University of Nebraska - Lincoln
DigitalCommons@University of Nebraska - Lincoln

INTSORMIL Scientific Publications

International Sorghum and Millet Collaborative Research Support Program (INTSORMIL CRSP)

2008

La Androesterilidad en el Mejoramiento Genético del Sorgo (*Sorghum bicolor*, L. Moench)

René Clará Valencia
INTSORMIL

Nora E. D'Croz-Mason
University of Nebraska - Lincoln, ndcroz-mason2@unl.edu

Follow this and additional works at: https://digitalcommons.unl.edu/intsormilpubs

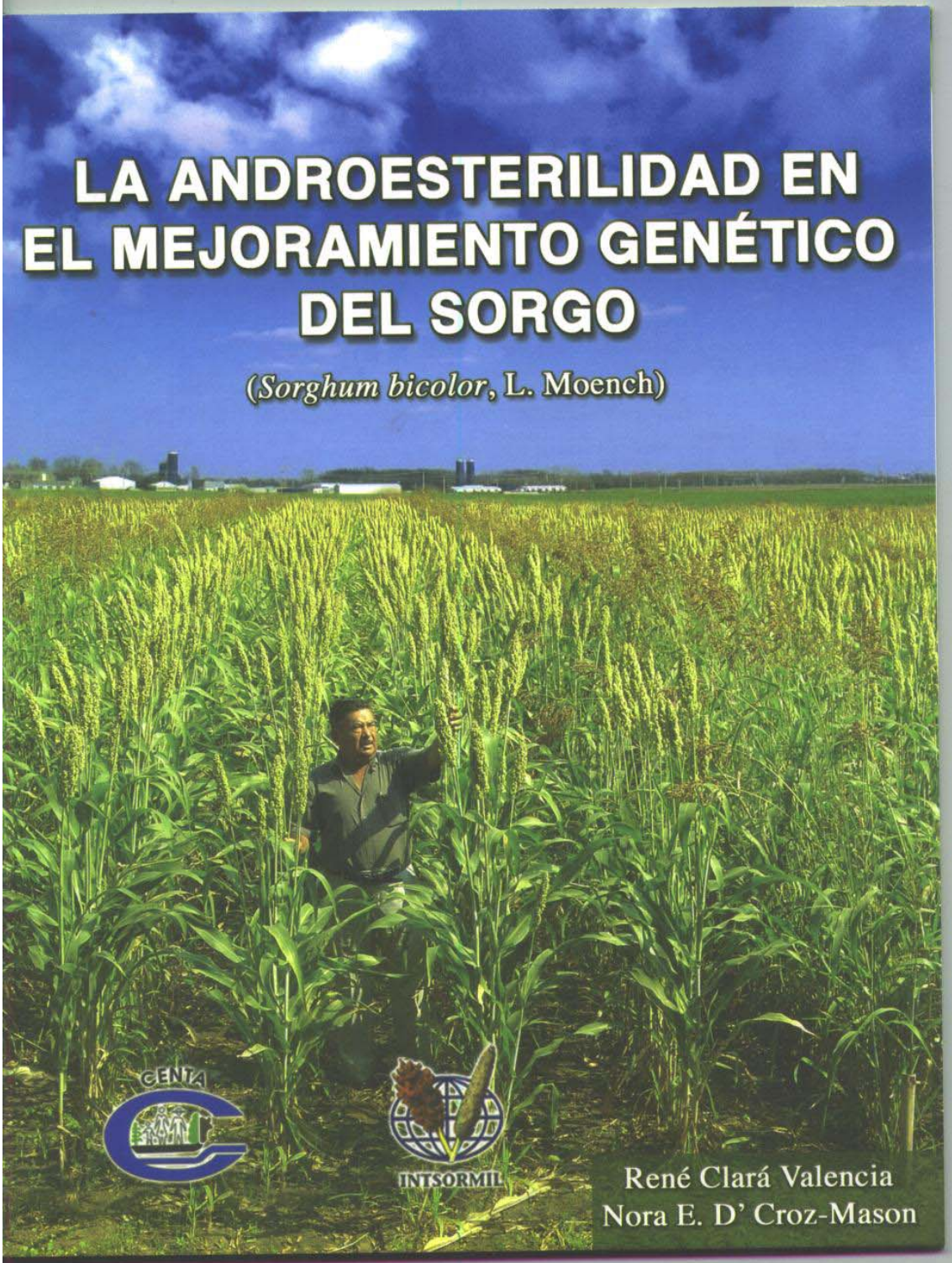
Part of the Agronomy and Crop Sciences Commons

Clará Valencia, René and D'Croz-Mason, Nora E., "La Androesterilidad en el Mejoramiento Genético del Sorgo (*Sorghum bicolor*, L. Moench)" (2008). *INTSORMIL Scientific Publications*. 23.
https://digitalcommons.unl.edu/intsormilpubs/23

This Article is brought to you for free and open access by the International Sorghum and Millet Collaborative Research Support Program (INTSORMIL CRSP) at DigitalCommons@University of Nebraska - Lincoln. It has been accepted for inclusion in INTSORMIL Scientific Publications by an authorized administrator of DigitalCommons@University of Nebraska - Lincoln.

LA ANDROESTERILIDAD EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DEL SORGO

(*Sorghum bicolor*, L. Moench)



René Clará Valencia
Nora E. D' Croz-Mason

Autores

René Clará Valencia
Coordinador Regional
INSTSORMIL
Fitomejorador de Sorgo (CENTA)

Dra. Nora E. D' Croz-Mason
Adjunct Assistant Professor,
University of Nebraska,
Lincoln, U.S.A.

Presidente Junta Directiva CENTA:

Ing. Ever Adalberto Hernández
Centro Nacional de Tecnología
Agropecuaria y Forestal (CENTA),
El Salvador.

Director Ejecutivo del CENTA:

Ing. Abraham E. López Deleón
Director Ejecutivo
Centro Nacional de Tecnología
Agropecuaria y Forestal (CENTA),
El Salvador.

Director del INTSORMIL:

Dr. John M. Yohe
Program Director
INTSORMIL
University of Nebraska,
Lincoln, U.S.A.

Coordinador Regional INTSORMIL:

Dr. Stephen C. Mason
University of Nebraska
Department of Agronomy and Horticulture
Lincoln, U.S.A.

Colaboración fotográfica:

Dr. William (Bill) L. Rooney
Sorghum Breeder
Texas A&M University,
Texas U.S.A.
Guillermo Eduardo Funes
Comunicaciones - CENTA

Revisión de texto:

Lic. Berta Nely Menjivar
Comunicaciones-CENTA

ÍNDICE

Introducción 4

Androesterilidad 5

Androesterilidad genética 6

Androesterilidad citoplasmática 7

Androesterilidad genética-citoplasmática 8

Androesterilización de Líneas "B" 12

Desarrollo de poblaciones randomizadas 12

Métodos de mejoramiento intrapoblacional 16

Método de mejoramiento interpoblacional 22

Diseños estadisticos experimentales para la Evaluación de las poblaciones..... 23

Evaluación simultánea de dos poblaciones..... 29

Diseños experimentales sin repeticiones..... 33

Bibliografía 34

INTRODUCCIÓN

Los métodos convencionales de fitomejoramiento han ofrecido a los fitomejoradores grandes progresos en el desarrollo de las variedades mejoradas; sin embargo, sólo una limitada proporción de la variabilidad genética disponible en el sorgo, ha sido explotada. Los adelantos en el mejoramiento de maíz, basados en la teoría de la genética cuantitativa, han ayudado a entender el uso de las metodologías avanzadas en el mejoramiento de población, utilizando en mayor grado la variabilidad genética.

El desarrollo y mejoramiento de poblaciones mediante el uso de la selección recurrente, que consiste en ciclos repetidos de selección y recombinación, ofrecen la oportunidad de explotar una máxima variabilidad genética, rompiendo así los grupos de ligamientos y liberando la variabilidad oculta para obtener continuas y mejores ganancias genética a un largo plazo (Allard, 1967).

Con la utilización de los genes de esterilidad masculina o androestériles en el sorgo y en otras plantas autógamas, se han podido aplicar las técnicas de poblaciones en forma similar que en el cultivo de maíz. Con las experiencias obtenidas en el Centro Nacional de Tecnología Agropecuaria y Forestal (CENTA) utilizando el gene de esterilidad masculina en sorgo, se han podido romper los grupos de ligamientos como la altura de la planta y la madurez fisiológica, obteniéndose así una diversidad de genotipos con características fenotípicas favorables.

También se han obtenido buenos resultados al utilizar genes con esterilidad masculina citoplasmática y genes restauradores de la fertilidad en la producción de híbridos graníferos y forrajeros.

Emasculaciones y polinizaciones manuales.

Androesterilidad

Al clasificar las plantas por su inhabilidad de producir semillas, es importante hacer distinción entre la esterilidad y la incompatibilidad. Cuando existe un fallo funcional de las anteras o el polen, se denomina esterilidad masculina o androesterilidad. En las plantas androestériles, las flores no producen anteras o polen viable, pero los estigmas funcionan normalmente. Aunque estas flores no pueden ser autopolinizadas, se pueden cruzar con otras fuentes de polen. Esto hace que la androesterilidad sea de utilidad para el fitomejorador.

