

ESTIMACION DE VARIANCIA ADITIVA Y PREDICCIÓN DEL AVANCE GENÉTICO EN 17 POBLACIONES DE MAÍZ UTILIZANDO FAMILIAS DE HERMANOS MEDIOS MATERNOS

Henry Vanegas A.\*  
Marco T. Victoria R.\*  
José E. Vargas S.\*\*  
Fernando Arboleda R.\*\*

COMPENDIO

Al evaluar los grupos de familias provenientes de mazorcas a libre polinización, fué posible estimar la variancia aditiva, con base en el equivalente genético de la covariancia entre hermanos medios, que permitió estimar la ganancia teórica en rendimiento y prolificidad, los principales caracteres estudiados. En el análisis combinado de dos semestres, se encontró buen potencial genético disponible para su aprovechamiento en selección.

ABSTRACT

Using maternal half-sib families in seventeen basic maize germplasms of the Maize National Program in Palmira (Colombia), we estimated the genetic parameters usefull in selection in order to determine if they have enough additive genetic variance to permit response to selection. The evaluation of these groups of families coming from open-pollinated ears, it was possible to estimate the additive variance, based on the genetic equivalent of the half-sib covariances, wich permitted estimated of theoretical gain for yield and prolificacy, the mains traits studied. In the combined analysis (of two semesters) we found good genetic potential for its utilization in selection.

---

\* Estudiante de pre-grado, Universidad Nacional de Colombia. Palmira.

\*\* Instituto Colombiano Agropecuario - ICA. AA. 233 Palmira.

## 1. INTRODUCCION

Los parámetros poblacionales (medias, variancias y covariancias) se estiman para predecir el avance genético, escoger el método de mejoramiento más apropiado y cuantificar la variabilidad genética que se mantiene durante el proceso de obtención de los niveles máximos de rendimiento en una población.

El diseño genético I (Comstock y Robinson, 7), muy preciso para estimar las variancias genéticas, se ha usado poco con el germoplasma de maíz de Colombia (Arboleda, 1; Arboleda y Vargas, 4), quizás por la dificultad en el manejo de las poblaciones (diseño de apareamiento y diseño estadístico), costos y/o trabajo requerido antes de iniciar un programa de fitomejoramiento.

Recientemente, en otros países, se ha visto que es factible probar grupos de familias de hermanos medios, provenientes de mazorcas a libre polinización (de un lote aislado, donde se espera alcanzar el equilibrio Hardy-Weinberg), y estimar las variancias genética aditiva y fenotípica, con lo cual se obtendría el conocimiento previo de la población respecto a su valor para selección.

En el presente trabajo, aplicando éste último método, se pretende verificar si existe suficiente variabilidad genética aditiva en poblaciones de maíz del Centro Nacional de Investigación - Palmira.

## 2. PROCEDIMIENTO EXPERIMENTAL

En el Instituto Colombiano Agropecuario (ICA) de Palmira se adelanta un proceso lento de mejoramiento con unos cincuenta maíces básicos (MB) de diversas características, sembrando familias de hermanos completos en surcos impares y seleccionando los mejores individuos de un surco como machos para polinizar a las mejores plantas del surco alterno. Cada 3 ó 4 ciclos se lleva a cabo una recombinación, en lotes de polinización con mezclas de polen, que es lo más similar a una recombinación en lotes de polinización libre.

En el estudio se utilizaron mazorcas formadas en un ciclo de recombinación, escogiendo 17 MB y tratando de que la muestra representara poblaciones de diferentes tipos (Cuadro 1). Se utilizó un diseño anidado de bloques al azar. Se formaron grupos al azar de cinco familias y se sembraron en dos repeticiones adyacentes (bloque o grupo). El ensayo se repitió en dos semestres (ambiente 1: 1981-A y ambiente 2: 1980-B) en lotes diferentes, haciendo nuevo sorteo en cada repetición.

