. Se planeó un diseño de cruzamientos conocido como dialélico en el cual intervinieron cinco parentales escogidos procedentes del departamento del Magdalena (Cuadro 3) se formaron 10 híbridos. El comportamiento de los híbridos se evaluó bajo las condiciones edafoclimáticas de la granja experimental de la universidad del Magdalena la cual se encuentra en la misma universidad del Magdalena durante el año 2018 en función al rendimiento.

4. MATERIALES Y MÉTODOS

4.1.3 Variables de evaluación

De la estación automática (Código 15015120) del Instituto de Hidrología, Meteorología y Estudios Ambientales-IDEAM ubicada dentro de la Universidad del Magdalena, próxima al lote de trabajo de esta investigación. Se hizo un registro diario de variables climáticas temperatura ($^{\circ}\text{C}$), precipitación (mm), radiación (HW/m^2), humedad del aire (%) y velocidad del viento (m/s) para inferir el comportamiento de las plantas.

La evaluación de las plantas se hizo teniendo en cuenta la producción de mazorca, se hizo un conteo de plantas y un conteo de mazorcas por planta. Se calculó el peso de todas las mazorcas, se hizo un cálculo por parcela y luego se hizo un cálculo de toneladas por hectárea.

4.1.4 Establecimiento del ensayo

El diseño de siembra en campo fue de bloques completos al azar con 15 tratamientos (Gráfico 1). Los 15 tratamientos son 15 genotipos identificados como cinco parentales y 10 híbridos, se sembraron en parcelas de 4 surcos/tratamiento, espaciados a 80 cm entre surco y 20 cm entre planta, para un total de 52 plantas/tratamiento. La preparación del terreno se hizo con un pase de arado y uno de rastrillada. La siembra fue manual, a los 8 días se hizo resiembra. El sistema de riego fue por aspersión. La fertilización se hizo edáfica y foliar. El control de malezas se hizo con guadaña y machete, el control de insectos se hizo dirigido, únicamente a las plantas que presentaron daño, aplicando Dipel-wg al gusano cogollero (*Spodoptera frugiperda*).

5.1.5 Modelo genético

El modelo genético para el análisis de los datos fue el Método 2 de Griffing, 1956, se describe como un cuadro de cinco filas y cinco columnas donde los padres (X_{ii}) están ubicados en la diagonal y es producto de autofecundaciones (S_1) y las cruza directas (X_{ij}) están sobre la diagonal, son cruza que tienen en común el padre i (Cuadro 2). Se calculó un modelo fijo, en el cual los progenitores han sido deliberadamente seleccionados. Se estimó los efectos genéticos tales como habilidad combinatoria general, habilidad combinatoria específica. El coeficiente de variación se calculó con base el cuadrado medio del error que representa la varianza del experimento y la media general.

El modelo correspondiente al método 2 es:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + b_k + (gb)_{ijk} + (1/rn) \sum \sum e_{ijk}$$

Donde r y n representan respectivamente el número de bloque y plantas respectivamente.

Las sumas de cuadrados se calculan de la siguiente manera:

$$\text{Factor de corrección FC} = \sum (X_{ijk})^2 / [rp(p+1)/2]$$

$$\text{Suma de cuadrados total SC}_{\text{total}} = [\sum (X_{ijk})^2] - \text{FC}$$

$$\text{Suma de cuadrados de genotipo SC}_{\text{genotipo}} = (\sum \sum X_{ij} / r) - \text{FC}$$

$$\text{Suma de cuadrados de bloque SC}_{\text{bloque}} = \sum (X_{..k})^2 / [rp(p+1)/2] - \text{FC}$$

$$\text{Suma de cuadrados del error SC}_{\text{error}} = \text{SC}_{\text{total}} - \text{SC}_{\text{g}} - \text{SC}_{\text{bloque}}$$

La suma de cuadrados de genotipo se fracciona en los efectos de ACG y ACE

$$\text{SC}_{\text{acg}} = \{[\sum \sum T_{i..} + T_{.i.}]^2 / r - 4 * (T_{...})^2 / pr\} / p + 2.$$

$$\text{SC}_{\text{ace}} = [\sum \sum X_{ij}^2 / r - \{\sum (T_{i..} + T_{.i.})^2 / [r(p+2)] + \{2 * (T_{...})^2 / [r * (p+1) * (p+2)]\}]$$

La estimación de los parámetros para el Modelo I (Fijo)

Test F:

$$F_{\text{acg}} = \text{CM}_{\text{acg}} / \text{CM}_{\text{error}}$$

$$F_{\text{ace}} = \text{CM}_{\text{ace}} / \text{CM}_{\text{error}}$$

Cálculos de los efectos de ACG para cada padre

$$g_i = [(T_{i..} + T_{.i.}) / r * (p+2)] - 2T_{...} / rp(p+2)$$

Las varianzas de parámetros relacionados con los estimadores

$$\delta^2(g_i) = (p-1) \delta^2 e / rp(p+2)$$

$$\delta^2(g_i - g_j) = 2\delta^2 e / r(p+2)$$

Los cálculos de la habilidad combinatoria específica $\sigma(g_i) = \sqrt{\sigma^2(g_i)}$

Pasaporte y diseño

Cuadro 2. Pasaporte de 5 genotipos de maíz criollo procedentes del departamento del Magdalena utilizadas en un cruzamiento dialélico 5x5

Entrada UNALPalmira*	No en campo*	Dpto.	Municipio	Longitud	Latitud	msnm	Raza
87	ZmMagCol1001	Magdalena	Pibijay	74,23008	10,27455	24	NN
88	ZmMagCol1002	Magdalena	Fundación	74,11195	10,31231	49	NN
11	3132	Magdalena	Fundación	74,11	10,31	53	Cariaco
3202	7903	Magdalena	NN	74,1235	11,1428	14	Negrito
3203	7903	Magdalena	NN	74,1235	11,1428	14	Negrito

*Identificación según Universidad Nacional de Colombia - Sede Palmira.