A diferencia, la incompatibilidad es una forma de infertilidad causada por la inhabilidad de las plantas con gametos funcionales, ya sean masculinos o femeninos, de producir semilla cuando sean autopolinizadas o cruzadas.

Es un proceso bioquímico bajo un control genético simple. Se presenta en ambos gametos y puede ocurrir en cualquier momento entre la polinización y la fertilización.

Es la esterilidad de los gametos masculinos, se vuelven no funcionales por el efecto de los genes mutantes de los multiples loci que controlan las diferentes etapas vitales para la formación del polen en el núcleo, por los factores citoplasmáticos, o por el efecto combinado de ambos. La androesterilidad no es un mecanismo común para controlar la hibridación en poblaciones naturales; puesto que las plantas androestériles aparecen esporádicamente en poblaciones tanto de especies autógamas como de alógamas (Clará R, 1980).

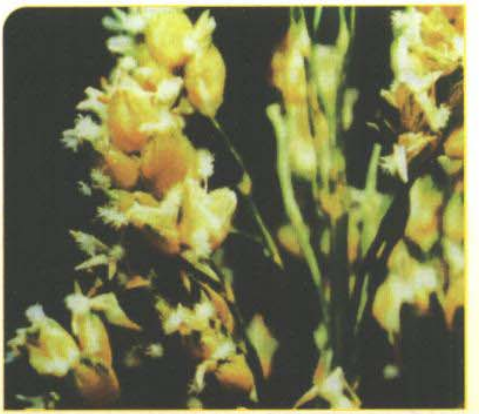


Foto 1: *Flor de sorgo androestéril. Puede notarse que las anteras están atrofiadas y los estigmas son receptivos..*

El uso de la androesterilidad, permite a los fitomejoradores eliminar el tedioso proceso de la emasculación en muchas especies autógamas, facilitando de esta

manera la producción de híbridos a nivel comercial, lo cual es difícil en las plantas autógamas.

La androesterilidad, según la forma como esté controlada, puede ser: Genética, Citoplasmática y Genética-citoplasmática. Existe otra clase de androesterilidad causada por el medio ambiente, por temperaturas muy bajas, u otros factores abióticos (androesterilidad ecológica), la cual no se tratará en esta publicación.

Androesterilidad Genetica

La androesterilidad genética se manifiesta mediante genes en el núcleo (genes nucleares) que inhiben el desarrollo normal de las anteras y el polen. Esta androesterilidad se ha encontrado en varias especies y está controlada por el gen recesivo "ms", mientras que el gene dominante "Ms", produce plantas con anteras y polen normales. Las plantas con el genotipo "ms ms", son androestériles, mientras que las "Ms ms" o "Ms Ms"son androfértiles. Como las plantas androestériles no se pueden mantener por sí mismas deben ser polinizadas por plantas fértiles que lleven, por lo menos, un gen dominante (Ms ms). Si la polinización se lleva a cabo utilizando un gene dominante, (Figura 1), la descendencia de la población será la mitad fértil y la mitad estéril (50% Ms ms:50% ms ms).

En algunas especies se utiliza la androesterilidad genética para la producción comercial de híbridos, sembrando como progenitor femenino una línea heterocigótica (Ms ms) segregando para androesterilidad o una homocigótica (ms ms) y como progenitor masculino una línea homocigótica dominante (Ms Ms) o heterocigótica (Ms ms); al momento de inicio de la floración y antes de iniciarse la antesis, se identifican y se eliminan las plantas fértiles en el progenitor femenino.

Algunas especies poseen características fenotípicas asociadas con la androesterilidad genética, las cuales sirven para identificar las plantas androestériles (Judía de Lima).

El problema en la producción de híbridos comerciales no es solamente el costo elevado de la semilla sino también la dificultad en identificar las plantas androfértiles en los surcos del progenitor femenino. En los cultivos de tomate, judías y cebada la producción de semilla

en las plantas androestériles es escasa, debido a la falta de buenos polinizadores. En el tomate, posiblemente se puede obtener un mejor rendimiento de semilla bajo condiciones ambientales que favorezcan la polinización.

$$ms_3\ ms_3 \quad x \quad Ms_3ms_3$$

$$1\ Ms_3ms_3 \quad : \quad 1ms_3\ ms_3$$

(Androfértir) (Androestéril)

Fig. 1. *Polinización de plantas androestériles genéticas por planta androfértiles heterocigóticas.*

En la mayoría de las especies autógamas donde se presenta esta clase de androesterilidad, su principal uso es en los programas de mejoramiento para aumentar la variabilidad mediante la recombinación al azar con diferentes progenitores masculinos.

Androesterilidad Citoplasmatica

Esta clase de esterilidad masculina está controlada por factores citoplasmáticos. Las plantas androestériles (ms ms) poseen citoplasma estéril (S) y genes homocigóticos recesivos para la fertilidad en el núcleo (ms ms)S. Estas plantas producen semilla y mantienen su esterilidad masculina cuando se polinizan con plantas de citoplasma fértil (F) y núcleo con genes recesivos para la fertilidad (ms ms)F. Las primeras se conocen como líneas "A", las segundas como lines "B" o mantenedoras de la androesterilidad.

En la figura 2 se puede observar que la diferencia de los progenitores es solamente en el citoplasma y la descendencia lleva siempre el citoplasma (ms ms)S, o sea con dominancia del citoplasma estéril (S), lo que también se conoce como herencia materna o ***matroclinia***. Los híbridos obtenidos mediante esta metodología son androestériles y no producen semilla; por lo tanto no es importante en cultivos donde el producto comercial es la semilla.

La androesterilidad citoplasmática es bastante utilizada en plantas ornamentales, debido a que los híbridos androestériles producen flores más hermosas y se mantienen frescas mucho más tiempo que las plantas androfértiles dentro de la misma especie.

El gene de esterilidad masculina, se conoce como "ms", el androestéril citoplasmático como "ms_c". Sin embargo para mejor explicación, también se utiliza RR y rr para denominar lo genes dominantes y recesivos, de la androesterilidad (Allard, 1967).

Androesterilidad Genetica-Citoplasmatica

Es una interacción entre el núcleo y el citoplasma que produce plantas androestériles y fértiles. Se restaura la fertilidad en la F1 cuando se cruzan plantas con citoplasma estéril y genes homocigóticos recesivos para la fertilidad (rr)S, con plantas de citoplasma estéril o fértil y genes homocigóticos dominantes en el núcleo (RR)_. Estos últimos genes tienen la capacidad de restaurar la fertilidad del polen en el citoplasrna androestéril, y se conocen como "Restauradores" y las plantas como líneas "R".

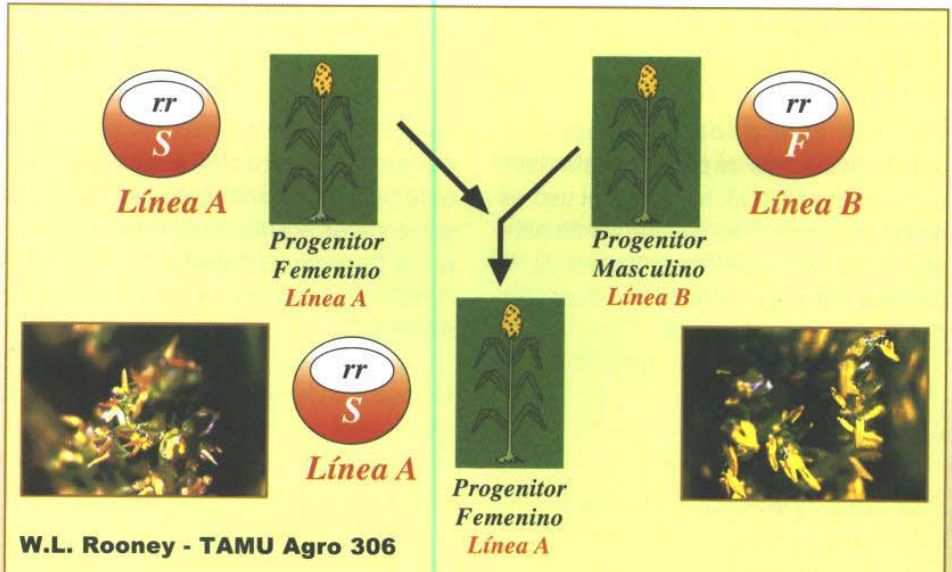


Fig. 2. *Mantenimiento de semilla de la línea "A"*

Progenitor femenino (Androestéril).			Progenitor masculino (Androfértil)	Descendencia encontrada	
1.	(rr) S	x	(RR)F	(Rr)	Androfertil
2.	(rr) S	x	(Rr)	1 (Rr): 1 (rr)S	Semi-androfértil
3.	(rr)S	x	(rr)F	(rr)S	Androestéril

Cuadro 1. Descendencia híbrida encontrada utilizando una misma línea hembra cruzada con machos de diferentes genotipos.

