

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO
SUBDIRECCIÓN DE POSTGRADO



SELECCIÓN DE HÍBRIDOS SIMPLES E IDENTIFICACIÓN DE LÍNEAS
PARENTALES DE MAÍZ GENÉTICAMENTE SUPERIORES, CON BASE EN
ÍNDICES DE SELECCIÓN

Tesis

Que presenta CARLOS MIGUEL RUÍZ GONZÁLEZ
Como requisito parcial para obtener el Grado de
MAESTRO EN CIENCIAS EN FITOMEJORAMIENTO

Saltillo, Coahuila

Noviembre, 2019

SELECCIÓN DE HÍBRIDOS SIMPLES E IDENTIFICACIÓN DE LÍNEAS
PARENTALES DE MAÍZ GENÉTICAMENTE SUPERIORES, CON BASE EN
ÍNDICES DE SELECCIÓN

Tesis

Elaborada por CARLOS MIGUEL RUÍZ GONZÁLEZ como requisito parcial para
obtener el grado de Maestro en Ciencias en Fitomejoramiento con la supervisión
y aprobación del Comité de Asesoría


Dr. Humberto de León Castillo
Asesor Principal


Dr. Víctor Manuel Zamora Villa
Asesor


Dr. Alejandro Javier Lozano del Río
Asesor


Dr. Francisco Javier Sánchez Ramírez
Asesor


Dr. Marcelino Cabrera De la Fuente
Subdirector de Postgrado UAAAN

AGRADECIMIENTOS

A DIOS por darme las fuerzas necesarias y la fortaleza para conseguir una meta más en mi vida como profesionista.

A mi queridísima Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro en donde cursé la licenciatura y ahora me da la oportunidad de egresar como maestro en ciencias.

Al Dr. Humberto de León Castillo por confiar en mí una vez más tal como lo hizo en la licenciatura, para poder realizar este trabajo, por su tiempo, por los consejos, la amistad brindada y los conocimientos durante el transcurso de la maestría, estaré siempre agradecido con usted.

Al Dr. Víctor Manuel Zamora Villa, por su tiempo y dedicación en la revisión del trabajo de investigación.

Al Dr. Francisco Javier Sánchez Ramírez, por brindarme el apoyo durante la revisión del trabajo de investigación.

Al Dr. A. Javier Lozano del Rio por brindarme el apoyo durante la revisión del trabajo de investigación.

Al Consejo de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por el apoyo económico brindado, durante los dos años de la maestría.

A mis compañeros que conforman la MAESTRÍA EN CIENCIAS EN FITOMEJORAMIENTO gracias por su amistad.

DEDICATORIA

A mis PADRES: María del Carmen González García y Guadalupe Ruíz Santis, por darme la vida, por todos los esfuerzos que hicieron para que llegara a convertirme en lo que ahora soy y por darme el apoyo para lograr una meta más.

A mi Esposa Edith Hernández Hernández y a mi hijo Carlos Daniel Ruíz Hernández que desde tu llegada me has hecho el hombre más feliz, gracias por estar a mi lado, en los buenos y malos momentos, los AMO.

A mis HERMANOS: Cecilia Guadalupe Ruíz González y Samuel Rovelo Ruíz González, gracias por estar siempre a mi lado en las buenas y en las malas y por los buenos consejos que me brindaron.

ÍNDICE DE CONTENIDO

	PÁGINAS
ÍNDICE DE CUADROS	vii
INDICE DE FIGURAS	viii
INTRODUCCIÓN	1
OBJETIVOS.....	3
Hipótesis	3
REVISIÓN DE LITERATURA	5
Importancia del maíz.....	5
Híbridos de maíz	5
Híbridos simples.....	6
Aptitud combinatoria general y específica	7
Importancia del germoplasma base para la generación de híbridos	8
Heterosis.....	9
Importancia de la predicción en el mejoramiento genético del maíz	9
Línea por probador.....	10
Diseño Alfa-Lattice	10
Análisis de componentes principales.....	11
Índice de selección.....	12
MATERIALES Y MÉTODOS	14
Material vegetal.....	14
Localización y características del área experimental	14
Descripción de la unidad experimental y diseño experimental.....	15
Siembra.....	15
Fertilización.....	15
Riegos.....	16
Control de plagas.	16
Control de maleza.	16
Registro de variables de evaluación.....	16
Cosecha.....	16
Variables agronómicas evaluadas.....	16
Análisis estadísticos	19
Análisis de varianza	19
Índice de selección construido con ayuda del análisis de componentes principales.....	20
Selección de líneas con buenos efectos de aptitud combinatoria general (ACG)	

mediante el diseño línea por probador	23
Selección de líneas complementarias para la formación de poblaciones de mejoramiento	24
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	26
Análisis de varianza	26
Construcción del índice de selección, mediante el análisis de componentes principales.....	35
Híbridos seleccionados	40
Selección de líneas mediante el diseño línea x probador	41
Selección de líneas complementarias para la formación de poblaciones de mejoramiento	47
CONCLUSIONES	50
LITERATURA CITADA.....	51

ÍNDICE DE CUADROS

PÁGINAS

Cuadro 4.1. Cuadrados medios y significancia del análisis de varianza combinado de 13 experimentos con 47 híbridos experimentales de maíz sin incluir testigo	27
Cuadro 4.2. Valores máximos, medias y mínimos de la variable rendimiento de los híbridos en los 13 experimentos, en dos ambientes de evaluación.	32
Cuadro 4.3. Valores medios de las variables agronómicas de los 13 experimentos evaluados.	33
Cuadro 4.4. Análisis de varianza de los valores del índice de selección de 615 híbridos de maíz (612 experimentales y 3 testigos).....	377
Cuadro 4.5. Híbridos de cruce simple de maíz seleccionados mediante un índice de selección básico y medias ajustadas de 13 variables evaluadas.....	39
Cuadro 4.6. Cuadrados medios y significancia del análisis de varianza línea por probador de 205 líneas de maíz del grupo germoplásmico denominado como maíces de porte normal.	42
Cuadro 4.7. Líneas de maíz genéticamente superiores seleccionados con base a un índice de selección modificado construido con datos de ACG para 13 características agronómicas.	455
Cuadro 4.8. Identificación de pares de líneas complementarias para la derivación de poblaciones de mejoramiento.	488

ÍNDICE DE FIGURA

PÁGINAS

Figura 4.1. Gráfico Biplot para 13 características agronómicas evaluadas en 611 híbridos de maíz. 366

Figura 4.2. Gráfico Biplot para valores de ACG de 13 características agronómicas evaluadas en 205 líneas experimentales de maíz. 444

RESUMEN

SELECCIÓN DE HÍBRIDOS SIMPLES E IDENTIFICACIÓN DE LÍNEAS PARENTALES DE MAÍZ GENÉTICAMENTE SUPERIORES, CON BASE EN ÍNDICES DE SELECCIÓN

Por

CARLOS MIGUEL RUÍZ GONZÁLEZ

MAESTRÍA EN CIENCIAS EN FITOMEJORAMIENTO
UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DR. HUMBERTO DE LEÓN CASTILLO - ASESOR –

Saltillo, Coahuila

Noviembre, 2019

El maíz en México es un cultivo básico de gran importancia para la sociedad y para mejorar la producción el mejoramiento genético es una estrategia viable y rentable; con base en esto, el proyecto de investigación consistió en la evaluación de la expresión agronómica de 611 híbridos de cruza simple establecidos en el Campo Experimental “El Bajío” de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro en los ciclos agrícolas 2017 y 2018. Los objetivos fueron los siguientes: I) Estudiar la variabilidad genética entre los híbridos de cruza simple través del efecto genético sobre la expresión de 13 características agronómicas, II) Desarrollar un índice de selección básico para seleccionar híbridos de cruza simple superiores y un índice de selección modificado para la identificación de líneas sobresalientes construido a través de los efectos de aptitud combinatoria general obtenidos mediante el diseño línea x probador, III) Predecir la formación de cruza simples como poblaciones de mejoramiento, formadas con líneas que se complementen en características con efectos favorables en ACG. Los genotipos se evaluaron en 13 experimentos e incluyeron tres testigos; el diseño experimental fue en bloques incompletos en un arreglo alfa-látice con dos repeticiones. La unidad experimental consistió de 23 plantas donde se midieron 13 características agronómicas. Los resultados mostraron variación significativa en las características estudiadas asociada con las diferencias genéticas entre los híbridos. Para la determinación de los índices de selección, se empleó un análisis de dispersión gráfico obtenido de los vectores característicos del análisis de componentes principales de donde se definieron aquellas características que explicaron la mayor variación y con las cuales se construyeron los índices de selección: básico para la selección de híbridos superiores y el modificado para líneas sobresalientes. Con el valor de índice de selección obtenido en el análisis se identificaron como superiores a los híbridos 14, 60, 13, 38, 31,36, 6, 76,195 y 45 y como sobresalientes las líneas 47, 24, 82, 27, 11, 49, 36, 14, 35 y 12. El análisis línea x probador predijo como poblaciones de mejoramiento las cruza entre las líneas 47 y 67, 4 y 63, 21 y 48, 23 y 195, 24 y 58.

Palabras clave: Mejoramiento genético, Gráfico Biplot y Poblaciones de mejoramiento.

ABSTRACT

SELECTION OF SIMPLE HYBRIDS AND IDENTIFICATION OF GENETICALLY
HIGHER CORN PARENT LINES, BASED ON SELECTION INDEXES

By

CARLOS MIGUEL RUIZ GONZÁLEZ

MASTER OF SCIENCE IN PLANT BREEDING
UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO

DR. HUMBERTO DE LEÓN CASTILLO – ADVISER -

Saltillo, Coahuila

November, 2019

Corn in Mexico is a basic crop of great importance for society and to improve grain production, genetic improvement is a viable and profitable strategy; Based on this, the research project consisted of the evaluation of the agronomic expression of 611 single-cross hybrids established in the Experimental Field “El Bajío” of the Antonio Narro Autonomous Agrarian University in the agricultural cycles 2017 and 2018. The objectives were the following: I) Study the genetic variability among single cross hybrids through the genetic effect on the expression of 13 agronomic characteristics, II) Develop a basic selection index to select superior single cross hybrids and a modified selection index for identification of outstanding lines constructed through the effects of general combinatorial aptitude obtained through the line x tester system, III) Predict the formation of simple crosses as breeding populations, formed with lines that complement features with favorable ACG effects. Genotypes were evaluated in 13 experiments and included three controls; the experimental design was in incomplete blocks in an alpha-latex arrangement with two repetitions. The experimental unit consisted of 23 plants where 13 agronomic characteristics were measured. The results showed significant variation in the characteristics studied associated with genetic differences between hybrids. For the determination of the selection indices, a graphic dispersion analysis obtained from the characteristic vectors of the principal component analysis was used, from which those characteristics that explained the greatest variation were defined and with which the selection indices were constructed: basic for the selection of superior hybrids and the modified one for outstanding lines. With the value of the selection index obtained in the analysis, the superiors hybrids 14, 60, 13, 38, 31, 36, 6, 76, 195 and 45 were identified and lines 47, 24, 82, 27, 11, 49, 36, 14, 35 and 12 were outstanding. The line x tester analysis predicted as improvement populations the crosses between lines 47 and 67, 4 and 63, 21 and 48, 23 and 195, 24 and 58.

Key words: Genetic improvement, Biplot Chart and breeding populations.

INTRODUCCIÓN

En México y en el mundo se realizan grandes esfuerzos para aumentar el rendimiento de grano de maíz debido a la importancia que este tiene como alimento, forraje o materia prima para la industria. El maíz, además de ser el principal alimento para los mexicanos, es importante económicamente para los participantes del mercado asociados y para la política pública nacional. México es el principal consumidor de maíz para la alimentación humana; no obstante, es deficitario en términos de producción y comercialización a pesar de que el maíz es el principal cultivo en el país (Venegas, 2016).

Una de las alternativas para mejorar la producción de maíz y satisfacer la demanda del consumo de este cereal es el mejoramiento genético para la formación de variedades mejoradas e híbridos sobresalientes. Para identificar genotipos superiores se emplean herramientas estadísticas; el índice de selección destaca por su ayuda en la identificación de materiales genéticamente superiores a través de la selección simultánea de múltiples características en un solo individuo para hacer más factible el éxito de la selección (Yáñez, 2018).

Para construir un índice de selección eficiente es importante apoyarse en los resultados de un análisis de componentes principales y el gráfico de dispersión que permite observar la importancia de cada variable en la explicación de la variación así como la correlación entre las características estudiadas y por lo tanto permite elegir aquellas de mayor importancia sin omitir o redundar información importante.

Otra herramienta que se emplea al momento de evaluar gran cantidad de progenitores es el análisis de línea por probador implementado inicialmente por Kempthorne (1957). Y por lo cual Violeta y Glenn (2000) generaron un software para el análisis de este sistema de cruzamientos e indicaron que es de gran ayuda para ahorrar ciclos de evaluación. Con este es posible discriminar progenitores con características no deseadas y reducir significativamente el número de cruces a evaluar; otra ventaja del análisis mencionado es la estimación del efecto de aptitud combinatoria general (ACG) de las líneas que

puede emplearse para predecir líneas complementarias que son de gran ayuda para la formación de poblaciones de mejoramiento y a partir de estas derivar líneas élite.

Las predicciones han sido ampliamente utilizadas en los programas de mejoramiento de maíz para aumentar la eficiencia en los procedimientos rutinarios evitando realizar y evaluar una amplia cantidad de cruzas de expresión fenotípica indeseable (Coyote, 2004).

El uso de semilla de maíz híbrido de cruce simple proporciona grandes beneficios para los agricultores, ya que son los más adecuados para áreas de buena aptitud agrícola debido al potencial de rendimiento que muestran y la homogeneidad que presentan, permitiendo la mecanización y el uso de paquetes tecnológicos de alta productividad.