Cuadro 3. Diseño del Cruzamiento dialélico 5x5 entre genotipos de maíz criollo procedentes del Magdalena

	87	88	11	3202	3203
87	87 x 87 (S ₁)	87 x 88	87 x 11	87 x 3202	87 x 3203
88		88 x 88 (S ₁)	88 x 11	88 x 3202	88 x 3203
11			11 x 11 (S ₁)	11 x 3202	11 x 3203
3202				3202 x 3202 (S ₁)	3202 x 3203
3203					3203 x 3203 (S ₁)

Bloques al azar

Grafico 1. Diseño de bloques completos al azar para 15 genotipos de maíz criollo derivados de un cruzamiento dialélico

Bloque I	11	88 x 11	88 x 3203
	3203	11 x 3203	3203 x 87
	3202	11 x 3202	87 x 88
	88 x 3202	3202 x 3203	87 x 11
	87 x 3202	87	88

Bloque II	11 x 3202	88 x 3203	88 x 3202
	11 x 3203	3202	3202 x 3203
	88	87 x 11	88 x 11
	87	87 x 3202	11
	87 x 88	3203 x 87	3203

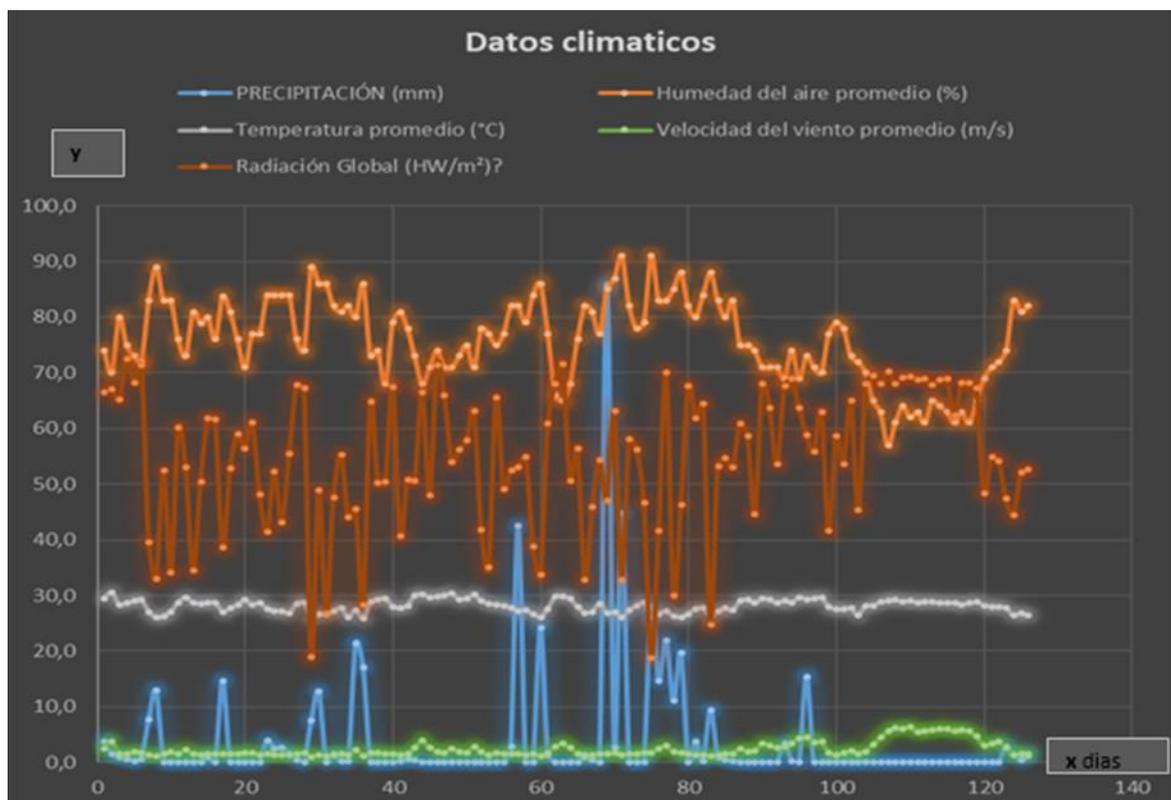
Bloque III	87 x 11	88 x 3202	11 x 3202
	88 x 3203	88	11 x 3203
	3202 x 3203	87 x 88	87 x 3202
	88 x 11	11	87
	3203 x 87	3203	3202

5. RESULTADOS

5.1.1 Caracterización climática

El registro climatológico mostró datos diarios de temperatura máxima y mínima, precipitación, velocidad del viento, radiación solar y humedad relativa durante el mes de septiembre a diciembre 2017. La temperatura máxima y mínimas registrada fue de 32 °C y 25°C respectivamente; esto confirma estar en el piso térmico cálido, Santa Marta está ubicada a 0 msnm en la Costa Caribe.

Gráfico 2. Datos climatológicos zona de influencia estación Centro de Investigación Agrícola Forestal de la universidad del Magdalena, ubicada en Colombia Santa Marta.



Registros diarios de las variables climáticas tomadas en los meses de septiembre a diciembre durante el ensayo. (Año 2017).

Los resultados resaltan en primer lugar la precipitación acumulada que fue de 453 mm., distribuida en forma unimodal (gráfico 2) el mes más lluvioso fue noviembre (245.2 mm.) coincidiendo con la etapa de maduración del grano. El mes menos lluvioso fue diciembre (19 mm) seguido de septiembre (75.7 mm.) y octubre (113 mm.). Las etapas críticas de prefloración, floración coincidieron con escasas lluvias.

La velocidad del viento varió de 1 a 6 m/s condiciones que favorecen el movimiento constante de hojas y del polen en maíz. Velocidad alta del viento junto con escasas de agua en la planta se produce el cierre de estomas y así evitar la pérdida de agua, sin embargo, la conductancia estomática y la transpiración aumentan.

La radiación solar media fue de $18,5 \text{ MJm}^2 / \text{día}$, significa que es la radiación solar acumulada en un día; en los trópicos varía desde 10 a $25 \text{ MJm}^2 / \text{día}$; un cultivo de maíz sin estrés puede interceptar el 55% de la radiación recibida en un periodo de cultivo con eficiencias de conversión de 1.2 a 1.6 gramos de biomasa por encima de la superficie de la tierra por cada MJ de radiación interceptada resultando así en una alta productividad, Lafitte, 2001.

La humedad relativa media fue de 75%, se considera alta y favorece la apertura de las estomas acelerando la evapotranspiración.