Esta clase de esterilidad fue reportada por Stephens y Holland en 1954 en el cultivo del sorgo, al transferir cromosomas de Kafir en el citoplasma de Milo y obteniendo plantas androestériles y fértiles en la progenie de la F2.

Allard R.W. 1967, menciona que este tipo de androesterilidad fue utilizada primeramente en cebolla por Jones y Davis (1944), cuando encontró una planta en la variedad Italian Red que era completamente androestéril. Ellos la cruzaron con varios tipos de plantas androfértiles y se obtuvo tres tipos de descendencia: un primer tipo fue androfértil completamente, un segundo produjo plantas androfértiles y androestértiles en proporción 1:1 y un tercero fue completamente androestéril (Cuadro 1). Algunos tipos de citoplasmas interaccionan de forma diferente con el núcleo, por esta razón algunas líneas "R" se vuelven líneas "B" cruzándolas con otros citoplasmas.

Estos experimentos dieron la pauta para la producción comercial de semilla híbrida en varias especies autógamas, como cebolla, ajonjolí, sorgo, arroz, etc.- Este tipo de androesterilidad también se usa en maíz, para disminuir el alto costo del desespigue. El éxito obtenido utilizando este tipo de androesterilidad se debe al bajo costo de la semilla híbrida y a su facilidad en el proceso de producción en el campo.

Si el producto comercial es la semilla, el método adecuado es el primero, pero si el producto comercial es la parte vegetativa pueden utilizarse los tres métodos.

La androesterilidad genética-citoplasmática se utiliza para producir híbridos simples (figura 3), triples (figura 4) y dobles (figura 5).

Foto. 2, Producción comercial de semilla híbrida para grano

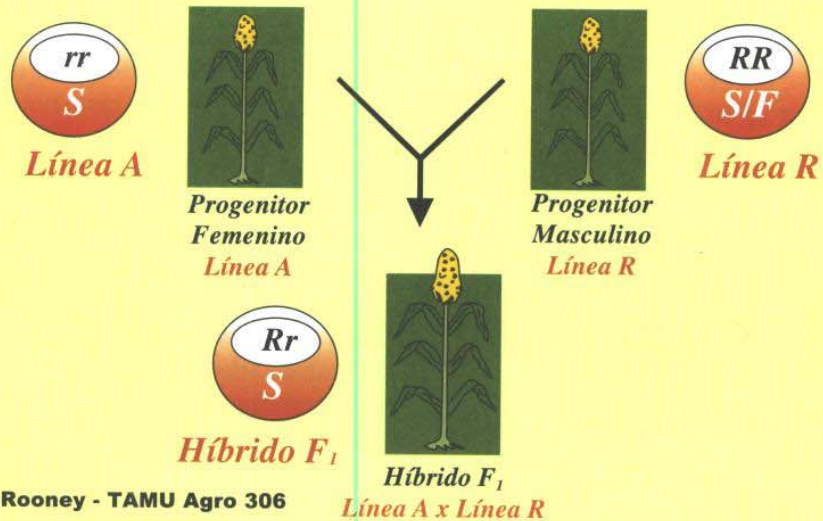


Fig. 3. *Producción de Semilla de Sorgo Híbrido Simple.*

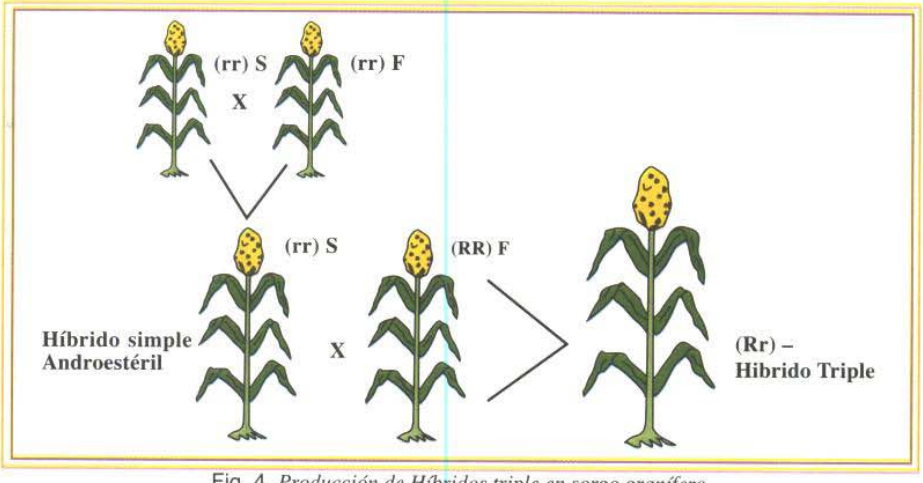


Fig. 4. *Producción de Híbridos triple en sorgo granífero.*

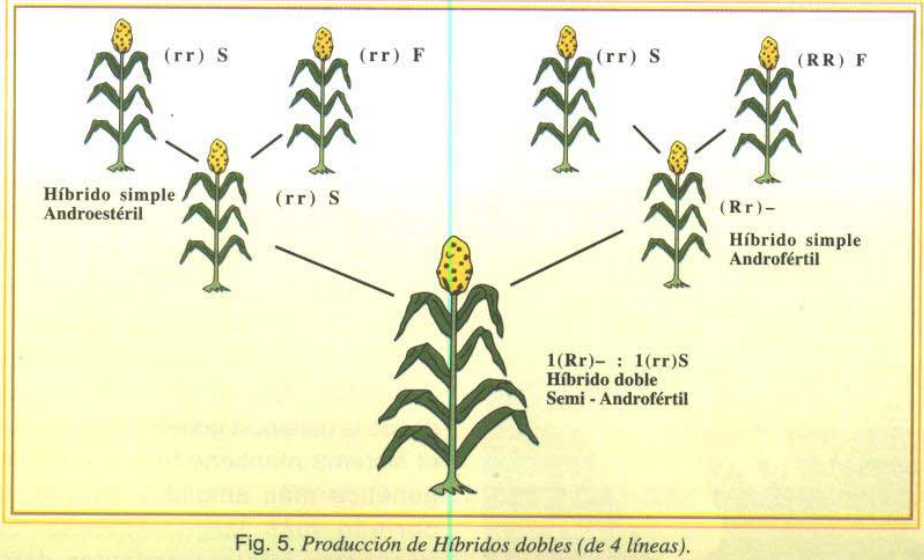


Fig. 5. *Producción de Híbridos dobles (de 4 líneas).*

La Fig. 5, enseña la forma como producir semilla en un híbrido doble, pero nótese que el híbrido produce plantas androestériles y androfértiles en proporción 1:1, lo cual podría reducir el rendimiento por una deficiente polinización, pero si el producto comercial fuera la parte vegetativa, esto no sería problema.

Los híbridos dobles son de uso más frecuente en maíz, en sorgo no se utilizan.

Androesterilizacion de Lineas "B"

Cuando se tiene un grupo de líneas nuevas en las que se desconoce la fertilización del polen, se cruzan todas con una línea androestéril (A) y luego se siembran todas las F1. Se obtienen tres tipos de progenies: androfértil, semifértil y androestéril (Cuadro 1). En sorgo solo interesa la primera y la tercera. En las F1 androestériles las líneas utilizadas como progenitor masculino le llaman lineas mantenedoras o líneas "B" o sea (rr)F con citoplasma fértil y las F1 androfértiles son líneas "R" o restauradoras (RR)_, con genes dominantes para la fertilidad en el núcleo.

Foto No. 3. Androesterilización de lineas "B". Estación. Experimental de Santa Cruz Porrillo (CENTA), 1977.

Las mejores líneas "B" es importante androesterilizarlas, o sea transferir los cromosomas de la línea "B" al citoplasma de la línea "A" (rr)S. Esto se realiza mediante selección apareada de progenie en un proceso de retrocruzamiento (House, 1985).

El proceso de androesterilización puede comenzar antes o después que la línea sea homocigótica y mientras se desarrolla, prosigue la selección en busca de caracteres que converjan en la línea "B", hasta obtener mas de un 98% de todos los caracteres de la línea "B", pero con la diferencia que no produce polen viable (Fig. 6).

Desarrollo de Poblaciones Randomizadas

A diferencia de los métodos convencionales de fitomejoramiento, el mejoramiento de poblaciones por medio de selección recurrente es a largo plazo, donde la ganancia genética es baja pero el sistema mantiene una variabilidad genética más amplia y durante un período más largo; además, los frecuentes intercruzamientos darán origen a nuevas recombinaciones que aumentan las oportunidades de selección a través de cada ciclo.

