

Parámetros genéticos y respuesta a la selección en la población PANDOLY.PABG de trigo

Huizar Leonardo Díaz-Ceniceros¹

Héctor Eduardo Villaseñor-Mir²

Ignacio Benítez-Riquelme¹

Rene Hortelano Santa-Rosa²

Yerica Renata Valdez-Rodríguez^{1,§}

Eliel Martínez-Cruz²

1 Postgrado en Recursos Genéticos y Productividad-Genética-Campus Montecillo-Colegio de Postgraduados. Carretera México-Texcoco km 36.5, Montecillo, Texcoco, Estado de México, México. CP. 56230. (diaz.huizar@colpos.mx; riquelme@colpos.mx);

2 Campo Experimental Valle de México-INIFAP. Carretera Los Reyes-Texcoco km 13.5, Coatlinchán, Texcoco, Estado de México, México. CP. 56250. (villasenor.hector@inifap.gob.mx; hortelano.rene@inifap.gob.mx; martinez.eliel@inifap.gob.mx).

Autor de correspondencia: yrvaldezz@gmail.com

Resumen

El mejoramiento genético en especies autógamas se ha efectuado mediante métodos de selección recurrente que implican reducida variabilidad y amplios lapsos entre ciclos de selección. Se determinaron los parámetros genéticos de 14 ciclos de selección recurrente en la población androestéril de trigo PANDOLY.PABG portadora del gen mutante androestéril dominante Oly con el objetivo estimar la variabilidad genética, heredabilidad y la respuesta a la selección. Durante el ciclo otoño-invierno 2016-2017 Chapingo y Santa Lucía, Texcoco, México, se etiquetaron 100 plantas por ciclo y se registró: días a floración (DF), días a madurez fisiológica (DM), tasa de llenado de grano (TLLG), altura de planta (AP), rendimiento biológico por planta (RBP), rendimiento de grano por planta (RGP), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100S), número de espigas por planta (NEP) y número de espiguillas por espiga (NEE). Los ciclos de selección se evaluaron en tres ambientes en un diseño completamente al azar. La respuesta a la selección fue negativa para DF, DM, RBP, NEP y NEE, la variabilidad disminuyó en DF, DM, AP, RBP, NEP, P100S y las variables RGP, IC y P100S presentaron valores altos de h^2 y σ^2A , estos últimos considerados como variables importantes para lograr mayores ganancias en ciclos posteriores de selección. Los cambios antes señalados son resultado de 14 ciclos de selección recurrente y se corroboró que con la población PANDOLY se presentan ventajas con respecto al método tradicional para lograr avances genéticos en un ciclo de selección recurrente por ciclo de cultivo.

Palabras clave:

Triticum aestivum L., esterilidad masculina, heredabilidad, mutante dominante.



License (open-access): Este es un artículo publicado en acceso abierto bajo una licencia **Creative Commons**

Introducción

El trigo (*Triticum aestivum* L.) es uno de los principales cultivos en el mundo, en 2021 se cosecharon 770 millones de toneladas (FAOSTAT, 2023) y se estima que se requiere un incremento del 1% anual en el rendimiento para cumplir a futuro con la demanda mundial (FAO, 2021). Para ello es importante usar métodos de mejoramiento que permitan aumentar la ganancia genética y utilizar los recursos disponibles de manera eficiente (Tadesse *et al.*, 2019).

Acelerar los ciclos de selección puede ser una forma efectiva de aumentar la ganancia genética, sin embargo, es la menos utilizada (Cobb *et al.*, 2019). A medida que se aumentan los ciclos de selección, es deseable que se obtengan ganancias en los caracteres de interés sin reducir variabilidad y la heredabilidad; la estimación de parámetros genéticos en poblaciones segregantes proporciona información sobre la variabilidad y la heredabilidad, lo que permite diseñar estrategias para lograr mayores avances (Melendres-Martínez *et al.*, 2018).

El mejoramiento genético por selección recurrente difiere en especies autóгамas y alógamas, ya que para las primeras implica reducida variabilidad y mucho tiempo entre ciclos de selección y recombinación, mientras que en las alógamas se involucran altos niveles de variación en cada ciclo y tiempo reducido entre éstos (Villaseñor-Mir *et al.*, 2002b). Con base en lo anterior, la oportunidad de recombinación en cada ciclo de selección pone en desventaja a las autóгамas frente a las alógamas.

En México, para obtener líneas uniformes de trigo originadas a partir de cruza y selección en segregantes, se requiere de cerca de cuatro años cuando se avanza dos ciclos de cultivo por año (Figueroa-López *et al.*, 2010; Solís-Moya *et al.*, 2019), tiempo necesario para cubrir un ciclo de selección recurrente; en contraste, con el uso de la Esterilidad Masculina para Facilitar la Selección Recurrente (MSFRS “por sus siglas en inglés”) se requiere un ciclo de siembra por ciclo de selección recurrente, tal y como lo reportan Villaseñor-Mir *et al.* (2018) en la generación de la variedad Valles F2015.

En México se han realizado investigaciones en trigo que han utilizado la MSFRS para evaluar los progresos genéticos en rendimiento de grano; las investigaciones reportan que se realizó un ciclo de selección recurrente en un ciclo de siembra; Villaseñor-Mir *et al.* (2002a) cuando controlaron los dos progenitores y después de tres ciclos de selección reportan ganancias de 4.09% por ciclo; Solís-Moya *et al.* (2002) después de cinco ciclos de selección reportan avances genéticos 1.88% por ciclo y Díaz-Ceniceros *et al.* (2020) después de 14 ciclos de selección reportan ganancias de 3.58% por ciclo.

Por su parte, Villaseñor-Mir *et al.* (2002b) indican que la MSFRS es una técnica rápida para mejorar una base genética y adecuada para seleccionar caracteres cuantitativos y para conservar la variabilidad genética. Si bien la utilización de la androesterilidad puede aplicarse en trigo, es deseable que la fuente de androesterilidad no esté ligada a efectos deletéreos, que de preferencia sea atribuida a un gen simple dominante y que su incorporación a germoplasma élite sea efectiva (Villaseñor-Mir *et al.*, 2014).

En el programa de mejoramiento genético de trigo en el INIFAP-CEVAMEX se utiliza un mutante androestéril dominante denominado Oly (Villaseñor-Mir *et al.*, 2014), que se ha incorporado a 68 genotipos élite y ha permitido conformar diversas poblaciones (Villaseñor-Mir *et al.*, 2015).