5.1.2 Caracterización del rendimiento

El rendimiento expresado en tonelada por hectárea de los cinco parentales evaluados en cada bloque fue diferente (cuadro 5), en el cuadro 4 se describen los rendimientos de los cinco progenitores y de los diez híbridos en cada bloque con los promedios. El parental 87 no registró producción de mazorca en el bloque 1 y 4; igualmente el parental 11 no produjo mazorcas en el bloque 3. El promedio más bajo se registró para el parental 87 (0,53 t/h) seguido de 11 (1,2 t/h), 3203 (1,53 t/h), 3202 (2,37 t/h) y 88 (2,5 t/h). Las plantas híbridas del cruce 87 x 11 y 88 x 3203 no produjo mazorcas en el bloque 3. El híbrido con menor promedio fue 88 x 3203 (1,68 t/h) y el de mayor promedio fue 11 x 3203 (3,77 t/h). El bloque 2 registró la mayor cantidad de mazorcas, seguida del bloque 1. El rendimiento promedio fue de 2,324 t/h. Los parentales que tuvieron un rendimiento por encima de la media fueron 88 y 3202. Tres híbridos estuvieron por debajo de la media 87x11, 88x3203 y 3202x3203.

Cuadro 4. Rendimiento t/h de cinco progenitores y 10 híbridos de maíces criollos procedentes del departamento del Magdalena.

Genotipo	Bloque I	Bloque 2	Bloque 3	Promedio
Padres (S1)				
87	0,000	1,599	0,000	0,533
88	2,917	1,787	2,824	2,509
11	1,809	1,796	0,000	1,202
3202	2,663	2,378	2,096	2,379
3203	1,794	1,568	1,394	1,586
Híbridos F1				
87x88	2,470	3,246	2,598	2,771
87x11	2,286	3,247	0,000	1,844
87x3202	4,463	3,222	2,315	3,333
87x3203	1,611	2,778	3,583	2,657
88x11	2,698	3,294	2,389	2,794
88x3202	3,378	3,415	2,654	3,149
88x3203	2,285	2,782	0,000	1,689
11x3202	2,700	3,031	2,257	2,663
11x3203	3,841	3,841	3,648	3,777
3202x3203	1,413	2,870	1,625	1,970
$\bar{Y} = 2,324$ t/h				

Cuadro 5. Análisis de varianza genética y esperanza de cuadrados medios del dialélico 5x5 empleando parentales de maíz criollo procedentes del departamento del Magdalena.

FV	gl	SC	CM	Fc	Ft	Esperanza de cuadrados medios	
						Modelo Fijo I	Modelo II
Repeticiones*	2	6,265	3,132	4,14	3,34		
Genotipos*	14	30,79	2,199	2,91	2,024		
ACG	4	5,03	1,257	1,64	1,664	2,013	1,257
ACE*	10	25,759	2,575	3,410	3,408	3,723	2,575
Error	28	21,158	0,755			0,755	0,755
Total	44	58,214					

*: Diferencias significativas al 5%.

CV = 37.40%

El análisis de varianza para rendimiento mostró que hubo diferencias entre los bloques (repeticiones) y entre los genotipos (Cuadro 5). Las diferencias estadísticas se presentaron a nivel de rendimiento entre los híbridos, esto indica que en los cruzamientos se presentaron efectos heteróticos significativos.

Los cuadrados medios no mostraron diferencias significativas para los efectos de habilidad combinatoria general, mientras que para los efectos de habilidad combinatoria específica sí se presentaron (Cuadro 5), Los efectos de acción genética no aditiva fueron más importantes que los de acción génica aditiva.

Cuadro 6. Efectos de Habilidad Combinatoria General (A.C.G) de líneas endocriadas de maíces criollos provenientes del departamento del Magdalena para la característica rendimiento.

Genotipo	(Ti..+T.i.)	r*(p+2)	2T...	rp(p+2)	ACG
87	35,0	21	209,1	105	-0,324
88	46,3	21	209,1	105	0,211
11	40,4	21	209,1	105	-0,065
3202	47,6	21	209,1	105	0,275
3203	39,8	21	209,1	105	-0,096

$$A.C.G = [(Ti... +T.i.) / r*(p+2)] - 2T.../rp(p+2)$$

Los efectos de habilidad combinatoria general de los progenitores se calcularon (Cuadro 6) pero, las varianzas de los estimados de estas habilidades combinatorias generales fueron nulas, esto confirmar que la acción genética aditiva entre los parentales es similar (Cuadro 7).

El cálculo de habilidad combinatoria específica muestra que existe vigor híbrido en los cruzamientos (Cuadro 8). Tres híbridos presentaron el rendimiento por debajo de la media 87x11, 88x3203 y 3202x3203 fueron los tres que presentaron un efecto negativo en la aptitud combinatoria específica. Una diferencia estadística se presentó al comparar el vigor híbrido del rendimiento entre híbridos que no comparten ningún parental 88x3203 (1,689 t/h) con 87x3202 (3,333 t/h), dos diferencias estadísticas al comparar híbridos que comparten un parental 3202x3203 (1,970t/h) con 87x3202 (3,333t/h) y entre 88x3203 (1,689t/h) con 87x3203 (2,697t/h) (Cuadro 9).

Cuadro 7. Test para validar si las diferencias entre varianzas de habilidad combinatoria general son iguales o no a cero: Test-t Ho: $g_i = 0$

$$\sigma^2(g_i - g_j) = \sigma^2 e / r_p =$$

$$\sigma(g_i) \sqrt{\sigma^2(g_i)} =$$

$$\text{DISTR.T.INV}(0,05;28) = 2.043$$

$$\text{Test (Ho: } g_i = 0) \rightarrow t = g_i - 0 / \sigma(g_i)$$

Parental	ACG	ACG/ $\sigma(g_i)$	Significancia
87	-0,324	-2,043	Ns
88	0,211	1,331	Ns
11	-0,065	-0,415	Ns
3202	0,275	1,737	Ns
3203	-0,096	-0,610	Ns

Cuadro 8. Efectos de Habilidad Combinatoria Específica (H.C.E) para la variable rendimiento de 10 cruza directas proveniente de cinco líneas endocriadas de maíces criollos provenientes del departamento del Magdalena

$$S_{ij} = [(C_{ij}) / r] - \{[(T_{i...} + T_{i..}) + (T_{j...} + T_{j..})] / r(p+2)\} + [(2T_{...} / r(P+1)(P+2))]$$