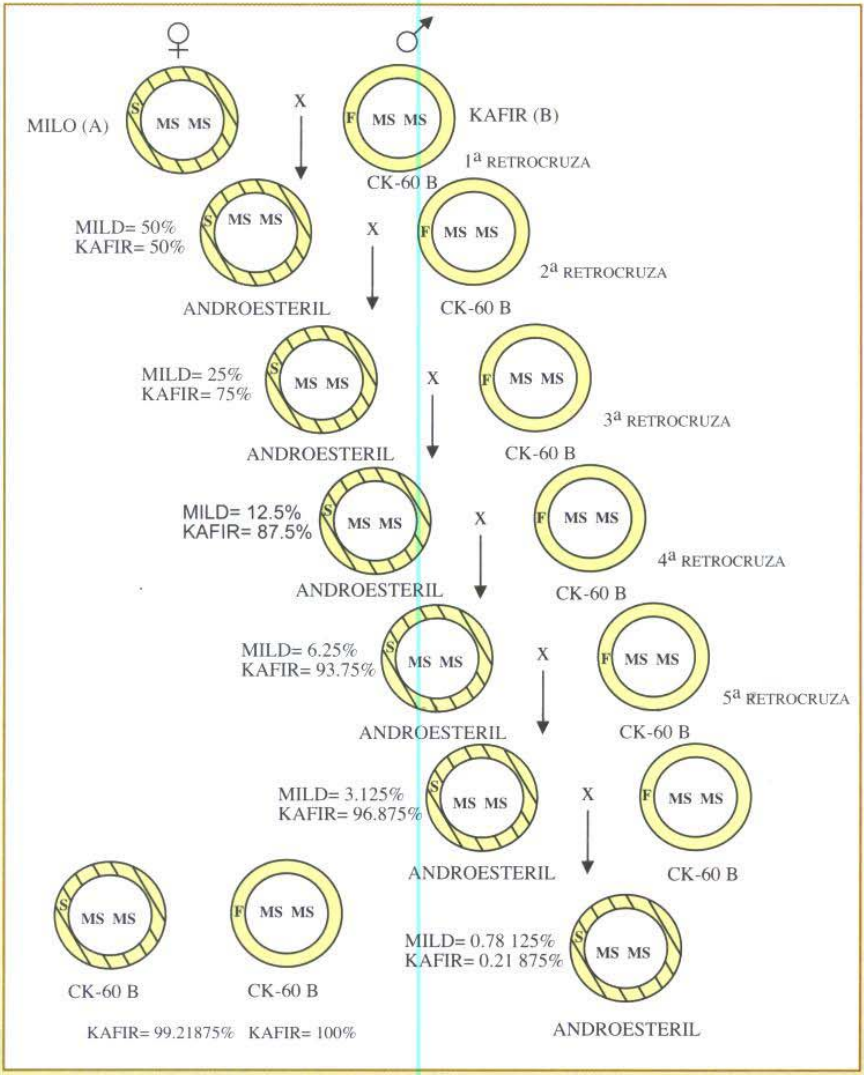


Figura 6. *Proceso de esterilización en sorgo. utilizando la F_1 androestéril del cruzamiento Milo x Kafir, bajo seis generaciones de retrocruzamiento con Kafir. Depués del sexto retrocruzamiento casi todos los genes del núcleo (99.21875%) son reconstituidos en la progenie, conservándose el gene ms ms intacto (Nagur, 1981).*

Siguiendo al descubrimiento de la esterilidad masculina (ms) y al desarrollo de la teoría genética cuantitativa en maíz, nuevas poblaciones randomizadas, han sido desarrolladas en muchos programas de fitomejoramiento.

El desarrollo de las poblaciones randomizadas involucra tres pasos básicos:

a) Identificación o selección de progenitores adecuados.

b) Incorporación del gene de esterilidad masculina (ms).

c) Intercruzamientos o recombinación de los progenitores.

La selección de los progenitores para formar la población básica es muy crítica y tiene sus implicaciones en el valor de la población, en la selección y en el avance del mejoramiento. El objetivo de la selección recurrente es mejorar el comportamiento de la población para una o mas características como: rendimiento y sus componentes, factores de estabilidad, resistencia a plagas y enfermedades y características de calidad de grano. Los progenitores deben de estar representados con líneas de diferente origen y buena aptitud combinatoria para maximizar la diversidad genética.

El número de progenitores varía según los objetivos; una población con menos de 10 progenitores no proporciona el alcance suficiente para una selección simultánea. Demasiados progenitores resultan en una población muy diversa, pero con bajo potencial de rendimiento en la población (Cuadro 2).

Población	No. De progenitores	Varianza Genética	Rend. Medio población inicial (kg/ha)	Ganancia pronosticada/ciclo (kg/ha)
NP3R	30	71.29	3617	660
NP5R	139	156.23	3579	667
NP7BR	218	51.61	2806	564

Cuadro 2. *Número de progenitores, variabilidad genética, rendimiento promedio y las ganancias pronosticadas*

Es importante incorporar suficiente variabilidad en la población, porque es la base para el éxito de cualquier programa de fitomejoramiento. No existen reportes sobre el número exacto de progenitores que deban usarse.

En el Cuadro 2 se ve que aunque el número máximo de progenitores estuvo involucrado en la población NP7BR la varianza genética fue más elevada en la NP5R. El rendimiento medio de grano antes de la selección fue el más bajo para NP7BR y más elevado en NP3R.

La introducción de genes con esterilidad masculina se realiza por retrocruzamiento. Por lo menos en una etapa durante la retrocruza, las cruzas deben hacerse usando los progenitores recurrentes como hembra, a fin de tener variabilidad de factores citoplasmáticos en la población. Generalmente de 2 a 3 retrocruzas seguidos por selección, son suficientes para alcanzar los objetivos, particularmente cuando la fuente del gen androestéril tiene antecedentes élites.

Cuando se agregan nuevas entradas o progenitores a la población se debe tener cuidado que el compuesto permanezca balanceado. No debe mezclarse por igual el número de semillas, tanto del compuesto como de la entrada nueva que se desea introducir. Si el compuesto está en sus primeras etapas de desarrollo, posiblemente de 5 a 10 gramos de semilla de la entrada nueva, pueden mezclarse con 1000 gramos del compuesto. Si este ya ha sidoavanzado por varios ciclos de selección, entonces será conveniente cruzar y retrocruzar la nueva entrada por el compuesto.

También es posible desarrollar un ***"Side Car"*** donde el compuesto original es cruzado sobre la nueva fuente y retrocruzado como el progenitor recurrente. La selección es continuada en el mejoramiento original y en el ***"Side Car"***, de manera que ambas poblaciones son mejoradas simultáneamente. Lo mejor del compuesto original es conservado con esta técnica.

La recombinación de los progenitores dentro de la población se realiza en lotes aislados, dejando que las plantas androestériles que segregan en la S_1, se polinicen con las plantas fértiles heterocigóticas y homocigóticas dominantes. Son suficientes de 2 a 3 ciclos de recombinación, para que la

población sea expuesta a cualquier proceso de selección.

Foto 4. *Población ESPF-1 en proceso de formación, CENTA, El Salvador, 1978.*

Metodos de Mejoramiento Intrapoblacional

Una vez la población ha sido formada, pueden usarse los siguientes métodos de selección:

Selección masal

Es un método fácil y sencillo para poblaciones heterogéneas y de caracteres con alto coeficiente de heredabilidad. Cada ciclo representa una generación, mientras que otros sistemas requieren más de uno. Un gran lote de germoplasma puede ser muestreado; en otros sistemas donde se requieren pruebas de rendimiento, el número de muestras para ser evaluadas es más limitado.

Este método consiste en: a) la selección de plantas individuales con base en su fenotipo y b) la mezcla de cantidades iguales de semilla de cada planta seleccionada para formar el próximo ciclo de selección. En sorgo, donde la selección es basada en plantas androestériles, se identifican las hembras durante la floración y se seleccionan durante la madurez. Estas plantas son polinizadas por el polen proveniente de plantas con buenas o malas características involucradas en la población (House L.R. 1985). La desventaja de la población masal es que no controla el origen del polen ni su contribución en las progenies, por esta razón la heredabilidad se reduce a la mitad. Si la selección se efectúa en plantas fértiles, se necesitan dos generaciones por ciclo, un ciclo adicional para la recombinación. Doggett, H. and Eberhart, S.A. 1968, propusieron alternar la selección de las plantas fértiles y androestériles. En este sistema, la selección de las plantas androestériles

se hacen en la primera siembra y las de las fértiles en la siguiente y así sucesivamente. Una generación es esencialmente de selección y la otra de recombinación.

En el CENTA al aplicar la selección masal en la población ESPF-1 (ms_3) con androesterilidad genética, se obtuvo buen progreso durante tres primeras generaciones, pero posteriormente la población declinó en genotipos con poco vigor y con una media de rendimiento inferior a la inicial.

Selección de familias de medios hermanos

Este es otro sistema fácil de usar en sorgo, donde la androesterilidad genética ha sido incorporada y toma dos generaciones por ciclo. En un lote aislado las plantas androestériles se marcan durante la floración y se dejan polinizar libremente. Durante la cosecha, cada panoja seleccionada se desgrana individualmente. La semilla de cada panoja representa una entrada o familia que debe ser evaluada en un ensayo de rendimiento. El resto de la familia se guarda para ser utilizada una vez se obtengan los ensayos de rendimiento. Estas familias se siembran en ensayos replicados durante la estación principal. Generalmente se utilizan más de 250 entradas (cada entrada es una panoja de planta androestéril).