## Cuadro 1

### Poblaciones de maíz del ICA - Palmira usadas en el estudio para estimar parámetros genéticos útiles en selección

Poblaciones	Genealogía	No. de familias
<b>A. Amarillas de estatura normal</b>		
Común Amarillo	Común Amarillo - ≠s	40
MB- 29 am.	MB- 29- 2 ≠- Sel. am.- 5 ≠ - 4H - ≠	50
E. T. O.	E. T. O. - ≠s	25
MB- 21	MB- 21- ≠- 4H- ≠	45
MB- 232	MB- 232 (Mez. bal.) - Sin. 2- ≠	50
<b>B. Amarillas braquíticas</b>		
MB- 210	MB- 210- ≠L. P.- ≠br- 2≠- 4H- ≠	50
MB- 222	MB- 222 - 2H- 4H- ≠	50
MB- 22	MB- 22- ≠- 4H- ≠	50
<b>C. Blancas braquíticas</b>		
MB- 227	MB- 227- ≠- 5H- ≠	50
MB- 23	MB- 23 - ≠- 4H- ≠	50
MB- 25	MB- 25- 8H- 4H- ≠	50
<b>D. Blancas de estatura normal</b>		
MB- 29 bl	MB- 29 - 2≠- ≠b- 4≠- 4H- ≠	50
Común blanco	Común blanco - ≠s	25
MB- 230	MB- 230 (Mez. bal.) - Sin. 2- ≠	120
<b>E. Otras poblaciones</b>		
MB- 29*	MB- 29 (Sint. Interz. bl - am.) - ≠	90
MB- 221**	MB- 221- ≠- H- ≠- 4H- ≠	50
MB- 229***	MB- 229- 2≠- 4H- ≠	50

\* = Estatura normal, grano amarillo y grano blanco.

\*\* = Estatura normal, grano amarillo dulce.

\*\*\* = Estatura normal, grano opaco blanco y amarillo.

La parcela estuvo constituida por un surco de 17 plantas por familia distanciadas 25 cm entre plantas y 90 cm entre surcos. En la mayoría de los casos se cosecharon 15 plantas. Las variables medidas fueron: rendimiento (g/pl), prolificidad (maz/pl, en o/o), estatura de planta, altura de la mazorca superior y días a floración femenina.

Con el fin de estimar la variancia dentro de parcelas ( $\hat{\sigma}_w^2$ ) se escogió para cada población un bloque de cada semestre. En MB- 29 am + bl y MB - 230, por tener mayor número de familias, se hicieron mediciones individuales en dos bloques por semestre.

Se utilizó un análisis de variancia para los datos obtenidos en los dos ambientes y combinando ambientes (Cuadro 2). De la esperanza de los cuadrados medios de interés puede estimarse la variancia genética aditiva (Comstock y Robinson, 7):

$$\hat{\sigma}_{f(b)}^2 = \text{Cov. de MH} = 1/4 \hat{\sigma}_A^2, \text{ donde } \hat{\sigma}_A^2 = 4 \hat{\sigma}_{f(b)}^2 = \frac{4 (CM_1 - CM_2)}{(ar)}$$

y la variancia de interacción aditivo por ambiente:

$$r \hat{\sigma}_{f.a(b)}^2 = r \hat{\sigma}_{F \times E}^2 = 1/4 \hat{\sigma}_{A \times E}^2, \text{ entonces, } \hat{\sigma}_{AE}^2 = 4 \hat{\sigma}_{F \times E}^2 = \frac{4 (CM_2 - CM_3)}{(r)}$$

$\hat{\sigma}_w^2$  estima la variancia fenotípica de la media individual ( $\hat{\sigma}_i^2$ ),  $\sigma_{WG}^2$  estima la parte de la variancia genotípica que no ha sido estimada por las componentes del modelo (Cockerham, 6). Así que:

$$\sigma_{WG}^2 = \sigma_G^2 - \hat{\sigma}_f^2 = \sigma_G^2 - 1/4 \hat{\sigma}_A^2 = 3/4 \hat{\sigma}_A^2 + \sigma_D^2,$$

donde  $\hat{\sigma}_D^2$  = variancia de dominancia confundida dentro de WG.