Cruce	$\sum X_i$	r	SC_{acg}	SC_{acg}	r(p+2)	(2T... / r(P+1)(P+2))	Sij
S12	8,314	3	35,0	46,26	21	209,14 126	0,560
S13	5,533	3	35,0	40,44	21	209,14 126	-0,089
S14	10,000	3	35,0	47,62	21	209,14 126	1,058
S15	7,972	3	35,0	39,79	21	209,14 126	0,754
S23	8,381	3	46,3	40,44	21	209,14 126	0,324
S24	9,447	3	46,3	47,62	21	209,14 126	0,338
S25	5,067	3	46,3	39,79	21	209,14 126	-0,749
S34	7,989	3	40,4	47,62	21	209,14 126	0,129
S35	11,33	3	40,4	39,79	21	209,14 126	1,615
S45	5,909	3	47,6	39,79	21	209,14 126	-0,532

Cuadro 9 Comparación entre los efectos de habilidad combinatoria específica

Cruce	ACE _i	ACE _j	ACE _i - ACE _j	ACE _i - ACE _j /δ	Valor de T	Significancia
S12- S13	0,56	-0,089	0,649	0,989	2,048	ns
S12 - S14	0,56	1,058	-0,497	-0,756		ns
S12 - S15	0,56	0,754	-0,194	-0,295		ns
S12 -S23	0,56	0,324	0,236	0,359		ns
S12 -S24	0,56	0,338	0,222	0,338		ns
S12 -S25	0,56	-0,749	1,309	1,993		ns
S12 -S34	0,56	0,129	0,431	0,718		ns
S12-S35	0,56	1,615	-1,055	-1,758		ns
S12 - S45	0,56	-0,532	1,093	1,823		ns
S13- S14	-0,089	1,058	-1,147	-1,746	2,048	ns
S13 -S15	-0,089	0,754	-0,844	-1,284		ns
S13 -S23	-0,089	0,324	-0,413	-0,629		ns
S13 -S24	-0,089	0,338	-0,427	-0,712		ns
S13 -S25	-0,089	-0,749	0,659	1,099		ns
S13 -S34	-0,089	0,129	-0,218	-0,332		ns
S13-S35	-0,089	1,615	-1,705	-2,594		*
S13 - S45	-0,089	-0,532	0,443	0,739		ns
S14 -S15	1,058	0,754	0,303	0,461	2,048	ns
S14 -S23	1,058	0,324	0,733	1,222		ns
S14 -S24	1,058	0,338	0,719	1,095		ns
S14 -S25	1,058	-0,749	1,807	3,012		*
S14 -S34	1,058	0,129	0,928	1,413		ns
S14-S35	1,058	1,615	-0,557	-0,929		ns
S14 - S45	1,058	-0,532	1,59	3,631		*
S15 -S23	0,754	0,324	0,43	0,717	2,048	ns
S15 -S24	0,754	0,338	0,416	0,694		ns
S15 -S25	0,754	-0,749	1,503	2,288		*
S15 -S34	0,754	0,129	0,625	1,042		ns
S15 -S35	0,754	1,615	-0,8604	-1,31		ns
S15 -S45	0,754	-0,532	1,287	1,959		ns
S23-S24	0,324	0,338	-0,013	-0,02	2,048	ns
S23-S25	0,324	-0,749	1,073	1,789		ns
S23-S34	0,324	0,129	0,195	0,296		ns
S23-S35	0,324	1,615	-1,291	-1,964		ns
S23-S45	0,324	-0,532	0,857	1,429		ns
S24-S25	0,338	-0,749	1,087	1,654	2,048	ns
S24-S34	0,338	0,129	0,208	0,317		ns
S24-S35	0,338	1,615	-1,277	-2,129		*
S24-S45	0,338	-0,532	0,871	1,325		ns
S25-S34	-0,749	0,129	-0,878	-1,464		ns
S25-S35	-0,749	1,615	-2,364	-3,598		*
S25-S45	-0,749	-0,532	-0,216	-0,329		ns
S34-S35	0,129	1,615	-1,486	-2,261		*
S34-S45	0,129	-0,532	0,662	1,007		ns
S35-S45	1,615	-0,532	2,148	0,599		ns

6. DISCUSIONES

6.1.1 Caracterización climática

Las variables climáticas influyen en el crecimiento y desarrollo de las plantas, en relación con su constitución genética, Pedro Garcia, 2009.

El clima en la granja de la Universidad del Magdalena en la ciudad de Santa Marta fue estresante para el cultivo de maíz. El rango de temperatura de 25 a 32°C, registrado en el desarrollo y crecimiento de la planta de maíz porque el proceso de la fotosíntesis se reduce cuando las temperaturas son bajas o extremadamente altas, por ende el crecimiento de la planta es lento, en maíz la temperatura óptimas se registran a 30°C; sí la temperatura continúa aumentando se acelera el desarrollo del cultivo y se disminuye la duración de las etapas oncogénicas, es decir las relacionadas con el desarrollo de los embriones como los del cigoto en el proceso de fecundación y con los de la embriogénesis. Según Lafitte, 2001; el maíz en zonas tropicales está a menudo expuesto a temperaturas por encima de las óptimas acortando el desarrollo del cultivo. Una etapa de crecimiento corta, implica menor desarrollo de biomasa impactando en la formación del grano y mazorca que son las variables que miden el rendimiento.

En ausencia de limitaciones hídricas y nutricionales el rendimiento del maíz se maximiza cuando las temperaturas medias están entre 18 y 22°C. Las altas temperaturas afectan el llenado del grano, los “golpes de calor” (temperaturas 32 a 40°C) reducen el rendimiento como el crecimiento de la planta; el número de granos disminuye tanto por afectar la fecundación como por el acortamiento de la etapa. La máxima afectación se sucede cuando las altas temperaturas están próximas a la floración. Se registran datos en híbridos de maíz de zona tropical que son resistentes al golpe de sol, Francisco Narciso de Laprida, 2015. La correcta elección de la fecha de siembra informada por un registro climático ayuda a disminuir los efectos negativos de temperaturas por fuera del rango óptimo.