Las mejores entradas de los ensayos de rendimiento se seleccionan y se mezcla la semilla que se guardó y se siembra para comenzar un nuevo ciclo de recombinación. Nuevamente, las plantas androestériles son identificadas durante la floración y cosechadas individualmente para formar el siguiente ciclo de selección.

El método se llama "Selección de familia de medios hermanos" porque la selección se realiza en un solo progenitor, en este caso el femenino androesteril, que es polinizado al azar por progenitores no conocidos.

Selección de familias de hermanos completos

El procedimiento es igual al de medios hermanos, excepto que la recombinación se realiza en cruzamientos apareados entre plantas fértiles y androestériles, o sea que hay control en ambos progenitores. Este sistema de selección es llamado de hermanos completos y son también evaluados en ensayos de

rendimiento. Es difícil de usarlo en la práctica, cuando se obtiene insuficiente semilla en los cruzamientos para montar varios ensayos.

Selección Familias S_1

Se refiere a la progenie de una población libre que ha sido polinizada. Pueden utilizarse progenies segregantes para androesterilidad o progenies con fertilidad uniforme. Este sistema requiere tres generaciones y es el más efectivo cuando se pueden realizar las tres cosechas en un año. Un gran número de plantas androestériles de polinización abierta son cosechadas y sembradas en panoja por surco en un vivero sin replicar. Cerca del 50% de las líneas pueden ser eliminadas con base en sus características agronómicas. La mejor planta fértil se selecciona de cada familia de medios hermanos seleccionada. Estas plantas proveerán semilla para la evaluación de la progenie S_1.

Un mínimo de 200 a 250 líneas S_1 son evaluadas en ensayos replicados preferiblemente en varias localidades. Las mejores (10-20%) entradas son seleccionadas, y el remanente de esa semilla es usado para recombinar la población y el ciclo se repite.

Juida Jan Orn et al 1976 (mencionado por Lukhele, P. and Obilana A.T. 1980) al comparar los métodos de selección masal, medios hermanos y Familias S1 para mejorar la población de sorgo NP3R, encontraron que la respuesta predicha para el rendimiento de grano fue máxima en las familias de las S1 evaluadas. Doggett (1972) reportó un incremento promedio de 25% en rendimiento de grano en cuatro poblaciones después de un ciclo de selección. El máximo rendimiento (33%) fue observado en la población PRS1.

Familias S_2

Este sistema (Figura 7) es una extensión adicional del S_1. Las líneas S_2 (plantas fértiles provenientes de las líneas S_1) son evaluadas en ensayos replicados en vez de líneas S_1. Se necesitan cuatro generaciones para completar un ciclo. Este sistema es muy efectivo en la eliminación de genes indeseables de las poblaciones e incrementa la varianza genética aditiva.

Debido a que se realizan dos autofecundaciones sucesivas,la frecuencia de las plantas androestériles se reducen bastante, por lo tanto se hace necesario realizar polinizaciones de plantas hermanas (Sibbing) de cada

progenie S_2 en viveros separados. La semilla de los Sibbing de las líneas seleccionadas se utiliza para la recombinación de la población (Clará R. 1980).

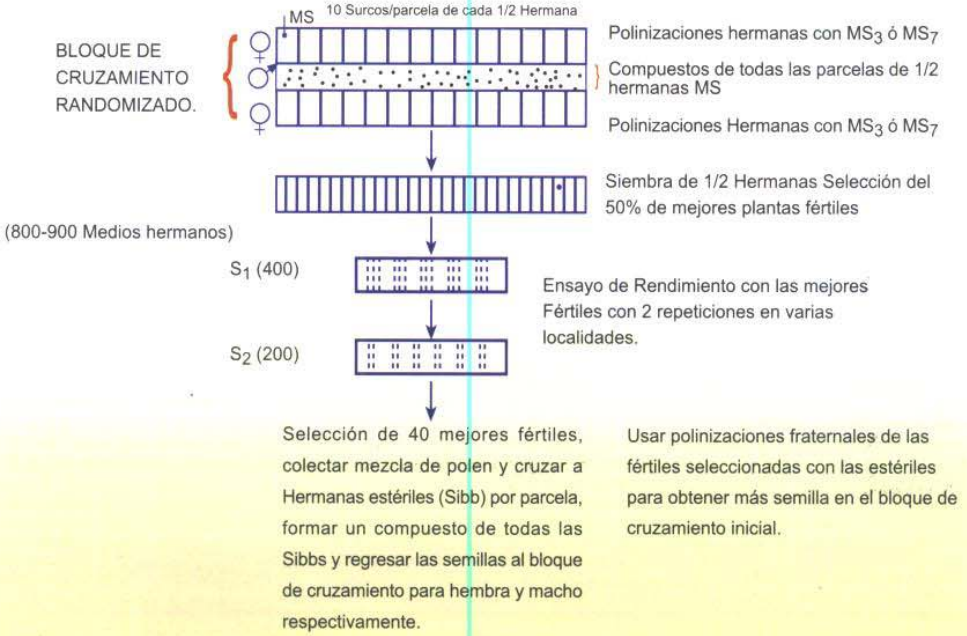


Figura 7. *Método de mejoramiento de familia S_2*

Una vez que una población se ha desarrollado bajo los distintos métodos de selección previamente mencionados, la ganancia genética puede obtenerse mediante la fórmula siguiente:

$$G = \frac{K\,C\,\sigma_A^2}{y\sqrt{\left(\frac{\sigma_e^2}{rt}\right) + \frac{\sigma_{ge}^2}{t} + \sigma_g^2}}$$

Donde:

K= Índice de selección, diferencial estandarizado.

C= Control parental, es 1 cuando la unidad de selección es la misma que la unidad de recombinación, ambos padres son seleccionados; es igual a 1/2 cuando solo el progenitor femenino es seleccionado.

σ_A^2 =Varianza genética aditiva

y = Número de años por ciclo

σ_e^2=Varianza del error experimental

σ_{ge}^2 = Varianza de la interacción genotipo-ambiente.

σ_g^2 = Varianza genética

r= Número de repeticiones

t= número de localidades

Esta fórmula revela que la ganancia genética debido a la selección puede ser aumentada de varias formas.

1. Intensidad de selección

La ganancia puede ser aumentada teniendo una intensidad más elevada de selección (Cuadro 3).

La ganancia puede ser duplicada si se usa con una intensidad de selección de 5% en vez de 40%. Sin embargo, a medida que se aumenta la intensidad de selección, el número de familias evaluadas debe ser aumentado, de manera que el tamaño de la población efectiva sea mantenido lo suficientemente grande, para evitar la pérdida de los alelos favorables, a través de fijación al azar (erosión genética).

Cuadro 3. *Relación entre la intensidad de selección (i) y la ganancia genética.*

Intensidad de Selección (I) % •	K (Indice de selección)	Ganancia Relativa
2	2.42	173
5	2.06	147
10	1.75	125
20	1.40	100
30	1.16	83
40	0.97	70

Clará R. 1980.

• Intensidad de selección = $\frac{\text{Número de líneas seleccionadas}}{\text{Número total de líneas evaluadas}}$ X 100

2. Efectos de la selección en la varianza fenotípica

El aumento de la heredabilidad ($h^2 = \sigma_A^2 / \sigma_P^2$) por reducción de la varianza fenotípica es otro medio de aumentar la ganancia de la selección. La selección reduce la varianza fenotípica, genotípica y la heredabilidad en las progenies, durante el primer ciclo. Como la varianza fenotípica incluye la varianza del error (σ_e^2), la interacción genotipo-ambiente (σ_{ge}^2) y la genética (σ_g^2), las técnicas mejoradas en parcelas de ensayos reducirán la varianza del error y eficientes diseños estadísticos experimentales que incluyan suficiente número de ambientes y repeticiones, reducirán la varianza fenotípica.

Exkebil (mencionado por House ***L.R. 1985***), encontró mayor ganancia en el rendimiento del sorgo utilizando dos repeticiones durante dos años.

3. Métodos de mejoramiento

También puede ser aumentada la varianza genética aditiva entre las familias, al cambiar el control parental o reduciendo el número de siembras por ciclo (Cuadro 4).

Cuadro 4. *Control parental, varianza genética aditiva y número de siembras por ciclo para diferentes métodos de selección.*

Métodos de selección	CP	σ_g^2*	No. siembras /ciclo
Masal	1/2	σ_A^2	1
Medios hermanos	1	1/4 σ_A^2	3
Hermanos completos	1	1/2 σ_A^2	2
Evaluaciones de líneas S_1	1	σ_{A1}^2	3
Evaluación de líneas S_2		3/2 σ_{A1}^2	4

House L.R. 1985.