Por ello ante la insuficiencia alimentaria, a nivel nacional, empresas privadas nacionales y transnacionales se dedican al mejoramiento del cultivo. Instituciones públicas de investigación, como la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, contribuyen al mejoramiento genético de la especie, además de formar recursos humanos profesionales especializados en esta área del conocimiento. Los investigadores del Instituto Mexicano del Maíz Dr. Mario E. Castro Gil entre otras actividades han realizado importantes avances en el mejoramiento de este cultivo, tales como el desarrollo de dos grupos de germoplasma básico que han permitido la formación de un patrón heterótico; a partir del cual se ha generado una amplia variación genética de la cual se obtuvo el material genético empleado en esta investigación, la cual consistió en la evaluación de 611 híbridos de cruce simple, formados a partir de 205 líneas del grupo germoplásmico denominado maíz normal. Los objetivos fueron los siguientes:

OBJETIVOS

General

Identificar híbridos de cruce simple con potencial de rendimiento de grano superior y competitivo con los híbridos comerciales actuales, así como la identificación de líneas complementarias para la formación de poblaciones de mejoramiento.

Específicos

- I. Estudiar la variabilidad genética entre los híbridos de cruce simple través del efecto genético sobre la expresión de 13 características agronómicas.
- II. Desarrollar un índice de selección básico para seleccionar híbridos de cruce simple superiores y un índice de selección modificado para la identificación de líneas sobresalientes construido a través de los efectos de aptitud combinatoria general obtenidos mediante el sistema línea x probador.
- III. Predecir la formación de cruces simples como poblaciones de mejoramiento, formadas con líneas que se complementen en características con efectos favorables en ACG.

Hipótesis

- I. La diversidad genética, incluso dentro del mismo grupo heterótico, asociada con el origen de los progenitores que intervienen en las cruces simples permitirá la expresión fenotípica diferenciada a partir de la cual será posible realizar la selección de los genotipos superiores de acuerdo a las características de interés.

- II. El índice de selección básico integrado por aquellas características definidas como adecuadas mediante un análisis gráfico permitirá la selección de híbridos simples superiores para la producción de grano.
- III. El índice de selección modificado permitirá la identificación de parentales superiores con efectos positivos y altos de aptitud combinatoria general en las características agronómicas evaluadas.
- IV. Existirán líneas cuya base genética permitirá la expresión de favorables efectos de ACG en algunas de las características evaluadas y a partir de esto se detectarán aquellas que complementen los atributos faltantes para dar paso a la formación de poblaciones de mejoramiento.

REVISIÓN DE LITERATURA

Importancia del maíz

En la actualidad el maíz es el grano más importante a nivel mundial debido a las cualidades alimenticias para la producción de proteína animal, el consumo humano y el uso industrial (Quevedo *et al.*, 2017). Este grano se ha convertido en uno de los productos más importantes en los mercados internacionales y su relevancia económica supera al de muchos otros cultivos nacionales (FIRA, 2016).

El maíz es uno de los cultivos representativos de México e importante desde el punto de vista social y cultural; provee aportes energéticos importantes mediante su consumo directo y es materia prima para la industria alimenticia, humana y pecuaria (SIAP-SAGARPA, 2016). Hasta hoy, ha sido uno de los más grandes logros agronómicos de la humanidad, ya que es el cultivo que más se produce en el mundo.

La producción total de maíz no satisface la demanda interna del país por lo que se importan alrededor de 10 millones de toneladas al año; esto hace que México se ubique como el séptimo productor de maíz a nivel mundial, detrás de Estados Unidos de América, China, Brasil, Argentina, Ucrania e India (López y Becerra, 2018).

Híbridos de maíz

El uso de semilla de maíz híbrido proporciona grandes beneficios a los agricultores. La semilla mejorada presenta atributos superiores tales como el potencial de rendimiento alto, tolerancia a enfermedades y condiciones de cultivo adversas (MacRobert *et al.*, 2015).

En el estado de Veracruz donde siembran maíces híbridos provenientes del INIFAP se realizaron encuestas a los agricultores de la región; los resultados mostraron que estos prefieren sembrar semilla mejorada puesto que, comparado con los maíces criollos, los híbridos presentan arquetipos eficientes fisiológicamente, rendimiento superior y mejor precio en el mercado (Pérez *et al.*, 2018).

A pesar que las variedades mejoradas han mostrado ser superiores a las nativas, existen otros factores como el poder adquisitivo, la adaptación al ambiente, resistencia a factores adversos, calidad de grano y la extensión de cultivo que influyen en la preferencia de los pequeños agricultores sobre las variedades locales. Al respecto se identificaron algunas ventajas agronómicas manifestadas por los agricultores por tipo de semilla utilizada, sobresaliendo el rendimiento para el caso de semillas mejoradas (Uzcanga *et al.*, 2017).

Un propósito importante del mejoramiento genético de maíz por hibridación es generar cruza que superen en rendimiento de grano a las variedades locales criollas y mejoradas; no obstante, existen limitantes como la capacidad de adaptación y condiciones agroclimáticas no favorables para la producción de híbridos, es por esto que aún no ha sido posible reemplazar a las variedades nativas (Escorcía *et al.*, 2010).

Híbridos simples

En la producción comercial de maíz es posible emplear tres tipos de híbridos: cruza simple, cruza trilineal y cruza doble; entre ellos destacan los híbridos simples ya que son los más adecuados para áreas de buena aptitud agrícola debido al potencial de rendimiento que muestran, la homogeneidad que presentan y la utilización de cada uno depende del área de producción (Escorcía *et al.*, 2010).

Las líneas utilizadas para formar un híbrido simple deben de ser de buena aptitud combinatoria general; esta, se define como el comportamiento promedio de una línea en combinaciones híbridas y la aptitud combinatoria específica se enfoca a la generación de combinaciones híbridas con rendimientos altos en comparación con el comportamiento promedio esperado de las líneas progenitoras (Caicedo *et al.*, 2017).

Los factores que limitan la producción de semilla de híbridos de maíz de cruza simple son la condición homogénea de las líneas que ocasiona poco amortiguamiento ante los cambios en los ambientes de producción y la falta de

mejoramiento en las poblaciones usadas como fuente de líneas (Pérez *et al.*, 2014).

Aptitud combinatoria general y específica

Los términos de aptitud combinatoria general y específica sirven para expresar el comportamiento promedio de una línea en combinaciones híbridas y para designar las combinaciones que resultan mejor o peor de lo que se esperaría en relación con el promedio de la ACG de las dos líneas progenitoras. La aptitud combinatoria general (ACG) es el comportamiento promedio de una línea en combinaciones híbridas y se relaciona con efectos genéticos aditivos. La aptitud combinatoria específica (ACE) se refiere a la acción genética no aditiva (dominancia y epistasis), y se utiliza para identificar la combinación de cruzamientos entre líneas endogámicas con rendimiento mejor que el esperado sobre la base del comportamiento promedio de las líneas parentales (Sprague y Tatum, 1942).

Cervantes *et al.* (2016) trabajaron en el cálculo de aptitud combinatoria general y específica sobre la expresión de la calidad de semilla y vigor de plántula de líneas S₃ y sus cruzas directas y recíprocas; los resultados mostraron que los efectos de aptitud combinatoria general fueron el principal componente entre las variables evaluadas, quedando definidas por la aditividad y siendo por lo tanto susceptibles de selección.

En cultivos de gran importancia para la alimentación humana es importante contar con programas de mejoramiento para incrementar el rendimiento; Camposeco *et al.* (2015) mencionan que genotipos con buena aptitud combinatoria general (ACG) y buena aptitud combinatoria específica (ACE) permiten el desarrollo de variedades o híbridos superiores.

El estudio del comportamiento de las líneas es importante puesto que se desconoce su desempeño agronómico y su respuesta heterótica; esto se logra mediante la evaluación del comportamiento *per sé* y la estimación de la aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) obtenidas a través de un sistema de cruzamientos (Picón *et al.*, 2018).

La estimación de la aptitud combinatoria general y específica se emplea para identificar combinaciones híbridas con rendimiento superior entre líneas endogámicas (Caicedo *et al.*, 2017).

Importancia del germoplasma base para la generación de híbridos

La mejora continua de las poblaciones base representa el éxito de los programas de mejoramiento genético, por lo tanto, es necesaria la introducción de la diversidad genética existente en maíz; Ramírez *et al.* (2015) mencionan que una forma para obtener híbridos y aumentar el tamaño de grano en maíz es a través de la incorporación de germoplasma nativo a los patrones heteróticos actuales.

Además, el mejorador requiere también ampliar continuamente la base genética del germoplasma y evaluarla para tener conocimiento amplio del tipo de acción génica de los materiales en estudio, para los caracteres de mayor importancia económica y dar paso a la planeación y de desarrollo de un programa de mejoramiento genético (Cervantes *et al.*, 2018).

Los recursos fitogenéticos son fuente de diversidad, ya que al disponer de una base genética amplia permite incorporar características deseables al germoplasma básico para después dar paso a la formación de híbridos con características sobresalientes (Arias *et al.*, 2018).

En los programas de mejoramiento genético de maíz, enfocados a la generación de híbridos, es de suma importancia disponer de fuentes de germoplasma y tener un amplio conocimiento de grupos y patrones heteróticos que ayuden a la planeación de los cruzamientos (Balderrama *et al.*, 2016).

Un programa de mejoramiento genético de maíz basado en patrones heteróticos es fundamental debido a que permite la formación de híbridos, orienta la introducción de germoplasma, sistematiza el trabajo y reduce costos de evaluación de las progenies seleccionadas (Ledesma *et al.*, 2015).

En los programas de mejoramiento genético de maíz es conveniente incorporar germoplasma exótico para ampliar la base genética en los materiales e incorporar genes favorables (Gómez *et al.*, 2015).

Heterosis

La heterosis es un fenómeno que se presenta en la mayoría de especies alógamas; esta se caracteriza por la expresión superior de la progenie con respecto a los progenitores en uno o más caracteres, entre los que sobresale el rendimiento de grano (Ramírez *et al.*, 2007).

La heterosis es el resultado de la interacción de varios factores genéticos independientes aportados por los progenitores que participan en la formación de un híbrido (Gaytán *et al.*, 2010).

La heterosis puede ser positiva o negativa; ambos tipos pueden ser útiles dependiendo de la característica a mejorar, por ejemplo: la heterosis positiva para rendimiento y negativa para la precocidad (Lagos *et al.*, 2003).

La heterosis es el resultado de la adición e interacción de un gran número de efectos genéticos, aportados por los progenitores, reunidos en el genotipo resultante; el fenómeno se basa en dos posibles hipótesis: dominancia y sobredominancia, por lo que en términos de acción génica la expresión heterótica, se debe principalmente a efectos de interacción entre alelos (Esquivel *et al.*, 2011).

De acuerdo con Fehr (1987) la heterosis puede definirse a través de la media parental (HMP), heterobeltiosis (H) y relativa (HR). La media parental es el incremento o decremento en el comportamiento de un híbrido comparado con el valor promedio de sus parentales. La heterobeltiosis es el incremento o decremento en el comportamiento de un híbrido en comparación con el progenitor de expresión superior en la combinación híbrida. La heterosis relativa es el incremento o decremento en el comportamiento de un híbrido comparado con un testigo comercial o variedad. La heterosis generalmente se expresa como el porcentaje del incremento o decremento en el comportamiento de un híbrido en comparación con un genotipo referencia o un parámetro.

Importancia de la predicción en el mejoramiento genético del maíz

La predicción del comportamiento de las cruza se puede realizar mediante diseños genéticos; estos permiten estimar los parámetros genéticos de

progenitores y sus cruzamientos, mediante el efecto de aptitud combinatoria general y específica, además, permiten definir el método más adecuado de mejoramiento genético para lograr cruzas de expresión superior y la combinación de características deseadas entre los progenitores (Hallauer y Miranda, 1981). En maíz las predicciones han sido ampliamente utilizadas y han mostrado un considerable ahorro de tiempo y esfuerzo para el fitomejorador. La predicción de la formación de híbridos superiores juega un papel importante, ya que es posible pronosticar la expresión fenotípica de los genotipos sin necesidad de realizar y evaluar gran cantidad de cruzas (Coyote, 2004). Sin embargo, las combinaciones definidas deberán probarse exhaustivamente bajo condiciones de campo antes de establecer la producción comercial (Jugenheimer, 1990).

Línea por probador

El diseño línea por probador, implementado inicialmente por Kempthorne (1957), se ha empleado hasta la actualidad para sistemas de cruzamientos entre especies alógamas y autógamias; este diseño permite identificar a los mejores progenitores y a las mejores cruzas; además, es posible estimar los efectos de la aptitud combinatoria general y específica de los genotipos evaluados.

Para ayudar a los mejoradores a analizar el diseño línea x probador, Violeta y Glenn (2000) desarrollaron un programa denominado *análisis línea x probador*, que permite estimar los efectos de aptitud combinatoria respectiva acorde al tipo de genotipos, así como la magnitud de las acciones génicas que se involucran (Istipliler *et al.*, 2015). El análisis presenta la posibilidad de discriminar un gran número de progenitores por su capacidad de combinación sin la necesidad de realizar y evaluar los cruzamientos.

Diseño Alfa-Lattice

Los diseños experimentales son una herramienta estadística que permite identificar y cuantificar la causa de un efecto dentro de un estudio experimental. El análisis de los datos a través de un diseño experimental permite determinar las diferencias entre los efectos de los tratamientos sobre las variables de

respuesta y la magnitud de las mismas (Badii *et al.*, 2017). La selección de un diseño experimental apropiado depende además del sitio y los factores de variación, de los objetivos e hipótesis del proyecto de investigación (Ruíz, 2010). Cuando se tiene un diseño experimental donde los tratamientos están distribuidos al azar sobre las unidades experimentales, de modo que solo un subconjunto de los mismos aparece representado en uno de los bloques, se dice que el experimento es de bloques incompletos. Dentro de los bloques incompletos se encuentran arreglos experimentales conocidos como diseños látices, diseños pseudofactoriales y los diseños de bloques incompletos; una de las principales características del diseño de bloques incompletos es que asegura un mejor control de la heterogeneidad entre el material experimental a evaluar (Gabriel *et al.*, 2017).

Durante la realización de trabajos de investigación, cuando existe un factor de variación es conveniente realizar bloques, es decir, agrupar unidades experimentales continuas en grupos que permitan evaluar una réplica completa de todos los tratamientos. González (2006) mediante un estudio de diferentes diseños experimentales menciona que los bloques incompletos son utilizados para disminuir la varianza del error experimental y proporcionan mejor información para hacer comparaciones con mayor precisión entre los tratamientos.