El objetivo del presente estudio fue estimar los parámetros genéticos de caracteres morfo-fisiológicos y su relación fenotípica con el avance en rendimiento después de 14 ciclos de selección recurrente de la población PANDOLY.PABG, donde se planteó la hipótesis de que la MFRS aplicada a dicha población es una estrategia que permite hacer selección mientras se conserva la variabilidad genética.

Materiales y métodos

La Población Androestéril Dominante Oly de Amplia Base Genética (PANDOLY.PABG) es una población recombinante que integró 20 progenitores del programa de trigo del INIFAP-CEVAMEX

que fue sujeta al mejoramiento poblacional a través de la selección recurrente en donde se utilizó el método de selección masal con control de las hembras.

El ciclo original (C_0) se formó con semilla del compuesto balanceado F_2 como lo describen Solís-Moya *et al.* (2002); el tamaño de la población fue de 10 000 plantas y durante la floración se marcaron las plantas androestériles (plantas hembra) que se dejaron a libre apareamiento; el 5% de las mejores plantas recombinantes se cosechó en masa, de esta forma se generaron 14 ciclos de selección recurrente (Díaz-Ceniceros *et al.*, 2020).

De los 14 ciclos de selección recurrente (C_1 a C_{14}) que se aplicaron en la población PANDOLY.PABG, se utilizó semilla remanente de plantas fértiles del ciclo original (C_0) y de los ciclos pares C_2 al C_{14} para formar tres ensayos; el primero en el ciclo otoño-invierno 2016-2017 en Chapingo, Texcoco, México en condiciones de riego, el segundo en el ciclo primavera-verano 2017 en Chapingo, Texcoco, México y el tercero en este mismo ciclo en Santa Lucía, Texcoco, México, estos dos últimos en condiciones de temporal.

La unidad experimental consistió en cuatro surcos de 8 m de longitud, con distancia entre surcos de 0.3 m y densidad de 10 plantas por metro lineal. La fertilización se aplicó al voleo en la siembra, a una dosis de 80N-40P-00K. Las malezas de hoja angosta se controlaron oportunamente con Topik® 240EC (300 ml ha⁻¹) y las de hoja ancha con Esteron® 47M (750 ml ha⁻¹); en la etapa de embuche se aplicó Folicur® (500 ml ha⁻¹) para el control de *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* W.

En la floración se etiquetaron 100 plantas con competencia completa que se utilizaron para registrar las variables: días a floración (DF), días de la siembra hasta que el 50% de las espigas estaban expuestas; altura de planta (AP, cm), de la superficie del suelo al ápice de la espiga; días a madurez (DM), días de la siembra hasta que 50% del pedúnculo se tornó amarillento; número de espigas por planta (NEP); número de espiguillas por espiga (NEE); rendimiento de grano por planta (RGP, g); peso de 100 semillas (P100S, g); tasa de llenado de grano (TLLG, g día⁻¹), TLLG= RGP/(DM-DF); rendimiento biológico por planta (RBP, g); e índice de cosecha (IC)= RGP/RBP.

La estimación de los componentes de varianza genética se basó en el diseño de familias de medios hermanos maternos (Sahagún-Castellanos, 2000). Se realizó análisis de varianza combinado, en el cual los factores fueron ambientes (repeticiones), ciclos y las plantas dentro de ciclos; estos últimos se distribuyeron en cada ambiente en base a un diseño completamente al azar manejado como serie de experimentos, en donde se consideró al ambiente como repetición; se aplicó el paquete estadístico SAS 9.4 (2014), con base en el modelo: $Y_{ijk} = \mu + A_i + C_j + P/C_k + E_{ij} + W_{ijk}$.

Dónde: Y_{ijk} = variable respuesta; μ = media; A_i = efecto del i -ésimo ambiente; C_j = efecto del j -ésimo ciclo; P/C_k = efecto de la k -ésima planta dentro del ciclo; E_{ij} = error inter-parcelar correspondiente al j -ésimo ciclo y al i -ésimo ambiente y W_{ijk} = error intra-parcelar correspondiente a la observación de la planta k en el ciclo j del ambiente. El cuadrado medio de población se tomó como la varianza fenotípica que se utilizó para analizar la variabilidad genética a través de los ciclos de selección (Cuadro 1).

Cuadro 1. Análisis de varianza que considera ambientes como repeticiones, ciclos y plantas dentro de ciclo (P/C₀₋₁₄).

FV	GL	CM	E(CM)
Ambientes	(a-1)
Ciclos	(c-1)	M1	$\sigma^2 W/n + \sigma^2 BE + a\sigma^2 BG$
P/C ₀	(n-1)	M2	$\sigma^2 WG$
P/C ₂	(n-1)	M3	$\sigma^2 WG$
P/C ₄	(n-1)	M4	$\sigma^2 WG$
P/C ₆	(n-1)	M5	$\sigma^2 WG$
P/C ₈	(n-1)	M6	$\sigma^2 WG$
P/C ₁₀	(n-1)	M7	$\sigma^2 WG$
P/C ₁₂	(n-1)	M8	$\sigma^2 WG$

FV	GL	CM	E(CM)
P/C ₁₄	(n-1)	M9	σ^2WG
Eintra	(a-1)(n-1)	M10	$\sigma^2WG+n\sigma^2WE$
Einter	Dif.	M11	$\sigma^2W/n+ \sigma^2BE$
Total	acn-1

FV= fuentes de variación; GL= grados de libertad; CM= cuadrados medios (M_{1-11}), E(CM)= esperanzas de los cuadrados medios; Eintra= error intra-parcelar; Einter= error inter-parcelar; a= 3, c= 8, n= 100; * = promedio de análisis individuales para cada carácter.

La varianza fenotípica (σ^2F) se compone de la varianza genética entre ciclos (σ^2BG), la varianza ambiental entre ciclos (σ^2BE), la varianza genética dentro de ciclos (σ^2WG) y la varianza ambiental dentro de ciclos (σ^2WE) (Márquez-Sánchez, 1985) y se representó con el modelo $\sigma^2F = \sigma^2BG + \sigma^2BE + \sigma^2WG + \sigma^2WE$. La varianza genética total (σ^2GT) es la suma de la $\sigma^2BG + \sigma^2WG$ (Márquez-Sánchez, 1988), donde $\sigma^2BG = [(M_1 - M_{11})/a]$ y $\sigma^2WG = M_{(2-9)} - [(M_{(2-9)} - M_{10})/n]$ para cada ciclo de selección.