Entonces, la variancia fenotípica individual ( $\sigma_i^2$ ) comprende:

$$\hat{\sigma}_i^2 = \hat{\sigma}_f^2 + \sigma_{WG}^2 + \sigma_{WE}^2 + \hat{\sigma}_e^2 = \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_w^2 + \hat{\sigma}_e^2 \text{ para un sólo ambiente; y para el análisis combinado: } \hat{\sigma}_i^2 = \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_{F \times E}^2 + \hat{\sigma}_w^2 + \sigma_e^2$$

Con base en este tipo de variancia fenotípica, se calculó la heredabilidad individual en sentido estricto:

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_i^2} \times 100$$

Cuadro 2

Análisis combinado del Diseño Estadístico utilizado

(Modelo de efectos aleatorios)

Fuentes de variación	g. 1.	CM	E (CM)	Fc
(Análisis con promedios)				
Bloques	b - 1			
Ambientes	a - 1			
Bloques x Ambiente	(b - 1)(a - 1)			
Rep/Bloque/Ambiente	(r - 1)ba			
Familias/Bloque	(f - 1)b	CM <sub>1</sub>	$\sigma^2 + r\sigma_{f.a(b)}^2 + ra\sigma_{f(b)}^2$	CM <sub>1</sub> /CM <sub>2</sub>
Fam x Amb./Bloque	(f - 1)(a - 1)b		$\sigma^2 + r\sigma_{f.a(b)}^2$	CM <sub>2</sub> /CM <sub>3</sub>
Residual 1:				
Rep x Fam/Blo/Ambiente	Diferencia	CM <sub>3</sub>	$\sigma^2 = \frac{\sigma_W^2}{P} + \sigma_c^2$	
Total <sub>1</sub>	frab - 1			
(Análisis individual)				
Residual 2:	(p - 1)frab	CM <sub>4</sub>	$\sigma_W^2 = \sigma_{GW}^2 + \sigma_{EW}^2$	
Plantas/Fam/Rep/Amb/Blo.				
Total <sub>2</sub>	pfrab - 1			

Descripción de las componentes de variancia de interés:

- $\sigma_{f.a(b)}^2$  = Estimador de la variancia de interacción de familias por ambiente, dentro de bloque ( $\sigma_{F \times E}^2$ ).
- $\sigma_{f(b)}^2$  = estimador de variancia de familias dentro de bloque.
- $\sigma^2$  = estimador de variancia del Residual 1.
- $\sigma_W^2$  = estimador de variancia dentro de parcelas.
- $\sigma_{GW}^2$  = estimador de variancia genética dentro de parcelas.
- $\sigma_{EW}^2$  = estimador de variancia ecológica dentro de parcelas.
- P = número de plantas por parcela.

Se calculó el coeficiente de variación aditiva en los principales caracteres (Vargas et al, 12), para estimar la variabilidad genética aditiva disponible en relación con la media fenotípica, mediante la expresión:

$$C. V. A. = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_A^2}}{\bar{X}} \times 100 \text{ siendo } \bar{X} = \text{media poblacional.}$$

Se predijo la respuesta esperada a la selección masal (Empig et al,8) y se expresó en porcentaje para comparar las ganancias genéticas esperadas en las diferentes poblaciones (Vargas, 11)

$$R_{sm} (o/o) = \frac{k \times 0.5}{10} \times CVA \times \hat{h}$$

donde k = índice de selección al 5 o/o, h = raíz cuadrada de la heredabilidad y 0.5 = porción de la variancia aditiva utilizada por la selección masal.

### 3. RESULTADOS

Las medias fenotípicas de los caracteres evaluados fueron mayores en el ambiente 1 (Cuadro 3). Para todas las poblaciones se tuvo en cuenta el promedio de los dos ambientes de siembra.