En un experimento en campo, con un amplio un numero de tratamientos, es complicado encontrar homogeneidad tanto de factores bióticos y abióticos; por ello es importante seleccionar el diseño experimental que minimice la varianza del error. En un estudio realizado por Lagos y Criollo (2001) evaluaron 25 familias de medios hermanos de una población de maíz amarillo con tres diseños experimentales diferentes, encontraron que los diseños látices disminuyen el cuadrado medio del error y el coeficiente de variación.

Análisis de componentes principales

El análisis de componentes principales es una técnica de análisis multivariado que consiste en transformar un conjunto de variables correlacionadas de

respuesta en un conjunto menor de variables no correlacionadas llamadas componentes principales. Una de las ventajas que presenta el análisis de componentes principales es que los resultados pueden ser graficados mediante un gráfico 'Biplot' donde se muestran a través de vectores las correlaciones entre las variables y el componente principal (Vallejo *et al.* 2005).

Ángeles *et al.* (2010) mediante un análisis de componentes principales determinaron las variables que principalmente explicaron la variación de la información para caracterizar poblaciones de maíces nativos.

Hernández *et al.* (2018) utilizaron un análisis de componentes principales y el gráfico Biplot para observar el agrupamiento y las correlaciones entre las variables agronómicas estudiadas; el objetivo fue seleccionar aquellas características que correlacionaron con los componentes del rendimiento, sanidad de la planta y porte de la planta, para construir un índice para seleccionar híbridos simples de maíces enanos, como resultado se construyó un índice de selección más eficiente para la selección de híbridos.

Índice de selección

Para seleccionar genotipos superiores es necesario considerar un amplio número de características agronómicas, algunas de las cuales pueden estar correlacionadas de forma positiva o negativa (Rodríguez *et al.*, 2015). Para esto se utilizan los índices de selección que representan un valor sintetizado a partir de un diferente número de variables. En programas de mejoramiento genético ha sido utilizado para hacer selección de manera simultánea para varias características considerando los aspectos genéticos y la importancia económica de las características involucradas (Yáñez, 2018).

Un índice de selección es un valor que resume diferentes variables en un valor sintetizado y de forma ponderada. Además, combina los valores fenotípicos propios de los genotipos a evaluar y/o de sus parientes referentes a distintos caracteres (Ibáñez, 2015). Las características utilizadas para formar un índice de selección deben ser de heredabilidad mayor que el rendimiento de grano *per sé* y estar significativamente correlacionadas con este para la determinación exacta

de los valores obtenidos (Rodríguez *et al.*, 2013).

MATERIALES Y MÉTODOS

Material vegetal

El material genético utilizado consistió de 611 híbridos de cruza simple donde se emplearon 205 líneas representativas del grupo de maíces normales del programa de mejoramiento del Bajío del Instituto Mexicano del Maíz (IMM) Dr. Mario E. Castro Gil de la UAAAN. El grupo de líneas, denominado maíces normales es complementario del patrón heterótico desarrollado por el IMM. Las características principales del grupo son: grano cristalino, con amplia adaptación al trópico y subtropical mexicano (1000 a 2000 msnm); de madurez intermedia a tardía y con aptitud combinatoria destacada con el grupo de maíces enanos.

Cada línea fue cruzada con al menos tres líneas diferentes con el objetivo de obtener información de la aptitud combinatoria general de cada una. Las combinaciones se realizaron en el ciclo primavera- verano del 2016 en el Campo Agrícola Experimental “El Bajío” de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN).

Localización y características del área experimental

Los ensayos de rendimiento se evaluaron en el ciclo agrícola 2017 y 2018; estos fueron identificados y etiquetados como ambientes 1 y 2, respectivamente; la evaluación aconteció durante los meses de abril a octubre en la localidad de Buenavista, Saltillo, Coahuila en el Campo Agrícola Experimental “El Bajío” de la UAAAN, ubicado en las coordenadas geográficas 25° 22' de latitud norte y 101 ° 02' longitud oeste a una altitud de 1742 msnm. El clima es seco semi-cálido (BW hw (x") (e), con invierno fresco, con lluvias en verano y una precipitación invernal superior al 10% del total anual. La precipitación total anual puede variar de 350 a 400 mm, con una temperatura media anual de 19.8 °C. El suelo es de textura migajón y migajón arcilloso, con bajos contenidos de materia orgánica y poseen una capa subyacente de carbonato de calcio.

Descripción de la unidad experimental y diseño experimental

La unidad experimental consistió de un surco de 3.70 m de largo y 0.80 m entre surcos; en este se establecieron 23 plantas, con una distancia de 0.15 m entre las mismas, quedando definida una densidad de población de 83,333 plantas ha⁻¹. El diseño experimental fue de bloques incompletos en un arreglo alfa-látice con dos repeticiones.

Los 611 híbridos se establecieron dentro de 13 experimentos; en cada uno se emplearon como testigos tres híbridos comerciales. Cada experimento constó de 50 genotipos dispuestos en cinco bloques (diez híbridos por bloque). Los testigos empleados en el estudio fueron AN 447 de la UAAAN, 3052 de PIONNER y Antílope de MONSANTO.

Siembra.

La evaluación se llevó a cabo en dos ciclos agrícolas; en 2017 (ambiente 1), la siembra se realizó el 27 de abril y el 25 de abril en el 2018 (ambiente 2). La siembra fue manual para uniformizar la profundidad y la distancia entre plantas con el objetivo de uniformizar la emergencia y el establecimiento. En cada unidad experimental se depositaron 30 semillas y después de la primera labor de cultivo se realizó el aclareo a 23 plantas. Cabe mencionar que la siembra del segundo ambiente (2018) se realizó en diferente área dentro del sitio experimental debido a la disponibilidad de terreno.

Fertilización.

La fertilización se realizó con nitrógeno, fósforo y potasio con una dosis de 200-100-100; se aplicó todo el fósforo, potasio y la mitad del nitrógeno 20 días después de la siembra durante la etapa fenológica V3; la fertilización se realizó de forma manual empleando Triple 17. La segunda aplicación de nitrógeno se realizó al momento del aporque cuando la planta estaba en V6 y se empleó Urea (46-00-00).

Riegos.

El riego se realizó mediante el sistema por goteo; la frecuencia del riego fue definida por las necesidades del cultivo y los intervalos se modificaron de acuerdo a la disponibilidad de agua.

Control de plagas.

Dadas las condiciones atmosféricas cambiantes en el Campo Experimental y el seguimiento del desarrollo del cultivo, el control de plagas tales como el gusano cogollero y el minador se realizó durante las primeras manifestaciones de infestación; los insecticidas empleados fueron Proclaim (benzoato de emamectina) y Topgar (cyromacina).

Control de maleza.

El control de la maleza de hoja angosta se realizó con un herbicida: Atrplex (ingrediente activo: atrazina) en dosis media: 2 kg ha⁻¹, y un post-emergente (Convey).

Registro de variables de evaluación.

El registro de las variables de evaluación se realizó de acuerdo a las etapas fenológicas del cultivo, al cronograma de actividades y con base en el criterio del mejorador.

Cosecha.

La cosecha se realizó de forma manual, considerando todas las plantas de la unidad experimental, la humedad de las mazorcas y la capa negra del grano. La actividad se llevó a cabo durante el mes de Octubre, en los dos ambientes.

Variables agronómicas evaluadas

Floración (macho y hembra). La floración, masculina y femenina, se estimó considerando el periodo en días desde la siembra hasta cuando el 50 % + 1 de las plantas presentan antesis o estigmas, correspondientemente.

Altura (planta y mazorca). La altura de planta es la longitud del tallo de la base del suelo hasta donde se inserta la hoja bandera; la altura de la mazorca se estima como la longitud del tallo desde el nivel del suelo hasta el nudo de la inserción de la mazorca principal, ambas variables fueron determinadas en centímetros.

Acame (raíz y tallo). El acame de raíz representa el número de plantas con inclinación mayor a 30° con respecto a la vertical, comparándolas con el número total de plantas por unidad experimental; el acame de tallo se estima a través del número de plantas quebradas en algún nudo de la planta por debajo de la mazorca principal. Los resultados se reportaron en porcentajes.

Mala cobertura. La cobertura de la mazorca se estimó a través del número de plantas en cuyas mazorcas las brácteas no cubren o protegen la mazorca en su totalidad, quedando las puntas expuestas y que generalmente provocan pérdidas de rendimiento por diferentes factores; los resultados se expresan en porcentajes.

Plantas con fusarium. El número de plantas enfermas con *Fusarium spp.* se estimó de manera en la cual se presentó un daño severo en las plantas que conforman la parcela experimental, se toma cuando la planta empieza con un marchitamiento de arriba hacia abajo. Y se registra cuando las plantas están en llenado de grano y con datos de porcentaje.

Calificación de plantas. Se determinó en base a los atributos de las plantas de la parcela experimental es decir plantas con un buen porte (apariencia), sanidad, precocidad y potencial de rendimiento; se calificó del 1 al 9, proporcionándole 9 a los mejores materiales con plantas muy buenas y 1 a los materiales que no cumplían con las características mencionadas.

Calificación de mazorca. Se consideraron las dimensiones de la mazorca, la uniformidad y la sanidad; la estimación considera calificaciones del 1 al 9, dándole valor más alto a las mejores mazorcas que cuentan con los parámetros deseados y número más bajo a las que están en mal estado.

Peso Hectolítrico. Es el peso de la masa de granos que ocupa el volumen de 100 litros, se determinó en base a una muestra representativa de mazorcas de la parcela útil; la determinación se registró mediante un equipo determinador de humedad y de peso hectolítrico de la marca Dickey John Mini GAC® Plus.

Porcentaje de humedad (HUM). Se obtuvo a través de la toma de un número de mazorcas en cada parcela, se desgranaron hasta recolectar aproximadamente 250 gramos, para calcular la humedad en el aparato Dickey John Mini GAC® Plus, que es un medidor de humedad para cereales.

Rendimiento en mazorca (RENDA). En toneladas por hectárea de grano al 15.5 % de humedad en todos los tratamientos. Primeramente, se realizó la estimación del peso seco; este se multiplicó por el peso seco de la mazorca (PS) y por el factor de conversión (FC) cuyas formulas son las siguientes:

$$PS = \frac{(100 - \%H)}{100} X PC$$

Dónde:

PS= peso seco

% H= porcentaje de humedad del grano a la cosecha por parcela.

PC= peso seco de campo en kg.

Para obtener el rendimiento ajustado primero se calculó el factor de corrección (FC) con la siguiente formula.

$$FC = \left[\frac{10,000 \text{ m}^2}{PS \times APU} \right] / 1000$$

Rendimiento en mazorca (REND)= es la producción por parcela experimental estimada en tha^{-1} de mazorcas al 15.5 por ciento de humedad, esto se obtuvo dividiendo la equivalencia de la hectárea ($10,000\text{m}^2$) entre el producto del peso seco (PS) por el área de parcela útil (APU) y dividida en la equivalencia de una tonelada (1000kg).

APU= (Numero de plantas, menos uno) x (distancia entre plantas) x (distancias entre surcos)

Para ajustar el rendimiento de mazorca al 15.5 % de humedad (RENDA) se empleó la siguiente formula

$$\text{RENDA} = \text{REND} + \text{REND} \times (0.155).$$

Dónde:

RENDA = rendimiento de mazorca en t ha⁻¹ al 15.5 de humedad

REND = rendimiento estimado en mazorca en t ha⁻¹

0.155= Es la constante para determinar el rendimiento al 15.5 por ciento de humedad.

Análisis estadísticos

Análisis de varianza

Para diferenciar el efecto entre los materiales experimentales (sin testigos) que estos generan sobre las variables respuesta de interés, se realizó un análisis de varianza combinado entre los 13 experimentos definidos, cada uno con 47 híbridos experimentales; el análisis se realizó con las 13 variables definidas.

El análisis estadístico se realizó bajo un modelo de bloques incompletos con arreglo alfa-látice con dos repeticiones. Para ello el modelo utilizado fue:

$$Y_{ijklm} = \mu + A_i + E_j + AE_{ij} + R_{l(ij)} + T_{k(j)} + A_{ik(j)} + B_{m(i,l,j)} + \epsilon_{ijklm}$$

Dónde:

Y_{ijklm} = variable observada del i-esimo ambiente, del j-esimo experimento, del k-esimo tratamiento, de la l-esima repetición, del m-esimo bloque.

μ = efecto de la media general.

A_i = efecto del i-ésimo ambiente.

E_j = efecto del j-ésimo experimento.

AE_{ij} = efecto del i-ésimo ambiente por el j-ésimo experimento.

$R_{l(ij)}$ = efecto de la l-ésima repetición dentro del i-ésimo ambiente en el j-ésimo experimento

$T_{k(j)}$ = efecto del k-ésimo tratamiento dentro del j-ésimo experimento.

$A_{ik(j)}$ = efecto del i-ésimo ambiente por el k-ésimo tratamiento, dentro del j-ésimo experimento.

$B_{m(i,l,j)}$ = efecto del m-ésimo bloque dentro del i-ésimo ambiente, la l-ésima repetición, el j-ésimo experimento.

ε_{ijklm} = efecto del error

El termino de error para ambientes (AMB), experimentos (EXP) y ambiente por experimento al momento de analizar los datos fue, repeticiones dentro de ambientes, experimento REP (AMB,EXP), y las fuentes de variación restantes se probaron contra el error.

Después de realizar el análisis de varianza para híbridos, enseguida se realizó la prueba de rango múltiple de Tukey para evaluar el efecto de experimentos sobre las variables definidas.

Índice de selección construido con ayuda del análisis de componentes principales

Para la selección de los genotipos con las características agronómicas deseadas se emplearon índices de selección; para construirlo se utilizó el análisis de componentes principales (ACP) y el análisis gráfico de dispersión, los cuales permitieron obtener los vectores característicos y con ellos definir la variación de cada variable y las correlaciones entre las mismas. Para poder realizarlo se llevó a cabo la estandarización de los datos, debido a que las variables evaluadas fueron obtenidas en diferentes unidades de medida (días, centímetros, números, porcentajes y toneladas).

Para estandarizar la base de datos de los híbridos y de las líneas con su ACG se aplicó la fórmula de Z para estimar los valores.

$$Z = \frac{Y_j - \bar{Y}}{S}$$

Dónde:

Z= Valor estandarizado.

Y_j = valor observado.

\bar{Y} = promedio.

S= desviación estándar de la variable en cuestión.