Los parámetros genéticos calculados fueron: a) varianza aditiva (σ^2A); b) varianza de dominancia (σ^2D); c) coeficiente de variación genética aditiva (CVA) = $\sigma A/\mu$ (donde σA es la desviación estándar y μ es la media del carácter); d) grado promedio de dominancia (GPD) = $(2 \sigma^2D / \sigma^2A)^{1/2}$; e) heredabilidad en sentido estricto (h^2) = σ^2A / σ^2F ; f) respuesta a la selección (RS) = $(b_i / X_{C_0}) * 100$ (donde b_i es el coeficiente de regresión lineal simple de la media de cada carácter entre el número de ciclos y X_{C_0} es el promedio de cada carácter en el C_0 (Benítez-Riquelme, 2001).

La evaluación se realizó en poblaciones equivalentes a una generación F_3 por el nivel de homocigosis (Villaseñor-Mir *et al.*, 2018), por lo tanto, las proporciones correspondientes son 1/2 de σ^2A y 1/16 de σ^2D de la σ^2BG , así mismo son de 1/4 de σ^2A y 1/8 de σ^2D de la σ^2WG para esta generación (Márquez-Sánchez, 1988).

Resultados y discusión

Para las fuentes de variación ambientes (A) y ciclos (C) hubo diferencias altamente significativas para todos los caracteres (Cuadro 2). La σ^2F tiene origen en la σ^2G más la varianza ambiental, ambas entre y dentro de ciclos. Por lo anterior y debido a la amplia base genética de la población de estudio, los coeficientes de variación fueron altos para TLLG, AP, RGP, RBP, IC y NEP.

Cuadro 2. Cuadrados medios del análisis de varianza en ocho ciclos que representan 14 ciclos de selección recurrente en la población PANDOLY.PABG de trigo. Chapingo y Santa Lucia, México ciclos OI/2016-2017 y PV/2017.

FV	GL	DF	DM	TLLG	AP	RGP
Ambientes	2	78875.83**	69715.17**	0.48**	34780.34**	2023.3**
Ciclos	7	150.53**	170.04**	0.14**	3350.37**	379.1**
Einter	2399	18.68	23.6	0.03	267.82	80.1
CV (%)		6	4	55	21	56
FV	GL	RBP	IC	P100S	NEP	NEE
Ambientes	2	3392.65**	0.45**	119.92**	4354.46**	846.73**
Ciclos	7	7175.05**	0.16**	3.37**	60.65**	29.81**
Einter	2399	516.4	0.0087	0.398	22.39	4.23
CV (%)		63	29	16	42	12

FV= fuentes de variación; GL= grados de libertad; DF= días a floración; DM= días a madurez fisiológica; TLLG= tasa de llenado de grano; AP= altura de planta; RGP= rendimiento de grano por planta; RBP= biomasa por planta; IC= índice de cosecha; P100S= peso de 100 semillas; NEP= número de espigas por planta; NEE= número de espiguillas por espiga; Einter= error inter-parcelar; CV (%)= coeficiente de variación; ** = altamente significativo.

El objetivo principal del programa de mejoramiento genético de trigo de temporal del INIFAP-CEVAMEX es generar líneas con potencial de rendimiento, tolerantes a la sequía, resistencia a enfermedades y con calidad industrial (Villaseñor-Mir, 2015). Un ciclo típico de mejoramiento de trigo puede tomar más de 12 años para el cruzamiento, la autofecundación, las pruebas y la selección. En términos generales, el proceso de selección recurrente es un ciclo que consta de cuatro actividades secuenciales: 1) hibridación para recombinar materiales de mejoramiento; 2) generación de nuevos individuos que sean plantas, familias o líneas; 3) evaluación de los individuos; 4) selección de los mejores individuos como progenitores (Rutkoski *et al.*, 2022).

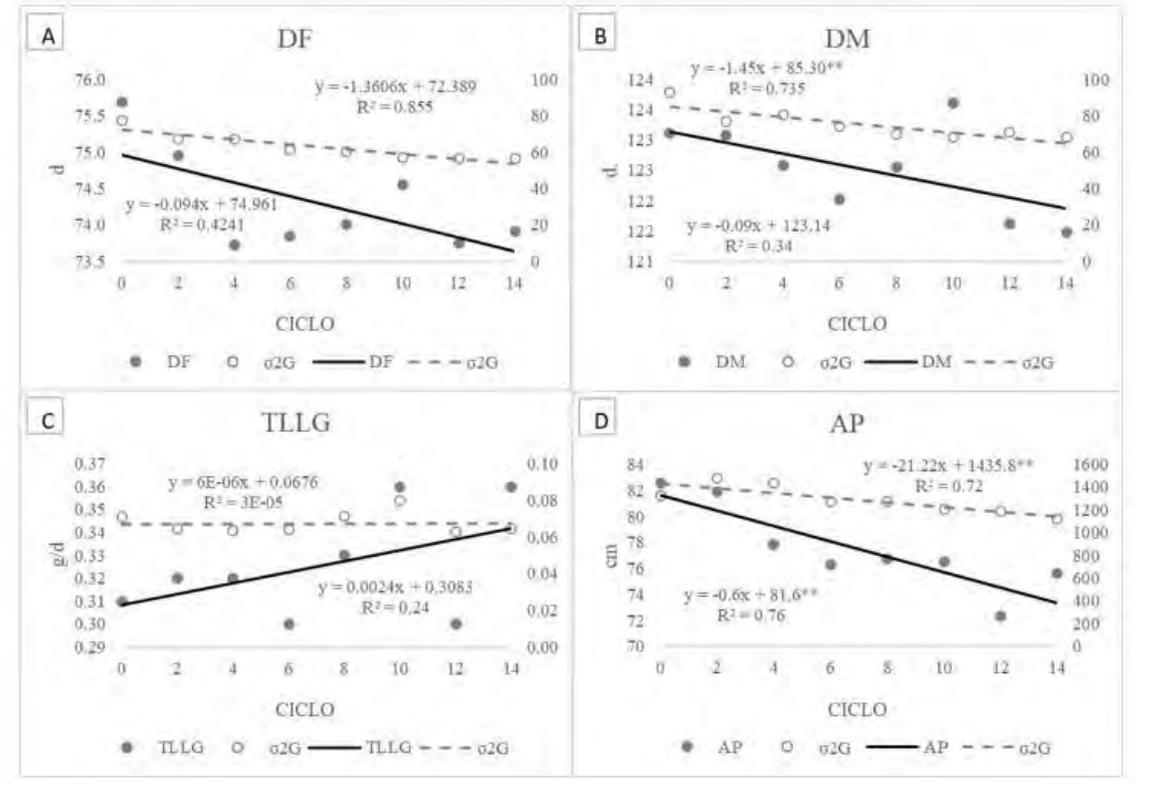
La ganancia genética por año se ve afectada por la duración del ciclo de reproducción, de tal forma que, ciclos de reproducción más cortos conducen a ganancias genéticas más rápidas, en México se pueden obtener dos generaciones por año lo que reduce el tiempo entre un ciclo y otro en un 50%. Por otro lado, la biología reproductiva del trigo actúa como un factor limitante para acortar los ciclos de selección recurrente y se ha observado que, la esterilidad masculina facilita enormemente el cruzamiento entre individuos (Rutkoski *et al.*, 2022).