La cantidad de agua acumulada por la precipitación fue de 453 mm. Valor que está por debajo de lo requerido por el cultivo de maíz (550 mm.). El periodo crítico del cultivo está en las etapas de prefloración, floración y llenada; fue en estas dos primeras etapas que el cultivo presentó el mayor déficit de agua. La combinación de altas temperaturas y sequía causan reducción en la fotosíntesis y en consecuencia en la producción de grano.

La velocidad del viento ejerce cambios en la morfología de las plantas las cuales depende de la intermitencia y turbulencia de este, que de su velocidad promedio; puede ser muy importante en términos de reducción del crecimiento, rendimiento y calidad del producto Alicia Graciela Kin & Jean François Ledent, 1996. El efecto del volcamiento en gramíneas es evidente, en el lote de maíz se hizo presente en etapa temprana del cultivo cuando el suelo estuvo húmedo.

El viento incremento la respiración y a su vez reduce la producción por el mayor consumo de carbohidratos destinados a la reparación de daños en la planta. La combinación de los parámetros humedad relativa y velocidad del viento se genera el parámetro de déficit de presión de vapor (DPV). La humedad relativa depende de la temperatura y de la velocidad del viento.

Las temperaturas altas dan una mayor transpiración; la velocidad del viento dice si la gota de agua se queda o no sobre la hoja; cuando el aire no se mueve el proceso de evaporación se hace lento creándose un medio óptimo para el desarrollo de patógenos. En Santa Marta el DPV es alto porque la planta pierde agua por transpiración, la planta se estresa por no poder reemplazar la cantidad de agua. Las plantas en la noche absorben agua y se recuperan; pero si el DPT permanece a niveles altos por un periodo largo la planta no será capaz de recuperarse y los daños son irreversibles, CANNA Research, 2014.

6.1.2 Caracterización del rendimiento

Los rendimientos de maíz que reporta Federación Nacional de Cultivadores de Cereales y Leguminosas FENALCE para siembra tradicional de maíz 2019 es de 2.1 t/h; para variedades de grano amarillo registra 2 t/h y para grano blanco 2,2 t/h. Los rendimientos del parental 88 (2.509 t/h) y 3202 (2.379 t/h) superaron los registros nacionales; los híbridos producto del cruzamiento entre estos parentales procedentes del departamento del Magdalena igualmente superaron la media nacional. Los rendimientos registrados por FENALCE para el departamento Magdalena también son similares a la media general del país, 2 t/h. Las proyecciones de siembra para esta región contemplan el efecto del cambio climático FENALCE 2020; para este departamento se pronostica aumento en la temperatura y disminución en la precipitación afectando la producción maicera de la región. Se resalta la importancia de diseñar estrategias de adaptación que combinen reducción del riesgo climático y el desarrollo de nuevas variedades adaptadas a los climas futuros.

El análisis de varianza mostro que los rendimientos de los parentales son similares entre sí, esto quiere decir que las diferencias numéricas entre los valores de rendimientos son similares, lo cual permite afirmar que este germoplasma procedente del departamento del Magdalena posee potencial para ser reintroducido con una depuración genética y sembrar en mejores condiciones ambientales que incluyan riego, fertilización y manejo agronómico.

En genética cuantitativa la variable rendimiento es una característica controlada por muchos genes, se caracteriza por exhibir una distribución continua de fenotipos, la población se describe con el valor de la media ($\bar{Y}=2,324\text{t/h}$) y la desviación estándar (0,868 t/h); ambos parámetros útiles para describir las plantas que están dentro/fuera del rango de la normalidad o cuáles se salen a valores extremos.

El rendimiento es una característica influenciada por el ambiente y la genética de la planta. La expresión del genotipo es debida a efectos aditivos, de dominancia y epistaxis. Los progenitores son líneas endocriadas (S_1), proceden de una primera autofecundación, la variabilidad genética se expresa porque la semilla es una mezcla de diferentes plantas auto fecundadas de una misma accesión (Cuadro 3), el rendimiento que cada accesión expresa es una mezcla de genotipos homocigotos, existe una variabilidad intrapoblacional que junto a la variabilidad ambiental la distribución es aproximadamente normal.

Las diferencias de los datos de rendimiento en los tres bloques (Cuadro 4) se atribuye a la heterogeneidad del suelo, Vasquez, 2010; Es decir, que las condiciones de fertilidad del suelo que corresponde a la parte química, son variantes en tiempo y espacio y la forma física no suelen ser tan variables.

La variabilidad de las propiedades del suelo es una condición inherente al mismo, debido a que en su formación intervienen varios procesos diferentes que, a su vez, están controlados por los factores de formación (clima, material parental, organismos, relieve y tiempo). Estas interacciones pueden ser muy variadas dando como consecuencia una alta cantidad de suelos posibles, Daniel F. Jaramillo J., 2011.

La respuesta del crecimiento y desarrollo de las plantas en la granja de la universidad está parcelada, existen zonas con mejor fertilidad, zonas con mayor contenido de materia orgánica y zonas con residuos de escombros; el bloque 3 quedo ubicado en una zona que se limpió por ser plana pero cubierta de escombros, el bloque 2 colindó con el bosque, y el bloque uno sí posee actividad agrícola.

Las diferencias estadísticas observadas entre los 15 tratamientos, se presentó porque cinco (5) tratamientos son parentales y 10 son híbridos, los parentales son accesiones colectadas del departamento del Magdalena (Cuadro 2) procedente de los municipios de Fundación (11, 88), Pivijay (87) y no identificado, simbolizado como *NN* en el pasaporte (3202 y 3203), maíces registrados como amarillos con altura que superan los 2 metros de alto a excepción del parental 11 que registra 1,69 metros (Pardey Rodríguez & Moreno Cortes, 2015). Los maíces nativos de porte alto no son útiles para los sistemas de producción moderna, pero son útiles porque presentan adaptación al clima. El aporte genético de estos materiales a la característica de rendimiento es similar (Cuadro 7); sí se presentó vigor híbrido en ciertos arreglos genéticos sucedidos hacia los materiales con pasaporte *NN* procedentes del Magdalena (3202 y 3203). Los genotipos criollos más rendidores son generalmente empleados en cruzamientos con el fin de crear poblaciones mejoradas. Encontró en las variedades criollas ser un 30% menos rendidoras que los híbridos, aun así, sabiendo que los híbridos son más rendidores, en 1961 se registró un estancamiento en el rendimiento acusa de la diversidad genética por la falta de explotación.