Una vez estandarizados los valores de las 13 variables tanto para híbridos y líneas, se acomodaron en una tabla de contingencia donde los genotipos representan las filas y las variables fueron las columnas, de esta forma se realizó el análisis de componentes principales y posteriormente se generó el Biplot en el programa estadístico SAS 9.0.

Para la selección de variables se tomó como criterio la longitud del vector y la correlación de las variables en el Biplot, además de la importancia de la variable para el desarrollo del cultivo definida por el criterio propio del mejorador de acuerdo a los objetivos de la investigación. Las variables seleccionadas en cada caso fueron las siguientes:

Para la selección de híbridos las variables utilizadas fueron: Floración masculina (FM), Plantas con *Fusarium* (PF) y Rendimiento (REND). Para la selección de líneas las variables fueron: Floración masculina (FM), Plantas con *Fusarium* (PF) y Calificación de planta (CP).

Una vez identificadas las variables en cada uno de los análisis, en base a su representatividad e importancia en el cultivo se procedió a integrarlas en un índice de selección para identificar a los materiales más sobresalientes.

El índice se construyó con base a la metodología propuesta por Barreto *et al.* (1991), la estimación se realizó para cada ambiente y para cada repetición, y la fórmula empleada fue la siguiente:

$$IS = \left[\left((Y_i - M_j)^2 * I_k \right) + \left((Y_i - M_j)^2 * I_k \right) + \dots + \left((Y_i - M_j)^2 * I_k \right) \right]^{\frac{1}{2}}$$

Dónde:

IS= índice de selección.

Y_i = La variable respuesta en unidades Z.

M_j = La meta deseada para cada variable.

I_k = La intensidad de selección para cada variable.

Meta de selección: Es la asignación de un valor a cada variable en base a las unidades de desviación estándar del promedio que se desea lograr en la selección. La meta toma valores de -3 a +3; el valor negativo indica seleccionar aquellos genotipos que se encuentren por debajo de la media de la población para la variable evaluada; los valores positivos seleccionan genotipos que muestren una expresión fenotípica por arriba de la media de la población; para seleccionar genotipos que se encuentren cercanos al promedio se utilizan metas con valor de cero.

$$MD = \frac{Max - \bar{y}}{S}$$

Dónde:

MD = Meta deseada

Max= Es el valor deseado de la variable, considerando la expresión deseable dentro de la población; puede estar por encima o por debajo de la media dependiendo la variable y el objetivo del fitomejorador

\bar{y} = Valor medio de la variable.

S = Desviación estándar de la variable de interés.

Intensidad de selección: Es la importancia que se le asigna a cada una de las variables a ser utilizadas en la selección y toma valores de 0 a 10. Este valor es

diferente para cada una de las variables, según el criterio del investigador. Una intensidad menor (0) es asignado a la variable de menor interés y el valor mayor (10) representa la variable de mayor importancia.

El criterio para seleccionar a los mejores híbridos se basó en los valores obtenidos en el índices de selección ya que dichos valores se utilizaron como una variable para poderlo integrarla en un análisis de varianza el cual se analizó bajo el siguiente modelo $Y_{ijk} = \mu + A_i + R_{j(i)} + T_k + AT_{ik} + \varepsilon_{ijk}$ dónde: Y_{ijk} = variable observada del i-ésimo ambiente, de la j-ésima repetición, del k-ésimo tratamiento, μ = el efecto de la media, A_i = efecto del i-ésimo ambiente, $R_{j(i)}$ = efecto de la j-ésima repetición dentro del i-ésimo ambiente, T_k = efecto del k-ésimo tratamiento, AT_{ik} = efecto del i-ésimo ambiente por el k-ésimo tratamiento, ε_{ijk} = efecto del error.

Una vez realizado el análisis de varianza del índice de selección, se seleccionó los mejores híbridos y el criterio de selección fue utilizando el error estándar obtenido en el análisis, el cual se multiplicó por dos y posteriormente se agregó al índice de selección más bajo y a partir de este se observó que híbridos estaban en el rango de valores de índice y se seleccionó.

Para la selección de las líneas genéticamente superiores se utilizó el índice de selección modificado construido con las variables seleccionadas en base al grafico Biplot y se tomó como criterio el valor de índice obtenido en el análisis modificado, y seleccionó aquellas líneas con valores de índices más bajos o más cercanos a cero ya que son las mejores y se acercan al objetivo de estudio, de acuerdo a la meta que se le indicó a cada variable y a cada intensidad que estas se les asigna partiendo de la importancia agronómica para cada una de ellas.

Selección de líneas con buenos efectos de aptitud combinatoria general (ACG) mediante el diseño línea por probador

En el trabajo experimental se estimó la aptitud combinatoria general (ACG) de las 205 líneas empleadas para la formación de los híbridos simples, con el objetivo de construir el índice de selección modificado y con base a ello seleccionar a las líneas sobresalientes.

Para obtener los datos para la selección de líneas primeramente se utilizó el análisis línea por probador propuesto por Violeta y Glenn (2000) para las 13 variables y se utilizó el siguiente modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + L_j + P_k + L_{jk} + L_{ji} + P_{ki} + L_{jki} + \varepsilon_{ijk}$$

Dónde:

Y_{ijk} = variable observada del i-ésimo ambiente, de la j-ésima línea, del k-ésimo probador

μ = efecto de la media general

A_i = efecto del i-ésimo ambiente

L_j = efecto de la j-ésima línea

P_k = efecto del k-ésimo probador

L_{jk} = efecto de la j-ésima línea por el k-ésimo probador

L_{ji} = efecto de la j-ésima línea por i-ésimo ambiente

P_{ki} = efecto del k-ésimo probador por el i-ésimo ambiente

L_{jki} = efecto de la j-ésima línea por el k-ésimo probador por el i-ésimo ambiente

ε_{ijklm} = efecto del error.

Se estimó los valores de ACG de las 13 variables de las 205 líneas ya que algunas líneas de este trabajo también fueron usadas como probadores para ello se propuso la metodología de estimar la ACG para estos casos sumando el valor de la media cuando se empleó como línea más la media obtenido cuando se utilizó como probador, dividido entre el número de veces que entró como progenitor y restándole la media obtenida en el análisis. El criterio de selección para las mejores líneas fue definido por el valor de índice de selección que cada línea obtuvo en el análisis.

Selección de líneas complementarias para la formación de poblaciones de mejoramiento

En base a los datos de ACG de las 13 variables se seleccionaron las líneas complementarias, la metodología seguida fue identificar en cada línea atributos de altos valores o valores negativos dependiendo la variable en cuestión, la

selección constó de que al menos una línea tuviera la mitad de atributos favorables para complementarlo con otra línea que tuviera el resto de características que la complementara.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La presentación de los resultados se inició con la determinación de los efectos de las fuentes de variación evaluadas en el análisis de varianza para las variables estudiadas, considerando atender la primera hipótesis sobre la variación genética entre los híbridos experimentales.

Posteriormente, se presentó el Biplot obtenido a partir del análisis de componentes principales para seleccionar aquellas variables que mayor explicaron la variación de los datos y que fueron consideradas para construir el índice de selección; en seguida se mostraron los resultados del análisis de varianza del índice de selección y se presentan los híbridos seleccionados para la contrastación de la segunda hipótesis.

Enseguida se presentaron los resultados del análisis línea por probador empleados para estimar los efectos de ACG en las características agronómicas para identificar las líneas sobresalientes para la formación de poblaciones de mejoramiento para dar cumplimiento con la tercera hipótesis.

Para finalizar, con base en el efecto de ACG de cada línea en sus respectivas variables, se identificaron líneas complementarias para verificar la última hipótesis planteada.

Análisis de varianza

En el Cuadro 4.1 se concentran los cuadrados medios del análisis de varianza combinado y los niveles de significancia de cada fuente de variación en cada variable estudiada.

Cuadro 4.1. Cuadrados medios y significancia del análisis de varianza combinado de 13 experimentos con 47 híbridos experimentales de maíz sin incluir testigos.

FV	GL	FM	FH	AP	AM	AR	AT	MC	PF	CP	CM	REND	PH	HUM
AMB	1	2350.3 **	4561.1 **	410860.4 **	281878.7 **	87.4	1.2	17085.2 **	10584.5 **	236.3 **	13.8 *	4725.5 **	48.8	148.2 **
EXP	12	1517.8 **	1438.6 **	24085.2 **	11012.4 *	152.7 *	45.1 *	6971.4 **	1757.8 **	41.6 **	23.3 **	369.7 **	433.9 **	162.3
AMB*EXP	12	109.2 **	144.6 **	5769.3 **	3859.8 **	125.1	24.3	6731.3 **	365.8	16.5 **	15.4 **	157.9 **	527.1 **	65.3 **
REP(AMB,EXP)	26	23.3 **	21.9 **	1135.3 **	915.2 **	59.3 **	17.3 **	656.3 **	199.4 **	2.2 **	3.1 **	24.1 **	20.9	4.3
HIB(EXP)	598	43.6 **	43.3 **	819.9 **	734.9 **	24.0 **	10.5 *	364.5 **	73.9 **	3.1 **	4.8 **	46.3 **	65.0 **	10.6 **
AMB*HIB(EXP)	598	5.0	4.1	255.2	197.1	15.3	10.6 *	214.4	56.1	1.3 **	1.0 **	8.0 *	53.3 **	4.8 **
BLOQ(AMB,REP,EXP)	208	7.1 **	6.2 **	456.8 **	321.2 **	14.9	11.2 *	181.3	62.5	1.8 **	1.2 **	11.1 **	40.6	3.9
ERROR	988	4.6	4.4	243.6	197.9	14.7	9.0	194.5	52.9	1.0	0.8	7.0	34.8	3.3
TOTAL	2443													
C.V.		2.7	2.6	6.8	11.5	331.9	383.8	126.9	151.2	20.0	20.6	20.7	8.1	10.0
MEDIA		80	82	229	122	1.2	0.8	11.0	4.8	5.0	4.4	12.8	72.8	18.1
MAXIMO		94	92	275	192	38.0	26.0	90.8	38.0	7.3	8.3	21.8	79.7	22.5
MINIMO		61	70	157	66	0.0	0.0	0.0	0.0	1.3	0.8	0.7	35.2	11.4
E.E.		1.2	1.1	8.6	7.6	2.0	1.6	7.2	3.8	0.5	0.5	1.4	3.0	0.9

*, **= significancias estadísticas al $P \leq 0.05$ y al $P \leq 0.01$, FV= Fuentes de variación, AMB= Ambientes, EXP= experimentos, AMB*EXP= Ambientes por experimento, REP(AMB,EXP)= Repeticiones dentro de ambientes, experimento, HIB(EXP)= Híbridos dentro de experimento, AMB*HIB(EXP)= Ambiente por híbrido dentro de experimento, BLOQ(AMB,REP,EXP)= Bloque dentro de ambiente, repetición, experimento, C.V. = Coeficiente de variación, E.E.= Error estándar, GL= Grados de libertad, FM= Floración Macho, FH= Floración Hembra, AP= Altura de Planta, AM= Altura de Mazorca, AR= Acame de Raíz, AT= Acame de Tallo, MC= Mala Cobertura, PF= Plantas con Fusarium, CP= Calificación de Planta, CM= Calificación de Mazorca, REND= Rendimiento en mazorca al 15.5% de humedad, PH= Peso Hectolítrico, HUM= Humedad.

Acorde a los objetivos de estudio se explicaron las fuentes de variación en las cuales se demostró el efecto de los genotipos evaluados a través de los ambientes y los experimentos.

Para la fuente de variación ambiente por híbrido dentro de experimentos AMB*HIB (EXP), se encontró una interacción significativa en seis de las variables estudiadas (AT, CP, CM, REND, PH y HUM); esto indicó la existencia de variación en el comportamiento de los híbridos dentro de los experimentos con respecto al ambiente. Para las variables FM, FH, AP, AM, AR, MC y PF en las cuales la interacción fue no significativa los híbridos dentro de los ambientes mostraron un comportamiento agronómico similar dentro de los experimentos con respecto al ambiente.

Los resultados mostraron que el efecto ambiental afectó particularmente a las variables asociadas con el rendimiento y no sobre las características fenológicas. Aunque los híbridos corresponden al mismo grupo heterótico se generó variabilidad dentro de este, y una de las consecuencias de tal variabilidad podría ser el origen de los progenitores y el efecto que se genera al momento de realizar la cruce. Es por ello que se demostró diferencias en las variables evaluadas.

En la fuente de variación ambiente por experimento se observó interacción significativa, es decir, el efecto ambiental asociado con diferentes condiciones bióticas y abióticas provocaron efectos significativos diferenciales en los experimentos y por ende entre los genotipos para las características estudiadas. Dado que los materiales expresan las características dependiendo de las condiciones en los que se desarrollan durante el ciclo del cultivo.

En los ambientes se observaron diferencias significativas en 10 de las variables evaluadas (FM, FH, AP, AM, MC, PF, CP, CM, REND y HUM); es decir el efecto ambiental sobre las variables fue diferente; lo que coincidió con lo mencionado por Hermes *et al*, (2017) quienes argumentaron que los ambientes (localidades y años) son factores que contribuyen a la inestabilidad de producción, asociada con diferencias en los sistemas de cultivo, manejo agronómico, calidad de semilla, plagas, enfermedades y condiciones climáticas.

Para aquellas variables en las que no existieron diferencias significativas (AR, AT y PH) el efecto ambiental no fue una condicionante para su expresión esto podría deberse a que los genes que controlan tales características en este grupo de maíces normales no son afectados por el ambiente.

Enseguida se describieron los valores máximos, mínimos y la media, obtenidos en el análisis de varianza (cuadro 4.1) en cada variable estudiada, además los coeficientes de variación para aquellas variables que presentan altos valores.

Los valores máximos de FM y FH fueron de 94 y 92 días y medias de 80 y 82 días lo que indica que son híbridos intermedios a tardíos lo cual puede ser aprovechado para aquellos productores que cuentan con algún tipo de riego y que pueden llevar por un tiempo prolongado a los materiales a su máximo desarrollo o para aquellas regiones en la cual la presencia de precipitación es alta y tiene buenas lluvias de temporal. Además, se presentó los valores mínimos de 61 días para FM y 70 para FH, indicando que existen híbridos precoces que pueden ser recomendado para aquellas regiones en donde se pueden sembrar dos ciclos.