En 1988, Huang y Deng propusieron el uso del gen de esterilidad masculina genético Taigu, *Ms2*, para facilitar la selección recurrente basada en la polinización abierta en el trigo, así mismo, Marais *et al.* (2000) hicieron uso de un gen *Ms3* (gen androestéril dominante) para establecer una población base de selección recurrente. Por su parte, Liu *et al.* (2007) establecieron una población base de selección recurrente usando androesterilidad citoplasmática tipo D^2 . En México, Villaseñor-Mir *et al.* (1996); Solís-Moya *et al.* (2002) usaron un gen de androesterilidad recesivo para formar poblaciones aplicar selección masal visual recurrente.

En 2014, Villaseñor-Mir *et al.* (2014) reportaron la generación del gene androestéril dominante Oly, el cual permitió la formación de la población PANDOLY. La selección de plantas individuales con características deseables y con el control del progenitor femenino permitió que la respuesta por ciclo en la población PANDOLY.PABG para DF, DM y AP presentara una relación lineal negativa significativa, lo que se reflejó en la disminución de 1.32 días a antesis, 1.26 días a la madurez fisiológica y 8.45 cm de altura después de 14 ciclos de selección (Figura 1A, 1B y 1D), Olmedo-Arcega *et al.* (1995) también reportan disminución por ciclo de -0.22 (bi) para días a floración al evaluar tres ciclos de selección recurrente.



Figura 1. Respuesta a la selección (línea continua) y varianza genética (σ^2G) (línea punteada) a través de los ciclos de selección para días a floración (DF), días a madurez fisiológica (DM), tasa de llenado de grano (TLLG) y altura de planta (AP).