Entre las estimaciones de variancia aditiva del rendimiento por ambientes y la del combinado se presentaron grandes diferencias, cuya magnitud generalmente fué mas bajo o de un valor intermedio respecto a las de cada ambiente (Cuadro 4). Las poblaciones que presentan mayor variancia aditiva fueron MB-29 (am + bl), Común Amarillo, MB-210, MB-29 am, MB-29 bl, MB-221 y MB-222.

La variancia de interacción aditivo por ambiente para rendimiento en algunos casos resulta de magnitud considerable, sobrepasando incluso al estimador de variancia aditiva del análisis combinado en poblaciones como MB-21, MB-230, MB-229 y MB-232. También se encontraron variancias de interacción negativas (Cuadro 4).

Para prolificidad, según el análisis combinado, las poblaciones con mayor variancia aditiva son MB-222, MB-29 am, MB-210, MB-21, MB-23 y MB-29 (am + bl); mientras que en ETO, MB-22, MB-25 y MB-229 se encontraron estimadores negativos, que se consideran un estimador de cero (Cuadro 5).

Cuadro 3

Medias fenotípicas del rendimiento (g/pl), por ambiente y según el análisis combinado en poblaciones de maíz

Poblaciones	Amb. 1	Amb. 2	Combinado
Común Amarillo	113.87	44.11	78.99
MB- 29 am.	118.40	107.29	112.84
ETO	113.99	73.67	93.83
MB- 21	117.51	105.39	111.46
MB- 232	132.78	95.14	113.96
MB- 210	93.43	71.00	82.21
MB- 222	129.66	91.05	110.35
MB- 22	95.53	58.90	77.38
MB- 227	118.83	72.56	95.69
MB- 23	98.35	64.21	81.27
MB- 25	105.88	63.89	84.88
MB- 29 bl.	124.48	107.57	116.02
Común blanco	102.31	64.88	83.59
MB- 230	151.93	97.76	124.84
MB- 29 (am + bl)	148.31	122.59	135.45
MB- 221	95.74	40.70	68.35
MB- 229	107.81	66.12	86.96

Cuadro 4

Estimadores de variancia aditiva para el carácter rendimiento, por ambientes y según el análisis combinado, y de la interacción aditivo por ambiente, en poblaciones de maíz

Poblaciones	Amb. 1	Amb. 2	A. comb.	$\sigma^2_{A \times E}$
Común Amarillo	491.84	771.28	643.16	- 11.60*
MB- 29 am.	241.23	821.56	549.75	- 18.35*
ETO	136.80	395.69	267.41	- 1.16*
MB- 21	743.09	778.02	123.58	636.98
MB- 232	297.23	403.71	170.08	180.39
MB- 210	913.37	769.39	587.93	249.95
MB- 222	487.68	167.73	432.73	-105.02*
MB- 22	160.51	376.60	261.64	5.33
MB- 227	389.58	- 43.97*	365.07	-192.26*
MB- 23	73.67	278.14	226.44	- 50.53*
MB- 25	-107.36	356.12	133.32	- 8.94*
MB- 29 bl	679.30	630.70	520.35	134.65
Común blanco	144.85	-132.40*	139.08	-132.85*
MB- 230	202.95	138.75	64.54	106.31
MB- 29 (am + bl)	1269.50	718.55	766.71	227.31
MB- 221	817.26	276.55	515.95	30.75
MB - 229	-662.56*	767.23	- 45.67*	98.00

\* = Las variancias negativas se consideran como un estimador de cero.

Cuadro 5

Estimadores de variancia aditiva, según el análisis combinado, para varios caracteres en poblaciones de maíz

Poblaciones	Prol.	Al. pl.	Al. mz.	Flor.
Común Amarillo	168.23	81.83	73.08	2.16
MB- 29 am.	395.90	331.38	148.97	1.89
ETO	- 15.13*	476.60	184.51	2.83
MB - 21	338.96	383.18	285.52	3.19
MB- 232	121.74	405.19	148.44	3.74
MB - 210	394.18	585.32	307.14	3.53
MB - 222	463.52	322.56	163.83	1.41
MB - 22	- 95.04*	287.91	105.50	2.05
MB- 227	63.86	126.88	51.86	0.78
MB- 23	286.80	220.67	74.45	0.19
MB- 25	- 33.72*	152.16	51.31	1.38
MB - 29 bl.	133.79	193.07	38.84	2.50
Común blanco	1.61	585.26	501.51	4.97
MB- 230	47.10	198.01	177.00	2.38
MB- 29 (am + bl)	269.31	605.12	352.36	2.89
MB- 221	26.16	155.93	118.15	6.75
MB- 229	-254.95*	242.74	109.92	1.84

\* = Las variancias negativas se consideran como un estimador de cero.