En altura de planta y mazorca en base a los valores máximos 275 y 192 cm y mínimos 157 y 66 cm se identificó variabilidad para estas variables por lo que se puede seleccionar híbridos altos utilizados para doble propósito y materiales con una altura baja y un propósito de esto podría ser incrementar la densidad de siembra o seleccionar en base al promedio con una altura de 229 para AP y 122 para AM.

En las variables acame de raíz y tallo, mala cobertura y plantas con fusarium se presentó coeficientes de variación muy altos esto es porque estas características se reportan en porcentajes, ya que estuvieron asociados al número de plantas que conformaron la parcela experimental; de acuerdo a los datos reportados en los máximos y mínimos se apreció que hubieron híbridos con un alto porcentaje de daño según la variable, pero que además se encuentran unos muy sanos sin presencia de alguna de estas características.

En calificación de planta y mazorca los valores máximos 7.3 en CP y 8.3 en CM y una media de 5 y 4.4 indicaron que hay híbridos con un buen porte (apariencia

fenotípica) y con buena sanidad de mazorca, buen tamaño y con características favorables en el grano esto favorece si se busca explotar como híbrido comercial cabe mencionar que el intervalo de medición para estas características fueron del 1 al 9, asignando un valor de 9 aquellos híbridos que contaban con las características tales como buena apariencia de planta, sanidad de la planta y mazorca y potencial de rendimiento.

Para rendimiento en mazorca presentó un valor máximo de 21.8 t ha^{-1} lo que indicó que hubieron híbridos con muy buen potencial de rendimiento competitivos con los testigos pero además presentó una media 12.8 t ha^{-1} lo que también fue un rendimiento aceptable, pero que además existieron híbridos que no superan una tonelada estos fueron descartados o almacenados por si tienen características favorables para otro objetivo. Para peso hectolítrico y humedad presentaron valores máximos de 79.7 y 22.5 lo que indicó que entre más humedad tenga el grano mayor peso hectolítrico obtuvo lo mismo con los valores mínimos de 35.2 y 11.4. Esto se debió principalmente a los efectos genéticos que generan los híbridos para estas características.

En el cuadro 4.2 se muestra el valor máximo, la media y el mínimo de los genotipos dentro de cada experimento evaluado y en cada ambiente para la variable rendimiento, siendo esta una de las más importantes en el estudio y aquella en la cual se encontraron interacciones significativas entre los factores considerados en la evaluación.

En el cuadro 4.2 y a través de los valores definidos fue posible observar la variación de los genotipos dentro de cada experimento. Los valores máximos demostraron que el rendimiento máximo de los experimentos en el ambiente 2 superó a los del ambiente 1, lo cual se asoció al ciclo de cultivo con condiciones menos desfavorables. La media mostró la misma tendencia, es decir, el ambiente 2 mostró valores por encima del ambiente 1; no obstante, en el valor mínimo el efecto ambiental fue diferente, los genotipos dentro de los experimentos mostraron valores mínimos iguales o mayores en el ambiente 1 con respecto al ambiente 2 y por lo tanto, a estos valores se les atribuyó la significancia de la interacción.

Con base en estos resultados y considerando que la selección y los valores deseables no fueron los mínimos sino los máximos, se consideró apropiado emplear un valor medio entre los ambientes para mostrar la variación dentro de los experimentos para las variables estudiadas.

Cuadro 4. 2. Valores máximos, medias y mínimos de la variable rendimiento de los híbridos en los 13 experimentos, en dos ambientes de evaluación.

AMBIENTE 1 (2017)			AMBIENTE 2 (2018)		
EXP	VALOR	REND	EXP	VALOR	REND
1	máximo	20.7	1	máximo	24.5
	media	14.6		media	15.1
	mínimo	6.2		mínimo	4.0
2	máximo	20.5	2	máximo	24.3
	media	12.6		media	15.3
	mínimo	4.4		mínimo	4.3
3	máximo	18.9	3	máximo	21.8
	media	12.4		media	15.2
	mínimo	2.7		mínimo	1.5
4	máximo	18.0	4	máximo	23.3
	media	9.1		media	14.9
	mínimo	0.2		mínimo	0.3
5	máximo	18.6	5	máximo	23.0
	media	11.0		media	14.4
	mínimo	0.8		mínimo	0.7
6	máximo	20.6	6	máximo	23.7
	media	11.7		media	13.8
	mínimo	1.3		mínimo	0.5
7	máximo	21.2	7	máximo	22.9
	media	10.2		media	13.6
	mínimo	0.4		mínimo	1.2
8	máximo	18.3	8	máximo	25.2
	media	10.6		media	11.6
	mínimo	0.4		mínimo	0.2
9	máximo	21.6	9	máximo	26.7
	media	11.2		media	15.7
	mínimo	0.2		mínimo	3.6
10	máximo	21.5	10	máximo	22.9
	media	12.4		media	16.0
	mínimo	3.1		mínimo	4.7
11	máximo	18.9	11	máximo	23.7
	media	11.3		media	16.8
	mínimo	2.4		mínimo	9.1
12	máximo	20.4	12	máximo	20.2
	media	10.7		media	11.1
	mínimo	0.5		mínimo	0.9
13	máximo	23.8	13	máximo	20.4
	media	10.3		media	10.7
	mínimo	2.3		mínimo	0.9

EXP= experimento, REND= rendimiento.

El análisis de varianza para los experimentos mostró que hubo efectos significativos en 12 variables evaluadas (cuadro 4.1); el comportamiento y la prueba de medias entre los experimentos para los 13 caracteres agronómicos estudiados se muestra en el cuadro 4.3.

Para identificar los valores deseados de cada experimento se consideró como criterio la agrupación de la prueba de medias de Tukey; no obstante, los valores deseables dependieron de la variable considerada, por lo que no en cada caso el valor superior fue el deseable, por ejemplo para días a floración macho (FM) se tomó como deseable el valor menor, porque se desean materiales de ciclo corto, y no de ciclo tardío. Para rendimiento, el criterio fue completamente el opuesto ya que se desean los valores superiores para encontrar lo híbridos con mayor potencial de rendimiento.

Cuadro 4.3. Valores medios de las variables agronómicas de los 13 experimentos evaluados.

	FM (días)	FH (días)	AP (cm)	AM (cm)	AR (%)	AT (%)	MC (%)	PF (%)	CP (1-9)	CM (1-9)	REND (tha ⁻¹)	PH (kg/hl)	HUM (%)
EXP 1	76 ^G	78 ^G	252	137	0.5 ^B	0.2 ^B	9.1	2.7	5.3	4.9 ^A	14.8 ^A	72	19
EXP 2	77	79	237	125	0.9	0.3	11.3	2.7	5.3	4.6	14.0	72	19
EXP 3	79	80	233	123	0.5 ^B	1.1	5.1 ^D	1.5 ^F	5.3	4.8	13.8	73	19
EXP 4	77	79	211 ^I	109 ^G	2.4	0.2 ^B	11.9	9.1	4.9	4.4	12.0	69	17
EXP 5	76 ^G	78 ^G	224	120	3.0	0.7	9.4	5.7	4.6	4.2	12.7	73	18
EXP 6	81	83	232	128	0.7	0.7	8.9	5.0	4.7	4.3	12.8	73	18
EXP 7	85	86	225	120	0.6	0.9	7.8	2.0	4.9	4.2	11.9	72	18
EXP 8	85	87	222	116	0.7	0.8	30.1	2.9	4.7	4.4	11.1	73	19
EXP 9	82	84	235	128	0.8	0.6	10.2	4.7	5.4	4.7	13.5	74	19
EXP 10	80	82	228	122	0.7	0.7	11.1	3.4	5.8 ^A	4.8	14.2	74	19
EXP 11	81	82	240	128	0.7	1.1	9.9	3.4	5.6	4.8	14.1	73	19
EXP 12	80	83	220	123	0.9	1.0	11.7	7.1	4.6	3.9	10.9	75 ^A	17
EXP 13	80	82	212	109 ^G	2.6	2.0	6.3	12.2	4.1	3.8	10.5	75 ^A	16 ^F

EXP= experimento, FM= Floración Macho, FH= Floración Hembra, AP= Altura de Planta, AM= Altura de Mazorca, AR= Acame de Raíz, AT= Acame de Tallo, MC= Mala Cobertura, PF= Plantas con Fusarium, CP= Calificación de Planta, CM= Calificación de Mazorca, REND= Rendimiento en mazorca al 15.5% de humedad, PH= Peso Hectolítrico, HUM= Humedad, A,B,C,etc = Grupo estadístico según la prueba de Tukey, DMS= FM= 0.74, FH= 0.72, AP= 5.35, AM= 4.82, AR= 1.31, AT= 1.02, MC= 4.77, PF= 2.49, CP= 0.34, CM= 0.31, REND= 0.91, PH= 2.02 y HUM= 0.62.

Enseguida se hizo una interpretación del comportamiento de los experimentos para señalar en que experimento se encontraron los genotipos de expresión deseable en cada una de las 13 variables evaluadas; los datos reportados corresponden al cuadro 4.3.

Para floración macho y hembra los experimentos en los cuales hubo genotipos deseables por su precocidad fueron el uno y el cinco con medias de 76 y 78 días. Para altura de planta y mazorca en el experimento cuatro y trece se presentaron genotipos deseables con alturas de planta de 212 cm y 109 cm para altura de mazorca. Las características genéticas de los progenitores provocan un efecto genético en los híbridos, lo cual resulta en la variabilidad en estas características en estos experimentos.

Para sanidad, los genotipos dentro de los experimentos mostraron variación en su comportamiento; esto confirma que los genotipos mostraron variación para esas características, ya que presentaron medias diferentes; cabe destacar al experimento uno, tres y cuatro que fueron aquellos donde se encontraron los valores inferiores para estas variables.

En calificación de planta el experimento 10 mostró valores asociados al arquetipo deseable con plantas de mejor apariencia; el valor medio fue de 5.8 tomando en cuenta que el intervalo de calificaciones fue de 1 a 9.

Para calificación de mazorca el experimento uno fue sobresaliente dado que presentó características tales como buena sanidad en la mazorca y apariencia física; esto indicó que en ese experimento se presentaron híbridos deseables para características de la mazorca ubicados en el grupo A con base a la prueba de Tukey.

Para rendimiento, el intervalo de variación fue de 14 a 10 t h¹, encontrándose los valores superiores en el experimento uno; los rendimientos inferiores se asociaron con problemas externos al sistema de cultivo pero que afectaron el rendimiento.

Para peso hectolítrico los experimentos 12 y 13 fueron los más sobresalientes ubicándose en el grupo A de acuerdo a la prueba de Tukey, y para humedad el experimento 13 fue el más sobresaliente con un valor de humedad 16 es decir

en este experimento los materiales contenían menos humedad al momento de cosecha.

Una vez detectadas las variaciones entre los experimentos se determinó que también hubo un efecto de interacción por lo cual al momento de analizar los datos en un modelo combinado se encuentran tales interacciones reportadas en el cuadro 4.1. Además de que la existencia de la variación genética de los materiales aun cuando son del mismo grupo germoplásmico. Esto permitió seleccionar a los mejores híbridos.

Construcción del índice de selección, mediante el análisis de componentes principales

El índice de selección es un método útil para el mejoramiento genético ya que permite identificar genotipos sobresalientes involucrando diferentes características pero sintetizadas a través de un valor (Cerón y Sahagún, 2005).

El análisis de componentes principales es una herramienta de análisis multivariado que permite la simplificación de un amplio número de variables a través de la generación de nuevas variables no correlacionadas denominadas componentes principales. El análisis a través de un gráfico de dispersión permite identificar la importancia de cada variable en la explicación de la variación del conjunto de datos (Vallejo *et al.*, 2005), así como las correlaciones entre las mismas definidas a través de la magnitud del ángulo entre las mismas.

En la figura 4.1, se muestra el análisis gráfico de dispersión; en este se muestran los vectores característicos asociados a cada variable y la correlación con respecto a un determinado componente.

Las variables sanidad y precocidad se encontraron correlacionadas al componente principal uno; el componente principal dos correlacionó especialmente con variables asociadas con el rendimiento.

En la Figura 4.1 se pudo apreciar la formación de 3 grupos en los cuales se encontraron variables correlacionadas, en el primer grupo se encuentra Acame de raíz (AR), Plantas con fusarium (PF), Acame de tallo (AT) y Mala cobertura (MC). En el segundo se encuentran Floración hembra (FH) y Floración macho

(FM), y en el tercer grupo se encuentran Humedad (HUM), Altura de mazorca (AM), Altura de planta (AP), Calificación de planta (CP), Calificación de mazorca (CM), Peso hectolítrico y Rendimiento (REND), en cada grupo se seleccionó la variable más representativa.

Con base en la longitud del vector, indicativo de la variación asociada a la variables, en el primer grupo se seleccionó plantas con fusarium (PF), en el segundo Floración macho (FM) y en el tercero la variable Rendimiento (REND); con estas la variables se buscaron genotipos con características de sanidad, precoces o de ciclo intermedio y con el mayor potencial de rendimiento. Con las variables seleccionadas se construyó el índice de selección.

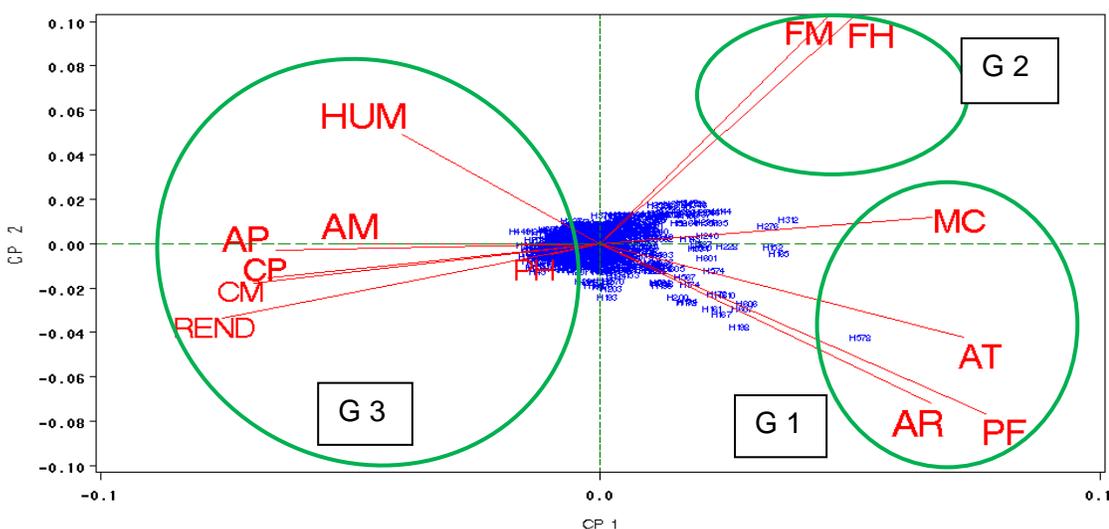


Figura 4.1. Gráfico Biplot para 13 características agronómicas evaluadas en 611 híbridos de maíz.