**Cambio de componentes de varianza con mejoramiento*

Donde:

σ_g^2 = Varianza genética

σ_A^2 = Varianza genética aditiva

Metodo de Mejoramiento Interpoblacional

Los métodos de fitomejoramiento interpoblacional son usados cuando el objetivo principal es el desarrollo de híbridos. El sistema se utiliza en cultivos donde la dominancia, epistasis y la acción genética aditiva son importantes. En sorgo la acción aditiva del gene es más predominante que la dominancia o la sobre dominancia. Sin embargo, hay reportes donde la dominancia ha sido encontrada considerablemente alta. Desafortunadamente, los componentes apropiados de la varianza no están disponibles para comparar las ganancias esperadas, provenientes de los métodos de mejoramiento interpoblacional. La selección recurrente recíproca, donde se mejoran dos poblaciones simultáneamente por su aptitud combinatoria general y específica, utilizando cada población como probador, es tediosa para seguir en sorgo. Russell y Eberhart, 1975 (mencionado por Obilana 1980) sugirieron una modificación a este sistema de selección e indicaron que se obtiene una variación mas grande entre las familias cuando una línea pura de la población recíproca se utiliza como probador, esperándose que produzca un mayor progreso en la selección que cuando la población recíproca se usa como probador.

Aunque el uso de un probador de línea pura fue propuesto inicialmente para mejorar la población de genes con efectos dominantes, los resultados de Horner et al (mencionado por Lukhele P. y Obilana A.T. 1980), indican que los probadores de línea pura son efectivos en seleccionar genes con efectos aditivos, porque muchos de sus loci son homocigóticos para los alelos recesivos.

Ellos también sugirieron que las poblaciones por selección recurrente recíproca, usando un probador estrecho pueden combinar bien con líneas no relacionadas, diferentes de las usadas como probador.

Variedades 85 SCP 805 Y 86 EO 226, producto de selección recurrente. Santa Cruz Porrillo, 1984.

DISEÑOS ESTADÍSTICOS EXPERIMENTALES PARA EVALUACIÓN DE LAS POBLACIONES

En un programa de selección recurrente un gran número de familias provenientes de varias poblaciones, generan muchas parcelas las cuales deben ser evaluadas. Sin embargo, es indispensable este gran número de familias para poder estimar adecuadamente las medias, las varianzas, las heredabilidades y predecir la ganancia genética en estudios de genética cuantitativa. La evaluación de estos experimentos es compleja, requiere atención especial, e involucra diseños experimentales que no son muy comunes.

La demanda por la adquisición de la tierra, el tiempo, y la mano de obra, entre otras cosas es difícil cuando se conducen muchos experimentos. Estas demandas se reducen significativamente al seguir la técnica de Ross y Gardner (1983), quienes para evaluar las poblaciones de sorgo sugirieron utilizar parcelas de un surco de 7,6 m en vez de dos o más surcos, cosechando solamente 4,4 m en dicho surco. Incluyendo las calles, en una hectárea se pueden acomodar 1430 parcelas de un surco cada una.

El número apropiado de familias para evaluar fluctúa entre los 100 y los 200. Menos de 100 individuos no estiman bien los parámetros genéticos y más de 200, aunque dan excelentes resultados son difíciles de manejar. La desventaja en evaluar menos de 200 familias depende en la intensidad de la selección que se aplique, la cual seguramente no proveerá un número adecuado de familias para ser recombinadas, promoviendo de esta manera un alto nivel de consanguinidad. Se puede ganar precisión en la evaluación de las familias al aumentar el número de repeticiones, pero al aumentar las repeticiones se incrementa el costo de los experimentos. En general, se recomienda aumentar los sitios de pruebas o localidades (Ross y Gardner, 1983)

Como los fitomejoradores están interesados en la interacción **genotipo**

x ambiente, las familias deben ser evaluadas en más de una localidad y por más de un año. Cuando se evalúan diferentes años y diferentes localidades, el procedimiento correcto con cualquier diseño experimental es calcular ambas fuentes de variación, la interacción de las familias con ambos, años y localidades, y la interacción año x localidad (Ross y Gardner, 1983). Si las localidades no son las mismas cada año, entonces se consideran las localidades como efectos anidados dentro de los años. En este caso, no hay interacción año x localidad y tan solo se estiman las interacciones de familias x años y localidades x años. Para este caso, se recomienda tratar todos los experimentos localidad - año como ambientes separados. Esto producirá solamente interacciones familia x ambiente, simplificando así la estimación de los componentes de varianza genética y la de genotipo x ambiente. De esta manera, se asume que cada experimento localidad - año representa una muestra al azar del ambiente en el cual se realiza el mejoramiento (Ross y Gardner, 1983)

Los diseños estadísticos experimentales para evaluar familias provenientes de un programa de selección recurrente aunque llevan muchas entradas y pocas repeticiones, estiman adecuadamente los parámetros que se miden. Algunos diseños dan mejores resultados que otros.

Los estadistas evalúan la eficiencia de un método basado en el promedio de la varianza del error de las entradas, mientras que los genetistas, están mas interesados en la ganancia debido a la selección o sea la disminución del cuadrado medio del error.

El diseño experimental de **bloques completamente al azar** podría utilizarse para evaluar poblaciones, pero una vez las entradas pasan de 25, el error experimental tiende a aumentar, lo cual no es satisfactorio.

El diseño experimental de **látice**, es excelente cuando existe un gran número de entradas. Jan-orn et al. (1976) con un látice de 14x14 obtuvieron una mejor ganancia genética en 196 familias S_1 de sorgo, que al utilizar bloques completamente al azar. La desventaja de los látices radica en el número de tratamientos que debe ser siempre un cuadrado exacto (n^2) o un n (n-1) de entradas para látices rectangulares (Cochran y Cox , 1992). Cuando hay

errores en la siembra o más adelante si hay perdidas de parcelas, se pierde la eficiencia del látice, teniendo que analizarse como un bloque completamente al azar.

Para superar el uso de bloques muy grandes, Yates en 1936 creó un diseño *pseudo-factorial o de bloques incompletos*. En este arreglo, las variedades se dividen en juegos o grupos para ser comparadas en más de una forma. Por ejemplo, 100 variedades denominadas del 1 al 100 pueden ser divididas en juegos o grupos de 10, en dos formas: el primer grupo de 10 por las variedades del 1 al 10, 11-20, 21-30 ... 91-100, y el segundo grupo de 10, por las variedades 1, 11, 21, 31,..91; 2, 12, 22,...92 etc. Cada grupo de 10 se puede acomodar en el campo en uno o más bloques randomizados o en cuadrados latinos de acuerdo al número de repeticiones que sean posibles. Lo que imposibilita el uso de los cuadrados latinos en vez de los bloques al azar es el gran número de repeticiones requeridas.

La información sobre la diferencia entre las variedades 1 y 2 puede obtenerse de dos maneras. La primera, proveniente de la comparación dentro del grupo 1-10 y la segunda utilizando el promedio del grupo 11, 21...91 para la variedad 1 y el promedio de 12, 22, 32...92 para la variedad 2, la diferencia entre las dos medias siendo determinada por la comparación dentro del primer juego de grupos (Yates, 1936)

Schutz y Cockerham (1966) compararon 3 diseños de bloques incompletos en 256 tratamientos con 16 bloques y 2 repeticiones y también evaluaron la ventaja de usar testigos o controles dentro de estos diseños los cuales designaron: **B** - bloques en (dentro de) repeticiones, **R** - repeticiones en (dentro de) bloques, y **S** - lattices. Los autores concluyeron que el diseño **B** era casi igual o superior al **R** y que no era ventajoso incluir testigos a costa de las variedades a probar.

El número total de tratamientos o entradas para todos diseños de bloques incompletos es **T = pb** donde ***p*** representa el número de entradas por bloque, y ***b*** el número de bloques por repetición. Con ***r*** repeticiones, el total de unidades experimentales es entonces **T= rT**. En el diseño de látices, **T = p²** y **r = 2**. En los diseños **B** y **R** las mismas entradas ***p*** deben aparecer siempre juntas en el bloque incompleto y en cada repetición. La diferencia entre

estos dos diseños es la manera en la cual un bloque incompleto (grupo) de entradas es repetido en el campo.

Para el diseño **B**, r repeticiones completas de **T** parcelas contiguas son subdivididas en b bloques de p parcelas cada una, y los grupos de tratamientos asignados al azar a los bloques, en cada repetición. En el diseño **R**, el campo experimental es inicialmente subdividido en grupos rp de parcelas contiguas, dentro de los cuales un bloque incompleto de p entradas es repetido r veces. El diseño **S**, es similar al **B**, con $r=2$, pero en los látices cada entrada aparece con un grupo diferente de entradas en cada uno de los dos bloques incompletos donde ocurren. (Schutz y Cokerham, 1966)

Los modelos para los tres diseños son:

$$Y_{ijk} = \mu + r_i + g_{ij} + P_{jK} + e_{ijk} (B)$$

Donde μ es la media, jk simboliza la entrada y j el bloque en la enésima repetición (i = 1,2 ..., r; j = 1,2,...,b; y k = 1, 2,...., p). Los efectos ambientales vienen a ser r para repeticiones, g para bloques en repetición, e para el error y P el efecto de las entradas. Los efectos, se asume que son al azar, no correlacionados y con varianzas para cada categoría de: σ^2_r , σ^2_g , σ^2 y σ^2_p respectivamente.

$$Y_{ijk} = \mu + G_j + R_{ji} + P_{jk} + e_{ijk} (R)$$

Para este diseño, i denota la repetición en el grupo j. Los efectos ambientales cambian, siendo G el efecto para el grupo de r repeticiones contiguas de un grupo de entradas en un bloque incompleto y R los bloques incompletos repetidos dentro de los grupos. Sus varianzas son σ^2_G y σ^2_R.