A medida que se incrementa la diversidad genética de los progenitores también se incrementa las diferencias entre las cruzas, tanto en características agronómicas como fisiológicas, Cervantes-Ortiz et al., 2016. La divergencia genética se debe al origen geográfico (Cuadro 2) Romero, Castillo, & Ortega 2002. La falta de significancia estadística entre los efectos de habilidad combinatoria general y sí estar presente los efectos de habilidad combinatoria específica, indica la importancia de los efectos de dominancia estar involucrados en el rendimiento para este grupo de parentales.

En este conjunto de materiales evaluados los efectos genéticos no aditivos son más importantes. El uso que se sugiere para esta población es explotar el vigor híbrido. Badu-Apraku *et al.*, 2013, encontraron que la acción genética no aditiva constituye el componente genético más importante del rendimiento de grano en maíz. Cervantes-Ortiz *et al.*, 2016, menciona que la expresión de la heterosis es un indicador de la existencia de divergencia genética.

Reyes López et al., 2004, evaluó razas auto fecundadas de maíz Tuxpeño y hayo que ambos efectos fueron significativos para el rendimiento, encontrando diversidad genética en las poblaciones; la varianza genética aditiva resultó cinco veces mayor que la varianza genética de dominancia y las cruzas en que intervinieron fueron las de mayor rendimiento.

Badu-Apraku *et al.*, 2013, la acción genética con la distancia genética empleando microsatélites con parentales y los híbridos y no halló significativos para el rendimiento del grano lo que indica que hay ciertos arreglos genéticos se dan entre grupos y no necesariamente entre individuos distanciados genéticamente.

7. CONCLUSIONES

7.1.1 conclusión

El germoplasma compuesto por las introducciones 11, 87, 88, 3202 y 3203 presentan alelos con efecto no aditivo, lo que indica la presencia de varianza de dominancia en los híbridos y sugiere un progreso genético a través de la hibridación.

8. ANEXOS

Cálculos modelo Griffith 2

La siguiente tabla ilustra los promedios de rendimiento t/h del dialélico cinco x cinco de líneas endocriadas de maíces criollos procedentes del departamento del Magdalena.

Tabla 1. Promedios de rendimiento t/h

Genotipo	Bloque 1	Bloque 2	Bloque 3	Total	Promedio
87	0,000	1,599	0,000	1,599	0,533
88	2,917	1,787	2,824	7,528	2,509
11	1,809	1,796	0,000	3,605	1,202
3202	2,663	2,378	2,096	7,137	2,379
3203	1,794	1,568	1,394	4,757	1,586
87x88	2,470	3,246	2,598	8,314	2,771
87x11	2,286	3,247	0,000	5,533	1,844
87x3202	4,463	3,222	2,315	10,000	3,333
87x3203	1,611	2,778	3,583	7,972	2,657
88x11	2,698	3,294	2,389	8,381	2,794
88x3202	3,378	3,415	2,654	9,447	3,149
88x3203	2,285	2,782	0,000	5,067	1,689
11x3202	2,700	3,031	2,257	7,989	2,663
11x3203	3,841	3,841	3,648	11,330	3,777
3202x3203	1,413	2,870	1,625	5,909	1,970
	36,328	40,855	27,384	104,568	6,971
	1319,732	1669,171	749,903	$\sum X_{ijk}$ ó $\sum Y_{...}$	
				10934,459	

Los valores resaltados son obtenidos por el promedio de cada bloque.

$\sum X_{...k}$ Siendo k bloque

Bloque 1	$0,000 + 2,917 + 1,809... + 1,413 = \mathbf{36,328}$
Bloque 2	$1,599 + 1,787 + 1,796... + 2,870 = \mathbf{40,855}$
Bloque 3	$0,000 + 2,824 + 0,000... + 1,625 = \mathbf{27,384}$

$$1.599 + 7.528 + 3.605... + 5,909 = \mathbf{104,568}$$

$\sum X_{ijk}$ ó $\sum Y_{...}$ es la operación para obtener el resultado **104.568** siendo este y,

Por lo tanto $(Y_{...})^2$ es igual a **10934,459**.

Tabla 2. Factor de corrección

$FC = \sum(X_{ijk})^2/[rp(p+1)/2]$	10934,4591	242,987981
Suma de cuadrados total		
$S_{ctotal} = [\sum(X_{ijk})^2]-FC$	58,2139781	
Suma de cuadrados por genotipo	273,778246	30,79026545
$SC_{genotipo} = (\sum\sum X_{ij.}/r)-FC$		
Suma de cuadrados de Bloque		
$SC_{bloque} = \sum(X_{..k})^2/[rp(p+1)/2] -FC$	6,26576186	
Suma de cuadrados del error		
$SC_{error} = S_{ctotal}-SC_g-SC_{bloque}$	21,1579507	

Tabla 3. La suma de cuadrados de genotipo se particiones en ACG y ACE

$Sc_{acg} = \{[\sum\sum T_{i..}+T_{.i.}]^2/r\}-4*(T_{...})^2/pr\}/p+2$	5,03054367
$\sum T_{i..}+ T_{.i.}$	$\{[\sum\sum T_{i..}+T_{.i.}]^2/r$
35,0177878	1226,24547
46,264798	2140,43154
40,4434296	1635,671
47,617391	2267,41592
39,7925219	1583,4448
	8853,20872
	2951,06957
$4*(T_{...})^2/pr\}$	2915,85577

$scACE = \left[\frac{\sum \sum X_{ij}.2}{r} - \left\{ \frac{\sum (T_{i..} + T_{.i.})^2}{r(p+2)} + \frac{2^*(T_{...})^2}{r^*(p+1)^*(p+2)} \right\} \right]$		25,7597218
$X_{ij}.2$		
	69,1278748	
	30,6115094	
	99,9944001	
	63,5527681	
	70,2452979	
	89,2391786	
	25,6790566	
	63,8187717	
	128,365308	
	34,9125264	
$\left[\frac{\sum \sum X_{ij}.2}{r} - \right]$	273,778246	
$\frac{\sum (T_{i..} + T_{.i.})^2}{r(p+2)}$	8853,20872	
$r(p+2)$	21	
$\frac{\sum (T_{i..} + T_{.i.})^2}{r(p+2)}$		421,581367
$\frac{2^*(T_{...})^2}{r^*(p+1)^*(p+2)}$		173,562843
$2^*(T_{...})^2$	21868,9182	
$r^*(p+1)^*(p+2)$		126