Las poblaciones que ofrecen mayor respuesta esperada a la selección masal para el carácter rendimiento, según el análisis combinado, presentan el siguiente orden: Común Amarillo (20.46 o/o), MB-221 (19.99 o/o), MB-210 (15.39 o/o), MB-29 am (11.68 o/o), MB-29 am + bl (10 o/o) y MB-29 bl (9.94 o/o) (Cuadro 6). Para prolificidad (Cuadro 7) se espera mayor respuesta a la selección en MB-222 (14.59 o/o), MB-210 (11.35 o/o), MB-21 (10.60 o/o), MB-23 (8.79 o/o), MB-29 am (8.32 o/o), MB-29 bl (6.33 o/o) y Común Amarillo (5.17 o/o).

#### 4. DISCUSION

Las diferencias entre los estimadores de variancia genética aditiva por ambiente y en el análisis combinado, pueden deberse al efecto de la interacción genético-ambiental. Así, las variancias de interacción aditivo por ambiente para el carácter rendimiento en las poblaciones MB-21, MB-229, MB-230 y MB-232 superaron a las respectivas estimaciones de variancia aditiva, resultados similares a los encontrados por Vargas (11).

La magnitud de las diferencias y del efecto de interacción aditivo por ambiente, confirman la necesidad de obtener estimadores de variancia aditiva en varios ambientes (Márquez y Hallauer, 9; Vargas et al, 13). O sea, que las estimaciones más confiables se obtienen con el análisis combinado, porque logra separar el efecto de la interacción aditivo por ambiente.

Algunas estimaciones negativas de variancia aditiva en el análisis combinado (para prolificidad en ETO, MB-22, MB-25, y en MB-229 para prolificidad y rendimiento) se deben principalmente al efecto del tamaño de muestreo. En un trabajo que se publicará posteriormente, se encontró que mediante esta metodología las estimaciones más confiables se obtienen con una muestra no menor de 100 familias. Puede decirse, entonces, que para estimaciones precisas en los caracteres de las poblaciones arriba citadas sería necesario aumentar el número de familias de medios hermanos maternos. Márquez y Hallauer (9), sugirieron aumentar el número de hembras para lograr estimaciones más confiables.

Los sesgos de la variancia genética aditiva repercuten en las estimaciones de heredabilidad, del coeficiente de variación aditiva y en la predicción del avance genético. En general, aunque se teme por sesgos debidos al tamaño de muestreo, existe un buen potencial genético disponible para su aprovechamiento por selección; excepto en los caracteres que resultaron con variancia aditiva negativa en el análisis combinado, en los cuales la heredabilidad, el C. V. A. y la respuesta esperada a la selección masal es cero.

Cuadro 6

Variación fenotípica individual, heredabilidad individual en sentido estricto, coeficiente de variación aditiva y respuesta a la selección masal para rendimiento, según el análisis combinado, en poblaciones de maíz

Población	V. fenotípica	$h^2$	C.V.A (o/o)	Rsm (o/o)
Común Amarillo	1682.64	38.22	32.10	20.46
MB- 29 am.	1849.86	29.71	20.77	11.68
ETO	2745.76	9.73	17.43	5.61
MB- 21	2307.84	5.35	9.97	2.38
MB- 232	3180.96	5.34	11.44	2.73
MB-210	2293.45	25.62	29.49	15.39
MB- 222	2803.70	15.43	18.85	7.64
MB- 22	2242.97	11.66	20.90	7.35
MB- 227	3136.00	11.63	19.96	7.02
MB- 23	1691.68	13.38	18.51	6.99
MB- 25	1958.95	6.80	13.60	3.66
MB- 29 bl.	2169.67	23.97	19.66	9.94
Común blanco	2215.58	6.27	14.11	3.64
MB- 230	3033.81	2.12	6.43	0.97
MB- 29 (am + bl)	3410.56	22.47	20.44	10.00
MB- 221	1515.54	34.03	33.23	19.99
MB- 229	2300.16	0.00	0.00	0.00