El modelo para látices ***(S)*** es muy similar al de bloques en (dentro de) repeticiones ***(B)***:

$$Y_{ijk} = \mu + r_i + g_{ij} + P_{\bar{\tau}jk} + e_{ijk}$$

$P_{\bar{\tau}jk}$ se interpreta como $P_{\bar{1}jk} = P_{\bar{2}jk}$

Repeticiones en (o dentro de) bloques

El diseño experimental repeticiones en (o dentro de) bloques fue utilizado inicialmente por Comstock y Robinson (1948) cuando evaluaron 192 progenies de maíz, obtenidas al recombinar 48 machos con 192 hembras. Las cuatro progenies de un grupo tenían un padre en común pero una madre diferente. En

el campo, cada bloque tenía 32 parcelas. Las progenies se dividieron en 12 juegos o grupos de 4 machos cada uno y cada grupo de 16 progenies fue asignado a un bloque y repetido 2 veces en el (o dentro del) bloque. Las 16 progenies se volvieron a randomizar dentro de cada una de las dos repeticiones. Cuando se desea que los componentes genéticos de las varianzas estimen la heredabilidad, las correlaciones genéticas y la predicción del progreso esperado por la selección, se logra una mayor precisión al agrupar al azar las familias escogida en bloques incompletos, los cuales permanecen iguales de repetición en repetición (Comstock y Robinson 1948).

Ross et al. (1981) utilizaron repeticiones en(dentro de) bloques para evaluar 200 familias S_1 en una población de sorgo. El Cuadro A enseña el análisis de varianza en a) una localidad, 2 repeticiones y b) dos localidades, 2 repeticiones para 200 familias divididas al azar en 10 grupos de 20 familias, donde cada grupo permanece unido en ambas repeticiones, y ambas repeticiones ocurren en el mismo bloque. La variabilidad del suelo la cual contribuye al error experimental dentro de una replicación y dentro de un bloque, se reduce notablemente. Cada bloque es esencialmente un pequeño experimento de bloques al azar involucrando un juego de familias randomizado de una población.

En repeticiones en (dentro de) bloques, la media de cada bloque estima el promedio de la población, y la variación entre las familias y la varianza del error en cada bloque son las estimaciones de las mismas varianzas de la población. Por lo tanto, las sumas de los cuadrados, y los grados de libertad para las repeticiones en bloques, las familias en bloques, y el error son aditivas a través de los bloques (Cuadro A). Al remover la variación entre los bloques y entre las repeticiones dentro de los bloques se provee con una eficiencia más grande que cuando se usa el diseño de bloques completamente al azar para estimar las varianzas (genéticas) de las familias. (Ross y Gardner, 1983).

Ventajas

El diseño de bloques en (dentro de) repeticiones tiene la ventaja de que al perderse un bloque, tan solo se pierden unas pocas entradas en ambas

repeticiones en vez de la perdida parcial de una repetición con muchas entradas. Este diseño es utilizado para experimentos en el invernadero, cámaras de crecimiento, etc, porque los potes, o cajas que representan los grupos o bloques pueden descartarse sin perder una repetición entera.

Bloques en (o dentro de) repeticiones

El diseño de bloques en (o dentro) repeticiones está basado en diseños delineados por Yates (1936) para la evaluación de un gran número de entradas en bloques incompletos parcialmente balanceados. Eckebil et al, (1977) y Ross et al. (1983) utilizaron este diseño en 200 familias S_1 en tres poblaciones de sorgo donde las entradas por grupo y los grupos por bloque permanecieron juntas en la segunda repetición, donde fueron nuevamente randomizadas. En este estudio, 200 familias fueron divididas en 10 grupos de 20 cada una. Las 20 familias en cada bloque permanecieron juntas en cada repetición teniendo así 10 bloques por repetición. El Cuadro B enseña el análisis de varianza para este diseño en a) una localidad, 2 repeticiones y b) 2 localidades, 2 repeticiones.

Ventajas

La obtención de los componentes de varianza para la familias, y las familias x localidades es la misma para ambos diseños. Sin embargo, los bloques en (dentro de) repeticiones no dan tan buen estimado de estos componentes como el de repeticiones en (dentro de) bloques porque cada familia está más separada en las repeticiones.

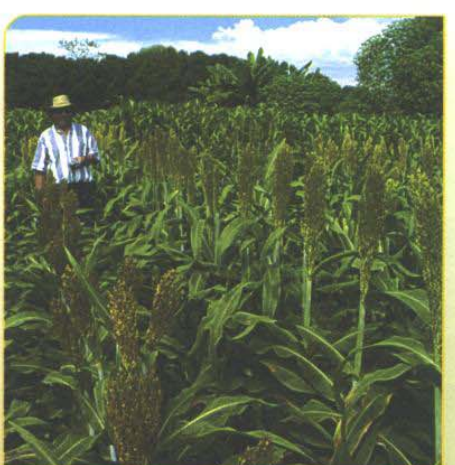
Este diseño es muy práctico cuando los tratamientos como fertilizantes, irrigaciones, inoculaciones de enfermedades, e infestaciones de insectos se pueden sobreponer en todas las repeticiones del experimento. Sin embargo, el riesgo es más grande porque se reduce su eficiencia con la pérdida parcial de una repetición, especialmente cuando solo se utilizan dos repeticiones.

EVALUACION SIMULTANEA DE DOS POBLACIONES

La evaluación simultanea de 2 poblaciones en un programa de selección recurrente presenta una situación bastante compleja, por la adición de más fuentes de variación para el análisis estadístico. Además, debe tenerse en cuenta que los efectos ya no son solamente al azar, sino que además existen efectos ***fijos***, y la prueba de ***F*** viene a ser muy compleja. Se pueden utilizar ambos diseños de bloques incompletos pero con algunas variaciones en las cuales, para el caso de repeticiones en (dentro de) bloques, los bloques están divididos en repeticiones con un juego de familias proveniente de cada población asignadas al azar en cada repetición. Por ejemplo, un bloque puede tener 2 repeticiones y cada repetición tiene un juego de 20 familias de cada una de las dos poblaciones.

La randomización se utiliza todo el tiempo, con la excepción de que las familias de una población en un juego, permanecen juntas en ambas repeticiones, y un bloque tiene el mismo grupo de poblaciones cuando se repite el experimento. Existen muchas variaciones, como dividir cada bloque en poblaciones y subdividir las poblaciones dentro de las repeticiones, cambiándose así el análisis de varianza (Ross y Gardner, 1983).

En el diseño de bloques en (dentro de) repeticiones un bloque contiene un juego de 20 familias de cada población para un total de 10 bloques por repetición. Se randomizan las familias en los juegos, los juegos en los bloques, y los bloques en las repeticiones, recordando que un juego y un bloque deben tener siempre el mismo germoplasma en ambas repeticiones y en ambos ambientes.



Evaluación intra e interfamiliar en diferentes poblaciones.

Cuadro A. *Análisis de varianza para una población de 200 familias divididas en 10 juegos de 20 familias en a) 1 localidad y 2 repeticiones y b) 2 localidades, 2 repeticiones utilizando el diseño de repeticiones en (dentro de) bloques (Modificado de Gardner y Ross, 1983).*

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	
	Obtención	Valor actual
a) Una localidad, 2 repeticiones:		
Bloques (B)	b-1	9
Repeticiones /(en bloque)B	(r-1)b	10
Familias (F) /(en bloque)B	(f-1)b	190
Error	(r-1)(f-1)b	190
Total	(rfb)-1	399
b) 2 localidades, 2 repeticiones:		
Localidades (L)	l-1	1
Bloques (B)	b-1	9
B X L	(b-1)(l-1)	9
Repeticiones / B / L	(r-1)bl	20
Familias (F) / B	(f-1)b	190
Familias / B x Localidades (L)	(f-1)(l-1)b	190
Error	(r-1)(f-1)bl	380
Total	(rfbl)-1	799

Cuadro B. *Análisis de varianza para una población de 200 familias divididas en 10 juegos de 20 familias en a) 1 localidad, 2 repeticiones y b) 2 localidades, 2 repeticiones utilizando el diseño de bloques en (dentro de) repeticiones (Modificado de Gardner y Ross, 1983).*