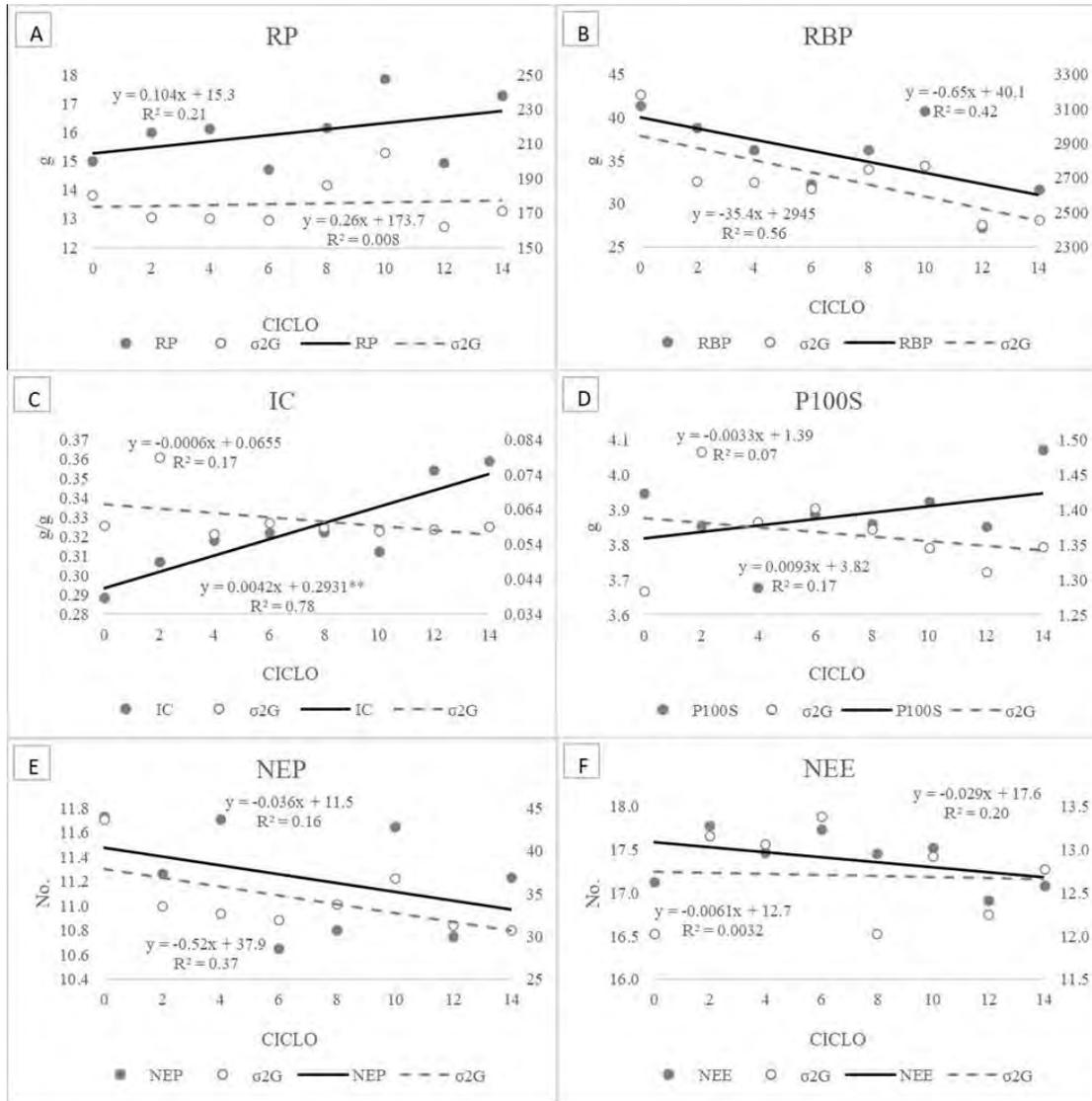


La precocidad es una de las virtudes buscadas en las líneas para condiciones de temporal, por lo que la selección fue encaminada para generar líneas con ciclo de vida corto, pero sin afectar la tasa de llenado de grano. La tasa de llenado de grano es el rendimiento de grano dividido entre el periodo en días que transcurren desde la floración hasta la madurez fisiológica de la planta. En este estudio, al no verse afectado el periodo de llenado de grano a lo largo del proceso de selección recurrente, la TLLG presentó una relación lineal positiva con incremento de grano de 2.4 mg d^{-1} por planta, lo que indica que se acumuló 33.6 mg d^{-1} más en el C_{14} que en el C_0 y con la ventaja que se mantuvo la variabilidad genética (Figura 1C), a diferencia de DF, DM y AP, en donde ésta última decreció (Figura 1).

El IC muestra una respuesta positiva y significativa, con un avance por ciclo de 0.042 (bi) (Figura 2C), que se explica por la disminución del RBP y aumento de RGP (Figura 2A, 2B y 2D). El NEP y el NEE presentan una relación lineal negativa y se interpreta como la reducción de 0.5 espigas y 0.4 espiguillas por planta a lo largo del proceso de selección recurrente (Figura 2E y 2F), indicando que estas variables poco se han modificado y que tendrían un efecto positivo si se toman como criterios de selección, lo que permitiría tener más granos por espiga o mayor longitud de espiga, caracteres que se encuentran correlacionados con el rendimiento (Sowmya *et al.*, 2017; Tanveer *et al.*, 2018).



Figura 2. Respuesta a la selección (línea continua) y varianza genética (σ^2G) (línea discontinua) a través de ciclos para rendimiento de grano por planta (RGP), rendimiento biológico por planta (RBP), índice de cosecha(IC), peso de 100 semillas (P100S), número de espigas por planta (NEP) y número de espiguillas por espiga (NEE).



La respuesta a la selección (RS) indica la ganancia genética predicha para un carácter en particular bajo ciclos de selección y mide el nivel de estabilidad bajo selección (Lamara *et al.*, 2022). La RS por año y total, se muestra en el Cuadro 3, para las variables DF, DM, TLLG, AP, RGP, RBP, IC, P100S, NEP y NEE. La respuesta a la selección fue negativa para DF, DM, AP, RBP, NEP y NEE y para el resto de las variables fue positiva.

Cuadro 3. Coeficiente de regresión lineal (bi) de la media de cada variable sobre el número de ciclos de selección, la respuesta a la selección en porcentaje por año (RS año⁻¹) y después de 14 ciclos de selección recurrente (RS-T).

Variable	bi	RS año ⁻¹	RS-T
DF	-0.094	-0.25	-1.74
DM	-0.09	-0.15	-1.02

Variable	bi	RS año ⁻¹	RS-T
TLLG	0.0024	1.55	10.84
AP	-0.6	-1.45	-10.18
RGP	0.104	1.39	9.7
RBP	-0.65	-3.14	-21.98
IC	0.0042	2.91	20.4
P100S	0.0093	0.47	3.3
NEP	-0.036	-0.61	-4.3
NEE	-0.029	-0.34	-2.37

DF= días a floración; DM= días a madurez; TLLG= tasa de llenado de grano; AP= altura de planta; RGP= rendimiento de grano por planta; RBP= rendimiento biológico por planta; IC= índice de cosecha; P100S= peso de 100 semillas; NEP= número de espigas por planta; NEE= número de espiguillas por espiga.

El estudio de la heredabilidad y los parámetros genéticos en poblaciones bajo mejoramiento genético facilita la identificación de la mejor estrategia a tomar durante el proceso de selección, ya que permite conocer la población. La estimación de los parámetros genéticos como la media por cada ciclo, la varianza aditiva (σ^2A), varianza de dominancia (σ^2D), coeficiente de variación genética aditiva (CVA), grado promedio de dominancia (GPD) y heredabilidad en sentido estricto (h^2) de 10 caracteres de interés para el programa de mejoramiento genético se presentan en el Cuadro 4.

Cuadro 4. Estimaciones de varianza aditiva (σ^2A), varianza de dominancia (σ^2D), coeficiente de variabilidad aditiva (CVA), heredabilidad en sentido estricto (h^2) para las variables evaluadas.

PP	X	σ^2A	σ^2D	CVA	GPD	h^2	X	σ^2A	σ^2D	CVA	GPD	h^2
P/C ₀	75.7	30.3	6.9	0.07	0.68	0.32	123.1	35.3	8.5	0.05	0.69	0.3
P/C ₂	75	27.8	5.6	0.07	0.64	0.32	123.1	31.5	6.6	0.05	0.65	0.31
P/C ₄	73.7	27.7	5.6	0.07	0.64	0.32	122.6	32.3	7	0.05	0.66	0.31
P/C ₆	73.8	26.3	4.9	0.07	0.61	0.33	122	30.7	6.2	0.05	0.64	0.31
P/C ₈	74	26	4.8	0.07	0.61	0.33	122.6	29.6	5.7	0.04	0.62	0.32
P/C ₁₀	74.6	25.3	4.4	0.07	0.59	0.33	123.6	29.3	5.5	0.04	0.61	0.32
P/C ₁₂	73.8	25.1	4.3	0.07	0.59	0.33	121.6	29.9	5.8	0.04	0.62	0.32
P/C ₁₄	73.9	25.1	4.3	0.07	0.59	0.33	121.5	29.2	5.5	0.04	0.61	0.32
	TLLG						AP					
P/C ₀	0.32	0.03	0.01	0.52	0.7	0.26	82.6	587.7	101.2	0.29	0.59	0.37
P/C ₂	0.33	0.03	0.01	0.48	0.68	0.26	81.9	627	120.9	0.31	0.62	0.36
P/C ₄	0.33	0.02	0.01	0.48	0.67	0.26	77.9	615	114.9	0.32	0.61	0.36
P/C ₆	0.3	0.03	0.01	0.52	0.68	0.26	76.3	575	94.8	0.31	0.57	0.37
P/C ₈	0.33	0.03	0.01	0.5	0.7	0.26	76.8	574.9	94.8	0.31	0.57	0.37
P/C ₁₀	0.36	0.03	0.01	0.47	0.73	0.26	76.5	559.2	86.9	0.31	0.56	0.38
P/C ₁₂	0.31	0.02	0.01	0.51	0.67	0.26	72.3	553.1	83.9	0.33	0.55	0.38
P/C ₁₄	0.36	0.03	0.01	0.44	0.68	0.26	75.6	537.2	76	0.31	0.53	0.39
	RGP						RBP					
P/C ₀	15	70	16.3	0.56	0.68	0.27	41.4	1350	258.9	0.89	0.62	0.37
P/C ₂	16	66.8	14.7	0.51	0.66	0.27	38.8	1225	196.2	0.9	0.57	0.38
P/C ₄	16.1	66.6	14.6	0.51	0.66	0.27	36.2	1223	195.5	0.97	0.57	0.38
P/C ₆	14.7	66.3	14.5	0.55	0.66	0.27	32.2	1214	190.9	1.08	0.56	0.38
P/C ₈	16.1	71.5	17	0.52	0.69	0.27	36.3	1242	204.9	0.97	0.57	0.38
P/C ₁₀	17.9	76.1	19.4	0.49	0.71	0.27	40.7	1248	207.8	0.87	0.58	0.38