Todos los valores son obtenidos por el promedio de cada la sumatoria de cada bloque elevado al cuadrado, (tabla 1 Anexo).

$$\sum X_{...k}^2 \text{ Siendo } k \text{ bloque } (1.599)^2 + (7.528)^2 + (3.605)^2 + \dots + (5,909)^2 = 301,202$$

Ver Anexo (Tabla 1). Promedios de rendimiento t/h

genotipo	$\sum X_{i.}$	Total
87x88	8,314	69,128
87x11	5,533	30,612
87x3202	10,000	99,994
87x3203	7,972	63,553
88x11	8,381	70,245
88x3202	9,447	89,239
88x3203	5,067	25,679
11x3202	7,989	63,819
11x3203	11,330	128,365
3202x3203	5,909	34,913

Tabla 4: Análisis de varianza del cruzamiento dialélico entre 5 parentales evaluados en.... Tres repeticiones. Análisis de griffing Modelo 2 fijo

FV	gl	SC	CM	Esperanza de cuadrados medios		II
				Modelo Fijo 1	Modelo (aleatorio)	
Repeticiones	2	6,26576186	3,13288093			
Genotipos	14	30,7902654	2,19930467			
ACG	4	5,03054367	1,25763592	2,01327702	1,25763592	
ACE	10	25,7597218	2,57597218	3,72308433	2,57597218	
Error	28	21,1579507	0,7556411	0,7556411	0,7556411	
Total	44	58,2139781				

Tabla 5. Estimación de parámetros para el modelo I FIJO

Test de F		valor Fc	Valor de Ft
Facg (4,28)	CMacg/Cmerror	1,66432969	2,7140758
Face(10,28)	CMace/Cmerror	3,40898898	2,19004449

Tabla 6. Calculo los efectos de la ACG para cada padre

$g_i = [(T_{i..} + T_{.i}) / 2T_{...} / r(p+2)] - r^*(p+2)$					Efecto ACG	$(ACG)^2$
g1=	35,0	21	209,1	105	-0,3243	0,1051
g2=	46,3	21	209,1	105	0,2113	0,0447
g3=	40,4	21	209,1	105	-0,0659	0,0043
g4	47,6	21	209,1	105	0,2757	0,0760
g5	39,8	21	209,1	105	-0,0969	0,0094
					0,0	0,2395

Tabla 7. Estimación de las varianzas de parámetros relacionados con estos estimados

$\delta^2(g_i) = (p-1) \delta_e^2 / r(p+2)$		0,035982909		
$\delta^2(g_i - g_j) = 2\delta_e^2 / r(p+2)$		0,071965819		
$\sigma(g_i) = \text{raiz}\sigma^2(g_i)$		0,189691617		
Test ($H_0: g_i = 0$) $\rightarrow t = g_i - 0 / \sigma(g_i)$				
para G1	-0,3243	-1,709390453	2,048407142	ns
para G2	0,2113	1,113991638		ns
para G3	-0,0659	-0,347369841		ns
para G4	0,2757	1,453538469		ns
para G5	-0,0969	-0,510769812		ns

0,071965819: Se usa para comparar entre dos efectos de ACG.

0,189691617: se usa para estimar si los efectos de la ACG son o no estadísticamente distinto de cero.

H0: indica que existe homogeneidad de varianzas.

H1: indica que al menos una varianza difiere.

2,048407142: este valor critico sale de buscar en la tabla de t con 0,05 y los grados de libertad del error, en este caso es 28.

Tabla 8. Estimación de parámetros para el modelo II (Aleatorio)

cuando el modelo es aleatorio, F para comprobar las hipótesis nulas $H_0: \sigma^2g=0$ y $\sigma^2s=0$

$F\sigma^2g(4,28)=CMACG/CMACE=$	1,257635917	0,755641098	1,664329694
$F\sigma^2s(10,28)=CMACE/CMError=$	2,575972178	0,755641098	3,408988983
$\sigma^2(g_i) = (p-1)\sigma^2e/(2rp^2) = (5*0.755)/2*3*5^2$		0,025188037	
$\sigma^2(g_i-g_j) = \sigma^2e/rp =$	0,050376073		
$\sigma(g_i)\sqrt{\sigma^2(g_i)} =$	0,158707393		
Test para validar si un efecto es o no significativamente distinto de cero			
Test ($H_0: g_i=0$) $\rightarrow t = g_i - 0 / \sigma(g_i)$			
para G1	-0,3243	-2,043112374	NS
para G2	0,2113	1,331474676	NS
para G3	-0,0659	-0,415186372	NS
para G4	0,2757	1,737310762	NS
para G5	-0,0969	-0,610486693	NS

La varianza de las diferencia entre dos estimados de la ACG tienen una utilidad similar pero basada en una Hipótesis nula DIFERENTE ($H_0: g_i - g_j = 0$). Lo que sirve para confirmar si los estimados de ACG de dos progenitores son o no estadísticamente similares (Tabla 5).

Tabla 9. Varianza entre los estimados de la ACG

$\sigma(g_i - g_j) = \sqrt{\sigma^2(g_i - g_j)} =$	0,224446148
G1-G2	ns
G1-G3	ns
G1-G4	ns
G1-G5	ns
G2-G3	ns
G2-G4	ns
G2-G5	ns
G3-G4	ns
G3-G5	ns
G4-G5	ns

Cálculo de los efectos de ACE

$$S_{ij} = [(C_{ij.})/r] - \{[(T_{i..} + T_{.i.}) + (T_{j..} + T_{.i.})] / r(p+2)\} + [(2T_{...} / r(p+1)(p+2))]$$