Fuentes de Variación	Grados de Libertad	
	Obtención	Valor actual
a) Una localidad, 2 repeticiones:		
Bloques (B)†	b-1	9
Repeticiones	(r-1)b	1
Error a	(r-1)(b-1)	9
Familias (F) /(en bloque)B	(f-1)b	190
Error b	(r-1)(f-1)b	190
Total	(rfb)-1	399
b) 2 localidades, 2 repeticiones:		
Localidades (L)	l-1	1
Repeticiones	(r-1)l	2
Bloques (B)†	b-1	9
B X L	(b-1)(l-1)	9
Error a	(r-1)(b-1)l	18
Familias (F) / B	(f-1)b	190
Familias / B x Localidades (L)	(f-1)(l-1)b	190
Error b	(r-1)(f-1)bl	380
Total	(rfbl)-1	799

† Bloques = Grupos o juegos con una población

Cuadro C. *Esquemas de un diseño aumentado utilizando bloques completamente al azar (Modificado de Federer, 1961; 1975)*

a) 6 bloques, 4 testigos (A,B,C,D) y 7 tratamientos nuevos (1,2,3,4,5,6,7)

Número de bloques

1		2		3		4		5		6
C		B		B		D		B		
		D						A		
A				C		A				C
										D

b) 5 bloques, 4 testigos (A,B,C,D) y 13 tratamientos nuevos *(e,f,g,h,I,j,k,l,m,n,o,p,q)*

Número de bloques

		1		2		3		4		5
Parcela 1		A		A		A		A		A
Parcela 2		B		B		B		B		B
Parcela 3		C		C		C		C		C
Parcela 4		D		D		D		D		D
Parcela 5		*e*		*h*		*k*		*n*		*p*
Parcela 6		*f*		*I*		*l*		*o*		*q*
Parcela 7		*g*		*j*		*m*		-		-
	N_j	7		7		7		6		6

DISEÑOS EXPERIMENTALES SIN REPETICIONES

Existen ocasiones donde no se posee suficiente cantidad del material (semilla) para ser evaluado y es díficil usar dos repeticiones . Muchísimos programas de mejoramiento evalúan las nuevas líneas como híbridos, o poblaciones en desarrollo en parcelas con una sola repetición, y utilizan métodos menos complicados. Federer, 1956, 1961, 1975, sugirió el uso del **diseño aumentado** (Augmented or Hoonuiaku design)

Un diseño experimental aumentado es un diseño normal con tratamientos adicionales (nuevas líneas, nuevas variedades, o nuevos híbridos , etc) en el bloque completo, el bloque incompleto, el surco, o la columna, etc. Aunque, solamente una parcela de una nueva línea o una población es evaluada en una localidad, estos nuevos tratamientos pueden ser sembrados en diferentes localidades, utilizando de 3 a 5 híbridos, o variedades comerciales o adaptadas como testigos los cuales deben ser repetidos r veces en cada localidad. Es ventajoso incluir estos testigos (3 a 5) en cada bloque y analizar sus datos como un experimento normal (de más de una repetición) para obtener un estimado del error experimental o el cuadrado medio del error. El Cuadro C enseña dos esquemas que se emplean cuando se tienen a) $r = 6$ bloques, $v_r =$ 4 híbridos o variedades comerciales (A, B, C, D) y $v_1 = 7$ nuevos tratamientos o nuevas variedades, poblaciones, o híbridos (1, 2, 3, 4, 5, 6, 7) y b) $r = 5$ bloques, $v_r = 4$ híbridos o variedades comerciales (A B, C, D) y $v_1 = 13$ nuevos tratamientos o nuevas variedades, poblaciones, o híbridos (e, f g, h, I, j, k, l, m, n, o, p, q) (Federer, 1956,1961, 1975).

En ambos ejemplos (a) y (b) existen r bloques con Nj parcelas en los bloques j=. El proceso de randomización para el diseño de bloques completamente al azar es:

1. Tanto los testigos como los nuevos tratamientos se deben randomizar antes de proceder a distribuir al azar los bloques y las parcelas.

2. Distribuir los testigos al azar en v_r + n11 = N1 en el bloque 1. Continuar haciendo el mismo proceso para los bloques restantes (2 a 6) distribuyéndolos cada vez al azar en cada bloque. Ejemplo (a) se ha dejado con los testigos solamente para observar la distribución.

3. Distribuir al azar los nuevos tratamientos v_1 en las parcelas restantes, lo que equivale a asignar al azar los números o las letras en

minúscula a los nuevos tratamientos y asignar las letras o números en orden a las parcelas restantes, (ejemplos a y b).

Los bloques en el campo deben estar en una área homogénea . El objetivo de los bloques es remover lo mas que se pueda la heterogeneidad en el área experimental y obtener de esta manera las parcelas relativamente homogéneas dentro de cada bloque. Para ver en detalle el análisis tanto para bloques completamente al azar como para látices se sugiere leer los artículos de Federer, 1956 y 1961.

BIBLIOGRAFIA

Allard R.W. "Principio de la Mejora Genética de las Plantas". Ediciones Omega, S.A. Barcelona 1967, pp 257-263.

Clará R. 1980. Informe sobre entrenamiento en el International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics (ICRISAT-INDIA). Septiembre 24 Diciembre 6 de 1980. Centro Nacional de Tecnologia Agropecuaria (CENTA). p. 5-6.

Cochran, W.G., and G.M. Cox. 1992. Experimental Design. John Wiley & Sons, Inc. 2nd ed. Chapters 9 and 10.

Comstock, R.E., and H.F. Robinson. 1948. The components of genetic variances in popluations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. Biometrics 4:254-256.

D' Croz-Mason, Nora E. 2004. Maize Breeder, Nebraska University, U.S.A. Referencia personal.

Doggett, H. And Eberhart, S.A. 1968. Recurrent selection in sorghum. Crop. Sci. 8 (1): 119-121.

Doggett, H. 1972. The improvement of sorghum in East Africa. 47-59 in Ganga. Prasada Rao N. and House, Leland R. (eds.), Sorghum in Seventies. New Delhi: Oxford & IBH.

Eckebil, J.P., W.M. Ross, C.O. Gardner, and J.W. Maranville. 1977. Heritability estimates, genetic correlations and predicted gains from S_1 progeny tests in three grain sorghum random-mating populations. Crop Sci. 17:373-377.

Federer, W.T. 1956. Augmented (or Hoonuiaku) designs. Hawaiian Planters= Record, 55, 191-208.

Federer, W.T. 1961Augmented designs with one-way of elimination of heterogeneity. Biometrics, 17, 447-73.

Federer, W.T., and D. Raghavarao. 1975. On augmented designs. Biometrics 31, 29-35.

Fehr,W.R. 1987. Principles of Cultivar Development. Theory and Technique. Vol.1. MacMillan Publishing Company, NY pp 219-246.

House L.R. 1985. "A guide to Sorghum Breeding". ICRISAT International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, ICRISAT. Patancheru P.O., Andhra Pradesh 502 324. pp. 147-148.

Jan-orn, Jinda, C.O. Gardner, and W.M. Ross. 1976. Quantitative genetic studies of the NP3R random-mating grain sorghum populations. Crop Sci. 16:489-496.

Obilana, A.T., and M M.El Roubi, 1980. Population improvement and pure line development in sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench). Cereal Research communications 8 (2), 425-435.

Lukhele, P. and A.T. Obilana, 1980: S_1 selection in a random-mating sorghum population (*Sorghum bicolor* L. Moench). Presented at the 8th Annual Conference of the Genetics Society of Nigeria, December, 1980.

Nagur, T. 1981. Cytoplasmic-genetic male sterility and itsutilityin crop improvement. ICRISAT.

Ross, W.M., and C.O. Gardner. 1983. The mechanics of population improvement in sorghum. In Plant Breeding Methods and Approaches in Sorghum Workshop for Latin America. Sponsored by INTSORMIL, INIA, and ICRISAT, Mexico City. p. 8-38.

Ross, W.M.. And G.H. Hookstra. 1983. Performance of S_1 progenies from a sorghum random-mating population sampled indifferent years. Crop Sci. 23-89-91.

Ross, W.M., K.D. Kofoid, J.W. Maranville, and R.L. Voigt. 1981. Selecting for grain protein and yield in sorghum random-mating populations. Crop Sci. 21-774-777.

Russell, W.A. and S.A.Eberthart 1975. Hybrid performance of selected maize lines from reciprocal recurrent and testcross selection programs. Crop Sci. 15:1-4.

Schutz, W.M., and C.C Cockerham. 1966. The effect of field blocking on gain from selection. Biometrics 22:843-863.

Stephens, J.C. and R.S. Holland, 1954. Cytoplasmic malesterility for hybrid sorghum seeds production. Agron. J. 46:20-23.

Verma B. y Lawrence P. 1979. The Improvement of advanced populations..ICRISAT-INDIA, pp 1-11.

Wall J. S. y Ross W. M. 1975. " Producción y Usos del Sorgo". Editorial Hemisferio Sur, Buenos Aires. p. 58.

Yates, F. 1936. A new method of arranging variety trials involving a large number of varieties. J. Agric. Sci. 26:424-455.

Primera Edición:
Consta de 1,000 ejemplares
La Libertad, El Salvador, enero 2006

CENTA, San Andrés, Km. 331/2. Carretera a Santa Ana.
Tel.: 2302-0200