PP	X	σ^2A	σ^2D	CVA	GPD	h^2	X	σ^2A	σ^2D	CVA	GPD	h^2
	DF						DM					
P/C ₁₂	15	65.5	14.1	0.54	0.66	0.27	27.2	1162	165	1.25	0.53	0.39
P/C ₁₄	17.3	67.7	15.2	0.48	0.67	0.27	31.6	1168	167.9	1.08	0.54	0.39
	IC						P100S					
P/C ₀	0.29	0.03	0	0.58	0.55	0.41	3.94	0.57	0.1	0.19	0.59	0.34
P/C ₂	0.31	0.03	0.01	0.59	0.63	0.37	3.85	0.62	0.12	0.2	0.63	0.33
P/C ₄	0.32	0.03	0	0.52	0.53	0.42	3.68	0.59	0.11	0.21	0.61	0.33
P/C ₆	0.32	0.03	0	0.52	0.55	0.41	3.88	0.6	0.11	0.2	0.61	0.33
P/C ₈	0.32	0.03	0	0.52	0.54	0.41	3.86	0.59	0.11	0.2	0.61	0.33
P/C ₁₀	0.31	0.03	0	0.53	0.53	0.41	3.92	0.58	0.11	0.2	0.6	0.34
P/C ₁₂	0.35	0.03	0	0.47	0.54	0.41	3.85	0.58	0.1	0.2	0.59	0.34
P/C ₁₄	0.36	0.03	0	0.47	0.54	0.41	4.06	0.58	0.11	0.19	0.6	0.34
	NEP						NEE					
P/C ₀	11.7	14.1	4.7	0.32	0.81	0.21	17.1	5.1	0.97	0.13	0.61	0.32
P/C ₂	11.3	11.6	3.4	0.3	0.77	0.21	17.8	5.4	1.11	0.13	0.64	0.31
P/C ₄	11.7	11.4	3.3	0.29	0.76	0.21	17.5	5.4	1.1	0.13	0.64	0.31
P/C ₆	10.7	11.2	3.2	0.31	0.76	0.21	17.7	5.5	1.14	0.13	0.64	0.31
P/C ₈	10.8	11.6	3.4	0.32	0.77	0.21	17.5	5.1	0.97	0.13	0.61	0.32
P/C ₁₀	11.7	12.4	3.8	0.3	0.78	0.21	17.5	5.4	1.08	0.13	0.64	0.31
P/C ₁₂	10.8	11	3.1	0.31	0.75	0.21	16.9	5.2	1	0.13	0.62	0.32
P/C ₁₄	11.2	10.9	3	0.29	0.75	0.2	17.1	5.3	1.06	0.14	0.63	0.31

PP= parámetro poblacional; X= media; P/C₀₋₁₄= plantas dentro de ciclo

De acuerdo con los resultados de la media de RGP por ciclo de selección, las plantas del C₁₄ producen 15.33% más de grano que las plantas del C₀. De forma contraria, pero para RBP, las plantas del C₀ producen 31.01 % más de biomasa que las plantas del ciclo C₁₄ (Cuadro 4). Esto se debe a que durante los 14 ciclos de selección se seleccionaron plantas recombinantes de menor altura, lo que permitió que la frecuencia alélica de genes de porte bajo se fuera incrementando a lo largo de los ciclos.

Se espera que el valor mayor de σ^2A se encuentre en C₀ porque es el ciclo inicial donde se recombinó el total de progenitores, pero no fue así para AP (C₂), RGP (C₁₀), IC (C₂), P100S (C₂) y NEE (C₆); lo mismo sucede con la σ^2D (Cuadro 4), ya que es de esperar que las poblaciones sometidas a un proceso de mejoramiento disminuyan su variabilidad. La σ^2A en C₂ aumentó en NEE, AP, P100S e IC de 5.9, 6.7, 8.8, y 17.8%, respectivamente, y en ciclos posteriores comenzó a disminuir, con excepción de NEE que aumentó y disminuyó a lo largo de los ciclos.

Para el resto de los caracteres, C₀ presenta la σ^2A mayor y posteriormente ocurre un descenso. Los valores altos de CVA en TLLG, AP, RGP, RBP, IC, P100S y NEP indicaron la existencia de una mayor variabilidad genética aditiva, por lo que serían caracteres útiles para el programa de mejoramiento genético. El grado promedio de dominancia o tipo de acción génica (GPD) para todos los caracteres, a lo largo de los 14 ciclos de selección recurrente, son menores a la unidad (Cuadro 4). Estos resultados indican que se trata de un efecto génico de dominancia parcial para todos los caracteres.