Para definir el índice de selección se empleó la metodología propuesta por Barreto *et al.* (1991) en donde los valores de cada híbrido en cada variable seleccionada fueron los que se emplearon para construir la base de datos, de donde se realizó un análisis de varianza para corroborar las diferencias en los valores obtenidos del índice.

En el cuadro 4.4 se concentraron los resultados del análisis de varianza de los valores obtenidos con el índice de selección de cada híbrido incluyendo los tres testigos

Cuadro 4.4. Análisis de varianza de los valores del índice de selección de 615 híbridos de maíz (612 experimentales y 3 testigos).

F.V.	GL	Suma de cuadrados	Cuadrados medios	Pr >F
AMB	1	296.90531	296.90531	<.0001**
REP(AMB)	2	1270.10091	635.05045	<.0001**
HIB	614	22381.47724	36.45192	<.0001**
HIB*AMB	614	4513.54488	7.35105	<.0001**
TOTAL	2459			
C.V.				17.83543
MEDIA				11.95584
E.E				4.54703

**= significancias estadísticas al $P \leq 0.01$, F.V.= Fuentes de variación, AMB.=Ambientes, REP (AMB)= Repeticiones dentro de ambientes, HIB.= Híbridos, AMB*HIB= Ambiente por híbrido, C.V.= coeficiente de variación; E.E.= Error estándar; GL.= Grados de libertad.

De acuerdo con el análisis de varianza se encontraron diferencias altamente significativas en cada fuente de variación, debido al objetivo de estudio que fue identificar a los mejores híbridos; se explicó únicamente a las fuentes de variación en las cuales se detectó la variabilidad generada entre los híbridos experimentales, es decir, la diferencia que hay entre cada uno.

En Híbrido por Ambiente(HIB*AMB) se observó la interacción de la evaluación de los híbridos a través de los años, es decir, en base al valor del índice obtenido los híbridos cambiaron de orden relativo con respecto al año de evaluación, por lo tanto, los híbridos superiores en un ambiente no mostraron la misma expresión en el otro, por lo tanto, los valores máximos no fueron los que determinaron la diferencia entre los híbridos, si no los valores mínimos que ocasionaron la interacción entre los híbridos y los ambientes de evaluación tal como se puede observar en el cuadro 4.2.

Mientras que para híbridos (HIB) la diferencia indicó que fueron totalmente diferentes lo cual atribuyó el valor de índice obtenido en el análisis, por lo que se pudo identificar materiales superiores, lo que da como criterio para poder seleccionar a los más sobresalientes de acuerdo al valor de índice de selección. Una vez realizado el análisis de varianza del índice de selección, donde se mostró las diferencias significativas, se seleccionaron los mejores híbridos aplicando una

presión de selección del 5%. Es importante mencionar que de los híbridos seleccionados solo se reportan los primeros cinco, es decir los superiores de los seleccionados y tales características se reportan en el cuadro 4.5, además de que el intervalo de los valores de índice de selección fue de 5.73 a 23.67.

Los análisis y las diferencias demostradas en los híbridos sirvieron como criterio para seleccionar a los mejores de acuerdo con los objetivos de estudio.

En el cuadro 4.5 se observan los híbridos seleccionados en donde además del valor del índice obtenido para cada uno de ellos, se agregan las medias ajustadas para cada variable evaluada con el objetivo de observar y comparar cómo se comportan en relación con los testigos.

Cuadro 4.5. Híbridos de cruce simple de maíz seleccionados mediante un índice de selección básico y medias ajustadas de 13 variables evaluadas.

HIB	GENEALOGIA	IS	FM (días)	FH (días)	AP (cm)	AM (cm)	AR (%)	AT (%)	MC (%)	PF (%)	CP (1-9)	CM (1-9)	REND (tha ⁻¹)	PH (kg/hl)	HUM (%)
14	(M47xLC)x LC}-1-B)x[PE212]	6.1	77	79	263	142	1	0	9	0	6	6	21.1	72	17
60	(E174xE94)xM422xM42-2-B)x[M6]	6.5	75	78	253	129	8	0	0	2	5	6	19.8	73	19
13	(M47xLC)x LC}-1-B)x[(LE7-AAAxM29)xM8-1-B]	6.5	74	76	249	135	0	0	1	4	5	6	18.9	73	17
38	(V524xM22)XM8-2-B)x[M47]	6.8	73	74	250	147	0	0	8	2	6	6	18.5	74	16
31	(M47x232)xM47}-3-B)x[(112xML)x112)xM29-3-B]	5.7	73	75	261	153	3	1	3	2	6	5	18.0	71	19
36	(V524xM22)XM8-2-B)x[(S3x28xM42)xM42}-1-B]	6.6	75	76	262	150	1	0	6	1	7	5	17.9	75	17
6	(M42xV524)xM42-4-B] x [PE212]	6.2	73	75	257	137	0	0	7	4	5	5	17.4	70	20
76	(24-26)xM22xM8-2-B)x[(MLxM46)xML}-1]	7.1	74	76	255	143	1	1	23	3	6	4	16.9	71	19
195	(LPxPN316)xM36xM36xLP)xPN-2-B)x[(P x PN)- 16]	6.6	70	71	218	116	9	1	1	1	4	4	15.3	74	17
45	(E174XE94)XM42xM42-2-B)x[]	6.9	70	71	251	134	0	0	3	3	5	6	14.4	75	18
613	AN447	9.7	80	82	245	146	1	1	6	6	5	5	16.9	72	18
614	PIONNER	8.5	75	77	234	118	0	1	8	6	5	5	14.7	76	17
615	MONSANTO	10.4	83	83	242	128	0	1	3	4	7	6	19.5	72	19

HIB= Híbridos, IS.= Índices de selección; FM.= Floración macho; FH.= Floración hembra; AP.= altura de planta; AM; altura de mazorca; AR.=Acame de raíz; AT.= Acame de tallo, MC.= mala cobertura, PF.= Plantas con fusarium, CP.= Calificación de planta, CM.= Calificación de mazorca, REND= Rendimiento en mazorca al 15% de humedad, PH.= peso hectolitrito, HUM.= humedad.

Híbridos seleccionados

El híbrido 14 es una cruce simple con 77 y 79 días a floración considerado como precoz, una altura de planta (263 cm) y mazorca (142) que favorece al momento de la cosecha, ya que si se cosecha de forma manual es más fácil y rápido; en la evaluación de enfermedad (acame de raíz y tallo, mala cobertura, fusarium) presentó bajos porcentajes (1, 0, 9 y 0 por ciento respectivamente), presentó una calificación de planta y mazorca intermedio por lo tanto el material no tendrá un porte excelente, pero puede ser atractivo para el agricultor por su rendimiento, tiene un peso hectolítrico aceptable (72) y una humedad a la cosecha de 17%, resaltando que su rendimiento en mazorca sobrepasó las 21 tha^{-1} .

En seguida los híbridos 60, 13, 38, 31, 36, 6, 76, 195 y 45 con índices aceptables (6.5, 6.5, 6.8, 5.7, 6.6, 6.2, 7.1, 6.6 y 6.9) con características de días a floración precoces e intermedios, alturas de plantas y mazorca que facilitan la cosecha basándose en que durante la evaluación en campo se presentaron materiales que sobrepasaron los tres metros de altura; se observó que en enfermedades los materiales presentaron de cero a ocho por ciento lo que se vio reflejado en el rendimiento, calificaciones de plantas intermedias (5 y 6) lo que indicó que fueron genotipos con un porte en el fenotipo que llamará la atención a los productores y favorecerá su venta como híbridos comerciales, presentaron rendimientos mayores a las 14 t ha^{-1} y pesos hectolítricos (70 a 76) que favorecieron al rendimiento y una humedad aceptable al momento de cosecha lo que favorece al momento de almacenaje.

En comparación con los híbridos testigo AN447, 3052 y Antílope, los materiales experimentales presentaron buenas características ya que fueron más precoces lo que favorece a los lugares en donde se puede sembrar más de un ciclo y estos genotipos pueden ser recomendados para esas zonas productoras, bajos porcentajes de enfermedades (cuadro 4.5), además de que algunos presentaron mayor rendimiento que los testigos (arriba de 17 tha^{-1}). Es decir, dentro del grupo germoplásmico de maíces normales existió una amplia gama de diferencia entre los híbridos, por lo que puede atribuirse al origen de los progenitores y a partir de eso pudieron identificar aquellos que fueron superiores en las características

evaluadas. Estos resultados fueron similares con los encontrados por Sánchez *et al.* (2016) donde evaluaron 10 cruzas simples experimentales provenientes de un dialélico completo y 10 híbridos comerciales en tres ambientes, señalando que las cruzas simples produjeron mayor rendimiento de grano con respecto a los híbridos comerciales utilizados como testigos.

Selección de líneas mediante el diseño línea x probador

En este apartado se discutió los resultados generados en el análisis de varianza línea por probador de 205 líneas destacando la fuente de variación Líneas y Probador ya que en este análisis estas dos fuentes de variación fueron las que más interesaron dado que van encaminados a los objetivos de estudio, en el cuadro 4.6 se concentraron los cuadrados medios de las 13 variables evaluadas además de su respectiva significancia.

Cuadro 4.6. Cuadrados medios y significancia del análisis de varianza línea por probador de 205 líneas de maíz del grupo germoplásmico denominado como maíces de porte normal.

FV	GL	FM	FH	AP	AM	AR	AT	MC	PF	CP	CM	REND	PH	HUM
AMB	1	2002.6 **	4241.3 **	300495.6 **	191290.4 **	463.4 **	17.7	17530.8 **	8933.5 **	196.1 **	35.6 **	4993.8 **	62.6	95.0 **
LÍNEA	181	55.9 **	56.9 **	1672.2 **	1186.1 **	19.1	5.2	568.1 **	75.4 *	3.8 **	4.5 **	52.7 **	76.9 **	12.0 **
PROBADOR	141	46.8 **	48.4 **	1357.9 **	1264.2 **	29.5 **	12.4	409.0 **	76.4 *	4.9 **	8.5 **	82.4 **	91.1 **	14.1 **
LÍNEA*PROBADOR	275	14.4 **	13.8 **	680.1 **	545.9 **	13.0	6.3	293.0 **	48.9	2.7 **	3.4 **	36.4 **	63.6 **	7.4 **
LÍNEA*AMB	181	8.2 **	7.9 **	548.8	403.1 **	11.7	5.4	336.1	52.0	1.9 **	1.7 **	12.8 **	55.8 **	6.0 **
PROBADOR*AMB	141	7.3 **	5.7 *	349.3	275.1	14.4	4.5	223.4	39.6	1.1	1.1	8.0	69.7 **	4.9 **
LÍNEA* PROBADOR*AMB	275	6.2 **	4.4	320.1	265.2	12.4	9.0	220.8	47.1	1.1	0.9	8.8	65.7 **	4.8 **
ERROR	1386	5.0	4.6	484.9	252.6	16.8	12.6	189.3	60.6	1.3	0.9	8.1	33.1	3.4
TOTAL	2583													
C.V.		2.8	2.6	9.6	12.9	374.0	450.0	131.7	167.7	22.3	21.8	22.0	7.9	10.3
MEDIA		79.9	81.6	228.8	122.3	1.1	0.8	10.4	4.6	5.1	4.5	12.9	72.8	18.1

*, **= significancias estadísticas al $P \leq 0.05$ y al $P \leq 0.01$ respectivamente, FV= Fuentes de variación, AMB= Ambientes, REP(AMB)= Repetición dentro de ambiente, REP x LÍNEA= Repetición por línea, REP*LÍNEA(AMB)= Repetición por línea dentro de ambiente, REP*PROBADOR= Repetición por probador, C.V. = Coeficiente de variación, GL= Grados de libertad, FM= Floración Macho, FH= Floración Hembra, AP= Altura de Planta, AM= Altura de Mazorca, AR= Acame de Raíz, AT= Acame de Tallo, MC= Mala Cobertura, PF= Plantas con Fusarium, CP= Calificación de Planta, CM= Calificación de Mazorca, REND= Rendimiento en mazorca al 15% de humedad, PH= Peso Hectolítico, HUM= Humedad.

Los resultados obtenidos en el análisis de varianza indicaron que para líneas existieron diferencias altamente significativas en 11 variables evaluadas lo que demostró la diversidad genética entre las líneas entre el grupo evaluado y por lo tanto se pudo aplicar presión para seleccionar a las mejores líneas mediante otra herramienta estadística más eficaz con el propósito de conformar al grupo de líneas superiores dentro de este grupo heterótico. Esto coincide con Cervantes *et al.* (2016) que trabajaron con la estimación de la ACG determinando que esta característica fue el efecto genético predominante de las variables estudiadas.

En la fuente de variación Probador existió diferencia significativa para todas las variables evaluadas lo que señala que por lo menos un probador fue el más adecuado para evaluar las líneas y que en base a las variables evaluadas no enmascara las características de los genotipos, es decir tiene el potencial de expresar la base genética de cada una de ellas.

Una vez demostradas las diferencias entre las líneas evaluadas y teniendo como objetivo seleccionar a las mejores, se realizó el índice de selección modificado con los datos de ACG de las 13 variables agronómicas estudiadas estimados de la manera que anteriormente se mencionó para híbridos.

En la figura 4.2 se observó la agrupación de las variables, para construir el índice se seleccionó a la variable floración masculina, plantas con fusarium y calificación de plantas que fueron variables que se asociaron con precocidad, sanidad y rendimiento.