Cuadro 7

Variación fenotípica individual, heredabilidad individual en sentido estricto, coeficiente de variación aditiva y respuesta a la selección masal para prolificidad, según el análisis combinado

Población	V. fenotípica	$h^2$	C.V.A. (o/o)	Rsm (o/o)
Común Amarillo	1788.44	9.40	16.36	5.34
MB- 29 am.	1780.84	22.22	17.13	8.32
ETO	1303.93	0.00	0.00	0.00
MB- 21	942.49	35.95	17.16	10.60
MB- 232	1858.47	6.54	10.06	2.66
MB- 210	1451.61	27.11	21.12	11.35
MB- 222	1065.37	43.49	21.46	14.59
MB- 22	2927.70	0.00	0.00	0.00
MB- 227	1416.02	4.50	9.04	1.98
MB- 23	1228.50	23.33	17.63	8.79
MB- 25	1367.52	0.00	0.00	0.00
MB- 29 bl.	1510.10	8.85	10.33	6.33
Común blanco	1016.33	0.15	1.45	0.06
MB- 230	755.70	6.23	7.20	1.86
MB- 29 (am + bl)	2324.20	11.58	13.20	4.78
MB- 221	2002.56	1.30	5.84	0.69
MB- 229	2135.36	0.00	0.00	0.00

En las poblaciones MB-230 y MB-29 (am + bl), que poseían el mayor número de familias evaluadas (120 y 90, respectivamente), se esperan ganancias para rendimiento de 0.97 o/o y 10 o/o, y para prolificidad de 1.86 o/o y 4.78 o/o, en su orden. Lo cual indica que en MB-29 a m + bl resulta efectivo continuar selección masal, mientras que en MB-230 sería conveniente cambiar a un método de selección más eficiente en el aprovechamiento de la variancia aditiva remanente ( $\hat{V}_A^2 = 64.5$  y CVA = 6.43 o/o).

Los maíces con mayor coeficiente de variación aditiva para rendimiento y prolificidad, son los que ofrecen mayor respuesta a la selección masal, aunque no en estricto orden. Es decir, que si no se tuvieran todas las estimaciones para calcular la respuesta esperada a la selección (como la  $\hat{V}_W^2$  ó la variancia fenotípica individual), con el coeficiente de variación aditiva podrían elegirse las mejores poblaciones; reafirmando la utilidad de dicho coeficiente para comparar la variabilidad disponible entre poblaciones, teniendo en cuenta la media fenotípica de cada material (Vargas et al, 12).

Los resultados obtenidos mediante esta metodología se pueden comparar con estudios previos. En ETO, la heredabilidad estimada para rendimiento es de 9.73 o/o mientras que Arboleda (1) la estimó en 12.28 o/o para un sólo ambiente con Diseño I. La respuesta esperada por ciclo de selección en ETO es de 5.61 o/o, que coincide con las ganancias de 5.13 o/o, 11.3 o/o y 12 o/o en tres ciclos continuos de SM por rendimiento (Cassalett, 5).

Para rendimiento en MB-21, la respuesta esperada a la selección se estimó en 2.38 o/o, valor intermedio respecto al 4.9 o/o de ganancia promedio por ciclo de selección lograda por Rodriguez et al (10); mientras que Arboleda et al (3) obtuvieron 0.56 o/o y 3.32 o/o en un estudio posterior (Arboleda y Vargas, 4).