La heredabilidad es importante para predecir la respuesta a la selección en una población. Los valores estimados de h^2 variaron de 0.2 a 0.41, el menor correspondió a NEP y el mayor a IC (Cuadro 4). De acuerdo con la clasificación utilizada por Lamara *et al.* (2022) la heredabilidad se clasifica como baja (0 a 0.3), moderada (>0.3 a 0.6) y alta (>0.6). Para este estudio los caracteres NEP (0.21), TLLG (0.26) y RGP (0.27) presentaron una baja heredabilidad, mientras que DM (0.31), NEE (0.31), DF (0.33), P100S (0.33), AP (0.37), RBP (0.38) e IC (0.41) presentaron moderada heredabilidad, Hassan *et al.* (2013); Saeed y Khalil (2017) reportan resultados similares en trigo.

Para DF y DM los valores son menores a los reportados por Magda y El-Rahman (2013); Laala *et al.* (2017). El IC tuvo una respuesta favorable a la selección y se estimaron valores de 0.37 a 0.41 de h^2 , los que concuerdan con los reportados por Ataei *et al.* (2017). Cuando se presentan valores altos de h^2 y σ^2A , como es el caso de RGP, IC y P100S se esperan ganancias en ciclos posteriores de selección (Benítez-Riquelme, 2001).

Todos los cambios descritos en los parámetros poblacionales son el resultado de la selección recurrente que se aplicó durante 14 años en la población PANDOLY. La población presenta una gran ventaja con respecto al método tradicional, debido a la reducción del tiempo para realizar un ciclo de mejoramiento y a la posibilidad de recombinación entre todos los individuos.

Conclusiones

Los componentes de varianza indicaron que la varianza aditiva fue mayor que la varianza de dominancia en todos los caracteres. En general, los coeficientes de variabilidad aditiva se mantuvieron a lo largo de los ciclos de selección recurrente para cada variable, al igual que la heredabilidad. El grado promedio de dominancia fue menor a la unidad para todos los caracteres evaluados, lo que indica la presencia de dominancia parcial. Las estimaciones de heredabilidad en sentido estricto fueron generalmente moderadas. La mayor respuesta a la selección fue para el IC y se explica por la reducción del RBP y el incremento del RGP. Los resultados de heredabilidad, coeficiente de variación aditiva, varianza genética y respuesta a la selección indican que el RGP, IC y P100S son base en los siguientes ciclos de selección recurrente.

Bibliografía

- 1 Ataei, R.; Gholamhoseini, M. and Kamalizadeh, M. 2017. Genetic analysis for quantitative traits in bread wheat exposed to irrigated and drought stress conditions *Phyton*. . International Journal of Experimental Botany. 86:228-235.
- 2 Benítez-Riquelme, I. 2001. Comportamiento de líneas S3 de trigo derivadas de poblaciones mejoradas por selección recurrente. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 24(1):63-70.
- 3 Cobb, J. N.; Juma, R. U.; Biswas, P. S.; Arbelaez, J. D.; Rutkoski, J.; Atlin, G.; Hagen, T.; Quinn, M. and Ng, E. H. 2019. Enhancing the rate of genetic gain in the public sector plant breeding programs: lessons from the breeder's equation. *Theoretical and Applied Genetics*. 132(3):627-645.
- 4 Díaz-Ceniceros, H. L.; Villaseñor-Mir, H. E.; Benítez-Riquelme, I.; Mendoza-Castillo, M. C. y Hortelano-Santa, R. R. 2020. Avance genético en 14 ciclos de selección recurrente en la población androestéril PANDOLY.PABG de riego. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 43(3):267-274.
- 5 FAO. 2021. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. Cereal supply and demand brief in world food situation. FAO. <http://www.fao.org/worldfoodsituation/csdb/>.
- 6 FAOSTAT. 2023. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. Datos sobre alimentación y agricultura. Dominio: cultivos y productos de ganadería. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. Roma. <https://www.fao.org/faostat/es/#data/QCL>.
- 7 Figueroa-López, P.; Félix-Fuentes, J. L.; Fuentes-Dávila, G.; Valenzuela-Herrera, V.; Chávez-Villalba, G. y Mendoza-Lugo, J. A. 2010. CIRNO C2008, nueva variedad de trigo cristalino con alto rendimiento potencial para el estado de Sonora. *Revista Mexicana Ciencias Agrícolas*. 1(5):739-744.
- 8 Hassan, M. S.; El-Said, R. A. R. and Abd-El-Haleem, S. H. M. 2013. Estimation of heritability and variance components for some quantitative traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *World Applied Sciences Journal*. 27(8):944-949.