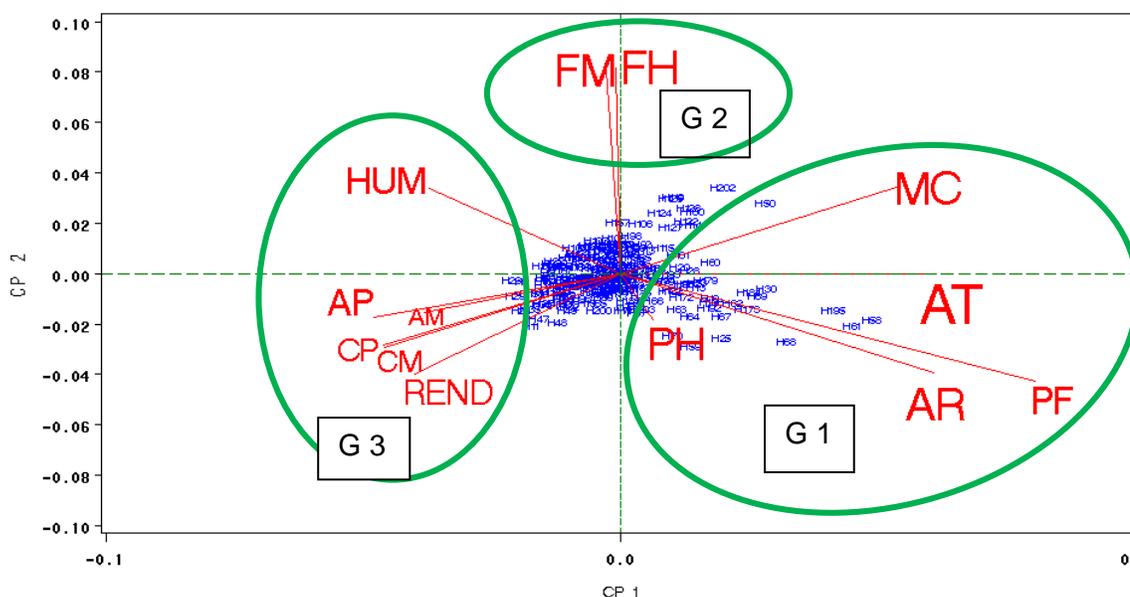


Figura 4.2. Gráfico Biplot para valores de ACG de 13 características agronómicas evaluadas en 205 líneas experimentales de maíz.

Para analizar el índice de selección se optó por utilizar la metodología propuesta por Barreto *et al.* (1991), donde los valores asociados por línea en cada variable seleccionada con base al gráfico Biplot (FM, PF y CP) son los que se emplearon para realizar un análisis de varianza donde se obtuvo como variable de respuesta el índice de selección y de acuerdo con los valores existentes en el índice se demostró que si existe diferencia entre las líneas evaluadas y a partir de la información obtenida realizar la selección para encontrar a las líneas superiores. En el cuadro 4.7 se concentraron las líneas seleccionadas en base al valor de índice obtenido, además de que al momento de la selección se aplicó una presión del 5% para poder obtener las líneas que se presentan en el cuadro y en seguida se describieron las cualidades de las líneas como criterio de selección, se puede determinar que fueron líneas con floraciones precoces o intermedias, con bajo porcentaje de fusarium y con un porte normal.

Cuadro 4.7. Líneas de maíz genéticamente superiores seleccionados con base a un índice de selección modificado construido con datos de ACG para 13 características agronómicas.

LÍNEA	GENEALOGÍA	IS	FM (días)	FH (días)	AP (cm)	AM (cm)	AR (%)	AT (%)	MC (%)	PF (%)	CP (1-9)	CM (1-9)	REND (tha ⁻¹)	PH (kg/hl)	HUM (%)
47	(LE7-AAAxM29)xM8-1-B	4.8082	-4.66	-4.78	9.16	1.17	-1.33	-0.59	-8.38	-2.71	1.44	1.01	3.22	2.72	-0.56
24	(24-26)xM22xM8-1-B	5.2378	-5.17	-5.35	14.65	18.46	-1.09	-0.77	-5.04	-3.63	0.93	0.75	3.60	-2.69	1.03
82	(MLxM46)xML-2	5.9207	-3.42	-3.60	-0.60	-3.29	1.16	0.48	-9.29	-3.38	1.18	0.50	4.49	0.68	2.08
27	(112xML)x112xM29-3-B	5.9266	-3.60	-3.66	13.03	8.64	-0.13	0.04	-7.57	-3.55	1.09	0.79	2.08	-1.51	1.56
11	(V524xM22)XM8-2-B	6.3645	-3.82	-4.20	32.15	27.88	0.61	-0.77	-4.24	-1.98	0.98	1.05	4.04	1.10	-0.75
49	LE-7A-A-AxM29)xM8-2B	6.5959	-3.67	-3.43	6.07	-0.29	-1.09	0.32	-6.54	-1.30	1.02	1.00	3.91	-0.19	-0.34
36	(S3x28xM42)xM42-2-B	6.882	-3.22	-3.19	2.49	-0.80	-0.81	0.15	-18.79	-3.36	0.82	0.84	2.67	0.65	1.40
14	(E174xE94)xM42xM22-1B	6.9363	-5.10	-5.10	12.59	10.46	-0.77	-0.14	-6.41	-2.94	0.50	0.31	1.55	-1.19	0.90
35	(S3x28xM42)xM42-1-B	7.4881	-3.08	-3.41	19.91	14.32	-0.52	-0.37	-14.83	-3.29	0.65	0.51	2.95	1.14	0.66

IS= índice de selección, FM= Floración Macho, FH= Floración Hembra, AP= Altura de Planta, AM= Altura de Mazorca, AR= Acame de Raíz, AT= Acame de Tallo, MC= Mala Cobertura, PF= Plantas con Fusarium, CP= Calificación de Planta, CM= Calificación de Mazorca, REND= Rendimiento en mazorca al 15% de humedad, PH= Peso Hectolítrico, HUM= Humedad.

Como criterio de selección se utilizó primeramente el valor de índice obtenido en el análisis y para corroborar la selección se incluyeron los datos de aptitud combinatoria general (ACG) que las líneas obtuvieron en cada variable evaluada. Para la variable días a floración masculina y femenina se observó datos negativos en todas las líneas seleccionadas, esto indicó que estas líneas al momento de ser cruzadas redujo el ciclo del híbrido puesto que los días a floración fueron más cortos en la progenie.

Para altura de planta la única línea de las seleccionadas que bajó la altura en su progenie fue la 82 teniendo como material un genotipo de altura normal, mientras que en los demás materiales según los datos reportados aumentaron la altura al momento de ser cruzados pero que puede ser una característica aprovechable si se buscan materiales con doble propósito es decir que pueden ser utilizados para forraje.

En altura de mazorca se reportaron valores positivos y negativos de ACG lo cual depende del criterio de mejorador si al momento de ser cruzadas las líneas se seleccionan por altura de mazorca. Mientras que las variables que correlacionaron con sanidad (acame de raíz y tallo, mala cobertura y fusarium) en la mayoría presentaron valores negativos lo que favorece a las líneas ya que fueron pocas plantas dañadas por estas características y en aquellas que tienen valores positivos se observaron que no fueron datos de ACG muy elevados lo que no afectó en gran cantidad al material genético.

En calificación de planta y mazorca todas las líneas mejoraron la apariencia de la planta ya que fueron datos de ACG positivos. Y uno de los atributos de las líneas seleccionadas fue que todas aportaron un valor positivo en rendimiento.

En el peso hectolítrico las líneas con favorables ACG aumentaron el rendimiento ya que las líneas aportaron más peso al maíz al momento de la cosecha, y para humedad algunas líneas en su progenie bajaron tal característica.

El ACG de las líneas es de suma importancia Fellahi *et al.* (2013), indicaron que el análisis línea x probador es muy eficiente para poder detectar progenitores y cruza superiores para continuar con el mejoramiento genético ya que para poder seleccionar a las mejores se deben de evaluar y estudiarlas, para poder obtener aquellas que al momento de cruzarse entre sí se obtengan a los mejores híbridos que sean capaces de competir con los que actualmente se encuentran en el mercado internacional, esto concuerda con lo mencionado por Caicedo *et al.* (2017), quienes evaluaron 75 híbridos simples provenientes de la cruza entre 32 líneas S₄ femeninas y tres líneas élites masculinas, en el cual indican que el cálculo de la ACG fue prioritario para encontrar combinaciones favorables para la formación de híbridos.

Selección de líneas complementarias para la formación de poblaciones de mejoramiento

El objetivo de la selección fue buscar aquellas líneas con buena ACG en algunas de sus características evaluadas y a partir de esto se detectó aquellas que complementen los atributos faltantes para que al momento de formar la cruce se encuentren genotipos con el prototipo ideal (buena apariencia, precocidad, potencial de rendimiento) y a partir de esto dar paso a la formación de poblaciones de mejoramiento y derivar líneas dentro del grupo germoplásmico de maíces normales.

En el cuadro 4.8 se encuentran las líneas complementarias detectadas con los valores de ACG en cada característica, cabe mencionar que los valores subrayados fueron los valores que interesaron o también valores buscados para favorecer la complementariedad de la cruce.

Cuadro 4.8. Identificación de pares de líneas complementarias para la derivación de poblaciones de mejoramiento.

LÍNEA	GENEALOGÍA	FM (días)	FH (días)	AP (cm)	AM (cm)	AR (%)	AT (%)	MC (%)	PF (%)	CP (1-9)	CM (1-9)	REND (tha ⁻¹)	PH (kg/hl)	HUM (%)
47	(LE7-AAAxM29)xM8-1-B	-4.66	-4.78	9.16	1.17	-1.33	-0.59	-8.38	-2.71	1.44	1.01	3.22	2.72	-0.56
67	(LPxPN316)xM35)xM35-3-B	-8.35	-8.78	-8.78	-16.42	-0.84	-0.77	19.34	10.43	-0.38	-0.81	-0.13	0.83	-1.64
4	(M47xLC)x LC-1-B)	-0.21	-0.50	16.87	6.90	-0.97	-0.27	-7.07	-3.07	0.64	0.89	4.23	0.57	0.11
63	(LPxPN308)xM23-C-2-B	-6.42	-6.60	-14.85	-24.04	-1.09	-0.77	-3.54	5.62	-0.69	-0.50	0.11	-0.57	-2.20
21	(QPMxM)23xM23-2-B	-6.67	-7.10	-17.35	-32.29	-1.09	-0.77	7.21	-0.38	-0.07	-1.25	-1.50	-0.04	-0.92
48	(E7-AAAxM29)xM8-2-B	-2.42	-2.97	25.34	17.21	2.04	0.30	-6.91	-3.32	0.68	1.50	4.29	2.75	-0.60
23	(PE61x47)xM-7-1-B	0.78	0.72	13.41	10.85	-1.10	-0.77	-5.57	-3.21	0.75	1.51	3.97	-0.35	2.69
195	LP -1 -F-A-A	-7.12	-6.69	-37.10	-30.56	4.68	0.63	2.29	10.91	-1.22	-1.71	-6.36	0.35	-2.33
24	(24-26)xM22xM8-1-B	-5.17	-5.35	14.65	18.46	-1.09	-0.77	-5.04	-3.63	0.93	0.75	3.60	-2.69	1.03
58	(LP7xPN308-1)xM23xC-3-B	-9.66	-9.64	-47.13	-33.02	2.74	0.81	6.16	16.88	-1.60	-1.99	-5.60	-5.67	-3.65

FM= Floración Macho, FH= Floración Hembra, AP= Altura de Planta, AM= Altura de Mazorca, AR= Acame de Raíz, AT= Acame de Tallo, MC= Mala Cobertura, PF= Plantas con Fusarium, CP= Calificación de Planta, CM= Calificación de Mazorca, REND= Rendimiento de mazorca al 15% de humedad, PH= Peso Hectolítrico, HUM= Humedad.

La primera cruce simple complementaria identificada fue aquella conformada por las líneas 47 y 67 dado que en esta cruce se mejoran los 13 caracteres de acuerdo a los datos de ACG obtenidos en cada una de ellas. Enseguida se ubicó la cruce formada por las líneas 4 y 63 en la cual en esta se complementaron 12 características al igual que la 21 x 48, mientras que en las cruces 23 x 195 y 24 x 58 se complementaron 11 caracteres agronómicos. Es importante formar las poblaciones de mejoramiento mediante estas cruces complementarias puesto que las progenies derivadas de ellas tendrán las características que a los progenitores les faltan y por lo tanto los individuos nuevos serán superiores.

Las cruces que se observaron en este cuadro se utilizarán para la formación de poblaciones de mejoramiento para la derivación de nuevas líneas, ya que es importante derivar líneas que presenten buenos efectos de ACG y ACE para la formación de híbridos con buen potencial de rendimiento (Cervantes *et al.*, 2018) y así poder seleccionar aquellas que se complementen con el grupo de maíces enanos e identificar híbridos simples sobresalientes que sean capaces de competir con los que actualmente se encuentran en el mercado proveniente de empresas nacionales y transnacionales.

CONCLUSIONES

El análisis de varianza a través de las 13 variables agronómicas permitió demostrar la existencia de variación genética entre los híbridos experimentales, lo cual posibilita realizar selección.

El índice de selección básico permitió seleccionar a los mejores híbridos de cruce simple, al considerar características tales como rendimiento, sanidad y precocidad.

El índice de selección modificado construido con valores de ACG obtenidos mediante el análisis línea por probador permitió identificar a las líneas sobresalientes para continuar el mejoramiento genético, así como también la identificación de líneas complementarias que pueden ser utilizadas como poblaciones de mejoramiento para la derivación de líneas élite.

Los índices de selección apoyados con otras herramientas estadísticas como el análisis de componentes principales y el análisis línea x probador fueron de gran ayuda para hacer más eficiente la selección de los mejores híbridos y las líneas más sobresalientes ya que se obtiene una gran ventaja al momento realizar selección de manera simultánea para varias características.