Hay que tener en cuenta que esta población presenta una alta interacción aditivo por ambiente, y por lo tanto, para una comparación más ajustada sería necesario considerar el ambiente de selección y los ambientes de evaluación (Arboleda y Comptom, 2).

## 5. CONCLUSIONES

- 5.1. Existe suficiente variabilidad genética aditiva en las poblaciones de maíz evaluadas, a pesar de que el tamaño de la muestra pudo introducir sesgos en las estimaciones.

- 5.2. El efecto de la interacción genético- ambiental provocó sesgos en las estimaciones de variancia aditiva por ambiente.
- 5.3. Las ganancias porcentuales en selección por rendimiento correspondieron más o menos a los maíces con mayor CVA, según el orden siguiente: Común Amarillo (20.46 o/o), MB- 221 (19.99 o/o), MB-210 (15.39 o/o), MB- 29 am (11.68 o/o) y MB- 29 am + bl (10 o/o).
- 5.4. Por el ahorro de tiempo y recursos se sugiere el empleo del análisis de familias de hermanos medios maternos, como método para estimar parámetros genéticos útiles en la selección de poblaciones de maíz.

## 6. BIBLIOGRAFIA

1. ARBOLEDA R, F. Estimación de la variancia genética, grado de dominancia y hereditabilidad en maíz. Tesis Ing. Agr. Medellín, Universidad Nacional de Colombia, 1960. 28 p.
2. ARBOLEDA R, F. and COMPTON, W. A. Differential response of maize (*Zea mays* L.) to mass selection in diverse selection environments. *Theoretical and Applied Genetics* 44 (2): 77-81. 1974.
3. ARBOLEDA R, F. ; VARGAS S, J. E. y CRUZ D, L. Selección masal en dos ambientes diferentes en distribución de lluvias. *Informativo del Maíz (Número de Inv.)* 3:20-27. 1979/80.
4. ARBOLEDA R, F. y VARGAS S, J. E. Cambios genéticos en tres subpoblaciones de maíz derivadas de selección masal ambiental. X Reunión de Maiceros de la Zona Andina. Santa Cruz (Bolivia), 1982. 18 p. (en prensa).
5. CASSALETT, C. Aspectos generales del Programa de Maíz en Colombia. II Conferencia de mejoramiento de maíz de la Zona Andina. Lima (Perú). Edit. CIAT, Cali (1971):64-77. 1968.
6. COCKERHAM, C. C. Analysis of quantitative action. *Genetics in plant breeding. Brookhaven Symp. Biol. No.9*:53-68. 1956.
7. COMSTOCK, R. F. and ROBINSON, H. F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics* 4: 254-266. 1948.

8. EMPIG, L. T.; GARDNER, C. O. and COMPTON, W. A. Theoretical gains for different population improvement procedures. Lincoln, University of Nebraska, 1972. 22 p. (Miscellaneous publication 26).
9. MARQUEZ S, F. and HALLAUER, R. A. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I Grain yield. *Crop Science* 10 (4):357-361. 1970.
10. RODRIGUEZ P, C.; ARBOLEDA R, F. y VARGAS S, J. E. Efecto de la selección masal estratificada por prolificidad y rendimiento en el comportamiento de algunos caracteres de una población de maíz. VII Reunión de Maiceros de la Zona Andina. Guayaquil (Ecuador) 1976. pp: 48 -61.
11. VARGAS S, J. E. Efecto de la selección masal en los parámetros genéticos de la variedad de maíz Zac. 58 y respuesta a diversos métodos de selección. Tesis M. C. Chapingo, Colegio de Postgraduados, 1979. 117 p.
12. VARGAS S., J. E. ; MOLINA, J. D. , y CERVANTES, T. Eficiencia de selección masal de la variedad de maíz Zac. 58 y respuesta a otros métodos de selección. IX Reunión de Maiceros de la Zona Andina. Maracay (Ven) 1980. pp: 163 - 181.
13. VARGAS S., J. E. ; MOLINA, J. D. y CERVANTES, T. Selección masal y parámetros genéticos de maíz Zac. 58. *Agrociencia* (México) 93 - 105. 1982.