- 9 Huang, Y. Y. and Deng, J. Y. 1988. Preliminary analyses of the effectiveness of utilization of Taigu genetic male-sterile wheat in recurrent selection and complex crossing. *In*: Miller T. E.; Koebner, R. M. D. Ed. Proc. 7th Int. Wheat Genetics Symposium, Cambridge. 1105-1108. pp
- 10 Laala, Z.; Benmahammed, A.; Oulmi, A.; Fellahi, Z. E. A. and Bouzerzour, H.; 2017. Response to F3 selection for grain yield in durum wheat [*Triticum turgidum* (L.) *Theil. ssp. turgidum conv. durum* (Desf.) Mac Key] under south mediterranean conditions. *Annual Research and Review in Biology*. 21(2):1-11.
- 11 Lamara, A.; Fellahi, Z. E. A.; Hannachi, A. and Benniou, R. 2022. Assessing the phenotypic variation, heritability and genetic advance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) candidate lines grown under rainfed semi-arid region of Algeria. *Revista Facultad Nacional de Agronomía Medellín*. 75(3):10107-10118.
- 12 Liu, J.; Liu, L.; Hou, N.; Zhang, A. and Liu, L. 2007. Genetic diversity of wheat gene pool of recurrent selection assessed by microsatellite markers and morphological traits. *Euphytica*. 155(1-2):249-258.
- 13 Magda, E. and El-Rahman, A. 2013. Estimation of some genetic parameters through generation means analysis in three bread wheat crosses. *Alexandria Journal of Agricultural Research*. 58(3):183-195.
- 14 Marais, G. F.; Botes, W. C. and Louw, J. H. 2000. Recurrent selection using male sterility and hydroponic tiller culture in pedigree breeding of wheat. *Plant Breeding*. 119(5):440-442.
- 15 Márquez-Sánchez, F. 1985. Genotecnia vegetal, métodos, teoría, resultados. Tomo I. AGT Ed. S. A. México. 7-126 pp.
- 16 Márquez-Sánchez, F. 1988. Genotecnia vegetal, métodos, teoría, resultados. Tomo II. AGT Ed. SA. México. 481-547 pp.
- 17 Melendres-Martínez, J. R.; Valdivia-Bernal, C.; Lemus-Flores, R.; Medina-Torres, R.; García-López, M.; Ortiz-Caton, A.; Espinosa-Calderón, A. y Tadeo-Robledo, M. 2018. Estimación de parámetros genéticos de maíz bajo mejoramiento por selección recíproca recurrente. *Revista Mexicana Ciencias Agrícolas*. 9(7):1327-1337. <https://doi.org/https://doi.org/10.29312/remexca.v9i7.1668>.
- 18 Olmedo#Arcega, O. B.; Elias, E. M. and Cantrell, R. G. 1995. Recurrent selection for grain yield in durum wheat. *Crop science*. 35(3):714-719.
- 19 Rutkoski, J. E.; Krause, M. R. and Sorrells, M. E. 2022. Breeding methods: population improvement and selection methods. *In* wheat improvement: food security in a changing climate. 83-96 pp.
- 20 Saeed, M. and Khalil, I. H. 2017. Combining ability and narrow-sense heritability in wheat (*Triticum aestivum* L.) under rainfed environment. *Sarhad Journal of Agriculture*. 33(1):22-29.
- 21 Sahagún-Castellanos, J. 2000. Estimación de varianzas genéticas con medios hermanos maternos y diferentes niveles endogámicos y repeticiones. *Agrociencia*. 34(1):21-32.
- 22 SAS. 2014. Statistical Analysis System Institute. SAS user's guide. Statistics. SAS Institute Cary, NC. USA.
- 23 Solís-Moya, E.; Villaseñor-Mir, H. E.; Molina-Galán, J.; Espitia-Rangel, E.; Cervantes-Santana, T. y Martínez-Garza, A. 2002. Selección masal visual recurrente para rendimiento de grano en una población androdroestéril de trigo harinero. *Agrociencia*. 36(2):191-200.
- 24 Solís-Moya, E.; Mariscal-Amaro, L. A.; Huerta-Espino, J.; Villaseñor-Mir, H. E.; Ledesma-Ramírez, L. y Pérez-Herrera, P. 2019. Faisán S2016: nueva variedad de trigo harinero de gluten débil para El Bajío. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*. 10(7):1699-1703. Doi: 10.29312/remexca.v10i7.1899.

- 25 Sowmya, B.; Yadav, M.; Lal, P. K. and Rai, G. M. 2017. Correlated response and path analysis for different characters in F3 segregating generation of wheat (*Triticum aestivum* Em. Thell. L.). International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences. 6(9):166-174. Doi: 10.20546/ijcmas.2017.609.021.
- 26 Tadesse, W.; Sanchez-Garcia, M.; Assefa, S. G.; Amri, A.; Bishaw, Z.; Ogonnaya, F. C. and Baum, M. 2019. Genetic gains in wheat breeding and its role in feeding the world. Crop Breeding Genetics and Genomics. 1:e190005. <https://doi.org/10.20900/cbagg20190005>.
- 27 Tanveer, H.; Singh, V.; Chauhan, M. P.; Singh, H. K. and Yadav, G. C. 2018. Genetic variability, character association and path analysis in wheat (*Triticum aestivum* L.) over six environments. Trends in Biosciences. 11(8):1799-1803.
- 28 Villaseñor-Mir, H. E. 1996. Selección recurrente en una población de trigo de apareamiento aleatorio mediante el uso de la androesterilidad. Tesis de doctor en ciencias. Colegio de Postgraduados, Montecillo, México. 186 p.
- 29 Villaseñor-Mir, H. E.; Castillo-González, F.; Rajaram, S.; Espitia-Rangel, E. y Molina-Galan J. D. 2002a. Selección recurrente para rendimiento de grano en una población androestéril de trigo. Agricultura Técnica en México. 28(1):43-52.
- 30 Villaseñor-Mir, H. E.; Castillo-González, F.; Espitia-Rangel, E.; Rajaram, S. y Molina-Galan J. D. 2002b. Perspectivas del uso de la androesterilidad en el mejoramiento por selección recurrente de trigo en México. Revista Fitotecnia Mexicana. 25(3):321-326.
- 31 Villaseñor-Mir, H. E.; Huerta-Espino, J.; Espitia-Rangel, E.; Hortelano-Santa, R. M. Rodríguez-García, F. y Martínez-Cruz, E. 2014. Genética y estabilidad del mutante androestéril dominante de trigo "Oly". Revista Mexicana Ciencias Agrícolas. 8(esp):1509-1515.
- 32 Villaseñor-Mir, H. E. 2015. Sistema de mejoramiento genético de trigo en México. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas. 11(esp):2183-2189.
- 33 Villaseñor-Mir, H. E.; Hortelano-Santa, R. R. Martínez-Cruz, E.; Huerta-Espino, J.; García-León, E. y Espitia-Rangel, E. 2015. Uso de la androesterilidad genética masculina en la reconversión de genotipos para realizar selección recurrente en trigo. Revista Mexicana Ciencias Agrícolas. 11(esp):2177-2182.
- 34 Villaseñor-Mir, H. E.; Huerta-Espino, J.; Hortelano-Santa, R. R.; Martínez-Cruz, E.; Espitia-Rangel, E.; Solís-Moya, E.; Osorio-Alcalá, L. y Rodríguez-García, M. F. 2018. Valles F2015: nueva variedad de trigo para siembras de temporal en México. Revista Mexicana Ciencias Agrícolas. 9(6):1315-1321. <https://doi.org/https://doi.org/10.29312/remexca.v9i6.1592>.



Parámetros genéticos y respuesta a la selección en la población PANDOLY.PABG de trigo

Journal Information
Journal ID (publisher-id): remexca
Title: Revista mexicana de ciencias agrícolas
Abbreviated Title: Rev. Mex. Cienc. Agríc
ISSN (print): 2007-0934
Publisher: Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias

Article/Issue Information
Date received: 01 August 2024
Date accepted: 01 October 2024
Publication date: 12 December 2024
Publication date: Oct-Nov 2024
Volume: 15
Issue: 7
Electronic Location Identifier: e3656
DOI: 10.29312/remexca.v15i7.3656

Categories

Subject: Artículo

Palabras clave:

Palabras clave:

Triticum aestivum L.
esterilidad masculina
heredabilidad
mutante dominante.

Counts

Figures: 2

Tables: 4

Equations: 0

References: 34

Pages: 0