LITERATURA CITADA

- Acosta G. J. A. y H. A. Ramírez. 2011. Heterosis en Maíz del Altiplano de México con Diferente Grado de Divergencia Genética. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 2 (3): 331-344.
- Ángeles G. E., E. Ortiz T., P. A. López. y G. López R. 2010. Caracterización y Rendimiento de Poblaciones de Maíz Nativas de Molcaxac, Puebla. *Revista Fitotecnia Mexicana* 33(4): 287-296.
- Arias V. Y., I. González M., I. Miranda C., L. Fernández G. y B. P. Delgado O. 2018. Diversidad Genética en Maíz (*Zea mays* L.) Procedente de Pinar del Rio y Guantámo, Cuba, mediante el empleo de RAPD. *Revista Protección Vegetal* 33(1): 1-9.
- Badii M. H., J. Castillo., M. Rodríguez., A. Wong. y P. Villalpando. 2017. Diseños Experimentales e Investigación Científica. *Innovaciones de Negocios* 4(2):283-330.
- Balderrama C. S., J. Ron P., J. de J. Sánchez G., E. Rodríguez G. y S. A. Uhart. 2016. Formación de un Patrón Heterótico con Líneas Templadas y Tropicales de Maíz. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 7(3): 521-530.
- Barreto H. J., J. A. Bolaños y H. S. Córdova. (1991). Programa índices de selección, Guía para la operación de software. CIMMYT. México, D. F. 27 p.
- Caicedo M. A., L. Villavicencio. y P. Saltos E. 2017. Aptitud Combinatoria General y Específica de Líneas Puras de Maíz Amarillo Duro y Selección de Híbridos Simples. *Ecuador es Calidad: Revista Científica Ecuatoriana* 4: 36-52.
- Camposeco M. N., V. Robledo T., L. A. Valdez A., F. Ramírez G., R. Mendoza V. y A. Benavides M. 2015. Estimación de la Aptitud Combinatoria en Poblaciones de Tomate de Cáscara. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 6 (3): 437-451.
- Cervantes O. F., J. Hernández E., J. A. Rangel L., E. Andrio E., M. Mendoza E., G. Rodríguez P. y L. P. Guevara A. 2016. Aptitud Combinatoria General y Específica en la Calidad de Semilla de Líneas S₃ de Maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana* 39 (3): 259-268.
- Cervantes O. F., J. Hernández E., J. G. García R., J. A. Rangel L., E. Andrio E., M. Mendoza E., G. Rodríguez P. y D. Rodríguez M. 2018. Aptitud Combinatoria General y Específica de Caracteres Agronómicos en Líneas de Maíz (*Zea mays* L.) de Baja Endogamia. *Chilean Journal of Agricultura y Animal Sciences* 34 (1): 33-42.
- Coyote V. E. 2004. Predicción de Cruzas Dobles y Triples en Maíz Para la Región Subtropical de México. Tesis de Licenciatura disponible en:

<http://repositorio.uaaan.mx:8080/xmlui/bitstream/handle/123456789/1284/PREDICCIÓN%20DE%20CRUZAS%20DOBLES%20Y%20TRIPLES%20EN%20MAÍZ%20PARA%20LA%20REGION%20SUBTROPICAL%20DE%20MEXICO.pdf?sequence=1&isAllowed=y>

- Crossa J., Burgueño J., Cornelius P. L., McLaren G., Trethowan R. y Krishnamachari, A. 2006. Modeling Genotype x Environment Interaction Using Additive Genetic Covariances of Relatives for Predicting Breeding Values of Wheat Genotypes. *Crop Science* 46:1722- 1733.
- Cerón, R. J. J. y J. Sahagún C. 2005. Un Índice de Selección Basado en Componentes Principales. *Agrociencia* 39: 667-677.
- Esquivel E. G.; G. F. Castillo., C. J. M. Hernández., V. A. Santacruz., S. G. García., J. A. Acosta G. y A. Ramírez H. 2011. Heterosis en Maíz del Altiplano de México con Diferente Grado de Divergencia Genética. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 2 (3): 331-344.
- Fehr W. 1987. Principles of Cultivar Development: Theory and Technique. Volumen 1. New York, Iowa University, Macmillan. 536 p.
- Fellahi Z. el A., A. Hannachi., H. Bouzerzour. y A. Boutekrabt. 2013. Line x Tester Mating Design Analysis for Grain Yield and Yield Related Traits in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.). *International Journal of Agronomy* Vol. 2013: 9 p.
- FIRA, Fideicomisos instituidos en relación con la agricultura. 2016. Panorama Agroalimentario, dirección de investigación y Evaluación Económica y Sectorial; Maíz 2016. Consulta: 04 de octubre de 2017. Disponible en: https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/200637/Panorama_Agroalimentario_Maíz_2016.pdf.
- Gabriel J, Castro C, Valverde A, Indacochea B. 2017. Diseños Experimentales: Teoría y Prácticas para Experimentos Agropecuarios. Grupo COMPAS, Universidad Estatal del Sur de Manabí (UNESUM), Jipijapa, Ecuador. 146.
- García S. j. A y R. Ramírez J. 2014. El Mercado de la Semilla Mejorada de Maíz (*Zea mays* L.) en México. Un Análisis del Saldo Comercial por Entidad Federativa. *Revista Fitotecnia Mexicana* 37 (1): 69-77.
- Gaytán B. R. y N. Mayek P. 2010. Heterosis en Híbridos de Maíz Producidos de Cruzamientos Entre Progenitores de Valles Altos x Tropicales. *Revista Investigación y Ciencia* 18 (48): 4-8.
- Gómez E. A. L., J. D. Molina G., J. J. García Z., Ma. del C. Mendoza C. y A. de la Rosa L. 2015. Poblaciones Exóticas Originales y Adaptadas de Maíz. I: Variedades Locales de Clima Templado x Variedades Tropicales. *Revista Fitotecnia Mexicana* 38 (1): 57-66.

- González H. I. J. 2006. Diseños Experimentales de Bloques Incompletos y Aplicaciones en las Industrias. Monografía. Disponible en: <http://dgsa.uaeh.edu.mx:8080/bibliotecadigital/bitstream/handle/231104/1766/Dise%C3%B1os%20experimentales%20de%20bloques%20incompletos%20y%20aplicaciones%20en%20la%20industria.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Hallauer A. R. and J. B. Miranda. (1981). Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press. Ames, Iowa, USA. 468 p.
- Hermes A. T., M. Espitia C. y C. Cardona A. 2017. Adaptabilidad y Estabilidad Fenotípica en Cultivares de Frijol Caupín en el Caribe Húmedo Colombiano. *Biotecnología en el sector agropecuario y agroindustria 2*: 14-22.
- Hernández A. E., H. de León C., V. M. Zamora V., L. Hernández S. J. C. Cahuare R. 2018. Exploración Genética y Reconstitución de una Población de Maíz Enano. *Revista Agraria 15 (2)*: 67-78.
- Ibáñez G. A. 2015. Tema 8ª. Evaluación Genética. Índices de Selección. Sitio Web Disponible en: <https://www.studocu.com/es/document/universitat-autonoma-de-barcelona/genetica-cuantitativa-y-mejora/apuntes/tema-8a-evaluacion-genetica-indices-de-seleccion/2501215/view>
- Istipliler D., E. Ilker., F. Aykut T., G. Civi. y M. Tosun. 2015. Line x Tester Analysis and Estimating Combining Abilities for Yield and Some Yield Components in Bread Wheat. *Turkish Journal of Field Crops 20 (1)*: 72-77.
- Jugenheimer R. W. 1990. Maíz. Variedades Mejoradas, Métodos de Cultivo y Producción de Maíz. Folleto de Divulgación Vol. 1 (7).
- Kempthorne, O. (1957). An Introduction to Genetic Statistics. John Wiley and Sons, Inc. New York, USA 468-473 p.
- Lagos B. T. C. y H. Criollo E. 2001. Eficiencia Relativa del Diseño Látice con Respecto a los Diseños de Bloques al Azar Irrestringidamente al Azar en un Ensayo de Rendimiento de Maíz de Clima Medio. *Revista de Ciencias Agrícolas 18 (1)*: 140-149.
- Lagos B. T. C., H. Criollo E. y O. Checa C. 2003. Divergencia Genética y Heterosis. *Revista de Ciencias Agrícolas 20 (1)*: 9-26.
- Ledesma M. A., J. L. Ramírez D., V. A. Vidal M., A. Peña R., J. A. Ruiz C., Y. Salinas M. y R. E. Preciado O. 2015. Propuesta Para Integrar un Patrón Heterótico de Maíz de Grano Amarillo para la Zona de Transición de México. II. Evaluación de Mestizos y Cruzas. *Revista Fitotecnia Mexicana 38(2)*: 133-143.
- López R. L. F y Becerra P. L. A. 2018. Eficiencia de los Productores de Maíz en Sinaloa:

- Una Propuesta Metodológica. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 9 (3): 651-664.
- MacRobert J. F., P. Sentimela., J. Gethi y M. Worku R. 2015. Manual de Producción de Semilla de Maíz Híbrido. Repositorio.CIMYT.ORG. 36.
- Pérez A. L. del A., J. A. Villagómez C., B. S. Larqué S., J. Adame G., C. A. Tapia N., D. Ma. Sangerman J. y N. G. Uscanga P. 2018. Preferencia y Percepciones Asociadas con Semillas Mejoradas de Maíz según Productores de Veracruz Central, México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 9 (1): 163-173.
- Pérez-López L. F. J., R. Lobato-Ortiz, J. de J. García-Zavala, J. D. Molina-Galán, J. de J. López R. y T. Cervantes S. 2014. Líneas Homocigóticas de Maíz de Alto Rendimiento Como Progenitoras de Híbridos de Cruza Simple. *Agrociencia* 48 (4): 425-437.
- Picón R. R., R. E. Preciado O., F. Cervantes O., J. Covarrubias P. y A. Terrón I. 2018. Efectos Genéticos en Líneas Doble Haploides de Maíz de Grano Amarillo y Alto Contenido de Aceite. *Revista Fitotecnia Mexicana* 41 (3): 301-310.
- Quevedo P. D. C., J. Cervantes H., L. Noriero E. y J. M. Zepeda del V. 2017. Maíz: Sustento de Vida en la Cultura Teene. Comunidad Tamaletom, Tancanhuitz, S.L.P. México. *Revista de Geografía Agrícola* 58:5-19.
- Ramírez D. J. L., A. Ledesma M., V. A. Vidal M., N. O. Gómez M., J. A. Ruíz C., G. A. Velázquez C., J. Ron P., Y. Salinas M. y L. A. Nájera C. 2015. Selección de Maíces Nativos Como Donadores de Características Agronómicas Útiles en Híbridos Comerciales. *Revista Fitotecnia Mexicana* 38 (2): 119-131.
- Ramírez D. J. L., B. M Chuela., M. V. A Vida., P. J. Ron y H. F. Caballero. 2007. Propuesta Para Formar Híbridos de Maíz Combinando Patrones Heteróticos. *Revista Fitotecnia Mexicana* 30 (4): 453-461.
- Rodríguez P. G., F. Zavala G., A. Gutiérrez D., J. E. Treviño R., M. C. Ojeda Z. y M. Mendoza E. 2016. Estrategias de Selección en Familias de Hermanos Completos en Dos Poblaciones de Maíces Criollos. *Revista Internacional de Botánica Experimental* 85: 194-202.
- Rodríguez, P. G., F. Zavala G., A. Gutiérrez D., J. E. Treviño R., C. Ojeda Z. y A. de la Rosa L. 2013. Comparaciones de dos Tipos de Selección en Poblaciones de Maíces Criollos. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 4(4): 569-583.
- Ruíz R. J. 2010. Eficiencia Relativa y Calidad de los Experimentos de Fertilización en el Cultivo de Caña de Azúcar. *Terra Latinoamericana* 28 (2): 149-154.
- Sánchez R.F.J., Ma. Del C. Mendoza C. y C.G. Mendoza M. 2016. Estabilidad Fenotípica de Cruzas Simples e Híbridos Comerciales de Maíz (*Zea mays* L.).

Revista Fitotecnia Mexicana 39 (3): 269- 275.

SIAP-SAGARPA, Sistema de Información Agroalimentaria y Pesquera- Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (2016). Maíz Grano Blanco y Amarillo Mexicano; Planeación Agrícola Nacional 2017-2030. Consulta 17 de junio 2019. Disponible en: [https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/256429/B_sico-Ma z Grano Blanco y Amarillo.pdf](https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/256429/B_sico-Ma_z_Grano_Blanco_y_Amarillo.pdf).

Sprague G.F. y L. A. Tatum. 1942. General VS. Specific Combining Ability In Single Crosses of Corn. *Agronomy Journal* 34 (10): 923-932.

Uzcanga P. N. G., B. Larqué S., A. L. del Ángel P., M. A. Rangel F. y A. de J. Cano G. 2017. Preferencia de los Agricultores por Semilla Mejorada y Nativas de Maíz en la Península de Yucatán, México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 8 (5): 1021-1033.

Vallejo, F. A., M. M. Espitia C., T. C. Lagos B., E. O. Coral C., F. A. Salazar V. y E. F. Restrepo S. 2005. Análisis Estadístico para los Diseños Genéticos en Fitomejoramiento. *Palmira. Universidad Nacional de Colombia sede Palmira*: 209-244.

Venegas G. M. R. 2016. Producción y Comercialización de Maíz en México, Cobertura de Riesgo con Derivados. 21° Encuentro Nacional sobre Desarrollo Regional en México. Mérida, Yucatán del 15 al 18 de noviembre de 2016. AMECIDER- ITM. 21.

Violeta B. y G. Glenn. 2000. An Interactive Macro Program for Line x Tester Analysis Biometrics, International Rice Research Institute (IRRI), Los Baños, Philippines, Plant Breeding, Genetics and Biochemistry Division, IRRI, Los Baños, Philippines.

Williams, A. H., V. Pecina Q., F. Zavala G., N. Montes G., A. J. Gámez V., G. Arcos C., M. A. García G., S. Montes H. y L. Alcalá S. 2010. Modelo de Finlay y Wilkinson Vs. El Modelo AMMI Para Analizar la Interacción Genotipo-Ambiente en Sorgo. *Revista Fitotecnia Mexicana* 33(2): 117-123.

Yang, R.C., J. Crossa., P. L. Cornelius and J. Burgueño. 2009. Biplot Analysis of Genotype x Environment Interaction: Proceed with Caution. *Crop Science*, 49: 1564-1576.

Yáñez C. L. F. 2018. Índices de selección. Sitio Web Disponible en: <https://zoovetespasion.com/ganaderia/mejoramiento-genetico/indices-de-seleccion/>