							Efectos ACE	
S11	1,599	3	35,0	35,0	21	209,14	126	-1,14205438
S11	1,599	3	35,0	35,0	21	209,14	126	-1,14205438
S12	8,314	3	35,0	46,26	21	209,14	126	0,56064878
S13	5,533	3	35,0	40,44	21	209,14	126	-0,08932672
S14	10,000	3	35,0	47,62	21	209,14	126	1,05804044
S15	7,972	3	35,0	39,79	21	209,14	126	0,754746587
								0,0
S22	7,528	3	46,3	46,26	21	209,14	126	-0,23702895
S23	8,381	3	46,3	40,44	21	209,14	126	0,324512402
S24	9,447	3	46,3	47,62	21	209,14	126	0,338228527
S25	5,067	3	46,3	39,79	21	209,14	126	-0,74915866
								0,0
S33	3,605	3	40,4	40,44	21	209,14	126	-0,99027958
S34	7,989	3	40,4	47,62	21	209,14	126	0,129436548
S35	11,33	3	40,4	39,79	21	209,14	126	1,615716028
								0,0
S44	7,137	3	47,6	47,62	21	209,14	126	-0,49618066
S45	5,909	3	47,6	39,79	21	209,14	126	-0,53290118
								0,0
S55	4,757	3	39,79	39,79	21	209,14	126	-0,54428837
								0,0

Estimación de los efectos de actitud combinatoria específica de cada cruce

$$\delta^2 (s_{ii}) = p(p-1) \delta^2 \text{error} / r(p+1)(p+2) \quad 0,119943031$$

$$\delta^2 (s_{ij}) = (p^2 + p + 2) \delta^2 \text{error} / r (p+1) (p+2) \quad 0,19190885$$

$$\delta^2 (s_{ij}-s_{ik}) = 2 (p+1) \delta^2 \text{error} / r (p+2) \quad 0,431794913$$

$$\delta^2 (s_{ij}-s_{kl}) = 2(p) \delta^2 \text{error} / r (p+2) \quad 0,359829094$$

9. BIBLIOGRAFÍAS

- Alicia Graciela Kin &, & Jean François Ledent. (1996). *Efectos directos e indirectos del viento sobre las plántulas de maíz*.
- Badu-Apraku, B., Oyekunle, M., Akinwale, R. O., & Aderounmu, M. (2013). Combining ability and genetic diversity of extra-early white maize inbreds under stress and nonstress environments. *Crop Science*, 53(1), 9–26.
<https://doi.org/10.2135/cropsci2012.06.0381>
- CANNA Research. (2014). *Influencia de la temperatura ambiental en las plantas*.
- Cervantes-Ortiz, F., Hernández-Esparza, J., Rangel-Lucio, J. A., Andrio-Enríquez, E., Mendoza-Elos, M., Rodríguez-Pérez, G., Guevara-Acevedo, L. P., Cervantes-Ortiz, F., Hernández-Esparza, J., Rangel-Lucio, J. A., Andrio-Enríquez, E., Mendoza-Elos, M., Rodríguez-Pérez, G., & Guevara-Acevedo, L. P. (2016). APTITUD COMBINATORIA GENERAL Y ESPECÍFICA EN LA CALIDAD DE SEMILLA DE LÍNEAS S3 DE MAÍZ. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 39(3), 259–268.
- CIAT y CIMMYT. (2019). *Maíz para Colombia, visión 2030*. Palmira. Julio de 2019.
<https://fenalce.org/archivos/maiz2030.pdf>
- Daniel F. Jaramillo J. (2011). *Variabilidad espacial del suelo: bases para su estudio | Jaramillo J. | Revista de la Facultad de Ciencias*.
<https://revistas.unal.edu.co/index.php/rfc/article/view/49004>
- FENALCE 2020. (n.d.). *MAIZ 2030.pdf*.
- Fisher, R. A. (1925). *Statistical Methods for Research Workers*. Oliver & Boyd, Edinburgh.
- Francisco Narciso de Laprida, V. L. (2015). *La temperatura importa... y mucho*.
- Griffing, B. (1956). Australian Journal of Biological Sciences. *Australian Journal of Biological Sciences*, 9(4), 463–493.
- GRIFFING, B. (1956). *Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems*. *Aust. J. Biol. Sci.* 9:463-493.
- IDEAM 2017. (n.d.). *2017 - CLIMATOLÓGICO MENSUAL - IDEAM*.
- Lafitte, H. R. (2001). Fisiología del maíz tropical. In R. L. Paliwal, H. R. L. Gonzalo Granados, & A. D. Violic (Eds.), *EL MAÍZ EN LOS TRÓPICOS: Mejoramiento y producción*. FAO.
- LAFITTE, H. R. (2001). *Fisiología del maíz tropical*.
- Lina María Salgar. (2005). *El cultivo de maíz en Colombia - Semillas*. Enero 19 de 2005.
<https://www.semillas.org.co/es/el-cultivo-de-maz-en-colombia>
- Pardey Rodríguez, C., & Moreno Cortes, N. (2015). *Descripción morfológica de 13 introducciones de maíz procedente del departamento del Magdalena*.

- Pedro Garcia*, S. C. J. S. y A. P. (2009, June). *Rendimiento del maíz y las épocas de siembra en los Llanos Occidentales de Venezuela*.
http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0002-192X2009000200005
- Reyes López, D., Molina Galán, J. D., Antonio, M., Rosas, O., Del, E., & Moreno Pérez, C. (2004). CRUZAS DIALÉLICAS ENTRE LÍNEAS AUTOFECONDADAS DE MAÍZ DERIVADAS DE LA RAZA TUXPEÑO DIALLEL CROSSES AMONG MAIZE INBRED LINES DERIVED FROM THE TUXPEÑO RACE. In *Artículo Científico Rev. Fitotec. Mex* (Vol. 27, Issue 1).
- Romero, J., Castillo, F., & Ortega, R. (2002). Cruzas de poblaciones nativas de maíz de la raza chalqueño: II. Grupos genéticos, divergencia genética y heterosis. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 25(1), 107–115.
- SPRAGUE, G.F and TATUM. (1942). *L.A General vs. specific combining ability in single crosses of corn*. En: *Journal American Society Agronomy*. No. 34.
- VASQUEZ, J. (2010). Variabilidad espacial de propiedades físicas y químicas en suelos de la granja experimental de la Universidad del Magdalena (Santa Marta, Colombia). In *Acta Agronómica* (Vol. 59, Issue 4, pp. 449–456).
- Vega O., P. C. (1988). *Introducción a la teoría de genética cuantitativa: con especial referencia al mejoramiento de las plantas*. Universidad Central de Venezuela, Ediciones de la Biblioteca.